



ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE RECURSOS NATURALES
CARRERA AGRONOMÍA

**CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ASOCIADAS A LA
RIZÓSFERA DE *Vaccinium floribundum* EN EL PÁRAMO DE
GANQUIS PROVINCIA DE CHIMBORAZO**

TRABAJO DE TITULACIÓN

TIPO: Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

INGENIERO AGRÓNOMO

AUTOR: JULIÁN DAVID VACA CABEZAS

DIRECTORA: Ing. NORMA SOLEDAD ERAZO SANDOVAL Ph.D.

Riobamba – Ecuador

2021

©2021, Julián David Vaca Cabezas

Se autoriza la reproducción total o parcial, con fines académicos por cualquier medio o procedimiento, incluyendo la cita bibliográfica del documento, siempre y cuando se reconozca el Derecho de Autor.

Yo, JULIÁN DAVID VACA CABEZAS, declaro que el presente Trabajo de Titulación es de mi autoría y los resultados logrados son verídicos y originales. Los textos en el documento provienen de otras fuentes de información y bibliográficas que están debidamente citados y referenciados.

Como autor asumo la responsabilidad legal y académica de los contenidos de este Trabajo de Titulación, el patrimonio intelectual pertenece a la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo.

Riobamba, 17 de diciembre de 2021



Julián David Vaca Cabezas

CI: 100379814-5

ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE RECURSOS NATURALES
ESCUELA AGRONOMÍA

Los miembros del Trabajo de Titulación certifican que: El trabajo de titulación: Tipo proyecto de investigación “**CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ASOCIADAS A LA RIZÓSFERA DE *Vaccinium floribundum* EN EL PÁRAMO DE GANQUIS PROVINCIA DE CHIMBORAZO**”, realizado por el señor: **JULIÁN DAVID VACA CABEZAS**, ha sido minuciosamente revisado por los Miembros del Tribunal del trabajo de titulación el mismo que cumple con los requisitos científicos, técnicos, legales en tal virtud el Tribunal autoriza su presentación.

NOMBRE	FIRMA	FECHA
Ing. Victor Alberto Lindao Córdova PhD. PRESIDENTE DEL TRIBUNAL	 Firmado electrónicamente por: VICTOR ALBERTO LINDAO CORDOVA	2021-12-17
Ing. Norma Soledad Erazo Sandoval PhD. DIRECTOR DEL TRABAJO DE TITULACIÓN	NORMA SOLEDAD ERAZO SANDOVAL  Firmado digitalmente por NORMA SOLEDAD ERAZO SANDOVAL Fecha: 2022.04.27 15:12:06 -05'00'	2021-12-17
Ing. Pablo Israel Álvarez Romero PhD. MIEMBRO DEL TRIBUNAL	PABLO ISRAEL ALVAREZ ROMERO Firmado digitalmente por PABLO ISRAEL ALVAREZ ROMERO	2021-12-17

DEDICATORIA

A mi mami, la mujer más fuerte que he conocido. por haber hecho todo esto posible sin ella jamás hubiera podido vivir todo esto, su amor nos destina el éxito; A mi papi, el hombre más sabio que conozco gracias a él esta generación surge con más fuerza ahora su legado nos augura un nuevo por venir; A mis hermanos, por permitirme llegar lo más lejos que he ansiado; A mi familia, el lugar más hermoso para vivir; A mis amigos, por haberme brindado su amistad quedo eternamente agradecido; A mis docentes, las personas que desempeñan el trabajo más importante en la educación.

Julian

AGRADECIMIENTO

A Dios, por permitirme lograr todo esto no solo mi sueño sino el sueño de toda mi familia; A mi Mami, Dios no encontró una luz más brillante que iluminara mi camino; A mi Papi, Dios no encontró una fuerza más grande para proteger a mi familia; A mis amigos, hacen de mi vida una historia más interesante; A la Dra. Normita Erazo, por brindarme su ayuda a inicios de la crisis sanitaria permitiéndome trabajar junto a ella en tan apasionante investigación; Al Dr. Pablo Álvarez, por guiarme en esta investigación mostrándome las increíbles posibilidades del proyecto; A la ESPOCH, por permitir que hacer realidad los sueños de miles de estudiantes.

Julian

TABLA DE CONTENIDO

ÍNDICE DE TABLAS.....	ix
ÍNDICE DE FIGURAS.....	x
ÍNDICE DE GRÁFICOS.....	xi
ÍNDICE DE ANEXOS.....	xii
ÍNDICE DE ABREVIATURAS.....	xiii
RESUMEN.....	xiv
SUMARY.....	xv
INTRODUCCIÓN.....	1

CAPÍTULO I

1	MARCO TEÓRICO REFERENCIAL.....	5
1.1	Biodiversidad microbiana del suelo.....	5
1.2	Bacterias de la rizósfera.....	8
1.3	Mortíño (<i>Vaccinium floribundum</i>).....	11
1.3.1	<i>Generalidades.....</i>	<i>11</i>
1.3.2	<i>Taxonomía.....</i>	<i>11</i>
1.3.3	<i>Botánica.....</i>	<i>11</i>
1.3.3.1	<i>Rizósfera.....</i>	<i>12</i>
1.3.4	<i>Distribución geográfica.....</i>	<i>12</i>
1.3.5	<i>Requerimientos edafoclimáticos.....</i>	<i>13</i>
1.3.6	<i>Zonas de Producción.....</i>	<i>13</i>
1.3.7	<i>Cosecha.....</i>	<i>13</i>
1.4	Métodos independientes de cultivo para la caracterización de bacterias.....	13
1.4.1	<i>Secuenciación de próxima generación (NGS).....</i>	<i>13</i>
1.4.2	<i>Secuenciamiento Illumina Miseq.....</i>	<i>14</i>
1.4.2.1	<i>Preparación de librerías.....</i>	<i>14</i>
1.4.2.2	<i>Generación de Clusters.....</i>	<i>14</i>
1.4.2.3	<i>Secuenciamiento.....</i>	<i>14</i>
1.4.2.4	<i>Análisis de datos.....</i>	<i>15</i>
1.4.3	<i>Estudios de Microbioma.....</i>	<i>15</i>

1.4.4	Metagenómica dirigida 16S RNA	16
1.4.4.1	ARNr 16S	16
1.4.4.2	Características del ARNr 16S	17
1.4.4.3	Las regiones hipervariables	17
1.4.4.4	Asignación de taxones.....	17
1.4.4.5	Bases de datos y estrategias de análisis.....	18
1.4.4.6	Bases de datos específicas	18

CAPÍTULO II

2	MARCO METODOLÓGICO	19
2.1	Muestreo de suelos	19
2.2	Identificación del perfil taxonómico de bacterias utilizando técnicas independientes de cultivo con Secuenciación Masiva Paralela de la región 16S	20
2.2.1	 Materiales y equipos	20
2.2.1.1	Materiales de Campo	20
2.2.1.2	Equipos de campo	20
2.2.1.3	Materiales de laboratorio	21
2.2.1.4	Equipos de laboratorio	21
2.2.1.5	Materiales y Equipos de oficina.....	21
2.2.1.6	Softwares	21
2.2.1.7	Material biológico	21
2.2.2	 Análisis de perfil taxonómico mediante secuenciación masiva paralela de la región 16S para Bacterias	21
2.2.2.1	Extracción y purificación de DNA bacteriano	21
2.2.2.2	Amplificación del gen 16s ARNr	22
2.2.2.3	Elaboración de la base de datos	22
2.2.2.4	Caracterización de especies bacterianas in silico.....	23
2.2.2.5	Elaboración de tablas	23
2.2.2.6	Estimación de la diversidad de comunidades bacteriana.....	23
2.2.2.7	Estimación de la abundancia de comunidades bacterianas	23

CAPÍTULO III

3	MARCO DE RESULTADOS Y DISCUSIÓN DE LOS RESULTADOS	24
3.1	Bacterias identificadas y caracterizadas procedentes de muestras de suelo del páramo de Ganquis.....	24
3.2	Determinación de funcionalidad de bacterias caracterizadas	61
3.3	Estimación de la riqueza bacteriana de cada réplica de las muestras de los suelos rizosféricos.....	62
3.4	Frecuencia de OTUs bacterianas a nivel de Filo.....	63
3.5	Perfiles taxonómicos de bacterias	63
3.6	Resultados de identificación de búsqueda en discos de Krona	88
	CONCLUSIONES.....	90
	RECOMENDACIONES.....	91
	GLOSARIO	
	BIBLIOGRAFÍA	
	ANEXOS	

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1-1: Taxonomía del Mortiño (<i>Vaccinium floribundum</i>).....	11
Tabla 1-2: Características del sitio de muestreo	19
Tabla 1-3: Bacterias identificadas en el suelo rizósferico del páramo de Ganquis	24
Tabla 2-3: Perfiles taxonómicos de bacterias	64

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1-2: Ubicación georreferenciada de punto de muestreo	20
--	----

ÍNDICE DE GRÁFICOS

Gráfica 1-3:	Funcionalidad de bacterias caracterizadas	61
Gráfica 2-3:	Riqueza de las comunidades bacterianas.....	62
Gráfica 3-3:	Frecuencia de OTUs bacterianas a nivel de Filo	63
Gráfica 4-3:	Perfil taxonómico de bacterias de la región 16s para la muestra GAN R1	88
Gráfica 5-3:	Perfil taxonómico de bacterias de la región 16s para la muestra GAN R2	89
Gráfica 6-3:	Perfil taxonómico de bacterias de la región 16s para la muestra GAN R3	89

ÍNDICE DE ANEXOS

ANEXO A: PROTOCOLO PARA UTILIZACIÓN DE FASTDNA™ SPIN KIT FOR SOIL

ÍNDICE DE ABREVIATURAS

m.s.n.m.:	Metros sobre el nivel del mar
ADN:	Ácido desoxirribonucleico
NGS:	Secuenciación de la próxima generación
LGT:	Transferencia lateral de genes
pH:	Potencial de hidrogeno
PGPR:	Rizobacteria promotora del crecimiento vegetal
NPR:	Nódulos productores de rizobacterias
rRNA:	Ácido ribonucleico ribosomal
ARNm:	Ácido ribonucleico mensajero
IAA:	Acido indolacético

RESUMEN

En la presente investigación se realizó una caracterización de bacterias asociadas a la rizosfera de Mortiño (*Vaccinium floribundum*) proveniente del Páramo de Ganquis provincia de Chimbrazo. El procedimiento comenzó con la toma de tres muestras biológicas de suelo de la rizosfera de mortiño guardándolas en bolsas etiquetadas en un cooler, el análisis de perfil taxonómico mediante secuenciación masiva paralela de la región 16S para Bacterias comenzó con la extracción y purificación del ADN bacteriano tomando 500gr de suelo de cada muestra y con la ayuda del instrumento FastDNA™ SPIN Kit for Soil se extrajo el material genético purificado, posteriormente se realizó el análisis de calidad del material genético extraído mediante una amplificación del gen 16S ARN, en la elaboración de las bases de datos las lecturas obtenidas fueron limpiadas y ensambladas mediante softwares bioinformáticos, eliminándose las secuencias quiméricas mejorando la calidad de los resultados. En los resultado de este proceso bioinformático se obtuvieron 488 unidades taxonómicas operacionales (OTU's), bacterianas que fueron organizadas taxonómicamente desde el phylum hasta la especie, según los criterios de clasificación se identificaron bacterias benéficas y patógenas para plantas, bacterias de función no definida y bacterias de otras funciones no relacionadas con las plantas, se clasificaron 9 filos bacterianos de los cuales, el más abundante es el filo proteobacteria conformado por 219 OTU's, correspondiente al 45% del total de OTU's identificadas. Concluyéndose que de las 488 OTU's identificadas se encontraron 196 OTU's de actividad benéfica, 6 OTU's de actividad patógena, 232 OTU's de función no definida y 54 OTU's de funciones no relacionadas con las plantas. Se recomienda realizar un análisis de secuenciamento de metagenomas y metatranscriptomas, para comprobar las funcionalidades sugeridas para las OTUs bacterianas de este estudio.

Palabras Clave: <RIZOSFERA>, <MORTIÑO (*vaccinium floribundum*)>, <NANODROP>, <SECUENCIACIÓN MASIVA PARALELA>, <METABARCODING>, <METAGENOMICA>, <BIOINFORMÁTICO>



Firmado electrónicamente por:
CRISTHIAN
FERNANDO
CASTILLO RUIZ



0552-DBRA-UTP-2022

SUMARY

In this research, the characterization of bacteria associated with the rhizosphere of *Mortiño* (*Vaccinium floribundum*) from the Ganquis paramo, Chimborazo province, was carried out. The procedure began with the collection of three biological samples of soil from the rhizosphere of *mortiño* and storing them in labeled bags in a cooler. Taxonomic profiling analysis by massively parallel sequencing of the 16S region for Bacteria began with the extraction and purification of bacterial DNA, taking 500gr of soil from each sample and using the FastDNA™ SPIN Kit for Soil instrument, the purified genetic material was extracted. The quality analysis of the extracted genetic material was then carried out by amplification of the 16S RNA gene. In the elaboration of the databases, the readings obtained were cleaned and assembled using bioinformatics software, eliminating chimeric sequences, and improving the quality of the results. The results of this bioinformatics process yielded 488 bacterial operational taxonomic units (OTU's), which were taxonomically organized from phylum to species. According to the classification criteria, beneficial and pathogenic bacteria for plants, bacteria of undefined function, and bacteria of other functions not related to plants were identified. It was classified 9 bacterial phyla, of which the most abundant is the phylum Proteobacteria, comprising 219 OTU's, corresponding to 45% of the total number of OTU's identified. It was concluded that of the 488 OTU's identified, 196 OTU's of beneficial activity, 6 OTU's of pathogenic activity, 232 OTU's of undefined function, and 54 OTU's of non-plant-related functions were found. It is recommended to carry out a metagenome and meta transcriptome sequencing to verify the suggested functionalities of the bacterial OTU's in this study.

Keywords: <RHIZOSPHERE>, <MORTIÑO (*vaccinium floribundum*)>, <NANODROP>, <MASSIVELY PARALLEL SEQUENCING>, <METABARCODING>, <METAGENOME>, <BIOINFORMATICS>.



Firmado electrónicamente por:
**SILVANA
PATRICIA
CELLERI QUINDE**

INTRODUCCIÓN

Las plantas albergan diversas comunidades de bacterias, las cuales pueden influenciar en la misma de manera positiva, estableciendo asociaciones planta – bacteria, las cuales intervienen en procesos estrechamente ligados a la planta como la producción de fitohormonas, control biológico de agentes patógenos, disponibilidad de nutrientes entre otros, dichas relaciones han sido objeto de estudios, en investigaciones dirigidas a la diversidad bacteriana de la rizósfera de varios cultivos, como es el caso del garbanzo en el que se analizó la diversidad bacteriana, encontrando agentes antagonistas a *Fusarium* spp y *Rhizoctonia solani* (Fernández, et al., 2018: p.3).

Además de otras especies que realizan actividades como, solubilizadores de fósforo en la solución del suelo o productores de sideróforos, bacterias con dichas características se han encontrado en la rizósfera de *Salicornia neei*, en la cual se encontraron especies como *Klebsiella pneumoniae* y *Staphylococcus* spp, los cuales mostraron una actividad de antagonismo inhibiendo el crecimiento de *Fusarium solani* (López, 2020: p.128), descubriendo la disponibilidad de agentes biocontroladores dentro de la rizósfera del hospedero, dichas investigaciones muestran el gran potencial que representa la diversidad bacteriana de la rizósfera.

Actualmente diversos recursos como la microbiota, no han sido considerados como alternativa a productos y prácticas convencionales en el manejo agrícola a pesar de su gran potencial, debido a la falta de conocimiento de las aplicaciones de dicho recurso, varios agricultores no han sido conscientes de los beneficios que conlleva emplearlos, debido a su bajo impacto ambiental, sin ningún riesgo para la salud de productores y consumidores (Schoebitz, 2006: p.345).

Varias investigaciones dedicadas a descubrir la diversidad bacteriana de un ecosistema, han llegado a concluir que las herramientas más útiles para dicha investigación, son las técnicas independientes de cultivo, debido a que la mayoría de las bacterias descubiertas poseen una compleja estructura, por lo tanto no pueden ser cultivadas en medios artificiales, o todavía no se conoce con exactitud como promover su crecimiento, viéndose en la necesidad de llegar a estudiar el ADN de cada bacteria, realizando un estudio mucho más minucioso, clasificándolas taxonómicamente hasta descubrir su rol en un ecosistema (Ortiz, et al., 2016: p.834).

Diversos ecosistemas poseen varios niveles de actividad microbiológica en sus suelos, la actividad está controlada por las propiedades del suelo tanto químicas como físicas, influenciar o modificar estos factores promueven o inhiben la proliferación de cierto tipo de grupos bacterianos, dependiendo de las condiciones que se presenten, conociendo las condiciones apropiadas para el desarrollo de especies específicas, se podría promover su crecimiento (Castillo, et al., 2016: p.43).

Las comunidades bacterianas han llegado a tener mayor relevancia en diversos campos de la ciencia, la agricultura es una de ellas, debido a que en varios cultivos se ha demostrado su aplicabilidad como, reguladores de crecimiento y también como controladores de plagas y enfermedades, mostrando ser una técnica eficiente en el control biológico y una alternativa económica, viable y ecológicamente deseable dentro del manejo integrado de plagas y enfermedades para todos los agricultores (Moreira, et al., 2012: p.372).

Los protocolos fitosanitarios convencionales que realizan los agricultores, en su mayoría lo hacen utilizando sustancias de síntesis química, lastimosamente este método de control tiene efectos deletéreos en el medio ambiente, produciendo a largo plazo efectos negativos en el cultivo, eliminando tanto agentes benéficos como perjudiciales, lo que hace a este tipo de control ineficiente a lo largo del tiempo, lo cual ha promovido el uso de controles alternativos como el control biológico (Guédez, et al., 2008: p.836).

Cada vez se llevan a cabo numerosos estudios sobre, la microbiota de la rizósfera de cultivos de manejo intensivo, debido a la influencia de las bacterias en las raíces, y en la solución del suelo, proporcionando una mayor disponibilidad de nutrientes, también manteniendo poblaciones de patógenos bajas, disminuyendo el uso de plaguicidas sintéticos, por lo tanto proporcionando productos con mayor inocuidad manteniendo o mejorando su calidad y rendimiento (Córdova, et al., 2009: p.859).

El gran potencial que tienen actualmente estudios sobre diversidad microbiana en ecosistemas naturales, como el páramo de Ganquis, apoyados por tecnologías independientes de cultivo como el secuenciamiento de nueva generación (NGS – Next Generation Sequencing) y el metabarcoding (Ortiz, et al., 2016: p.382) han impulsado el desarrollo de este estudio que tuvo como objetivo, estudiar las comunidades bacterianas asociadas a la rizósfera de *Vaccinium floribundum* en el páramo de Ganquis, provincia de Chimborazo.

PROBLEMA:

Ecosistemas como los páramos poseen una baja actividad antrópica, por lo cual se consideran ambientes con una gran diversidad microbiana, conformada por hongos, bacterias, virus, y otros microorganismos, dicha diversidad representa un gran potencial, debido a las actividades que desempeña cada organismo, especialmente en la agricultura (Hernández, 2019:p.635), aunque no existen investigaciones o información sobre estos organismos a nivel de los páramos y en particular en el lugar de estudio, que puedan ayudar a identificar alguna aplicabilidad en los cultivos, por lo tanto desperdiciándose el potencial de aplicación de los mismos.

La caracterización de bacterias tanto a nivel taxonómico como funcional, han permitido descubrir nuevas propiedades y analizar el potencial de la microbiota de ambientes específicos, las bacterias caracterizadas pueden tener diferentes funciones en los nichos biológicos, la mayoría son benéficas, algunas perjudiciales, por lo tanto es importante determinar los grupos bacterianos más apropiados para la inoculación y propagación en cultivos (Valdez, et al., 2020: p.825).

El estudio de la microbiota ha sido tradicionalmente realizado usando metodologías dependientes de cultivo, sin embargo, se conoce que el porcentaje de microorganismos que se pueden caracterizar usando métodos dependientes de cultivo es mínimo, es así que en los últimos años métodos independientes de cultivo asociados con técnicas de metagenómica han sido tomados en cuenta como una posible solución a este problema, estableciendo un protocolo de caracterización de bacterias, mediante métodos moleculares (Schoebitz, 2006: p.925).

En varios estudios, la caracterización e identificación ha permitido revelar microorganismos con propiedades fitoregulatoras, insecticidas y antimicrobianas mostrando ser aplicables en sistemas de producción orgánica, siendo estos microorganismos una alternativa a la agricultura convencional, que degrada la estabilidad microbiológica de los ecosistemas donde habitan los cultivos (Schoebitz, 2006: p.783).

OBJETIVOS

GENERAL

- Caracterizar las bacterias asociadas a la rizósfera de *Vaccinium floribundum* en el páramo de Ganquis, provincia de Chimborazo.

ESPECÍFICOS

- Determinar las características benéficas y la aplicación potencial de cada una de las especies asociadas a la rizósfera de mortiño reportadas en el análisis molecular.
- Determinar las características posiblemente patogénicas de cada una de las especies de bacterias asociadas a la rizósfera de mortiño reportadas en el análisis molecular.

CAPÍTULO I

1 MARCO TEÓRICO REFERENCIAL

1.1 Biodiversidad microbiana del suelo

La biodiversidad es una propiedad que condiciona la capacidad de recuperación del sistema edáfico ante una alteración y que le asegura su estabilidad funcional (García, 2011: p.282).

En algún momento los primeros seres vivos que colonizaron la tierra fueron los microorganismos, los cuales debido a su capacidad de adaptación se han diversificado en gran medida a través de los años, permitiéndoles amoldarse a los cambios que se produzcan en el ecosistema, resultado de este proceso evolutivo es la diversidad la cual se amplía de manera genética, morfológica y evolutiva, determinada por los cambios en el material genético, realizados para facilitar el proceso de adaptación en los medios más inhóspitos y diversos con temperaturas extremas o condiciones no favorables, originando un nicho el cual llegará a dar lugar una nueva biodiversidad (Capello, 2000: p.682).

La sostenibilidad de un ecosistema mayormente depende de la actividad microbiológica, la cual controla la fluctuación de los nutrientes a través de los niveles tróficos. El inadecuado manejo agronómico, y el cambio climático a su vez a un gran número de variaciones a la biodiversidad microbiana del suelo, lo cual ha originado cambios en las funciones de los grupos microbianos autóctonos de los suelos (Pérez, 2014: p.589).

Sin embargo, no únicamente las actividades microbianas son necesarias para comprender la dinámica que se lleva a cabo en el suelo, sino que además la microbiota constituye un albergue de la diversidad genética. La evaluación de la abundancia y riqueza taxonómica apoya en la producción de información básica sobre la identificación de los taxones principales. Lo más importante de esta información es, vincular la interrelación de la diversidad estructural y funcional de las comunidades microbiológicas con el suelo (Paz, 2019: p.256).

Para comprender las relaciones que existen entre, la diversidad taxonómica y las actividades microbiológicas, se requieren de técnicas convencionales e innovadoras de gran precisión, que logren encontrar las relaciones biológicas del suelo, que afectan de manera directa e indirecta en la calidad

y la producción de los cultivos. Investigaciones que tratan sobre la biodiversidad del suelo, y su rol en el desempeño biológico del ecosistema, son poco frecuentes que otras investigaciones similares (Pérez, 2014: p.251).

La riqueza microbiológica es determinante al momento de garantizar estabilidad en los flujos de nutrientes y procesos de descomposición de la biomasa en todo ecosistema, por lo que procesos de origen biológico como oxidación, reducción, descomposición de materia orgánica y mineralización, las relaciones que se establecen de manera inter e intraespecíficas, son controladas por la actividad microbiológica que habita en este ecosistema (Escobar, et al., 2020: p.846).

Las funciones que desempeñan las especies aparte de ser importantes para el equilibrio de los ecosistemas, conforman un recurso relevante para el manejo sostenible de los sistemas agrícolas. Realmente se ha verificado que mientras mayor es la biodiversidad del suelo, es más veloz el reciclaje de los nutrientes, mejor estructura del suelo, y un incremento en el control de enfermedades (Loidi, 2020: p.579).

El incremento en la información de la diversidad microbiana, se ha vuelto uno de los campos de experimentación más importantes de la ecología, varias investigaciones en el conocimiento de la función, estructura, evolución y relación de grupos que la forman la proponen como una nueva fuente en la investigación agrícola y biotecnológica. Gran parte de los seres vivos que habitan el planeta son microscópicos, y viven en cualquier ecosistema con temperaturas extremas, o con pH, ácido o alcalino, generalmente cualquier ambiente inhóspito para cualquier humano denominándolos extremófilos (Cadena, et al., 2016: p.284).

Los compuestos que conforman los suelos, presentan una gran variabilidad haciendo referencia a la disponibilidad de nutrientes, características físico – químicas, las interacciones, la presencia de la rizósfera y el manejo agronómico, entre otras consecuentemente producen una compleja red trófica, que permite la proliferación de unos y la inhibición de otros (Toro, 2006: p.758).

La diversidad biológica entre poblaciones y comunidades de organismos es la consecuencia de la presión de selección ejercida por las condiciones químicas, físicas y biológicas del entorno, junto con mutaciones o recombinaciones del material genético de los microorganismos. Varios de los procesos que forman la diversidad biológica, se llevan a cabo en diferentes lapsos de tiempo o condiciones ambientales, que no pueden ser replicadas en un ambiente controlado. La diversidad de poblaciones

y comunidades, representa un almacenamiento de la información de la historia evolutiva y adaptativa de los microorganismos (Bertrand, et al., 2015: p.978).

Muestra acontecimientos o fenómenos de variada complejidad, que originan la diversidad que conocemos ahora por medio de mutaciones generadas por selección, pérdida e intercambio de genes, transferencias laterales y selección por parte del ambiente. El motivo importante por el cual investigar la biodiversidad, es explorar dichos archivos para poder entender los factores que controla el entorno y la evolución de los microorganismos, y de qué manera esta biodiversidad se vincula con la funcionalidad de los ecosistemas (Lazcano, et al., 2015: p.659).

A partir de inicios del siglo 19, las relaciones entre la humanidad y la naturaleza han iniciado una serie de acontecimientos, en los que las modificaciones en la naturaleza se han vuelto permanentes, resultado de la desestabilización o alteración del medio ambiente de manera incontrolable se modifican los procesos, que permiten la creación de la diversidad biológica. Recientemente se entiende y comprende como esta situación afecta la microbiota, por lo que anteriormente la tecnología de investigación era ineficiente para evaluar su impacto y el rol que los microorganismos desempeñan en el medio ambiente (Bertrand, et al., 2015: p.894).

La información obtenida es de gran relevancia, para administrar la biodiversidad de los microorganismos de cada ecosistema, detener la proliferación de plagas, aprovechar el potencial de los microorganismos que tienen aplicaciones en las industrias o conservar especies que están involucradas en importantes actividades ecosistémicas. Es notorio que las poblaciones de microorganismos naturales crecen de manera limitada en aspectos como, la abundancia, el número de individuos de diversos taxones (biotipos, razas, especies entre otros). El aprovechamiento de los recursos en un ecosistema, es considerado uno de los métodos principales para determinar la abundancia y diversidad (Murillo, et al., 2019: p.693).

La biodiversidad microbiológica ha tomado gran relevancia, por el hecho de que la microbiota muestra dificultades al momento de definir la especie, debido a que la genealogía de los microorganismos pueden llegar a volverse realmente confusas, debido a que los organismos unicelulares tienen la capacidad de realizar una transferencia horizontal de genes (LGT) (Bertrand, et al., 2015: p.579).

1.2 Bacterias de la rizósfera

Dentro de los grupos que componen los microorganismos que habitan en el suelo tenemos las bacterias, incluyendo a los actinomicetos, quienes son los de mayor abundancia pues se los encuentra presentes en un rango aproximadamente de 1×10^6 y 1×10^8 células por gramo de suelo, alcanzando a pesar 10 tn/ha, el cual integra el 5% del total de materia orgánica seca existente en el suelo. La vida de la microbiota del suelo se encuentra controlada por varios factores químicos, entre los más importantes tenemos el pH (Calvo, et al., 2008: p.56).

Alterar los rangos de pH pueden llegar a inhibir o promover las enzimas secretadas por los microorganismos, la disponibilidad de nutrientes se encuentra controlada también por el pH. Suelos con pH ligeramente ácido impulsa el crecimiento de la microbiota benéfica, para los cultivos presentes activando sus enzimas. Las bacterias son nutridas con los exudados que libera la rizósfera de las plantas, porque a la falta de los mismos se imposibilita la utilización de la materia orgánica como fuente de carbono. Por eso es importante la incorporación de nutrientes para el crecimiento de los microorganismos (Loredo, 2004: p.759).

Los ciclos biogeoquímicos se encuentran regulados por la actividad de las bacterias, siendo usadas para el manejo de los cultivos a lo largo del tiempo. Los vínculos bacteria y planta en la zona radicular son los decisivos en la estabilidad de las plantas y la nutrición del suelo. Las vidas bacterianas del suelo que traen beneficios para el crecimiento de los cultivos, también llamadas rizobacterias promotoras del crecimiento de las plantas (PGPR), tienen la capacidad de promover el crecimiento de los cultivos al colonizar la rizósfera de la planta (Carbajal, 2019: p.830).

Las PGPR también las llaman rizobacterias que promueven la salud de las plantas por sus siglas en inglés (PHPR) o nódulos que promueven las rizobacterias (NPR). Los mismos se asocian con la rizósfera, el cual es uno de los más importantes ambientes del suelo para las relaciones plantas – microorganismo. Las bacterias fijadoras de nitrógeno simbióticas incluyen las cianobacterias de los géneros *Sinorhizobium*, *Azorhizobium*, *Rhizobium*, *Nmesorhizobium*, *Bradyrhizobium* y *Allorhizobium*. Bacterias fijadoras de nitrógeno de vida libre o fijadores de nitrógeno asociativos, como ejemplo tenemos, a las especies *Azospirillum*, *Enterobacter*, *Klebsiella* y *Pseudomonas* (Criollo, et al., 2013: p.798).

Se ha comprobado que se adhieren a la rizósfera colonizando efectivamente la superficie de las raíces. Las PGPR tienen la capacidad de contribuir al crecimiento efectivo de los cultivos. Generalmente las PGPR trabajan de formas distintas: mejorando la absorción de varios nutrientes del suelo, elaborando compuestos únicamente para las plantas, reduciendo la incidencia de plagas y enfermedades en plantas. El crecimiento y desarrollo de las plantas se pueden facilitar directa e indirectamente. La forma indirecta del desarrollo incluye, la prevención de los desórdenes provocados por los agentes fitopatógenos (Carbajal, 2019: p.473).

La abundancia de bacterias que se identifican depende de varios factores como son: el tipo de labranza, la temporada, el tipo de suelo, el contenido de humedad, la vegetación y la fertilización. Al hablar del ambiente idóneo para las especies de bacterias, varias son encontradas colonizando los suelos en forma de agregados o estableciendo relaciones con la rizósfera, aunque la población bacteriana por gramo de suelo que proviene de la rizósfera, es mucho mayor que la proveniente del suelo (Calvo, et al., 2008: p.574).

Al llevar a cabo funciones importantes en la planta, mejoran el desarrollo de la planta mediante dos formas, la primera de manera indirecta sobre el cultivo realizando un control biológico sobre la planta, inhabilitando a los agentes patógenos mediante la síntesis y acción de sideróforos, la resistencia sistémica inducida, elaboración de antibióticos, se mencionan solo algunos además de aquellos procesos que afectan de manera directa a la planta, debido a que los mecanismos de acción tienen un efecto directo sobre el metabolismo de la planta (Gómez, et al., 2014: p.576).

Se reconoce como rizósfera, a la porción de suelo sobre la cual se asientan las raíces de una planta viva, cuya longitud varía en relación a la especie de la planta, edad, tipo de suelo entre otros. En la rizósfera las interrelaciones entre las raíces de las plantas y las bacterias pueden ser benéficas, en dicho caso se consideraría a la rizósfera como una zona de amortiguación microbiológica, en el cual los microorganismos protegen a la planta frente al estrés biótico (Calvo, et al., 2008: p.675).

Los exudados provenientes de la rizósfera contienen alrededor de entre 10 y 44% del carbono asimilado y una gran variedad de compuestos, lo cual contribuye de manera general un aumento de las densidades poblacionales de las comunidades bacterianas. Debido a su riqueza el recurso microbiológico del suelo es de gran importancia en el equilibrio del ecosistema (Alfonso, 2005:p.980). La rizósfera de las plantas a través de los diversos compuestos exudados, promueven e inhiben el crecimiento de las poblaciones microbianas y sus funciones. Se han propuesto teorías que la gran

diversidad de los mismos son un factor primordial, que ejerce influencia sobre la riqueza de las comunidades bacterianas de las raíces. Fuentes indispensables de carbono y nitrógeno para los microorganismos exudados por la rizósfera, son asimilados sin tener la necesidad de sintetizar exoenzimas. Se ha evidenciado que tanto la actividad como la biomasa microbiana, influenciadas por la presencia de los exudados son más elevadas en la rizósfera que en el suelo (Garavito, 2007: p.584).

A través de diversos mecanismos, las rizobacterias poblando la rizósfera mejoran el desempeño y rendimiento de los cultivos. Según el área de la rizósfera colonizada, las comunidades bacterianas podemos clasificarlas en bacterias asociativas las cuales incluyen la rizosfera (cerca a la raíz), el rizoplano (en la superficie de la raíz) y las bacterias endofíticas. Son conocidas como epífitas las bacterias que colonizan el rizoplano y filoplano, y endófitas a las que viven en el interior de los tejidos de manera aislada (endosfera), sin producir efectos nocivos al huésped, algunas comunidades bacterianas viven aisladamente en los tejidos de la rizósfera, de manera endofítica y epífita (Etesami, 2015: p.385).

Entre las plantas y rizobacterias existen categorías básicas de interacciones microbiológicas basadas en la ecología, las cuales tenemos positivas, negativas y neutras. Gran parte de las rizobacterias son consumidores que establecen una relación inocua con las plantas hospederas, las cuales no muestran efectos que se visibilicen en la fisiología y crecimiento de las plantas (Etesami, 2015: p.795).

Interferir o modificar la funcionalidad de la rizósfera es una práctica agrícola, considerada una manera indirecta en la que el desempeño de los cultivos es mejorado. La inducción de resistencia o modificación de las series de liberación de exudado de la raíz, pueden ser alteradas por las comunidades bacterianas de la rizósfera de plantas estimulando el antagonismo. Sin embargo, los efectos que se ejercen sobre la comunidad bacteriana pueden ser directos o indirectos. Varios estudios pueden aclarar más sobre las relaciones que toman lugar en las raíces de plantas colonizadas, desarrollando controles basados en la ecología. Se supone que las poblaciones bacterianas que brindan protección a las plantas desarrollan un control biológico (Rosenberg, et al., 2012: p.697).

1.3 Mortiño (*Vaccinium floribundum*)

1.3.1 Generalidades

El mortiño (*Vaccinium floribundum*), perteneciente a la familia ericaceae, en diversas zonas también la llaman uva de monte, esta especie es endémica de los páramos ecuatorianos. Se la considera nativa de los páramos en Ecuador y de manera tradicional ha sido utilizada en la gastronomía para la elaboración de diferentes platillos, especialmente en día de difuntos incrementando su comercialización en esas festividades (Coba, et al., 2012: p.958).

Habitualmente es consumido en diferentes preparaciones como en dulces, mermeladas y jugos, por otro lado, es poco frecuente consumirlo en fresco. Su gran demanda se atribuye además a las propiedades de sus frutos, los cuales tienen importantes contenidos de antioxidantes, azúcares, minerales como K, P, y Ca y vitaminas de los grupos B y C (Llvisaca, et al., 2018: p.364).

1.3.2 Taxonomía

Tabla 1-1: Taxonomía del Mortiño (*Vaccinium floribundum*)

Reino	Plantae
Filo	Magnoliophyta
Clase	Magnoliopsida
Orden	Ericales
Familia	Ericaceae
Género	Vaccinium
Especie	floribundum

Fuente: (Pérez, 2007: p.897)

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

1.3.3 Botánica

Su hábito de crecimiento es en forma de arbusto ramificado, el cual puede llegar a una altura de 2,5 m, de hojas muy pequeñas con un margen crenado o aserrado, de nervación pinnada, flores de menos de 1 cm, en racimos o solitarias; 5 lóbulos lanceolados, tubo del cáliz articulado o no con el pedicelo,

hipanto globoso; corola de forma urceolada, rosada o blanca, de 5 lóbulos reflexos (Coba, et al., 2012: p.576).

Estambre de 8 a 10, de igual longitud que el tubo de la corola, anteras con túbulos cortos y de filamentos libres, dehiscencia apical poricida; estilo un poco más extenso que el tubo de la corola de ovario ínfero, 5 locular. El fruto es una baya esférica con un diámetro de 5 – 8 mm con una coloración entre azul y azul oscuro con una superficie lisa y en ocasiones glauca (Coba, et al., 2012: p.589).

1.3.3.1 Rizósfera

La rizósfera en situaciones de estrés, realiza una liberación de compuestos fenólicos principalmente ácido clorogénico, permitiéndole a la planta resistir el estrés oxidativo provocado por una diversidad de factores, produciendo varias respuestas antioxidantes, incrementos en las concentraciones de compuestos fenólicos, activando las actividades enzimáticas de amoniaco liasa y fenilalanina, las mayores vías biosintéticas de todos los compuestos fenólicos (Aditi, 2020: p.735).

Los tejidos rizosféricos exudan una amplia gama de compuesto de origen de tipo flavonoide y compuestos fenólicos, los cuales desempeñan un papel importante en procesos alelopáticos, los cuales estimulan el aumento de las poblaciones de agentes simbióticos, convirtiendo al entorno de las raíces un entorno ideal para el crecimiento de los mismos, las relaciones de bacterias – plantas están vinculadas de manera estricta a las concentraciones de las sustancias exudadas, tanto en los tejidos superficiales de las raíces como en las partículas y la solución del suelo (Oliveros, et al., 2009: p.496).

1.3.4 Distribución geográfica

Se la ha llegado a considerar una especie de tipo silvestre, que crece únicamente en las zonas altas de la cordillera específicamente en los páramos de norte a sur de la sierra, desde El Angel en la Provincia de Carchi hasta el Tambo en la Provincia de Cañar, también información recolectada por El Parque Nacional Cotopaxi, que localizan a la zona de adaptación del mortiño entre los 4000 m.s.n.m. hasta los 1600 m.s.n.m., aunque en la realidad se muestra que son escasos los páramos que poseen altas poblaciones de mortiños, debido al avance de la frontera agrícola a aislado al mortiño a zonas de páramo, hacia áreas que se sitúan entre los 3400 hasta los 4500 m.s.n.m. (Cobo, et al., 2016: p.592).

1.3.5 Requerimientos edafoclimáticos

El mortiño lo tenemos poblando la región andina de norte a sur, desde las Provincias del Carchi hasta Loja respectivamente. El desarrollo y crecimiento de esta planta requiere de un extenso rango de altitudes, desde los 1600 hasta 3800 m.s.n.m., requiere de climas fríos a templados, con un intervalo de temperaturas que va de 8 - 16 °C, en suelos de humedad constante, sin llegar a la saturación con buen drenaje propia de bosques seco montano bajo y húmedo montano (Coba, et al., 2012: p.970).

1.3.6 Zonas de Producción

Es un cultivo de poca relevancia, que por el momento no se han establecido o no existen muchas zonas en las que se haya cultivado de manera extensiva, por lo cual la demanda de mortiño se satisface de las plantas que habitan de manera silvestre en los páramos andinos del Ecuador, existen parcelas pequeñas o plantas ubicadas de manera desordenada, las cuales llegan a producir dos significantes cosechas en el año, una baja desde abril a mayo y otra abundante desde septiembre hasta diciembre, coincidiendo esta última con temporadas de varias precipitaciones (Mayorga, 2012: p.269).

1.3.7 Cosecha

La época de cosecha es más marcada a finales de año cuando la temporada lluviosa se presenta, los frutos presentan una serie de características organolépticas, como el color del fruto cambia de un verde claro a un morado oscuro hasta casi negro, se torna más blando, la recolección de las bayas se la realiza de manera manual por personal capacitado, depositando los frutos en envases que se encuentren recubiertos por papel previniendo pérdidas en las cosechas por un exceso de humedad (Mayorga, 2012: p.574).

1.4 Métodos independientes de cultivo para la caracterización de bacterias

1.4.1 Secuenciación de próxima generación (NGS)

La secuenciación masiva se encuentra formada por una serie de procedimientos, que son empleados generalmente en reacción de secuenciación, preparación de bibliotecas, análisis de datos y preparación de bibliotecas y templado utilizados en este proceso. Las tecnologías son distinguidas por parte de una singular combinación de procesos y mecanismos específicos, determinando la

cantidad y el tipo de información elaborada de una plataforma a otra. Al establecer una comparación a la información recolectada en precio de la secuenciación, cantidad y calidad las diferencias son relevantes entre las plataformas (Mordoh, 2019: p.807).

Las diversas tecnologías de secuenciación de la próxima generación (de acuerdo a sus iniciales en inglés NGS: Next – Generation Sequencing), llegan a reunir grandes cantidades de información, almacenando desde gigabases hasta terabases. Frecuentemente las tecnologías de secuenciación de segunda y tercera generación, son clasificadas como instrumentos de secuenciamiento de la próxima generación.(Mordoh, 2019: p.1020)

1.4.2 Secuenciamiento Illumina Miseq

1.4.2.1 Preparación de librerías

Las librerías se conforman por una preparación de la fragmentación aleatoria de las secciones de ADN. Consecuentemente lo identificado mezcla las reacciones de fragmentación y ligación en un solo procedimiento incrementando en gran medida la eficiencia del proceso de elaboración de librerías (Kang, et al., 2009: p.367).

1.4.2.2 Generación de Clusters

Cuando están listas las librerías pasan a una celda de flujo donde cada segmento es atrapado en una superficie de oligonucleótidos el cual complementa a los adaptadores de la biblioteca, posteriormente cada segmento se amplifica en grupos clonales diferentes. Al terminar la generación de conglomerados, las plantillas pasan a la secuenciación (Kang, et al., 2009: p.486).

1.4.2.3 Secuenciamiento

En la secuenciación los terminadores reversibles al unirse a las hebras de la plantilla de ADN, detecta las bases individuales, los terminadores reversibles están presentes en cada ciclo de secuenciación, ayudando a reducir en gran medida la tasa de error. Dando como resultado un secuenciamiento base por base altamente precisa eliminando los errores del contexto de la secuencia, incluyendo homopolímeros y regiones de secuencia frecuente (Zhang, et al., 2014: p.980).

1.4.2.4 *Análisis de datos*

En el análisis y la alineación de los datos obtenidos, las lecturas obtenidas de la secuencia se alinean con las lecturas de un genoma de referencia puro. Posterior a la alineación es probable que exista muchas variaciones dentro del análisis, como puede ser la identificación del polimorfismo de un solo nucleótido (Zhang, et al., 2014: p.385).

1.4.3 *Estudios de Microbioma*

La microbiota está definida como la comunidad de microorganismos que viven en un hábitat en específico, por otra parte, el microbioma hace referencia a la microbiota y al rol que desempeña dentro de dicho entorno. Comúnmente entre la filósfera, la endósfera y la rizósfera los tejidos de la planta se encuentran poblados por las comunidades bacterianas. Es por eso que la biodiversidad de la microbiota, experimenta variaciones continuas en la riqueza y composición de las especies. La rizósfera es un área de gran biodiversidad bacteriana, extendida en el suelo siendo influenciada por células desprendidas, secreciones de mucílago y exudaciones de las raíces (Chanco, 2020: p.980).

Los compuestos liberados por las raíces son identificados por ser decisivos en la disposición de la microbiota de la rizósfera, su composición se encuentra determinada por la edad, la especie y etapa fenológica de la planta. Estudios han demostrado que varias muestras de tejido de *Arabidopsis thaliana*. presenta una gran diversidad de sustancias exudadas, resultando una abundante biodiversidad microbiana en las raíces. Estudios sobre el componente microbiológico de la rizósfera muestra que las Proteobacterias de las clases α y β son las más abundantes y los grupos como *Acidobacteria*, *Firmicutes*, *Planctomycetes*, *Firmicutes*, *Actinobacteria* y *Verrucomicrobia* (Chanco, 2020: p.685).

Además, están las rizobacterias que influyen en los mecanismos que regulan el crecimiento de la planta. Las bacterias nitrificantes en conjunto a especies simbióticas (*Rhizobium* spp.) y de vida libre (*Azotobacter* spp.) otorga una fuente de nitrógeno a la planta, también existen un gran número de especies que aumentan la disponibilidad de fósforo, solubilizándolo en la solución del suelo (Hernández, et al., 2002: p.685).

También las rizobacterias poseen un efecto de antagonistas, realizando un biocontrol contra agentes fitopatógenos, al producir sustancias antibióticas e intervenir en los factores de virulencia, a través de

efectores proporcionado por sistemas de secreción tipo III. (Las bacterias poseen sistemas de secreción tipo I-II-III-IV-V-VI, El sistema de secreción tipo III, está formado por estructuras llamadas con forma de nanojeringas de naturaleza proteica, que se acoplan a las membranas celulares de las bacterias que las forman y que facilitan el envío de proteínas virulentas a las células que atacan). Generalmente la microbiota que habita en la rizósfera tiene la capacidad de incorporar interrelaciones beneficiosas, perjudiciales o neutras con la planta huésped. Un microbioma diverso y abundante puede ser un recurso con el potencial de prevenir el efecto nocivo por parte de plagas y enfermedades. Aunque las escasas investigaciones de la diversidad genética de microbioma, limita el entendimiento de la biodiversidad bacteriana influenciando en el fenotipo de los hospederos (Chanco, 2020: p.796).

1.4.4 Metagenómica dirigida 16S RNA

La secuenciación de amplicones dirigidos filogénicamente informativos, como el gen de la subunidad ribosomal 16 rRNA (se ubican en los ribosomas y ayudan a leer los ARNm y catalizar la síntesis de las proteínas) para bacterias y Archaea y el gen 18S rRNA de especies eucarióticas, forman mayormente las investigaciones de la biodiversidad bacteriana (Mantilla, 2019: p.798).

1.4.4.1 ARNr 16S

También llamado ADN ribosomal 16S, es un polirribonucleótido de alrededor 1500bp. Normalmente una secuencia de nucleótidos de cadena sencilla, el ARNr 16S se pliega y adquiere una estructura secundaria que es caracterizada por poseer segmentos de doble cadena, permitiendo una formación de asas y hélices. En un principio se propuso el código de barras del ADN, la cual es una herramienta estandarizada, utilizada en la identificación de los microorganismos presentes en diversos ecosistemas, el cual se usa en investigaciones sobre ecología, biología evolutiva y sistemática por su amplia utilidad (Del Rosario, 2004: p.897).

Elaborar un protocolo confiable, rápido y reproducible había sido el objetivo de varios autores, basándose en la utilización de la reacción en cadena de la polimerasa (sus iniciales en inglés PCR), la cual realiza una amplificación de una región estandarizada del ADN (Valenzuela, et al., 2015: p.794).

1.4.4.2 Características del ARNr 16S

Al encontrarse en todos los organismos procariotas, se la considera una molécula como un poderoso marcador universal. La estructura se mantiene por amplios periodos de tiempo y al no cambiar su funcionalidad, posiblemente los cambios en la secuenciación sean aleatorios. Esta tecnología hace posible obtener datos acerca de todos los organismos en escala evolutiva, en una contraparte eucariota, con el ARNr 18S, se detectan las mutaciones que suceden lentamente. (Bou, et al., 2011: p.854) La utilización de dicha región permite caracterizar grupos de microorganismos bacterianos. También la distancia relativamente extensa de la molécula de los ARNr 16S (1500 bp), disminuye el número de variaciones de origen estadístico y la preservación de la estructura secundaria, beneficiando de esta manera la alineación precisa durante la comparación de secuencias. (Valenzuela, et al., 2015: p.673)

1.4.4.3 Las regiones hipervariables

Una vez que se establecieron las tecnologías de secuenciación masiva, se registró un aumento relevante en el número de investigaciones, en las cuales como marcador se utilizó al gen ARNr 16S para la caracterización de comunidades bacterianas. Aunque los secuenciamientos trabajan de manera parcial y pertenecen a varias regiones variables. Los diferentes puntos de vista en los descubrimientos fomentaron investigaciones comparativas entre el gen completo y varias regiones variables (Díaz, 2017: p.785).

Una de las formas de investigar las comunidades bacterianas son los índices de diversidad, debido a que la capacidad del par de iniciadores y además la región del gen ARNr 16S que intensifican, posee un efecto decisivo, al momento de describir la biodiversidad de las comunidades bacterianas de las zonas de muestreo del entorno (Valenzuela, et al., 2015: p.694).

1.4.4.4 Asignación de taxones

Al utilizarse el ARN 16S para investigar las comunidades bacterianas, empezando con la extracción del ADN, la amplificación de los genes de manera segmentada y la adecuada secuenciación no representan los retos tecnológicos, debido a que generalmente los procedimientos utilizados son altamente replicables y muy bien diseñados (Valenzuela, et al., 2015: p.897).

La identificación de los miembros es el proceso más importante dentro de la asignación de taxones, no solo por las regiones comprendidas en la investigación, sino también por las diferencias que se pueden encontrar dependiendo de los iniciadores seleccionados, además por aspectos conceptuales esenciales del trabajo de tipo taxonómico y a la disponibilidad inmediata de secuencias de referencia y a las herramientas de carácter bioinformático (Bou, et al., 2011: p.273).

1.4.4.5 Bases de datos y estrategias de análisis

Son realmente primordiales las herramientas de búsqueda, las bases de datos donde son almacenadas las secuencias utilizadas en la asignación taxonómica, que se elabora en la comparación de secuencias. Están disponibles varios programas bioinformáticos y bases de datos que son comúnmente usados en la asignación taxonómica, han mostrado distintas variaciones las bases de datos y los programas bioinformáticos las cuales siguen distintas estrategias de análisis (Bou, et al., 2011: p.784).

Las aplicaciones que han alcanzado las investigaciones sobre el ARNr 16S, con los niveles de desarrollo que han beneficiado la implementación de las herramientas fundamentales, han impulsado el desarrollo de las bases de datos específicas para la clasificación taxonómica para organismos microbiológicos (Valenzuela, et al., 2015: p.382).

1.4.4.6 Bases de datos específicas

Dicha molécula desde un principio se empleaba para la identificación de bacterias, en investigaciones actuales es utilizado en protocolos estandarizados, para diversas tecnologías en la identificación taxonómica de organismos unicelulares y las secuencias utilizadas se las puede encontrar en varias bases de datos de acceso público (Valenzuela, et al., 2015: p.794).

Aunque, mayormente las secuencias no se han validado de diferentes maneras y por eso se han elaborado distintas bases de datos que reúnen solamente secuencias 16S. Varias bases de datos, de acceso libre no se encuentran actualizadas, pero permite la descarga y el acceso a las secuencias almacenadas. También existen algunas bases de datos disponibles como SILVA: Bases de datos de ARN ribosomal de alta calidad o Ribosomal Database Project (Valenzuela, et al., 2015: p.895).

CAPÍTULO II

2 MARCO METODOLÓGICO

2.1 Muestreo de suelos

El lugar de donde fueron extraídas las muestras compuestas de suelo presentó las siguientes características:

Tabla 1-2: Características del sitio de muestreo

Provincia	Chimborazo
Cantón	Riobamba
Localización	Parroquia San Juan Páramo de Ganquis
Ecosistema	Páramo Herbáceo
Cultivo	Mortiño <i>Vaccinium floribundum</i>
Muestra	Rizósfera
Coordenadas Geográficas	1°34'00.2''S ;78°51'35.0''W.

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

Se consideraron factores como el tipo de cultivo, escogiéndose específicamente a la rizósfera de Mortiño (*Vaccinium floribundum*), por la capacidad que poseen las raíces de interactuar con las comunidades microbianas, creando un ambiente selectivo para los tipos de comunidades bacterianas ligadas a la planta. La localización del lugar de muestreo de donde fueron recolectadas las muestras de suelo fue georreferenciado.



Figura 1-2. Ubicación georreferenciada de punto de muestreo

Fuente: Google Maps, 2021

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

2.2 Identificación del perfil taxonómico de bacterias utilizando técnicas independientes de cultivo con Secuenciación Masiva Paralela de la región 16S

2.2.1 *Materiales y equipos*

2.2.1.1 *Materiales de Campo*

- Bolsas para recolección de suelo
- Etiquetas adhesivas
- Fichas de recolección

2.2.1.2 *Equipos de campo*

- GPS
- Cámara fotográfica
- Cooler
- Barreno
- Baldes

2.2.1.3 Materiales de laboratorio

- FastDNA™ SPIN Kit for Soil

2.2.1.4 Equipos de laboratorio

- Nanodrop
- Illumina Miseq

2.2.1.5 Materiales y Equipos de oficina

- Computadora
- Hojas
- Impresora

2.2.1.6 Softwares

- BLAST+
- TRIMMOMATIC
- BBMERGE
- SILVA

2.2.1.7 Material biológico

- Muestras de suelo.

2.2.2 Análisis de perfil taxonómico mediante secuenciación masiva paralela de la región 16S para Bacterias.

2.2.2.1 Extracción y purificación de DNA bacteriano

- Se utilizó 500 mg de las muestras de suelo para realizar la extracción de ADN total utilizando un FastDNA™ SPIN Kit for Soil
- Se verificó la calidad del ADN obtenido mediante lectura espectrofotométrica en nanodrop.

2.2.2.2 Amplificación del gen 16s ARNr

- Se realizó el análisis de la calidad con la corrida de lectura con FastQC y creación de librerías para la plataforma Miseq NGS, realizando lecturas pair end de 300 bp en cada lado forward y reverse.
- Se utilizaron los primers 4R TCCTCCGCTTATTGATATGC), 16S F-R (F CCTACGGGNGGCWGCAG; AML2 GAACCCAAACACTTTGGTTTCC) con extremos cohesivos P5-P7 (P5 TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAG; P7 GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAG) para la adición de primers y códigos de barras de Nextera. Los primers corresponden a la región hipervariable 3 y 4 del 16 S
- Para la muestra GAN R1 se utilizó el amplicón 598, para la muestra GAN R2 el amplicón 603 y para la muestra GAN R3 el amplicón 609.

2.2.2.3 Elaboración de la base de datos

- Las lecturas obtenidas fueron limpiadas, ensambladas, contabilizadas utilizando software bioinformático. Las secuencias quiméricas fueron eliminadas.
- Las lecturas fueron limpiadas con el software trimmomatic utilizando los parámetros de default (java -jar trimmomatic-0.39.jar PE input_forward.fq.gz input_reverse.fq.gz output_forward_paired.fq.gz output_forward_unpaired.fq.gz output_reverse_paired.fq.gz output_reverse_unpaired.fq.gz ILLUMINACLIP:TruSeq3-PE.fa:2:30:10:2:keepBothReads LEADING:3 TRAILING:3 MINLEN:36)
- Las secuencias finales fueron identificadas mediante BLAST, con un porcentaje de identidad del 99% para bacterias (Base de datos 16S RefSeq).
- Se usó el algoritmo Krona de Phyton para generar gráficos circulares y mostrar los grupos taxonómicos
- Los resultados de búsqueda de BLAST con la identificación de bacterias a nivel de género y especie se encuentran en tablas de excel (.xlsm) y discos de Krona (.html) adjuntos al informe.
- Los datos presentados en tablas de Excel pueden ser utilizados para análisis de diversidad, mientras que los discos de Krona permiten un análisis interactivo de los resultados y hacer búsquedas específicas de microorganismos en el recuadro de búsqueda “search”

2.2.2.4 Caracterización de especies bacterianas in silico

Una vez obtenidas las bases de datos con las especies identificadas, se procedió a caracterizarlas estudiando la información disponible de las especies en la literatura, la cual detalla con mayor frecuencia las condiciones idóneas para su crecimiento y las actividades que llegan a realizar, llegando a inferir el rol que desempeñan, dependiendo de la información disponible en las diversas fuentes, utilizando servidores web el cual engloba motores de búsqueda como Google académico, NCBI y EZBioCloud, también el uso de fuentes de editoriales como Springer, Microbiology Research y American Society for Microbiology.

2.2.2.5 Elaboración de tablas

Una vez caracterizadas las especies fueron organizadas en tablas en base al posible rol que desempeñan, basándonos en la información recabada, la cual mayormente detalla las actividades que realizan y el rol que desempeña de esta manera clasificándolas en benéficas para plantas, patógenas para plantas, no definidas y otras indicando la característica que la ubica en dicha categoría.

2.2.2.6 Estimación de la diversidad de comunidades bacteriana

Se evaluaron las lecturas pertenecientes a las bacterias, tomadas de las muestras de suelo, realizándose un conteo de cada una de las bacterias, posteriormente estimándose la abundancia de cada especie, a continuación, se contabilizó la cantidad de especies en cada repetición definiéndose la diversidad bacteriana en cada repetición.

2.2.2.7 Estimación de la abundancia de comunidades bacterianas

Se evaluó la abundancia de cada una de las especies en cada repetición y de manera general, contabilizando la presencia de las especies con mayor frecuencia en cada repetición y consecuentemente en todas las repeticiones

CAPÍTULO III

3 MARCO DE RESULTADOS Y DISCUSIÓN DE LOS RESULTADOS

3.1 Bacterias identificadas y caracterizadas procedentes de muestras de suelo del páramo de Ganquis

Se identificó 488 unidades taxonómicas operacionales (OTUs) pertenecientes a bacterias, las cuales se las asoció mediante revisión de literatura y se determinó las posibles actividades que realizan y el rol que desempeñan en diversos ecosistemas, muchas de las cuales no están asociadas a funciones relacionadas con las plantas, aunque también se caracterizó un gran número de especies que promueven procesos en beneficio de las mismas.

Tabla 1-3: Bacterias identificadas en el suelo rizósferico del páramo de Ganquis

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Acidicapsa acidisoli</i>	X				Se asocia con síntesis de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosforo en medios ácidos y alcalinos
<i>Acidicapsa borealis</i>	X				Se asocia a hidrolisis del almidón acelerando procesos de descomposición
<i>Edaphobacter aggregans</i>	X				Se asocia con síntesis de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfato y crece en cocultivo con la proteobacteria metanooxidante <i>Methylocella silvestris</i>
<i>Edaphobacter lichenicola</i>	X				Se asocia con síntesis de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfato, hidroliza liquenan favoreciendo procesos de descomposición

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Granulicella mallensis</i>	X				Se asocia con síntesis de fosfatasa alcalina proporcionando fosfato e hidroliza almidón, laminarina y liquenan acelerando procesos de descomposición
<i>Granulicella sapmiensis</i>	X				Se asocia con síntesis de fosfatasa alcalina y ácida proporcionando fosfato e hidroliza xilano y liquenan acelerando procesos de descomposición
<i>Terracidiphilus gabretensis</i>	X				Se asocia con la degradación de la celulosa, acelerando procesos de descomposición. Esta cepa produce enzimas extracelulares implicadas en la degradación de biopolímeros de origen vegetal
<i>Terriglobus albidus</i>	X				Se asocia con la actividad enzimática de ureasa, incrementa las concentraciones de amonio en la solución del suelo
<i>Terriglobus roseus</i>			X		Fue encontrado y aislado de un suelo agrícola
<i>Terriglobus saanensis</i>	X				Se asocia con la hidrolisis almidón y celulosa acelerando procesos de descomposición, produce fosfatasa acida y alcalina solubilizando fosfato en medios ácidos y alcalinos
<i>Aridibacter famidurans</i>	X				Se asocia con la síntesis fosfatasa acida y alcalina proporcionando fosfato en la solución del suelo y sintetiza proteasas las cuales forman aminoácidos libres
<i>Stenotrophobacter terrae</i>	X				Asociada a la producción de fosfatasa acida y alcalina creando una fuente de fosfato en suelos ácidos y alcalinos

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Ferruginibacter profundus</i>	X				Se asocia con la síntesis de proteasa formando aminoácidos libres proporcionando en la planta un efecto bioestimulante actuando sobre el vigor de la planta
<i>Flavitalea gansuensis</i>				X	Se asocia con la síntesis de pigmentos carotenoides
<i>Flavitalea populi</i>	X				Se asocia con la síntesis de enzimas de tipo fosfatasa alcalina y ácida proporcionando fosfato
<i>Panacibacter ginsenosidivorans</i>				X	Asociada a la actividad de conversión de ginsenosido aislada del suelo de un campo de ginseng
<i>Sediminibacterium aquarii</i>	X				Se asocia con la elaboración de fosfatasa alcalina y ácida creando fuentes de fósforo disponibles
<i>Terrimonas arctica</i>	X				Asociada con la capacidad de producir fosfatasa ácida y alcalina provee fuentes de fósforo solubles en la rizósfera
<i>Terrimonas crocea</i>	X				Se asocia con la síntesis β galactosidasa la cual cataliza la degradación de celulosa en glucosa
<i>Spirosoma humi</i>				X	Su fisiología le permite realizar actividades enzimáticas de tipo oxidasa y catalasa
<i>Arcicella aquatica</i>	X				Se asocia con el rol como biofertilizante con su actividad enzimática de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfato a la zona radical
<i>Dyadobacter sediminis</i>				X	El principal lípido polar que posee es Fosfatidiletanolamina y se asocia a la actividad enzimática de oxidasa y catalasa

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Chryseolinea serpens</i>	X				Asociada a la degradación del xilano, pectina y almidón acelerando los procesos de descomposición
<i>Adhaeribacter terrae</i>	X				Se asocia a la producción de fosfato por medio de la acción de fosfatasa ácida y alcalina
<i>Chryseobacterium indoltheticum</i>	X				Asociada a actividades antagonistas con <i>Botrytis cinérea</i> el cual produce la pudrición gris de varios frutos
<i>Chryseobacterium oleae</i>	X				Es una bacteria promotora del crecimiento vegetal se asocia de manera eficiente en la inducción del enraizamiento de esquejes de olivo (<i>Olea europaea L.</i>)
<i>Chryseobacterium polytrichastri</i>				X	Es una bacteria psicrotolerante con proteasas activas en frío
<i>Chryseobacterium soldanellicola</i>	X				Asociada a la inhibición del crecimiento del patógeno vegetal <i>Fusarium oxysporum</i> .
<i>Chryseobacterium yeoncheonense</i>				X	Es una especie con actividad de conversión de ginsenósido aislado del suelo de un campo de ginseng
<i>Flavobacterium aquidureense</i>				X	Asociada a la producción de citrato y acetoína
<i>Flavobacterium araucanum</i>				X	Asociada a la actividad enzimática de elastasa
<i>Flavobacterium chungangense</i>	X				Asociada con síntesis de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fuentes de fósforo
<i>Flavobacterium collinsii</i>				X	Se asocia a la producción de pigmentos de tipo flexirrubina difusibles
<i>Flavobacterium glaciei</i>			X		Fue aislado de un glaciar en China
<i>Flavobacterium granuli</i>				X	Asociada a la elaboración de acetoína
<i>Flavobacterium paronense</i>				X	Asociada a la producción de cistina arilamidasa y tripsina

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Mucilaginibacter antarcticus</i>				X	Fue aislado de muestras de suelo al sur de la Antártida
<i>Mucilaginibacter calamicampi</i>				X	Se asocia a la reducción del nitrato, fue aislado del suelo en un campo de juncos en Corea del Sur
<i>Mucilaginibacter gossypiiicola</i>	X				Es una bacteria promotora del crecimiento de las plantas
<i>Mucilaginibacter gracilis</i>	X				Asociada a la degradación de pectina, xilano y laminarina acelerando procesos de descomposición
<i>Mucilaginibacter pineti</i>				X	La quinona respiratoria es menaquinona 7 (MK-7)
<i>Mucilaginibacter polysacchareus</i>	X				Asociada con síntesis de proteasas, liberando aminoácidos libres
<i>Mucilaginibacter polytrichastri</i>				X	Asociada a producción de acetoina y sustancias poliméricas extracelulares
<i>Mucilaginibacter soli</i>				X	Asociada a síntesis de esfingolípidos
<i>Mucilaginibacter soyangensis</i>	X				Asociada a la producción de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfatos en medios ácidos y alcalinos
<i>Pedobacter luteus</i>			X		Aislado del suelo de un campo de patatas en Corea, celulosa, almidón y xilano no hidroliza
<i>Pedobacter nyackensis</i>				X	Se diferencia de sus parientes cercanos por su asocio a la capacidad para asimilar glucógeno y 2-cetogluconato
<i>Asticcacaulis benevestitus</i>			X		Fue aislado de un humedal de tundra en la región de Vorkuta al norte de Rusia
<i>Asticcacaulis biprotheticium</i>			X		Los aminoácidos no tienen efecto en su crecimiento o lo inhiben

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Brevundimonas bullata</i>	X				Es una bacteria proteolítica asociada a la formadora de péptidos
<i>Brevundimonas intermedia</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón acelerando procesos de descomposición
<i>Brevundimonas kwangchunensis</i>				X	Presenta resistencia a la ampicilina y gentamicina
<i>Brevundimonas lenta</i>				X	Se asocia a la utilización de la dextrina como fuente de carbono
<i>Brevundimonas staleyi</i>				X	Se asocia con una fuerte actividad de valina arilamidasa y lipasa
<i>Caulobacter fusiformis</i>	X				Asociada al crecimiento vegetal a través de la producción de IAA
<i>Caulobacter ginsengisoli</i>	X				Asociada al crecimiento vegetal a través de la producción de IAA
<i>Caulobacter henricii</i>	X				Asociada al crecimiento vegetal a través de la producción de IAA
<i>Caulobacter mirabilis</i>	X				Asociada a la biosíntesis de sideróforos induciendo resistencia a patógenos
<i>Caulobacter profundus</i>	X				Asociada a la biosíntesis de sideróforos induciendo resistencia a patógenos
<i>Caulobacter vibrioides</i>	X				Asociada a la producción de IAA una fitohormona y a la solubilización de selenio un mineral beneficioso
<i>Phenylobacterium haematophilum</i>	X				Asociada a la síntesis de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfato en la rizósfera
<i>Phenylobacterium mobile</i>				X	Asociada a la degradación de los Alquilbencenos sulfonatos lineales
<i>Phenylobacterium immobile</i>				X	Asociada a la degradación del herbicida cloridazón
<i>Phenylobacterium muchangponense</i>	X				Asociada a la síntesis de fosfatasa alcalina proporcionando fosfato a la rizósfera

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Caedimonas varicaedens</i>				X	Es endosimbionte asesina kappa de <i>Paramecium biaurelia</i>
<i>Aureimonas glaciistagni</i>			X		Aislado de un estanque de deshielo en el hielo marino en el mar de Chukchi
<i>Aureimonas glaciei</i>	X				Se asocia a la producción de indol, produce auxinas una fitohormona
<i>Beijerinckia indica</i>	X				Se asocia a la fijación simbiótica de nitrógeno. Crece en suelos ácidos
<i>Methylocella palustris</i>	X				Utiliza metano y metanol como fuente de carbono, además se asocia a la fijación de nitrógeno de manera simbiótica
<i>Methylocella silvestris</i>				X	Prolifera en ambientes con altas concentraciones de metano y propano
<i>Methylocapsa palsarum</i>				X	Es una bacteria metanotrófica obtiene carbono y energía del metano
<i>Methyloferula stellata</i>				X	Es una bacteria metanotrófica obtiene carbono y energía del metano
<i>Afipia birgiae</i>				X	Se asocia a procesos de infección en humanos
<i>Afipia broomeae</i>				X	Se asocia a procesos de infección en humanos
<i>Afipia massiliensis</i>				X	Se asocia a procesos de infección en humanos
<i>Bosea lathyri</i>				X	Asociada a la reducción de nitratos y asimilación de gluconato y malato de potasio
<i>Bosea massiliensis</i>				X	Crece bien en co-cultivo con <i>Acanthamoeba polyphaga</i> en solución salina amebal
<i>Bradyrhizobium canariense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Bradyrhizobium ganshouense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Bradyrhizobium oligotrophicum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Bradyrhizobium vignae</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Bradyrhizobium yuanmingense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Tardiphaga robiniae</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Pseudomonas carboxydohydrogena</i>				X	Asociada a la producción de enzimas de tipo monóxido de carbono deshidrogenasa
<i>Aquabacter spiritensis</i>				X	Asociada a la reducción del nitrato pero no el nitrito, no es capaz de fijar nitrógeno
<i>Devosia chinhatensis</i>				X	Asociada a la producción de catalasa y oxidasa, hidroliza la esculina
<i>Devosia enhydra</i>			X		La ubiquinona predominante es Q-10
<i>Devosia insulae</i>	X				Su actividad enzimática de ureasa, la asocia a la producción de amonio de amonio
<i>Devosia limi</i>				X	Fue aislado de un inóculo nitrificante de rizósfera en Bélgica. asociada a la producción de oxidasa y catalasa
<i>Devosia submarina</i>				X	Asociada a la síntesis de enzimas de tipo catalasa y tripsina
<i>Devosia yakushimensis</i>	X				Asociada a la producción de ureasa, produciendo amonio
<i>Hyphomicrobium facile</i>				X	Asociada a la producción de enzimas de tipo catalasa y oxidasa
<i>Hyphomicrobium vulgare</i>				X	Prolifera en medios con concentraciones de clorometano (Batrakov, 1996:p.293).

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Methyloterrigena soli</i>	X				Asociada a la producción de fosfatasa ácida y alcalina produciendo fosfato
<i>Pedomicrobium manganicum</i>			X		Únicamente se lo ha nombrado y clasificado taxonómicamente
<i>Methylobacterium bullatum</i>				X	Asociada a la degradación del ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico un precursor del etileno
<i>Methylobacterium cerastii</i>	X				Asociada a la producción de sideróforos el cual otorga resistencia a patógenos
<i>Methylobacterium goesingense</i>				X	Posee resistencia a concentraciones de metales pesados como cadmio níquel entre otros
<i>Methylobacterium radiotolerans</i>				X	Asociada a la resistencia a la radiación gamma
<i>Microvirga aerilata</i>	X				Asociada a la producción de fosfatasa ácida y alcalina produciendo fosfatos
<i>Psychroglaciecola arctica</i>	X				Asociada a la hidrólisis de almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Chenggangzhangella methanolivorans</i>	X				Asociada a la síntesis de fosfatasa ácida y alcalina produciendo fosfatos
<i>Corticibacterium populi</i>				X	Asociada a la síntesis de acetoína
<i>Mesorhizobium amorphae</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Mesorhizobium australicum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Mesorhizobium chacoense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Mesorhizobium loti</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Mesorhizobium sangaii</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Mesorhizobium tianshanense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno atmosférico
<i>Phyllobacterium endophyticum</i>			X		La especie se aisló del interior del nódulo de una planta
<i>Phyllobacterium ifriqiense</i>			X		Únicamente se la ha clasificado y ubicado en el árbol filogenético
<i>Phyllobacterium myrsinacearum</i>				X	Fue encontrado en nódulos de hojas de plantas tropicales ornamentales y reduce el nitrato
<i>Kaistia geumhonensis</i>				X	Asociada a la síntesis de enzimas de tipo esterasa lipasa
<i>Kaistia granuli</i>				X	Utiliza el acetato como fuente de carbono
<i>Kaistia soli</i>			X		Utiliza el ácido málico como fuente de carbono
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>		X			Asociada al desarrollo de tumores o agallas en cualquier parte de la planta
<i>Neorhizobium galegae</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Neorhizobium huautlense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium azooxidifex</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium daejeonense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium endophyticum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Rhizobium gei</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium giardinii</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium herbae</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium mesoamericanum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium mesosinicum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium paranaense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium soli</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium tibeticum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhizobium tubonense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Rhizobium yanglingense</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Rhodoligotrophos appendicifer</i>				X	Asociada a la elaboración de pigmentos carotenoides
<i>Roseiarcus fermentans</i>				X	Asociada a la elaboración de pigmentos carotenoides
<i>Sinorhizobium americanum</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Nordella oligomobilis</i>	X				Asociada a la hidrólisis de la urea, produciendo amonio
<i>Azorhizobium doebereineriae</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno por medio del gen nifH la cual promueve la producción de la enzima nitrógeno reductasa
<i>Labrys methylaminiphilus</i>				X	Bacteria facultativamente metilotrófica aislada de un sedimento de lago de agua dulce
<i>Labrys monachus</i>				X	Asociada a la producción de enzimas de tipo oxidasa y catalasa son producidas
<i>Labrys okinawensis</i>				X	Fue aislada de un nódulo de raíz de <i>Entada phaseoloides</i>
<i>Labrys wisconsinensis</i>				X	La poliamina principal es la sim-homospermidina, con cantidades moderadas de putrescina
<i>Starkeya novella</i>				X	Se asocia con la capacidad de oxidación de tiosulfato y tetrionato
<i>Asprobacter aquaticus</i>				X	Asociada a la síntesis de lisina arilamidasa
<i>Cereibacter changlensis</i>				X	Asociada a la producción de pigmentos carotenoides
<i>Acidisoma tundrae</i>				X	Muestra actividad de citocromo oxidasa

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Dankookia rubra</i>				X	Q-10 es la quinona respiratoria predominante
<i>Roseomonas aquatica</i>	X				Asociada a la síntesis de ureasa, produciendo amonio
<i>Roseomonas arctica</i>	X				Asociada a la síntesis de ureasa ureasa, produciendo amonio
<i>Dongia rigui</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de la urea, produciendo amonio
<i>Inquilinus ginsengisoli</i>			X		Únicamente se la clasificado y nombrado
<i>Magnetospirillum moscoviense</i>			X		Se asocia a la magnetotaxis alineando los dipolos de sus magnetosomas como una brújula
<i>Skermanella aerolata</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de la celulosa y almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Reyranella aquatilis</i>				X	Asociada a la síntesis tripsina y valina arilamidasa
<i>Reyranella soli</i>			X		Asociada a la hidrólisis de xantina e hipoxantina
<i>Reyranella terrae</i>				X	Asociada a la producción de acetofina
<i>Altererythrobacter aerius</i>	X				Se asocia a la degradación de almidón y celulosa, acelerando procesos de descomposición
<i>Blastomonas fulva</i>	X				Se asocia a la producción de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfato en la rizósfera
<i>Novosphingobium barchaimii</i>	X				Se asocia a la síntesis de ureasa, produciendo amonio
<i>Novosphingobium endophyticum</i>	X				Se asocia a la síntesis de β glucosidasa y β galactosidasa produciendo glucosa como fuente de energía
<i>Novosphingobium ginsenosidimutans</i>				X	Se asocia a la síntesis de enzimas oxidasas
<i>Novosphingobium lentum</i>				X	Se asocia a la síntesis de espermidina

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Rhizorhobdus dicambivorans</i>				X	Se asocia a la reducción del nitrato en nitrito
<i>Sphingomonas aquatilis</i>				X	Se asocia a la producción de esfingolípidos
<i>Sphingomonas arantia</i>				X	Se asocia a la producción de esfingolípidos
<i>Sphingomonas aurantiaca</i>	X				Se asocia a la producción de fitohormonas de tipo auxínico
<i>Sphingomonas colocasiae</i>	X				Se asocia a la producción de fosfatasa ácida y alcalina proporcionando fosfatos en la rizósfera
<i>Sphingomonas crusticola</i>				X	Fue aislado de costras biológicas del suelo recolectadas en China
<i>Sphingomonas desiccabilis</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Sphingomonas dokdonensis</i>	X				Se asocia a la producción de fosfatasa ácida proporcionando fosfatos en la rizósfera
<i>Sphingomonas faucium</i>	X				Se asocia a la producción de ureasa, produciendo amonio
<i>Sphingomonas fennica</i>				X	Se asocia a la degradación del 2,4,6-triclorofenol-, 2,3,4,6-tetraclorofenol
<i>Sphingomonas formosensis</i>				X	Se asocia a la degradación de hidrocarburos aromáticos policíclicos
<i>Sphingomonas glacialis</i>				X	Es una bacteria psicrófila aislada de la crioonita de glaciar alpino
<i>Sphingomonas hengshuiensis</i>	X				Se asocia a la producción de fitohormonas de tipo auxínico
<i>Sphingomonas hunanensis</i>	X				Se asocia a la producción de ureasa produciendo amonio
<i>Sphingomonas insulae</i>	X				Se asocia a la síntesis de fosfatasa ácida y alcalina solubilizando fósforo en medios ácidos y alcalinos

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Sphingomonas laterariae</i>				X	Fue aislado de un vertedero contaminado con hexaclorociclohexano
<i>Sphingomonas limmosedimicola</i>	X				Se asocia a la producción de fitohormonas de tipo auxínico
<i>Sphingomonas mali</i>	X				Se asocia a la producción de indol y ureasa, produce auxinas y amonio, cumpliendo un rol como productor de fitohormonas y biofertilizante
<i>Sphingomonas naasensis</i>	X				Se asocia a la producción de indol, produce auxinas fitohormonas involucradas en el crecimiento vegetal
<i>Sphingomonas naphthae</i>	X				Se asocia a la producción de fitohormonas de tipo auxínico
<i>Sphingomonas oligoaromativorans</i>				X	Se asocia a la degradación de compuestos de tipo aromáticos
<i>Sphingomonas oligophenolica</i>				X	Se asocia a la síntesis de esfingolípidos
<i>Sphingomonas qilianensis</i>	X				Se asocia a la síntesis de fosfatasa alcalina proporcionando fuentes de fósforo en suelos alcalinos
<i>Sphingomonas polyaromaticivorans</i>				X	Se asocia a la capacidad de degradar el fenantreno
<i>Sphingomonas sedimicola</i>				X	Se asocia a la síntesis de homoespermidina
<i>Sphingomonas soli</i>	X				Se asocia a la elaboración de proteasa formando aminoácidos libres
<i>Sphingomonas wittichii</i>				X	Realiza funciones como metabolizador de dibenzo-p-dioxina
<i>Sphingomonas xinjiangensis</i>	X				Asociado a la síntesis de fosfatasa ácida y alcalina proveyendo de una fuente constante de fósforo
<i>Sphingopyxis chilensis</i>				X	Se asocia a la capacidad de degradar el 2-4-6 triclórofenol

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Sphingorhabdus contaminans</i>				X	Asociada a la actividad de reducción de nitratos
<i>Burkholderia australis</i>	X				Coloniza las raíces en las cuales realiza una fijación simbiótica de nitrógeno y estimula el crecimiento
<i>Caballeronia terrestris</i>			X		Esta especie a sido aislada de diferentes tipos de suelo y sistemas de tratamientos de agua
<i>Caballeronia udeis</i>			X		Únicamente se describen requerimientos para su proliferación
<i>Paraburkholderia bryophila</i>	X				Asociada a la solubilización del fósforo volviéndolo aprovechable para las plantas
<i>Paraburkholderia caffeinilytica</i>			X		Únicamente se describen requerimientos para su crecimiento
<i>Paraburkholderia jirisanensis</i>			X		Aislada de la montaña Jirisan de La República de Korea
<i>Paraburkholderia xenovorans</i>	X				Asociada a la producción de sideróforos los cuales actúan como agentes quelantes.
<i>Polaromonas eurypsychrophila</i>	X				Asociada a la producción de α -glucosidasa formando monosacáridos
<i>Pseudorhodoferax aquiterrae</i>				X	Presenta acumulaciones de Poli - β hidroxibutirato
<i>Rhodoferax ferrireducens</i>				X	Asociada la oxidación del acetato con la reducción de Fe (III)
<i>Rhodoferax saidenbachensis</i>				X	Asociada a la reducción del nitrito en gas nitrógeno
<i>Variovorax boronicumulans</i>				X	Acumula concentraciones comparativamente altas de boro si se cultiva en presencia de ácido bórico
<i>Variovorax defluvii</i>				X	Asociada a la capacidad de degradación del 2-clorofenol
<i>Variovorax ginsengisoli</i>				X	Asociada a la descomposición del plástico común poli (lactato-co3-hidroxibutirato enriquecido)

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Variovorax humicola</i>				X	Asociada a la descomposición del plástico común poli (lactato-co3-hidroxitirato enriquecido)
<i>Variovorax soli</i>				X	Posee tolerancia a altas concentraciones de NaCl
<i>Massilia eurypsychrophila</i>				X	Es una bacteria facultativamente psicrófila habitando en medios con bajas temperaturas
<i>Massilia namucuoensis</i>				X	Su metabolismo le confiere actividad enzimática de catalasa y oxidasa
<i>Massilia timonae</i>			X		El organismo fue aislado de un cultivo de sangre de un febril paciente con inmunodeficiencia común variable
<i>Undibacterium pigrum</i>				X	Presenta un metabolismo oxidativo
<i>Piscinibacter aquaticus</i>				X	Contiene gránulos de poli-β-hidroxitirato.
<i>Piscinibacter defluvii</i>				X	Asociada a la reducción del nitrato a nitrito pero no produce gas nitrógeno
<i>Rhizobacter fulvus</i>				X	Asociado a la síntesis de salicina un precursor del ácido salicílico
<i>Rhizobacter profundi</i>				X	Asociada a la síntesis de salicina un precursor del ácido salicílico
<i>Rivibacter subsaxonicus</i>			X		Se le ha designado un puesto en el árbol filogenético con relación a su taxonomía
<i>Archangium gephyra</i>				X	Asociada a la síntesis de aurafuron un fungicida
<i>Vitiosangium cumulatum</i>			X		Se le ha designado un puesto en el árbol filogenético con relación a su taxonomía
<i>Aetherobacter rufus</i>	X				Asociada a la hidrólisis de almidón y xilano, aumentando la velocidad de los procesos de descomposición

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Nannocystis pusilla</i>				X	Asociada a la síntesis de metabolitos secundarios como pirronazol un precursor de antibióticos
<i>Sulfuricurvum kujiense</i>				X	Asociada a la oxidación de especies de azufre
<i>Aeromonas rivipollensis</i>				X	Asociada a la catalasa y oxidasa y reduce el nitrato a nitrito
<i>Aeromonas veronii</i>				X	Infeccioso para humanos
<i>Haemophilus piscium</i>	X				Asociada a la solubilización del selenio un nutriente beneficioso para las plantas
<i>Cellvibrio gandavensis</i>	X				Asociada a la elaboración de fosfatasa alcalina y β - galactosidasa formando fosfato y monosacáridos
<i>Enterobacter bugandensis</i>	X				Asociada a la producción de fitohormonas de tipo auxínico
<i>Escherichia fergusonii</i>				X	Infeccioso para humanos
<i>Pantoea dispersa</i>	X				Es una bacteria promotora del crecimiento vegetal tolerante al frío
<i>Serratia fonticola</i>				X	Se asocia a la activación del nucleófilo en metalo- β -lactamasas de mono-zinc
<i>Acinetobacter johnsonii</i>			X		Es un patógeno de peces emergentes
<i>Pseudomonas abietaniphila</i>				X	Se asocia a la degradación del ácido de resina
<i>Pseudomonas asturiensis</i>		X			Patógeno en plantas de soya produciendo quemazón en las hojas
<i>Pseudomonas azotoformans</i>	X				Se asocia a la producción de sideróforos induciendo en la planta resistencia a agentes patógenos
<i>Pseudomonas brenneri</i>				X	Asociada a la reducción de cromo con potencial para ser empleada en procesos de biorremediación

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Pseudomonas brassicacearum</i>				X	Esta especie que contiene 1-aminociclopropano-1-carboxilato desaminasa puede mostrar propiedades tanto patógenas como promotoras del crecimiento en su interacción con tomate
<i>Pseudomonas cannabina</i>				X	En la naturaleza, patógeno en <i>Cannabis sativa L.</i> y por inoculación en <i>Phaseolus vulgaris L.</i>
<i>Pseudomonas congelans</i>				X	Asociada a la nucleación del hielo
<i>Pseudomonas caspiana</i>				X	Infeccioso para humanos
<i>Pseudomonas flavescens</i>		X			Asociado al cancro del tizón en el nogal
<i>Pseudomonas frederiksbergensis</i>	X				Asociado a la mitigación el estrés por alta salinidad disminuyendo la concentración de etileno y regulando enzimas antioxidantes
<i>Pseudomonas graminis</i>				X	Asociada al control de patógenos transmitidos por los alimentos en frutas frescas cortadas
<i>Pseudomonas helmanticensis</i>				X	Estrictamente aeróbico con metabolismo oxidativo y sin fermentación de azúcares en medio de peptona
<i>Pseudomonas kilonensis</i>	X				Asociada a la elaboración de proteasa, solubilizando aminoácidos libres
<i>Pseudomonas kuykendallii</i>				X	Asociada a la degradación del herbicida Hexazinona
<i>Pseudomonas migulae</i>				X	Asociada a la capacidad de degradar anilina
<i>Pseudomonas reinekei</i>				X	Asociada a la biodegradación de compuestos aromáticos clorados

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	X				Asociada a la producción de sideróforos induciendo en plantas resistencia a agentes patógenos
<i>Pseudomonas thivervalensis</i>			X		Asociada a la producción de pioverdina un tipo de sideróforo
<i>Pseudomonas turukhanskensis</i>	X				Asociada a la fijación simbiótica de nitrógeno
<i>Pseudomonas vancouverensis</i>				X	Su actividad metabólica es activada a temperaturas cercanas al punto de congelación
<i>Dokdonella ginsengisoli</i>				X	Se asocia a la producción de acetoína
<i>Dyella japonica</i>				X	Asociada a la degradación de las lactonas N-acilhomoserina
<i>Luteibacter rhizovicinus</i>	X				Asociada a la síntesis de proteasa y β -galactosidasa, solubilizando aminoácidos e interviniendo en el ciclo del carbono respectivamente
<i>Arenimonas oryzae</i>	X				Asociada a la elaboración de fosfatasa alcalina solubilizando fosfato en suelos alcalinos
<i>Lysobacter dokdonensis</i>	X				Asociada a la elaboración de la fosfatasa acida y alcalina solubilizando fosfato en los suelos
<i>Lysobacter niabensis</i>	X				Asociada a la hidrólisis de caseína y almidón, produciendo aminoácidos y acelerando la descomposición respectivamente
<i>Pseudoxanthomonas gei</i>				X	Asociada a la producción de pigmentos tipo flexirrubina
<i>Pseudoxanthomonas sacheonensis</i>				X	Asociada a la fermentación de la glucosa
<i>Pseudoxanthomonas yeongjuensis</i>	X				Asociada a la síntesis de ureasa, produciendo fuentes de nitrógeno

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Stenotrophomonas bentonitica</i>				X	Muestra tolerancia a altas concentraciones de uranio y selenio
<i>Thermomonas carbonis</i>				X	Asociada a la reducción del nitrito e hidroliza la escualina
<i>Schlesneria paludicola</i>				X	Asociada a la reducción disimilatoria de nitratos es positiva. Moderadamente acidófilo y mesófilo
<i>Lacunisphaera anatis</i>			X		Se aisló de agua dulce superficial que contenía biomasa de una floración de cianobacterias
<i>Luteolibacter arcticus</i>				X	Asociada a la producción de carotenoides
<i>Luteolibacter gellanilyticus</i>				X	Asociada a la hidrólisis de la goma gellan
<i>Luteolibacter luojiensis</i>			X		La especie fue aislada del suelo de la tundra
<i>Aquihabitans daechungensis</i>			X		Es una actinobacteria aislada del agua del depósito
<i>Catenulispora fulva</i>	X				Asociada a la hidrólisis del almidón, favoreciendo en procesos de descomposición
<i>Mycobacterium aquaticum</i>				X	Asociada a la reducción del telurio
<i>Mycobacterium conspicuum</i>				X	Asociada a la síntesis de ésteres de cera
<i>Mycobacterium grossiae</i>				X	Asociado a los mecanismos de captación de hierro
<i>Mycobacterium kubicae</i>				X	Muestra resultados variables para la arilsulfatasa a los 3 días de cultivo
<i>Mycobacterium parascrofulaceum</i>				X	Infeccioso para humanos
<i>Mycolicibacterium austroafricanum</i>				X	Se asocia con la capacidad para metabolizar hidrocarburos alifáticos e hidrocarburos aromáticos policíclicos

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Mycolicibacterium confluentis</i>			X		Solamente se describen los requerimientos para su crecimiento
<i>Mycolicibacterium frederiksbergense</i>				X	Asociado con la degradación del antraceno
<i>Mycolicibacterium hippocampi</i>			X		Únicamente se lo ha clasificado taxonómicamente
<i>Mycolicibacterium hodleri</i>				X	Asociado con la co-oxidación del fluoranteno
<i>Mycolicibacterium insubricum</i>			X		Se lo ha clasificado taxonómicamente y se lo ha nombrado
<i>Mycolicibacterium iranicum</i>	X				Asociado con la producción de ureasa ureasa, produciendo fuentes de nitrógeno
<i>Mycolicibacterium madagascariense</i>			X		Se desconoce sus características fisiológicas y morfológicas
<i>Mycolicibacterium moriokaense</i>				X	Se asocia con la capacidad de reducir el telurito de potasio
<i>Mycolicibacterium pallens</i>			X		Se desconoce sus características fisiológicas y morfológicas
<i>Mycolicibacterium parafortuitum</i>				X	Su secuencia de genes ha sido utilizada para identificar otras cepas
<i>Mycolicibacterium rhodesiae</i>				X	Posee el gen Rv2074 el cual expresa una asociación con la síntesis de biliverdina reductasa característico del mismo género
<i>Mycolicibacterium sarraceniae</i>	X				Asociada a la síntesis de ureasa y reducción de nitrato
<i>Mycolicibacterium sediminis</i>			X		Solo ha sido clasificado taxonómicamente y nombrado
<i>Mycolicibacterium tokaiense</i>			X		No existen estudios sobre sus características y su metabolismo
<i>Mycolicibacterium tusciae</i>				X	Asociada a la elaboración de arilsulfatasa
<i>Mycolicibacterium vaccae</i>				X	Asociada a la elaboración de formiato deshidrogenasa
<i>Mycolicibacterium wolinskyi</i>				X	Infecioso para humanos

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Rhodococcus erythropolis</i>				X	Se asocia a la actividad enzimática de deshidrogenasa, epóxidos quirales, hidroxilasas, hidrolasas, Deshalogenasas dehaloalcanos, desulfurizante
<i>Cryptosporangium minutisporangium</i>	X				Asociada a la hidrólisis de caseína, hipoxantina, urea, almidón y gelatina, formando aminoácidos, amonio y monosacáridos, descomponiendo sustancias complejas proporcionando a la planta nutrientes de estructura simple
<i>Cryptosporangium mongoliense</i>	X				Asociada a la degradación de la hipoxantina y la caseína formando monosacáridos y aminoácidos, descomponiendo sustancias complejas proporcionando a la planta nutrientes de estructura simple
<i>Frankia discariae</i>	X				Asociada a la fijación de nitrógeno en asociación con las leguminosas
<i>Frankia elaeagni</i>	X				Asociada a la fijación de nitrógeno en asociación con las leguminosas
<i>Frankia inefficax</i>				X	Asociada a la inducción de nódulos de la raíz ineficaces, no fijadores de nitrógeno
<i>Frankia saprophytica</i>				X	Es una especie atípica no realiza fijación de nitrógeno y tampoco forma nódulos en las raíces
<i>Jatrophihabitans endophyticus</i>	X				Asociada a la hidrólisis del almidón y caseína, promoviendo procesos de descomposición
<i>Jatrophihabitans soli</i>	X				Asociada a la hidrólisis de la hipoxantina y produce urea cumpliendo un rol en la biofermentación.
<i>Jatrophihabitans telluris</i>			X		Aislado de suelo sedimentario de humedal en Corea

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Blastococcus aggregatus</i>			X		Fue aislado del mar báltico
<i>Blastococcus colisei</i>			X		Aislado de una muestra de piedra caliza de una pared de roca de ruinas
<i>Blastococcus endophyticus</i>			X		Únicamente se describe requerimientos para su crecimiento
<i>Blastococcus jejuensis</i>			X		Fue aislado de sedimentos de arena en Korea
<i>Klenkia terrae</i>				X	Asociada a la tolerancia al estrés oxidativo.
<i>Modestobacter versicolor</i>				X	Ha sido aislado de ecosistemas oligotróficos tales como la antártida, suelos desérticos y en la profundidad de los mares
<i>Kineosporia mesophila</i>				X	Asociada a la tolerancia a altas concentraciones de sodio
<i>Kineosporia mikuniensis</i>				X	Posee una gran cantidad de ácido meso-diamino pimélico en la pared celular.
<i>Kineosporia rhamnosa</i>				X	Asociada a la elaboración de ramnosa un monosacárido
<i>Kineococcus xinjiangensis</i>	X				Asociada a la hidrólisis de almidón, acelera procesos de descomposición
<i>Cellulomonas humilata</i>	X				Asociada a la síntesis de indol e hidroliza almidón, produce auxinas e interviene en procesos de descomposición
<i>Cellulomonas massiliensis</i>				X	Se asocia a actividades catalasa, oxidasa, hidrólisis de esculina y β galactosidasa.
<i>Oerskovia paurometabola</i>				X	Se asocia a la degradación de amina aromática sulfonada recalcitrante
<i>Janibacter melonis</i>				X	Infecioso para humanos
<i>Terrabacter aeriphilus</i>	X				Se asocia a la elaboración de fosfatasa ácida solubilizando fosfato en medios ácidos
<i>Agreia pratensis</i>				X	Es una especie psicrófila capaz de proliferar a bajas temperaturas

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Agromyces salentinus</i>				X	Se asocia a la elaboración de oxidasa y catalasa
<i>Chryseoglobus frigidaquae</i>				X	Presenta presencia de homoserina
<i>Conyziocola nivalis</i>				X	Los azúcares de la pared celular son ramnosa, ribosa, glucosa, galactosa y manosa.
<i>Diaminobutyricibacter tongyongensis</i>	X				Se asocia a la producción de α y β galactosidasa interviniendo en el ciclo del carbono produciendo monosacáridos
<i>Diaminobutyricimonas aerilata</i>				X	Fue aislado de una muestra de aire recolectada en Korea
<i>Fronidhabitans cladoniiphilus</i>				X	Se asocia a la síntesis de lipasa y esterasa
<i>Herbiconiux ginsengi</i>			X		Se aisló de una suspensión de tejido de una raíz de ginseng esterilizada en la superficie.
<i>Homoserinibacter gongjuensis</i>	X				Se asocia a la síntesis de fosfatasa acida facilitando la disponibilidad de fósforo
<i>Leifsonia kafniensis</i>				X	Presenta un máximo pico de absorción de pigmento amarillo en metanol a 360, 370, 440, 450, 470 y 480 nm
<i>Leifsonia lichenia</i>	X				Se asocia a la síntesis de β galactosidasa elaborando monosacáridos
<i>Leifsonia poae</i>				X	Aislado de la agalla de la raíz de <i>Poa annua</i> inducida por el nematodo de la agalla de la raíz de la hierba <i>Subanguina radicola</i> .
<i>Lysinimonas kribbensis</i>				X	Se asocia a la reducción del nitrato a nitrito
<i>Lysinimonas soli</i>				X	Se asocia a la fermentación de la glucosa y presenta actividad enzimática oxidasa

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Microbacterium hatanonis</i>				X	Es una especie microaerófila; no crece en TSA bajo una atmósfera anaeróbica (CO ₂).
<i>Microbacterium lacus</i>				X	Fue aislado de sedimentos recolectados en la orilla de lago en Japón
<i>Microbacterium pumilum</i>				X	Los azúcares de la pared celular contienen ramnosa y galactosa.
<i>Microbacterium pygmaeum</i>				X	Asociada a la actividad enzimática de valina arilamidasa
<i>Microbacterium rhizomatis</i>	X				Asociada a la fermentación de glucosa y fosfatasa alcalina volviendo disponible fuentes de fósforo
<i>Microterricola viridarii</i>				X	Maltosa y glicógeno son utilizados como fuentes de carbono
<i>Naasia aerilata</i>				X	Asociada a la reducción del nitrato
<i>Okibacterium fritillariae</i>	X				Se asocia a la elaboración de sideróforos un metabolito secundario eficiente ante el ataque de patógenos
<i>Rathayibacter caricis</i>				X	No muestra ninguna asociación con nemátodos como con otras especies Rathayibacter
<i>Rathayibacter tritici</i>		X			Se asocia al tizón de púas en trigo
<i>Salinibacterium amurskyense</i>				X	La gelatina se hidroliza produciendo péptidos y el ADN se degradan previniendo alteraciones en su material genético
<i>Salinibacterium xinjiangense</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón, promoviendo procesos de descomposición
<i>Subtercola boreus</i>			X		Se extrajeron muestras del acuífero de agua subterránea boreal en Finlandia, del cual se aisló el organismo
<i>Yonghaparkia alkaliphila</i>			X		Fue aislado de un suelo alcalino en Korea

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Arthrobacter pascens</i>	X				Asociada a la producción de ácido indolacético IAA
<i>Arthrobacter globiformis</i>	X				Asociada a la producción de ácido indolacético IAA
<i>Actinoplanes brasiliensis</i>	X				Asociada a la descomposición de celulosa, acelerando procesos de descomposición
<i>Actinoplanes consettensis</i>				X	Presenta una actividad antagonista antimicrobial con <i>Staphylococcus aureus</i>
<i>Actinoplanes derwentensis</i>				X	Asociada al antagonismo antimicrobial con <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Bacillus subtilis</i> y <i>Streptomyces murinus</i>
<i>Actinoplanes digitatis</i>				X	Asociada al antagonismo antimicrobial con <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Bacillus subtilis</i> y <i>Streptomyces murinus</i>
<i>Actinoplanes friuliensis</i>				X	Asociada a la síntesis de friulimicina un antibiótico
<i>Actinoplanes liguriensis</i>				X	Se asocia a la biosíntesis de peptidoglicanos
<i>Actinoplanes palleronii</i>				X	Asociada al antagonismo antimicrobial con <i>Micrococcus luteus</i>
<i>Actinoplanes subtropicus</i>				X	Posee genes que le permiten producir teicomocina
<i>Actinoplanes tereljensis</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de la urea, produciendo amonio
<i>Actinoplanes toevensis</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Allocatelliglobospora scoriae</i>	X				Se asocia a la degradación del almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Asanoa iriomotensis</i>			X		Fue aislado del suelo alrededor de las raíces del manglar <i>Bruguiera gymnorrhiza</i>

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Asanoa ishikariensis</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de la caseína, hidroliza proteínas produciendo aminoácidos libres, dichos aminoácidos proveen un efecto de bioestimulación en la planta
<i>Catellatospora chokoriensis</i>			X		Fue aislado de suelo arenoso recolectado en una cascada junto al bosque, Chokoria
<i>Catenuloplanes crispus</i>	X				Se asocia a la descomposición de la urea, produciendo amonio
<i>Dactyloporangium roseum</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Dactyloporangium thailandense</i>			X		Es probable que su morfología sea producto de un desarrollo anormal, inducido por una infección por fagos u otros factores que provocan la lisis de las hifas.
<i>Hamadaea flava</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Longispora fulva</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Micromonospora carbonacea</i>				X	Se asocia a la síntesis de Evermicina un antibiótico
<i>Micromonospora chokoriensis</i>				X	Solamente se describen los requerimientos para su crecimiento
<i>Micromonospora fulva</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de caseína celulosa y almidón produciendo aminoácidos y monosacáridos, posee características descomponedoras acelerando la descomposición proporcionando nutrientes de estructura simple
<i>Micromonospora halophytica</i>				X	Se asocia a la inhibición de la síntesis de angioestina

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Micromonospora narathiwatensis</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de proteínas favoreciendo procesos de descomposición, liberando nutrientes disponibles
<i>Micromonospora phytophila</i>				X	Fue aislado de un nódulo de raíz de <i>Pisum sativum</i> en España
<i>Micromonospora pisi</i>	X				Se asocia a la degradación del xilano favoreciendo procesos de descomposición, liberando nutrientes disponibles
<i>Micromonospora rosaria</i>				X	Se asocia a la síntesis de rosamicina un antibiótico
<i>Micromonospora ureilytica</i>	X				Se asocia a la degradación de la urea y el xilano, produciendo amonio y una descomposición más rápida
<i>Phytohabitans flavus</i>	X				Se asocia a la elaboración de Fosfatasa alcalina proporcionando fósforo en medios alcalinos
<i>Phytohabitans suffusus</i>			X		Fue aislado de la rizosfera de una orquídea
<i>Polymorphospora rubra</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón y descompone la urea, produciendo una descomposición más rápida y amonio respectivamente
<i>Pseudosporangium ferrugineum</i>			X		Se asocia a la formación de cadenas de esporas que se convierten en estructuras similares a pseudoesporangios.
<i>Rugosimonospora africana</i>			X		Únicamente se describe sus requerimientos para su crecimiento
<i>Virgisporangium aliadipatigenens</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón, acelerando procesos de descomposición
<i>Virgisporangium myanmarensis</i>	X				Se asocia a la síntesis de ureasa, produciendo amonio
<i>Nakamurella flavida</i>			X		Únicamente se lo ha nombrado y clasificado
<i>Nakamurella multipartita</i>				X	Se asocia a la síntesis de catalasa

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Nakamurella panacisegetis</i>				X	El peptidoglicano de la pared celular contiene ácido mesodiaminopimérico
<i>Aeromicrobium erythreum</i>				X	Se asocia a la síntesis de eritromicina un antibiótico
<i>Kribbella deserti</i>				X	Presenta una resistencia a la tetraciclina y vancomicina
<i>Kribbella flavida</i>				X	Su punto máximo de proliferación es alcanzado entre los 20 -37 C
<i>Kribbella ginsengisoli</i>	X				Se asocia a la degradación del almidón y la caseína, elaborando monosacáridos y aminoácidos nutrientes necesarios para la planta
<i>Kribbella jejuensis</i>				X	Se observa una débil actividad antimicrobiana frente a <i>Streptomyces scabiei</i>
<i>Marmoricola aquaticus</i>	X				Se asocia a la degradación de la gelatina, almidón, xantina, hipoxantina, caseína y celulosa formando aminoácidos y monosacáridos
<i>Marmoricola bigeumensis</i>				X	La cepa forma un clado monofilético con <i>Marmoricola aequoreus</i> con una similitud de secuencia de genes baja
<i>Nocardioides aestuarii</i>				X	Trazas de ácido tuberculosteárico
<i>Nocardioides alpinus</i>				X	Los azúcares predominantes de la pared celular son la galactosa y la ramnosa; se detectan trazas de xilosa y manosa.
<i>Nocardioides aquiterrae</i>	X				Se asocia a la hidrolisis de la caseína, hidrolizando proteínas favoreciendo procesos de descomposición liberando nutrientes

Espece	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Nocardioides caricicola</i>	X				Se asocia a la síntesis de α y β glucosidasa elaborando monosacáridos, produciendo azúcares simples para las plantas
<i>Nocardioides cavernae</i>	X				Se asocia a la degradación de la escualina y la caseína produciendo aminoácidos induciendo bioestimulación en la planta
<i>Nocardioides endophyticus</i>	X				Se asocia a la síntesis de β galactosidasa produciendo monosacáridos
<i>Nocardioides ganghwensis</i>				X	Se asocia a la descomposición de ADN evitando alteraciones en su material genético
<i>Nocardioides glacieisoli</i>				X	Fue aislado del suelo recolectado de la superficie de la lengua de hielo del glaciar Hailuogou
<i>Nocardioides halotolerans</i>				X	Asociada a la capacidad para tolerar altas concentraciones de sal
<i>Nocardioides islandensis</i>	X				Asociada a la hidrólisis del almidón y sintetiza fosfatasa, promueve la descomposición y solubiliza fosfato.
<i>Nocardioides lianchengensis</i>				X	Fue aislado de una muestra de suelo recolectada de Liancheng China
<i>Nocardioides mesophilus</i>				X	Es una bacteria mesófila crece en ambientes idóneos para animales de sangre caliente
<i>Nocardioides szechwanensis</i>				X	Asociada a la utilización como fuente de carbono de manosa y ramnosa
<i>Microthum aurantiacus</i>				X	Fue aislado de una muestra de suelo de rizósfera en China
<i>Actinomyces chibensis</i>				X	Asociada a la producción de pirrolidónil arilamidasa
<i>Actinophytocola gilvus</i>	X				Asociada a la hidrólisis de almidón y urea, promoviendo la descomposición y produciendo amonio

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Allokutzneria oryzae</i>				X	Asociada a la producción de sulfuro de hidrógeno
<i>Amycolatopsis saalfeldensis</i>				X	Asociada a la producción de sulfuro de hidrógeno
<i>Amycolatopsis balhimycina</i>				X	Asociada a la síntesis de balimicina un antibiótico
<i>Kibdelosporangium lantanae</i>				X	Asociada a la producción de antibióticos con estructuras de glucopéptido, macrólidos y poliketidas
<i>Kutzneria chonburiensis</i>	X				Asociada a la hidrólisis de la celulosa promoviendo la descomposición
<i>Lentzea waywayandensis</i>				X	Asociada a la biodegradación del almidón termoplástico poliláctico
<i>Pseudonocardia ailaonensis</i>	X				Asociada a la síntesis de ureasa produciendo amonio
<i>Pseudonocardia seranimata</i>	X				Asociada a la estimulación del crecimiento de hongos benéficos en trigo
<i>Pseudonocardia yunnanensis</i>	X				Asociada a la descomposición de la hipoxantina formando monosacáridos
<i>Saccharothrix algeriensis</i>				X	Asociada a la síntesis del antibiótico Ditiolopirrolona
<i>Umezawaea endophytica</i>	X				Asociada a la hidrólisis del almidón y la caseína acelerando procesos de descomposición y formando aminoácidos libres
<i>Longivirga aurantiaca</i>	X				Asociada a la licuefacción de gelatina indicando presencia de proteasas formadoras de aminoácidos libres
<i>Kitasatospora kazuensis</i>			X		Únicamente se lo ha clasificado taxonómicamente
<i>Kitasatospora mediocidica</i>	X				Asociada a la degradación del almidón favoreciendo la descomposición liberando nutrientes

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Streptacidiphilus carbonis</i>			X		Aislado de residuos de minas de carbón ácido recuperadas.
<i>Streptomyces abietis</i>	X				Es una bacteria celulolítica que produce exocelulasa, endocelulasa y xilanasas promoviendo procesos de descomposición
<i>Streptomyces atratus</i>				X	Asociada a la síntesis de rifamicina un antibiótico
<i>Streptomyces aureus</i>				X	Asociada a la biodegradación de deltametrina y su producto de hidrólisis 3-fenoxibenzaldehído
<i>Streptomyces bryophytorum</i>				X	Es un actinomiceto endofítico aislado de musgo (Bryophyta)
<i>Streptomyces enissocaesilis</i>	X				Asociada al biocontrol de Orobanchaceae una maleza
<i>Streptomyces erringtonii</i>				X	Los pigmentos de melanina se producen en agar tirosina.
<i>Streptomyces flavogriseus</i>				X	Asociada a actividad antibiótica
<i>Streptomyces helveticus</i>				X	Asociada a la producción de bruneomicina un antibiótico
<i>Streptomyces krungchingensis</i>				X	Asociada a la producción de melanina y licuefacción de gelatina
<i>Streptomyces olivochromogenes</i>				X	Se purificó y caracterizó el ácido ferúlico a partir de las enzimas producidas por esta cepa
<i>Streptomyces peuceitius</i>				X	Presenta una sobreproducción de daunorubicina
<i>Streptomyces rubidus</i>				X	Fue aislado de un suelo de bosque de pinos
<i>Streptomyces subbrutilus</i>				X	Forma una proteína absorbente de plomo con actividad superóxido dismutasa
<i>Streptomyces tauricus</i>				X	Forma inhibidores de la cadena ligera de miosina activada por calmodulina
<i>Streptomyces umbrinus</i>				X	Asociada a la síntesis de S-etil homólogo de lincomicina un antibiótico

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Streptomyces xanthocidicus</i>	X				Asociada al biocontrol de <i>Erwinia carotovora subsp. Atroseptica</i>
<i>Streptomyces xinghaiensis</i>				X	Asociada a la síntesis de fluoroacetato
<i>Acrocarpospora corrugata</i>			X		Forma esporas como frutos en el micelio terminal
<i>Herbidospira mongoliensis</i>	X				Asociada a la producción de catalasa e hidroliza el almidón llevando a cabo procesos de descomposición
<i>Herbidospira sakaeratensis</i>				X	Los hidrolizados de células enteras contienen madurosa (quimiotipo IIIB).
<i>Nonomuraea salmonea</i>	X				Asociada a la reducción del nitrato y degradación de la gelatina indicando presencia de proteasas formadoras de aminoácidos libres
<i>Sphaerisporangium melleum</i>			X		Únicamente se lo ha nombrado y clasificado taxonómicamente
<i>Streptosporangium roseum</i>			X		Asociada a la síntesis de enzimas reductoras de imina
<i>Actinoallomurus bryophytorum</i>				X	Se encontró que el peptidoglicano de la pared celular contenía lisina y ácido mesodiaminopimélico.
<i>Actinocorallia longicatena</i>	X				Asociada a la degradación de proteínas y carbohidratos elaborando monosacáridos y aminoácidos aprovechables para la planta promoviendo el vigor en la planta
<i>Actinomadura scrupuli</i>	X				Asociada a la producción de proteasas formadoras de aminoácidos simples induciendo activación de yemas
<i>Gaiella occulta</i>				X	Fue aislado de un acuífero profundo en Portugal

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Patulibacter ginsengiterrae</i>				X	El peptidoglicano de la pared celular contiene meso-DAP como diaminoácido y alanina y ácido glutámico.
<i>Patulibacter minatonensis</i>	X				Asociada a la síntesis de fosfatasa ácida y alcalina formando fosfatos en medios ácidos y alcalinos aprovechables para la planta
<i>Solirubrobacter ginsenosidimutans</i>				X	El gluconato se utiliza como única fuente de carbono.
<i>Solirubrobacter soli</i>			X		Fue aislado del suelo de un campo de ginseng en Korea
<i>Solirubrobacter taibaiensis</i>				X	Fue aislado de un tallo de <i>Phytolacca acinosa</i> Roxb.
<i>Armatimonas rosea</i>	X				Asociada a la síntesis de β glucosidasa y fosfatasa formando monosacáridos y fosfatos (Tamaki et al. 2011)
<i>Nostoc punctiforme</i>				X	Asociada a la síntesis de sesquiterpeno sintasa
<i>Hassallia antarctica</i>	X				Se asocia a la resistencia a la deshidratación a las plantas
<i>Bacillus nealsonii</i>				X	Se purificó y caracterizó la enzima β -manonasa termoestable alcalina de esta cepa y su aplicación en la preparación de manooligosacáridos con potencial prebiótico
<i>Bacillus psychrosaccharolyticus</i>				X	Es una especie psicrófila prolifera a bajas temperaturas
<i>Lysinibacillus manganicus</i>	X				Se asocia a la síntesis de fosfatasa ácida y alcalina formando fosfatos
<i>Psychrobacillus psychrodurans</i>	X				Se asocia a la hidrólisis del almidón promoviendo procesos de descomposición
<i>Psychrobacillus soli</i>				X	Es una especie estrictamente aerobicas
<i>Cohnella arctica</i>				X	Se moviliza con un flagelo

Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Paenibacillus aceris</i>				X	Fue aislado de la rizosfera de <i>Acer okamotoanum</i> , en Korea
<i>Paenibacillus alginolyticus</i>	X				Se asocia a la degradación del xantano formando monosacáridos como fuente de energía para la planta
<i>Paenibacillus macquariensis</i>	X				Se asocia a la inhibición del crecimiento de <i>Typhula ishikariensis</i> un agente fitopatógeno
<i>Paenibacillus pectinilyticus</i>				X	Fue aislada del intestino de <i>Diestrammena apicalis</i>
<i>Paenibacillus rhizoryzae</i>	X				Se asocia a la síntesis de salicina un precursor del ácido salicílico
<i>Paenibacillus sacheonensis</i>	X				Es una bacteria xilanolítica y celulolítica aislada de sedimento plano de marea
<i>Paenibacillus taichungensis</i>	X				Se asocia a la hidrólisis de almidón formando monosacáridos proveyendo energía a la planta
<i>Sporosarcina contaminans</i>				X	El género se caracteriza por tener L-lisina como aminoácido diagnóstico en el peptidoglicano y MK-7 como menaquinona característica.
<i>Sporosarcina globispora</i>	X				Se asocia a actividades de solubilización de minerales de silicato y de solubilización de minerales que contienen potasio, lo que la convierte en candidata para la producción de fertilizantes microbianos.
<i>Clostridium estertheticum</i>				X	Se asocia a la producción de ácido butírico
<i>Clostridium puniceum</i>		X			Se asocia a la producción de butanol (Holt, 1988) Se asocia a la infección de tubérculos de papa en almacenamiento
<i>Romboutsia sedimentorum</i>				X	Fue aislado de muestras de sedimentos de un lago alcalino-salino

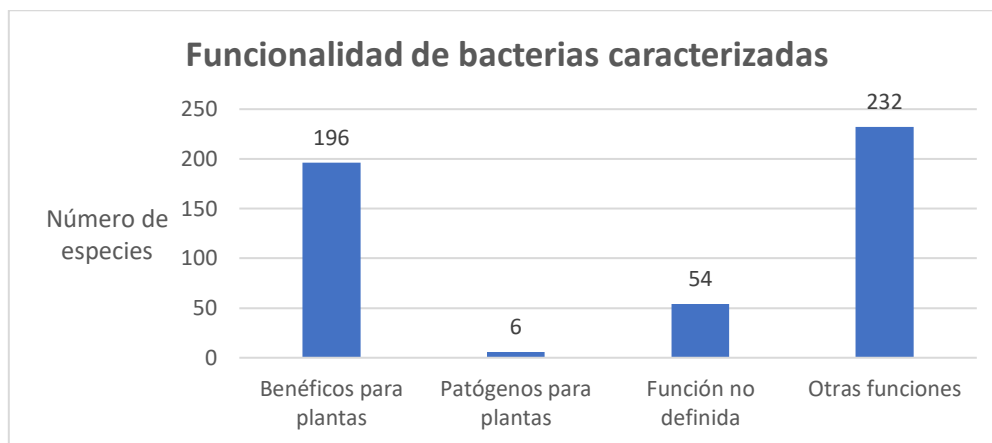
Especie	Benéficos	Patógenos	Función no definida	Otras Funciones	Fuente
<i>Romboutsia timonensis</i>				X	Infeccioso para humanos
<i>Psychrosinus fermentans</i>				X	Asociada a la producción de acetato y propionato
<i>Marmoricola ginsengisoli</i>	X				Asociada a la síntesis de proteasa produciendo aminoácidos libres favoreciendo a activación de yemas
<i>Pseudomonas mediterranea</i>		X			Asociada a la hipersensibilidad en hojas de tabaco
<i>Rhodococcus trifolii</i>	X				Asociada a la producción de sideróforos el cual estimula la resistencia a patógenos
<i>Sphingopyxis italica</i>				X	Las poliaminas son espermidina y espermina.
<i>Sphingopyxis witflariensis</i>				X	La espermidina es la principal poliamina
<i>Williamsia faeni</i>	X				Asociada a la hidrólisis de la urea y degrada el almidón produciendo amonio y monosacáridos

Fuente: Rosenberg, 2012: pp. 87-574

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

Todas las especies identificadas crean una dinámica entre los organismos que se desarrollan en el suelo, debido a la poca intervención del mismo tiene una tendencia hacia el desarrollo de especies benéficas, aunque hay que considerar que muchas de ellas se desconoce su rol en la rizósfera.

3.2 Determinación de funcionalidad de bacterias caracterizadas

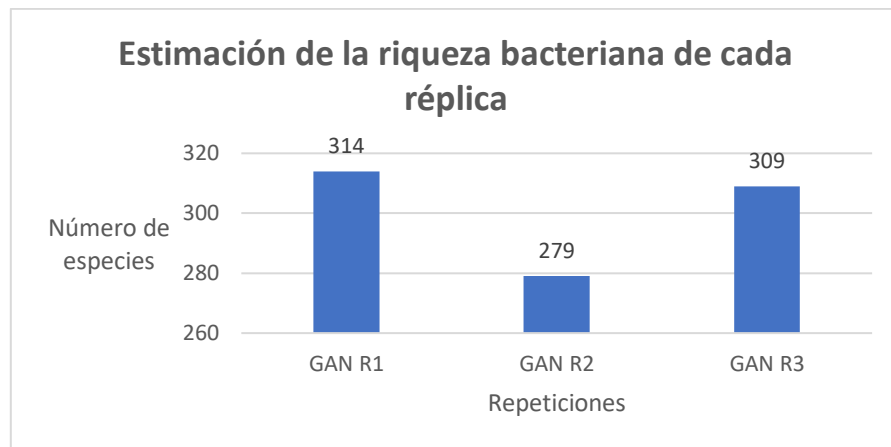


Gráfica 1-3. Funcionalidad de bacterias caracterizadas

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

Una vez identificadas las OTUs bacterianas, se procedió a sugerir su funcionalidad como posibles benéficos para plantas, patógenos para plantas, no definido y otros, en base a la revisión bibliográfica realizada en diversas fuentes, se estimó que de las 488 especies, 196 especies se las definió como benéficas de este grupo se encontraron 37 especies productoras de fosfatasa, 36 especies fijadoras de nitrógeno, 24 especies productoras de amonio, 51 especies involucradas en procesos de descomposición, y 48 especies involucradas en producción de fitohormonas, 6 especies se las consideró como patógenos para plantas por producir alteraciones en la estructura de la planta y por lo tanto producir una baja en el rendimiento de varios cultivos, 54 especies como no definido dichas bacterias únicamente se las ha clasificado taxonómicamente y 232 especies que poseen características muy particulares o desempeñan roles que no están involucrados en el crecimiento y desarrollo de la planta realizan actividades como patogenicidad en humanos, síntesis de antibióticos, producción de oxidasa y catalasa, poseen características que les permite tolerar ambientes extremófilos, degradación de compuestos aromáticos, reducción del nitrato, descomposición de plásticos, producción de esfingolípidos, producción de pigmentos carotenoides, propiedades metanotróficas y productoras de salicina.

3.3 Estimación de la riqueza bacteriana de cada réplica de las muestras de los suelos rizosféricos

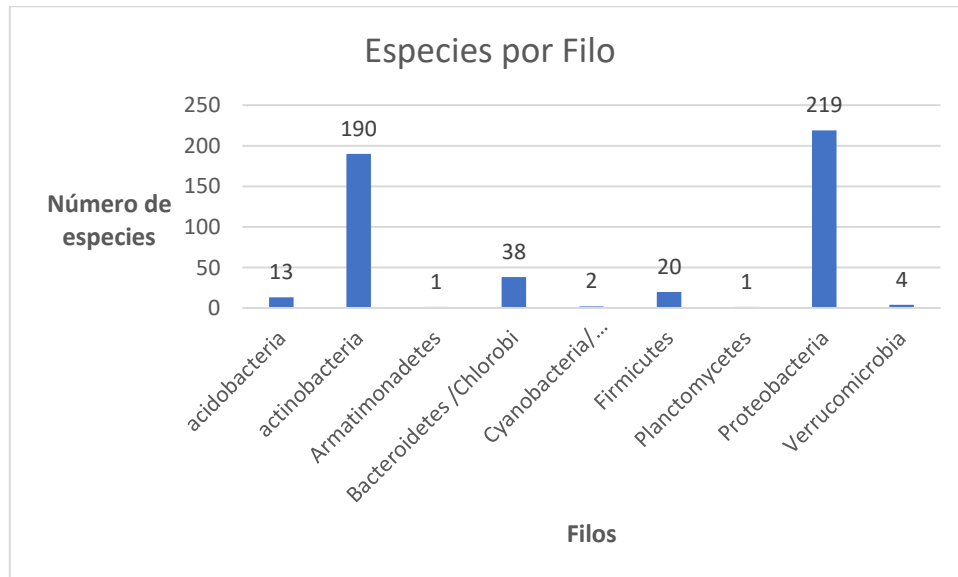


Gráfica 2-3. Riqueza de las comunidades bacterianas

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

Para el análisis de las muestras se realizaron tres réplicas biológicas, de las cuales según los informes indicaron la presencia de 488 especies, determinando su riqueza los totales en cada replica son en GAN R1 se identificaron 314 especies, mientras que en GAN R2 se encontraron 279 especies y por último en GAN R3 se identificaron 309 especies, en promedio en las réplicas biológicas se identificaron 301 especies.

3.4 Frecuencia de OTUs bacterianas a nivel de Filo



Gráfica 3-1. Frecuencia de OTUs bacterianas a nivel de Filo

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

Se lograron identificar 9 filos bacterianos, los cuales junto a las especies que las conforman albergan una parte de la microbiota del suelo, el filo con mayor diversidad son las proteobacterias con 219 (que corresponde al 45% del total) OTUs, seguido por el filo actinobacteria con 190 OTUs, bacteroidetes/ chlorobi con 38 OTUs, firmicutes con 20 OTUs, acidobacteria con 13 OTUs, verrucomicrobia con 4 OTUs , Cyanobacteria/ Melainabacteria con 2 OTUs y por último los filos armatimonadetes y planctomycetes con una OTU cada una.

3.5 Perfiles taxonómicos de bacterias

En la tabla 3. 1 se detalla la taxonomía de cada una de las OTUs desde el nivel de filo hasta la posible especie, el cual indica la presencia de 6 filos, 18 clases, 39 órdenes, 87 familias y 174 géneros. El filo más abundante es proteobacteria con 219 especies (que corresponde al 45% del total), los filo menos abundantes son planctomycetes y armatimonadetes cada uno con una especie (que corresponde al 0,2% cada uno del total).La clase más abundantes es actinobacteria con 185 especies (que corresponde al 37,91% del total), las clases menos abundantes son Epsilonproteobacteria, Planctomycetia, Opitutae, Acidimicrobiia, Rubrobacteria, Armatimonadia y Negativicutes cada uno con una especie (que corresponde al 0,2% cada uno del total).El orden más abundantes es Rhizobiales con 77 especies

(que corresponde al 15,78% del total), los órdenes menos abundantes son Holosporales, Campylobacterales, Cellvibrionales, Planctomycetales, Opitutales, Acidimicrobiales, Catenulisporales, Sporichthyales, Gaiellales, Armatimonadales y Selenomonadales cada uno con una especie (que corresponde al 0,2% cada uno del total).

La familia mas abundantes es Sphingomonadaceae con 36 especies (que corresponde al 7,38% del total), las familias menos abundantes son Hymenobacteraceae, Caedimonadaceae, Hyphomonadaceae, Rhodobacteraceae, Erythrobacteraceae, Polyangiaceae, Nannocystaceae, Helicobacteraceae, Cellvibrionaceae, Erwiniaceae, Yersiniaceae, Moraxellaceae, Planctomycetaceae, Opitutaceae, Iamiaceae, Catenulisporaceae, Propionibacteriaceae, Sporichthyaceae, Gaiellaceae, Armatimonadaceae, Nostocaceae, Tolypothrichaceae y Sporomusaceae cada uno con una especie (que corresponde al 0,2% cada uno del total) El género más abundante es Sphingomonas con 28 especies (que corresponde al 5,73% del total), se encontraron 209 géneros cada uno con una especie (que corresponde al 0,2% cada uno del total)

Tabla 2-3: Perfiles taxonómicos de bacterias

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidicapsa	<i>A. acidisoli</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidicapsa	<i>A. borealis</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Edaphobacter	<i>E. aggregans</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Edaphobacter	<i>E. lichenicola</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Granulicella	<i>G. aggregans</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Granulicella	<i>G. mallensis</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Granulicella	<i>G. sapmiensis</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Terracidiphilus	<i>T. gabretensis</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Terracidiphilus	<i>T. albidus</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Terracidiphilus	<i>T. roseus</i>
Acidobacteria	Acidobacteriia	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Terracidiphilus	<i>T. saanensis</i>
Acidobacteria	Blastocatellia	Blastocatellales	Blastocatellaceae	Aridibacter	<i>A. famidurans</i>
Acidobacteria	Blastocatellia	Blastocatellales	Blastocatellaceae	Stenotrophobacter	<i>S. terrae</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Chitinophaga	<i>C. soli</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Ferruginibacter	<i>F. profundus</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Flavitalea	<i>F. gansuensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Flavitalea	<i>F. populi</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Panacibacter	<i>P. ginsenosidivora</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Sediminibacterium	<i>S. aquarii</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Terrimonas	<i>T. arctica</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Chitinophagia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	Terrimonas	<i>T. crocea</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	Spirosoma	<i>S. humi</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	Arcicella	<i>A. aquatica</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	Dyadobacter	<i>D. sediminis</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	Emticicia	<i>E. ginsengisoli</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Cytophagia	Cytophagales		Chryseolinea	<i>C. serpens</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Cytophagia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	Adhaeribacter	<i>A. terrae</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Chryseobacterium	<i>C. indoltheticum</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Chryseobacterium	<i>C. oleae</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Chryseobacterium	<i>C. polytrichastri</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Chryseobacterium	<i>C. soldanellicola</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Chryseobacterium	<i>C. yeoncheonense</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. aquidurense</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. araucanum</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. chungangense</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. collinsii</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. glaciei</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. granuli</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. paronense</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	Flavobacterium	<i>F. spartansii</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. antarcticus</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. calamicampi</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. gossypicola</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. gracilis</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. pineti</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. polysaccharicus</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. polytrichastri</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. soli</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Mucilaginibacter	<i>M. soyangensis</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Pedobacter	<i>P. luteus</i>
Bacteroidetes /Chlorobi	Sphingobacterii a	Sphingobacteriale s	Sphingobacteriaceae	Pedobacter	<i>P. nyackensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Asticcacaulis	<i>A. benevestitus</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Asticcacaulis	<i>A. biprosthecium</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Brevundimonas	<i>B. alba</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Brevundimonas	<i>B. bullata</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Brevundimonas	<i>B. intermedia</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Brevundimonas	<i>B. kwangchunensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Brevundimonas	<i>B. lenta</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Brevundimonas	<i>B. staleyii</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter	<i>C. fusiformis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter	<i>C. ginsengisoli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter	<i>C. henricii</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter	<i>C. mirabilis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter	<i>C. profundus</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Caulobacter	<i>C. vibrioides</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Phenylobacterium	<i>P. haematophilum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Phenylobacterium	<i>P. immobile</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Phenylobacterium	<i>P. mobile</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	Phenylobacterium	<i>P. muchangpense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Holosporales	Caedimonadaceae	Caedimonas	<i>C. varicaedens</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Aurantimonadaceae	Aureimonas	<i>A. glaciistagni</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Aurantimonadaceae	Aureimonas	<i>A. glaciei</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Beijerinckia	<i>B. indica</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Methylocella	<i>M. palustris</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Methylocella	<i>M. silvestris</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Methylocapsa	<i>M. palsarum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Methyloferula	<i>M. stellata</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Afipia	<i>A. birgiae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Afipia	<i>A. broomeae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Afipia	<i>A. massiliensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bosea	<i>B. lathyri</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bosea	<i>B. massiliensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium	<i>B. canariense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium	<i>B. ganzhouense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium	<i>B. japonicum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium	<i>B. oligotrophicum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium	<i>B. vignae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium	<i>B. yuanmingense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Tardiphaga	<i>T. robiniae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Pseudomonas	<i>P. carboxydohydrogena</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Aquabacter	<i>A. spiritensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Devosia	<i>D. chinhatensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Devosia	<i>D. enhydra</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Devosia	<i>D. insulae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Devosia	<i>D. limi</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Devosia	<i>D. submarina</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Devosia	<i>D. yakushimensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Hyphomicrobiu m	<i>H. facile</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Hyphomicrobiu m	<i>H. vulgare</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Methyloterrigen a	<i>M. soli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Pedomicrobium	<i>P. manganicum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Methylobacteriu m	<i>M. bullatum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Methylobacteriu m	<i>M. cerastii</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Methylobacteriu m	<i>M. goesingense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Methylobacteriu m	<i>M. radiotolerans</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Microvirga	<i>M. aerilata</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Psychroglacioco la	<i>P. arctica</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Methylobacteriacea e	Chenggangzhan gella	<i>C. methanolivora ns</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Corticibacteriu m	<i>C. populi</i>
Proteobacteria	Alphaproteobact eria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium	<i>M. amorphae</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium	<i>M. australicum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium	<i>M. chacoense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium	<i>M. loti</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium	<i>M. sangaii</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Mesorhizobium	<i>M. tianshanense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Phyllobacterium	<i>P. endophyticum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Phyllobacterium	<i>P. ifriqiense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Phyllobacteriaceae	Phyllobacterium	<i>P. myrsinacearum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Kaistia	<i>K. geumhonensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Kaistia	<i>K. granuli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Kaistia	<i>K. soli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Agrobacterium	<i>A. tunefaciens</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Neorhizobium	<i>N. galegae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Neorhizobium	<i>N. huautlense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. azoxidifex</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. daejeonense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. endophyticum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. gei</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. giardinii</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. herbae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. mesoamericanum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. mesosinicum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. paranaense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. soli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. tibeticum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. tubonense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhizobium	<i>R. yanglingense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Rhodoligotrophos	<i>R. appendicifer</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Roseiarcus	<i>R. fermentans</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	Sinorhizobium	<i>S. americanum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales		Nordella	<i>N. oligomobilis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	Azorhizobium	<i>A. doebereineriae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	Labrys	<i>L. methylaminiphilus</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	Labrys	<i>L. monachus</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	Labrys	<i>L. okinawensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	Labrys	<i>L. wisconsinensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	Starkeya	<i>S. novella</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Hyphomonadaceae	Asprobacter	<i>A. aquaticus</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	Cereibacter	<i>C. changlensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Acidisoma	<i>A. tundrae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Dankookia	<i>D. rubra</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Roseomonas	<i>R. aquatica</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Roseomonas	<i>R. arctica</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Dongia	<i>D. rigui</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Inquilinus	<i>I. ginsengisoli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Magnetospirillum	<i>M. moscoviense</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Skermanella	<i>S. aerolata</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		Reyranella	<i>R. aquatilis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		Reyranella	<i>R. soli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		Reyranella	<i>R. terrae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Erythrobacteraceae	Altererythrobacter	<i>A. aerius</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Blastomonas	<i>B. fulva</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Novosphingobium	<i>N. barchaimii</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Novosphingobium	<i>N. endophyticum</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Novosphingobium	<i>N. ginsenosidimitans</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Novosphingobium	<i>N. lentum</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Rhizorhabdus	<i>R. dicambivorans</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. aquatilis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. arantia</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. aurantiaca</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. colocasiae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. crusticola</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. desiccabilis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. dokdonensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. faucium</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. fennica</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. formosensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. glacialis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. hengshuiensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. humanensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. insulae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. laterariae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. limnosedimicola</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. mali</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. naasensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. naphthae</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. oligoaromativorans</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. oligophenolica</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. qilianensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. polyaromaticivorans</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. qilianensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. sedimicola</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. soli</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. wittichii</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingomonas	<i>S. xinjiangensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingopyxis	<i>S. chilensis</i>
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	Sphingorhabdus	<i>S. contaminans</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia	<i>B. australis</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia	<i>B. italica</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia	<i>B. witflariensis</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Caballeronia	<i>C. terrestris</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Caballeronia	<i>C. udeis</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Paraburkholderia	<i>P. bryophila</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Paraburkholderia	<i>P. caffeinilytica</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Paraburkholderia	<i>P. jirisanensis</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Paraburkholderia	<i>P. xenovorans</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Polaromonas	<i>P. eurypsychrophila</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Pseudorhodofera	<i>P. aquiterrae</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Rhodofera	<i>R. ferrireducens</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Rhodofera	<i>R. saidenbachensis</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Variovorax	<i>V. boronicumulans</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Variovorax	<i>V. defluvii</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Variovorax	<i>V. ginsengisoli</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Variovorax	<i>V. humicola</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Variovorax	<i>V. soli</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Massilia	<i>M. eurypsychrophila</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Massilia	<i>M. namucuoensis</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Massilia	<i>M. timonae</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	Undibacterium	<i>U. pigrum</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales		Piscinibacter	<i>P. aquaticus</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales		Piscinibacter	<i>P. defluvii</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales		Rhizobacter	<i>R. fulvus</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales		Rhizobacter	<i>R. profundii</i>
Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales		Rivibacter	<i>R. subsaxonicus</i>
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Archangiaceae	Archangium	<i>A. gephyra</i>
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Archangiaceae	Vitiosangium	<i>V. cumulatum</i>
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Polyangiaceae	Aetherobacter	<i>A. rufus</i>
Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Nannocystaceae	Nannocystis	<i>N. pusilla</i>
Proteobacteria	Epsilonproteobacteria	Campylobacteriales	Helicobacteraceae	Sulfuricurvum	<i>S. kujense</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	Aeromonas	<i>A. rivipollensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	Aeromonas	<i>A. veronii</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	Aeromonas	[<i>Haemophilus</i>] <i>] piscium</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cellvibrionales	Cellvibrionaceae	Cellvibrio	<i>C. gandavensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Enterobacter	<i>E. bugandensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia	<i>E. fergusonii</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Erwiniaceae	Pantoea	<i>P. dispersa</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Yersiniaceae	Serratia	<i>S. fonticola</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Acinetobacter	<i>A. johnsonii</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. abietaniphila</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. asturiensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. azotoformans</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. brenneri</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. brassicacearum</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. cannabina</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. congelans</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. caspiana</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. flavescens</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. fluorescens</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. frederiksbergensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. graminis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. helmanticensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. kilonensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. kuykendallii</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. migulae</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. reinekei</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. stutzeri</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. thivervalensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. turukhanskensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonaceae	Pseudomonas	<i>P. vancouverensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	Dokdonella	<i>D. ginsengisoli</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	Dyella	<i>D. japonica</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	Luteibacter	<i>L. rhizovicinus</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Arenimonas	<i>A. oryzae</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Lysobacter	<i>L. dokdonensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Lysobacter	<i>L. niabensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Pseudoxanthomonas	<i>P. gei</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Pseudoxanthomonas	<i>P. sacheonensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Pseudoxanthomonas	<i>P. yeongjuensis</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Stenotrophomonas	<i>S. bentonitica</i>
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Thermomonas	<i>T. carbonis</i>
Planctomycetes	Planctomycetia	Planctomycetales	Planctomycetaceae	Schlesneria	<i>S. paludicola</i>
Verrucomicrobia	Opitutae	Opitutaes	Opitutaceae	Lacunisphaera	<i>L. anatis</i>
Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Luteolibacter	<i>L. arcticus</i>
Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Luteolibacter	<i>L. gellanilyticus</i>
Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Luteolibacter	<i>L. luojiensis</i>
Actinobacteria	Acidimicrobia	Acidimicrobiales	Iamiaceae	Aquihabitans	<i>A. daechungensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Catenulisporales	Catenulisporaceae	Catenulispora	<i>C. fulva</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium	<i>M. aquaticum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium	<i>M. conspicuum</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium	<i>M. conspicuumse</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium	<i>M. grossiae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium	<i>M. kubicae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycobacterium	<i>M. parascrofulaceum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. austroafricanum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. confluentis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. frederiksbergense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. hippocampi</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. hodleri</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. insubricum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. iranicum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. madagascariense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. moriokaense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. pallens</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. parafortuitum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. rhodesiae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. sarraceniae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. sediminis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. tokaiense</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. tusciae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. vaccae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	Mycolicibacterium	<i>M. wolinskyi</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Nocardiaceae	Rhodococcus	<i>R. erythropolis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Nocardiaceae	Rhodococcus	<i>R. trifolii</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Nocardiaceae	Williamsia	<i>W. faeni</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Cryptosporangiaceae	Cryptosporangium	<i>C. minutisporangium</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Corynebacteriales	Cryptosporangiaceae	Cryptosporangium	<i>C. mongoliense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Frankia	<i>F. discariae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Frankia	<i>F. elaeagni</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Frankia	<i>F. inefficax</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Frankia	<i>F. saprophytica</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Jatrophihabitans	<i>J. endophyticus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Jatrophihabitans	<i>J. soli</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Frankiales	Frankiaceae	Jatrophihabitans	<i>J. telluris</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Blastococcus	<i>B. aggregatus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Blastococcus	<i>B. colisei</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Blastococcus	<i>B. endophyticus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Blastococcus	<i>B. jejuensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Klenkia	<i>K. terrae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Geodermatophilales	Geodermatophilaceae	Modestobacter	<i>M. versicolor</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Kineosporiales	Kineosporiaceae	Kineosporia	<i>K. mesophila</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Kineosporiales	Kineosporiaceae	Kineosporia	<i>K. mikuniensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Kineosporiales	Kineosporiaceae	Kineosporia	<i>K. rhamnosa</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Kineosporiales	Kineosporiaceae	Kineococcus	<i>K. xinjiangensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Cellulomonadaceae	Cellulomonas	<i>C. humilata</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Cellulomonadaceae	Cellulomonas	<i>C. massiliensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Cellulomonadaceae	Oerskovia	<i>O. paurometabol</i> <i>a</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Intrasporangiaceae	Janibacter	<i>J. melonis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Intrasporangiaceae	Terrabacter	<i>T. aeriphilus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Agreia	<i>A. pratensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Agromyces	<i>A. salentinus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Chryseoglobus	<i>C. frigidaquae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Conyzicola	<i>C. nivalis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Diaminobutyrici bacter	<i>D. tongyongensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Diaminobutyrici monas	<i>D. aerilata</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Fron dih abitans	<i>F. cladoniiphilus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Herbiconiux	<i>H. ginsengi</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Homoserinibact er	<i>H. gongjuensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Leifsonia	<i>L. kafniensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Leifsonia	<i>L. lichenia</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Leifsonia	<i>L. poae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Lysinimonas	<i>L. kribbensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Lysinimonas	<i>L. soli</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Microbacterium	<i>M. hatanonis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Microbacterium	<i>M. lacus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Microbacterium	<i>M. pumilum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Microbacterium	<i>M. pygmaeum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Microbacterium	<i>M. rhizomatis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Microterricola	<i>M. viridarii</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Naasia	<i>N. aerilata</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Okibacterium	<i>O. fritillariae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Rathayibacter	<i>R. caricis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Rathayibacter	<i>R. tritici</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Salinibacterium	<i>S. amurskyense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Salinibacterium	<i>S. xinjiangense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Subtercola	<i>S. boreus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Yonghaparkia	<i>Y. alkaliphila</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Arthrobacter	<i>A. pascens</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	Arthrobacter	<i>A. globiformis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. brasiliensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. consettensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. derwentensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. digitatis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. friuliensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. liguriensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. palleronii</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. subtropicus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. tereljensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Actinoplanes	<i>A. toevensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Allocatelliglobospora	<i>A. scoriae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Asanoa	<i>A. iriomotensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Asanoa	<i>A. ishikariensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Catellatospora	<i>C. chokoriensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Catenuloplanes	<i>C. crispus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Dactylosporangium	<i>D. roseum</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Dactylosporangium	<i>D. thailandense</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Hamadaea	<i>H. flava</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Longispora	<i>L. fulva</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. carbonacea</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. chokoriensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. fulva</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. halophytica</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. narathiwatensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. phytophila</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. pisi</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. rosaria</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Micromonospora	<i>M. ureilytica</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Phytohabitans	<i>P. flavus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Phytohabitans	<i>P. suffuscus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Polymorphospora	<i>P. rubra</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Pseudosporangium	<i>P. ferrugineum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Rugosimonospora	<i>R. africana</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Virgisporangium	<i>V. aliadipatigensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Micromonosporales	Micromonosporaceae	Virgisporangium	<i>V. myanmarensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Nakamurellales	Nakamurellaceae	Nakamurella	<i>N. flavida</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Nakamurellales	Nakamurellaceae	Nakamurella	<i>N. multipartita</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Nakamurellales	Nakamurellaceae	Nakamurella	<i>N. panacisegetis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Aeromicrobium	<i>A. erythreum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Kribbella	<i>K. deserti</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Kribbella	<i>K. flavida</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Kribbella	<i>K. ginsengisoli</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Kribbella	<i>K. jejuensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Marmoricola	<i>M. aquaticus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Marmoricola	<i>M. bigeumensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. aestuarii</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. alpinus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. aquiterrae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. caricicola</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. cavernae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. endophyticus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. ganghwensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. glacieisoli</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. halotolerans</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. islandensis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. mesophilus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	Nocardioides	<i>N. szechwanensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	Microlunatus	<i>M. aurantiacus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Actinomycetospora	<i>A. chibensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Actinophytocola	<i>A. gilvus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Allokutzneria	<i>A. oryzae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Amycolatopsis	<i>A. saalfeldensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Amycolatopsis	<i>A. balhimycina</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Kibdelosporangium	<i>K. lantanae</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Kutzneria	<i>K. chonburiensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Lentzea	<i>L. waywayandensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Pseudonocardia	<i>P. ailaonensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Pseudonocardia	<i>P. seranimata</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Pseudonocardia	<i>P. yunnanensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Saccharothrix	<i>S. algeriensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Propionibacteriales	Pseudonocardioaceae	Umezawaea	<i>U. endophytica</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Sporichthiales	Sporichthyaceae	Longivirga	<i>L. aurantiaca</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Kitasatospora	<i>K. kazusensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Kitasatospora	<i>K. mediocidica</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptacidiphilus	<i>S. carbonis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. abietis</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. atratus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. aureus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. bryophytorum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. enissocaesilis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. erringtonii</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. flavogriseus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. flavovirens</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. helveticus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. krungchingensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. olivochromogenes</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. peucetius</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. rubidus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. subrutilis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. tauricus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. umbrinus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. xanthocidicus</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptomycetales	Streptomycetaceae	Streptomyces	<i>S. xinghaiensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	Acrocarpospora	<i>A. corrugata</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	Herbidospora	<i>H. mongoliensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	Herbidospora	<i>H. sakaeratensis</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	Nonomuraea	<i>N. salmonea</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	Sphaerisporangium	<i>S. melleum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	Streptosporangium	<i>S. roseum</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Thermomonosporaceae	Actinoallomurus	<i>A. bryophytorum</i>

FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Thermomonosporaceae	Actinocorallia	<i>A. longicatena</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	Streptosporangiales	Thermomonosporaceae	Actinomadura	<i>A. scrupuli</i>
Actinobacteria	Rubrobacteria	Gaiellales	Gaiellaceae	Gaiella	<i>G. occulta</i>
Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Patulibacteraceae	Patulibacter	<i>P. ginsengiterrae</i>
Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Patulibacteraceae	Patulibacter	<i>P. minatonsensis</i>
Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	Solirubrobacter	<i>S. ginsenosidimutans</i>
Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	Solirubrobacter	<i>S. soli</i>
Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	Solirubrobacter	<i>S. taibaiensis</i>
Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae	Armatimonas	<i>A. rosea</i>
Cyanobacteria/ Melainabacteria	Cyanobacteria	Nostocales	Nostocaceae	Nostoc	<i>N. punctiforme</i>
Cyanobacteria/ Melainabacteria	Cyanobacteria	Nostocales	Tolypothrichaceae	Hassallia	<i>H. antarctica</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus	<i>B. nealsonii</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus	<i>B. psychrosaccharolyticus</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Lysinibacillus	<i>L. manganicus</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Psychrobacillus	<i>P. psychrodurans</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Psychrobacillus	<i>P. soli</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Cohnella	<i>C. arctica</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. aceris</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. alginolyticus</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. macquariensis</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. pectinilyticus</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. rhizoryzae</i>

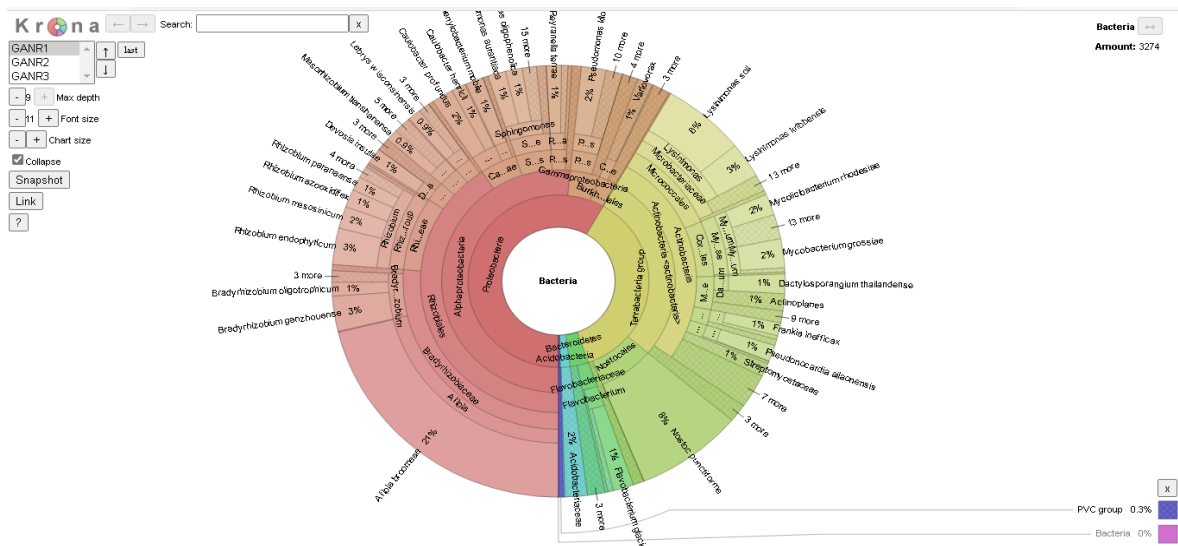
FILO	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. sacheonensis</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus	<i>P. taichungensis</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	Sporosarcina	<i>S. contaminans</i>
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	Sporosarcina	<i>S. globispora</i>
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	<i>C. estertheticum</i>
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	<i>C. puniceum</i>
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	Romboutsia	<i>R. sedimentorum</i>
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	Romboutsia	<i>R. timonensis</i>
Firmicutes	Negativicutes	Selenomonadales	Sporomusaceae	Psychrosinus	<i>P. fermentans</i>

Fuente: IDGEN, 2020

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

3.6 Resultados de identificación de búsqueda en discos de Krona

Una vez que las a las lecturas se les dio una asignación taxonómica con BLAST, se los organizó en gráficos interactivos con Krona, mostrando el perfil taxonómico de cada muestra en un solo gráfico.



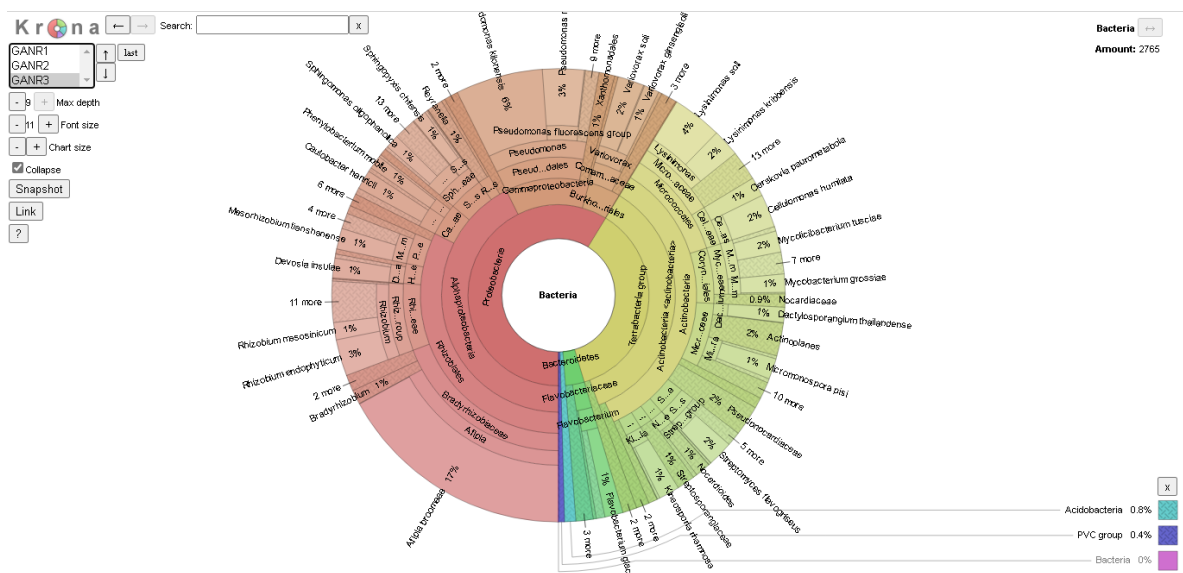
Gráfica 4-3. Perfil taxonómico de bacterias de la región 16s para la muestra GAN R1

Realizado por: Vaca, Julián, 2021



Gráfica 5-3. Perfil taxonómico de bacterias de la región 16s para la muestra GAN R2

Realizado por: Vaca, Julián, 2021



Gráfica 6-3. Perfil taxonómico de bacterias de la región 16s para la muestra GAN R3

Realizado por: Vaca, Julián, 2021

CONCLUSIONES

- Se identificaron 488 unidades taxonómicas operacionales (OTUs) bacterianas, pertenecientes a los grupos Actinobacteria y Alphaproteobacteria, pertenecientes a las tres muestras representativas de suelo rizósferico de mortiño en el páramo de Ganquis, de las cuales a través de un análisis *in silico* se caracterizó a cada una de ellas sugiriendo una funcionalidad según la literatura disponible, clasificando a las OTUs en benéficas para plantas conformada por 196 OTUs, patógenas para plantas conformada por 6 OTUs, función no definida conformada por 232 OTUs y otras funciones conformada por 54 OTUs en base a la información disponible en la literatura.
- Se identificaron 196 OTUs bacterianas como posiblemente benéficas para plantas, dentro de este grupo se encontraron 37 OTUs productoras de fosfatasa, 36 OTUs fijadoras de nitrógeno, 24 OTUs productoras de amonio, 51 OTUs involucradas en procesos de descomposición, y 48 OTUs involucradas en producción de fitohormonas.
- Se detectaron 6 OTUs bacterianas que se sugieren como posiblemente patógenas, según lo reportado en la literatura.

RECOMENDACIONES

- Replicar este tipo de investigaciones en diversos ecosistemas de escasa o nula actividad antrópica, buscando incrementar la identificación y caracterización de la diversidad bacteriana, para su aprovechamiento.
- Explorar las condiciones ideales para llevar a cabo los métodos de aislamiento e inoculación de las especies bacterianas benéficas, identificadas y caracterizadas aprovechando el potencial uso de este recurso, reemplazando a prácticas convencionales.
- Realizar análisis de secuenciamento de metagenomas y metatranscriptomas, para comprobar las funcionalidades sugeridas para las OTUs bacterianas de este estudio.

GLOSARIO

Filósfera: Microambiente tridimensional que rodea una hoja (Castillo, 2016: p.38).

Metatranscriptoma: Proceso involucrado en la expresión génica de una comunidad microbiana compleja (Yamamura, 2017: p.103).

Metabarcoding: Es la metasecuenciación dirigida de marcadores genéticos taxonómicamente informativos, que permite medir la biodiversidad de forma rápida, barata, exhaustiva, repetida y verificable (Escobar, 2020: p.78).

Metagenómica: Es el estudio de una colección del material genético (genomas) de una comunidad mixta de organismos. La metagenómica suele referirse al estudio de comunidades microbianas (Vobis, 2015: p.52).

Cluster: Es un grupo de dos o más genes encontrados dentro del ADN de un organismo que codifica para polipéptidos o proteínas similares (Valenzuela, 2015: p.93).

Nanodrop: Es un espectrofotómetro UV-VIS de barrido espectral que mide la variación de la absorbancia con la longitud de onda empleando solo una microgota. (Kang, 2009: p.72).

Algoritmo: Es un conjunto de instrucciones ordenadas, finitas y delimitadas que se crean con el fin de describir de forma sistemática la ejecución de una tarea (Hernández, 2002: p.36).

Bioinformático: Permite investigar, desarrollar y aplicar herramientas informáticas y computacionales para permitir y mejorar el manejo de datos biológicos (Johansen, 2005: p.89).

Taxon: Es una agrupación de organismos emparentados, a quienes se les da un nombre bajo una clasificación taxonómica. (Rosenberg, 2012: p.59).

Amplicon: Fragmento de ADN amplificado por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) o cualquier otro proceso que dé lugar a la producción de diferentes copias de ese fragmento (Zhang, 2014: p.96).

BIBLIOGRAFÍA

ABRAHAM, W.R. et al. "Brevundimonas halotolerans sp. nov.". *Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* [en línea], 2010, 60(8), pp. 1837–1843. [Consulta: 3 octubre 2020]. ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/8/1837.pdf?expires=1619490506&id=id&accname=guest&checksum=9F71DE27394B80E3395F36288CFDAC89>

ABRAHAM, W.R. et al. "Phylogeny by a polyphasic approach of the order Caulobacterales". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* [en línea], 2008, 58(8), pp. 1939–1949. [Consulta: 3 octubre 2020]. ISSN 14665026. Disponible en: <https://repository.helmholtz-hzi.de/handle/10033/37652>

ACHOUAK, W. et al. "Pseudomonas brassicacearum sp. nov. and Pseudomonas thivervalensis sp. nov., two root-associated bacteria isolated from Brassica napus and Arabidopsis thaliana". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* [en línea], 2000, 50(1), pp. 9–18. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/50/1/0500009a.pdf?expires=1619490848&id=id&accname=guest&checksum=B46D8A5D3DA58BB4A88819967162EB41>

ADITI SHREEYA, B. et al. "Root exudates ameliorate cadmium tolerance in plants: A review". *Environmental Chemistry Letters*. [en línea], 2020, p. 33. [Consulta: 30 noviembre 2020]. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10311-020-01012-x>

AGGER, S.A. et al. "Identification of sesquiterpene synthases from *Nostoc punctiforme* PCC 73102 and *Nostoc* sp. strain PCC 7120". *Journal of Bacteriology*, [en línea], 2008, 190(18), pp. 6084–6096. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 00219193. Disponible en: <https://jb.asm.org/content/190/18/6084.short>

ALBERT, R.A. et al. "Labrys wisconsinensis sp. nov., a budding bacterium isolated from Lake Michigan water, and emended description of the genus Labrys". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(7), pp. 1570–1576. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:

<https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/7/1570.pdf?expires=1619491040&id=id&accname=guest&checksum=6D74381E4A6EA455EF889B1405AE4353>

ALBUQUERQUE, L. "Gaiella occulta gen. nov., sp. nov., a novel representative of a deep branching phylogenetic lineage within the class Actinobacteria and proposal of Gaiellaceae fam. nov. and Gaiellales ord. nov". *Systematic and Applied Microbiology*, [en línea], 2011, 34(8), pp. 595–599. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 07232020. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S072320201100141X>

ALEGRE, I. "Control of foodborne pathogens on fresh-cut fruit by a novel strain of *Pseudomonas graminis*". *Food Microbiology* [en línea], 2013, vol. 34(2), pp. 390–399. [Consulta: 26 febrero 2021] ISSN 07400020. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.fm.2013.01.013>.

ALFONSO, E. "Microorganismos benéficos como biofertilizantes eficientes para el cultivo del tomate (*Lycopersicon esculentum*, Mill)". *Revista Colombiana de Biotecnología* [en línea], 2005, 7(2), pp. 47–54. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 1909-8758. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=2351591>

ALIAS-VILLEGAS, C. "Sphingopyxis italica sp. nov., isolated from Roman catacombs". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(7), pp. 2565–2569. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/63/7/2565_ajs046573.pdf?expires=1619491191&id=id&accname=guest&checksum=9F2EB0D5E7B600F1C22DE1CE7DB0CCA8

ALONSO, M.C. "Changes in chlorophyll fluorescence parameters during desiccation and osmotic stress of *Hassallia antarctica* culture". *Czech Polar Reports*, [en línea], 2018, 8(2), pp. 198–207. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 18050697. Disponible en: <https://journals.muni.cz/CPR/article/view/12927>

AN, D.S. "Sphingomonas ginsengisoli sp. nov. and Sphingomonas sediminicola sp. nov". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(2), pp. 496–501. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/63/2/496_ajs039578.pdf?expires=1619491270&id=id&accname=guest&checksum=000FE928F9543B2D2F054B407D7B10F7

AN, Dong Shan. "Solirubrobacter ginsenosidimutans sp. nov., isolated from soil of a ginseng field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(11), pp. 2606–2609. [Consulta: 26 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/11/2606_ijs028431.pdf?expires=1619491309&id=id&accname=guest&checksum=5A3C43ED4717DA7927577549FBEA4A1F

AN, Hongli. "Sphingomonas xinjiangensis sp. nov., isolated from desert sand". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(8), pp. 1865–1869. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/8/1865_ijs021147.pdf?expires=1619491364&id=id&accname=guest&checksum=3FB050FBBD72CFFC47BB1D90249A177E

AN, S.Y. "Leifsonia lichenia sp. nov., isolated from lichen in Japan". *Journal of General and Applied Microbiology*, [en línea], 2009, 55(5), pp. 339–343. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 00221260. Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jgam/55/5/55_5_339/_pdf/-char/ja

ANZAI, Y. "Production of rosamicin derivatives in micromonospora rosaria by introduction of d-mycinosine biosynthetic gene with Φ c31-derived integration vector pSET152". *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2009, 36(8), pp. 1013–1021. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 13675435. Disponible en:

oNeA2x14ODAIU4udStykExygGE77Pd9xRCUv0Sz4wi_BeUnw1uXFavslssj6VeNcMGsaAEg0a4kuhv1TjhCuDNA6ewLwHDNibCiTKIHiVvONMGn_SAKicnGXD8GoaK28JBQQ

ARA, I; & KUDO, T. "Three novel species of the genus *Catellatospora*, *Catellatospora chokoriensis* sp. nov., *Catellatospora coxensis* sp. nov. and *Catellatospora bangladeshensis* sp. nov., and transfer of *Catellatospora citrea* subsp. *methionotrophica* Asano and Kawamoto 1988 to C". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(2), pp. 393–400. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/56/2/393.pdf?expires=1619491661&id=id&accname=guest&checksum=7ABC54AA9E02ECC26EA2CE5C71E7DD97>

ARA, I; & KUDO, T. "Two new species of the genus *Micromonospora*: *Micromonospora chokoriensis* sp. nov. and *Micromonospora coxensis* sp. nov., isolated from sandy soil". *Journal of General and Applied Microbiology*, [en línea], 2007, 53(1), pp. 29–37. [Consulta: 26 febrero 2021] ISSN 00221260. Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jgam/53/1/53_1_29/_pdf/-char/ja

ARA, I. et al. "Pseudosporangium ferrugineum gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Micromonosporaceae*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(7), pp. 1644–1652. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/58/7/1644.pdf?expires=1619539646&id=id&accname=guest&checksum=7164BF89B0C44CF410A9550CE93BE017>

ARA, I. et al. "Pseudonocardia mongoliensis sp. nov. and *Pseudonocardia khuvsgulensis* sp. nov., isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(4), pp. 747–756. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/4/747_ajs019562.pdf?expires=1619539682&id=id&accname=guest&checksum=C22B7C99806AD8C33BACBE030CB32141

ARA, I. "*Cryptosporangium mongoliense* sp. nov., isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012a, 62(10), pp. 2480–2484. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/62/10/2480_ajs038307.pdf?expires=1619539716&id=id&accname=guest&checksum=826FDF14D3D6B3C0B182F115A628EF45

ARA, I. "Herbidospora mongoliensis sp. nov., isolated from soil, and reclassification of *Herbidospora osyris* and *Streptosporangium claviforme* as synonyms of *Herbidospora cretacea*". [en línea], 2012b, 10, pp. 2322–2329. [Consulta: 30 noviembre 2020] Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/62/10/2322_ajs037861.pdf?expires=1619539749&id=id&accname=guest&checksum=FF9218EC64EC6FD59C84F21C53E55773

ARA, I. "Actinoplanes tovensis sp. nov. and Actinoplanes tereljensis sp. nov., isolated from Mongolian soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(4), pp. 919–927. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/4/919.pdf?expires=1619539781&id=id&accname=guest&checksum=48BFF84227B61DD8B7FF183C0649B6FC>

ARANDA, C. "Aerobic secondary utilization of a non-growth and inhibitory substrate 2,4,6-trichlorophenol by *Sphingopyxis chilensis* S37 and *Sphingopyxis*-like strain S32". *Biodegradation*, [en línea], 2003, 14(4), pp. 265–274. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 09239820. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1023/A:1024752605059>

ARGUEDAS GAMBOA, M. "Clasificación de síntomas de enfermedades forestales. Segunda parte". *Revista Forestal Mesoamericana Kurú*, [en línea], 2008, 5(15), pp.77-83. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 2215-2504. Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jgam/53/1/53_1_29/

ASLAM, Z. "Flavobacterium granuli sp. nov., isolated from granules used in a wastewater treatment plant". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(2), pp. 747–751. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/55/2/747.pdf?expires=1619539869&id=id&accname=guest&checksum=33A645633C5C80539690DD635E9F3F35>

ASLAM, Z. "Arenimonas oryzae sp. nov., isolated from a field of rice (*Oryza sativa* L.) managed under a no-tillage regime, and reclassification of *Aspromonas composti* as *Arenimonas composti* comb. nov". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(12), pp. 2967–2972. [Consulta: 26 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/59/12/2967.pdf?expires=1619539914&id=id&accname=guest&checksum=B35B4EC1FF098C3A4CD2EE6C23E7A5F5>

AUGELLETTI, F. "Draft Whole-Genome Sequence of the Anthracene-Degrading Strain *Mycolicibacterium frederiksbergense* LB501T, Isolated from a Polycyclic Aromatic Hydrocarbon-Contaminated Soil". *Microbiology Resource Announcements*, [en línea], 2020, 9(43), pp. 7–9. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 2576098X. Disponible en: <https://mra.asm.org/content/9/43/e00671-20.abstract>

AWAL, R.P. "Vitosangium cumulatum gen. nov., sp. nov. and Vitosangium subalbum sp. nov., soil myxobacteria, and emended descriptions of the genera Archangium and Angiococcus, and of the family Cystobacteraceae". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(5), pp. 1422–1430. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/67/5/1422_ijsem001829.pdf?expires=1619540019&id=id&accname=guest&checksum=A29BD544BD61B6534500A7B0FE0FCB4A

BAIK, K.S. "Dongia rigui sp. nov., isolated from freshwater of a large wetland in Korea. Antonie van Leeuwenhoek". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2013, 104(6), pp. 1143–1150. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 00036072. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-013-0036-9>

BAIK, K.S. "Chryseoglobus frigidaquae gen. nov., sp. nov., a novel member of the family Microbacteriaceae". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(6), pp. 1311–1316. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/6/1311.pdf?expires=1619540109&id=id&accname=guest&checksum=C3098120390C8BF027F72BB25CD22EFA>

BAKAEVA, M. "Capacity of pseudomonas strains to degrade hydrocarbons, produce auxins and maintain plant growth under normal conditions and in the presence of petroleum contaminants". *Plants*, [en línea], 2020, 9(3), [Consulta: 26 febrero 2021] ISSN 22237747. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2223-7747/9/3/379>

BAKIR, M.A. "Microbacterium hatanonis sp. nov., isolated as a contaminant of hairspray". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(3), pp. 654–658. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/58/3/654.pdf?expires=1619540280&id=id&accname=guest&checksum=8219657604DE4CBB64BF39396C51A1FA>

BALCAZAR, et al. Taxonomy browser (*Mycolicibacterium hippocampi*). [en línea], 2014 [Consulta: 3 diciembre 2020]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=659824&lvl=0>.

BANERJEE, S. "Interlining Cr(VI) remediation mechanism by a novel bacterium *Pseudomonas brenneri* isolated from coalmine wastewater". *Journal of Environmental Management* [en línea], 2019, 233, pp. 271–282. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 10958630. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2018.12.048>.

BATRAKOV, S.G. & NIKITIN, D.I. "Lipid composition of the phosphatidylcholine-producing bacterium *Hyphomicrobium vulgare* NP- 160". *Biochimica et Biophysica Acta*, [en línea], 1996, 1302, pp. 129–137. [Consulta: 3 octubre 2020] Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/000527609600046X>

BAUTISTA, V. "*Devosia yakushimensis* sp. nov., isolated from root nodules of *Pueraria lobata* (Willd.) Ohwi". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(3), pp. 627–632. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/3/627.pdf?expires=1619540403&id=id&acname=guest&checksum=088E2648C4884E359886316E0DF11655>

BECKING, J.H. "The Genus *Beijerinckia*. En: M. DWORKIN, S. FALKOW, E. ROSENBERG, K.-H. SCHLEIFER y E. STACKEBRANDT, *The Prokaryotes: Volume 5: Proteobacteria: Alpha and Beta Subclasses*". [en línea], 2006, pp. 151–162. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISBN 978-0-387-30745-9. Disponible en: <https://www.springer.com/gp/book/9780387307459>

BEHRENDT, U. "Reclassification of *Leifsonia ginsengi* (Qiu et al. 2007) as *Herbiconiux ginsengi* gen. nov., comb. nov. and description of *Herbiconiux solani* sp. nov., an actinobacterium associated with the phyllosphere of *Solanum tuberosum* L". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(5), pp. 1039–1047. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/5/1039_ijsem021352.pdf?expires=1619540536&id=id&acname=guest&checksum=ADF5588345903EDDD6AC901AFC573536

BEHRENDT, U. "Fluorescent pseudomonads associated with the phyllosphere of grasses; *Pseudomonas trivialis* sp. nov., *Pseudomonas poae* sp. nov. and *Pseudomonas congelans* sp. nov.". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(5), pp. 1461–1469. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/5/1039>

BELIMOV, A.A. "Pseudomonas brassicacearum strain Am3 containing 1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase can show both pathogenic and growth-promoting properties in its interaction with tomato". *Journal of Experimental Botany*, [en línea], 2007, 58(6), pp. 1485–1495. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 00220957. Disponible en: https://watermark.silverchair.com/erm010.pdf?token=AQECAHi208BE49Ooan9kkhW_Ercy7Dm3ZL_9Cf3qfKAc485ysgAAApkwggKVBgkqhkiG9w0BBwagggKGMIIcggIBADCCAnsGCSqGSIB3DQEHATAeBglghkgBZQMEAS4wEQQMI5ftY6D-BiPTFmePAgEQgIICTAcviepma7lJch89EEnTh8tH0Z78Xi-009bZXjJtq6V07hjDWoadU8EupkTP3IHYLr0D1-dpF1cMOiRPLjGwBGhoWggpbQ0zWoOEYPf8iXvtayoZCRBNcRyJrYTtg3fiA0ZqMSWa-jCUneWdNVtrierXVOLVMM2skjFw5MZ7UiuXb3WMcfhyTd4bmQTKoOC2Yk3nZwmBs5BsyD TX0vpE9KHUWLWzQChKqINMEGwQjadQnqfDV_vtA41J6ktjW_frPhNrvbj6rBmukzttqfU8SFjqHHs2equwsA76LP0VEwqdcP7erptDM_vFMZeLm9P6IwhykaDujUYxSd0uPZprTweUC3VJT9rFwRb5s4g2PINKY0h28uuJqHaHJybFsaywwcw7fEhc9qAu9fPnivlub9RYmMebdv3NY9CsGmuegwt7ddI8uypwrTNYqzjfavcTMHETOHNrejSbdhsKFW1z0ce0ROaZnG63hol1MLhNy7XwFG8opP sF9Ytf8IUJVa7s-1HJ-mCzbOdeZtyJf3uNjrLoKNPMEoiwE_P3DOxQspWadREismWv22CItJqhPgC43a7CxDD2h2Ejw9rkGLXCT_4rY7Div5GYiWL_fhvM9xTF99zBw2PS2UnmunaltqVIJ6dipbTeGQZnVSIWePSTPU CxyPVPvIEXXmGqQUdp4c38-4bkrm-AoWocpOKT41Zmi8oVW4YKzhLOAtGBxBZHMqmAfHjE0BZ6ZnJJOQ1-EDOrSY-gxKxKCh4xPQY_ot1QIdxmZKjLIH6-PA6A

BELOVA, S.E. "Acidisoma tundrae gen. nov., sp. nov. and *Acidisoma sibiricum* sp. nov., two acidophilic, psychrotolerant members of the Alphaproteobacteria from acidic northern wetlands". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(9), pp. 2283–2290. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/59/9/2283.pdf?expires=1619540651&id=id&accname=guest&checksum=FCDDDF633973CD90284553FFF31DC5A07>

BELOVA, S.E. "Edaphobacter lichenicola sp. Nov., a member of the family acidobacteriaceae from lichen-dominated forested tundra". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(4), pp. 1265–1270. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/68/4/1265_ijsem002663.pdf?expires=1619540686&id=id&accname=guest&checksum=0A368A0B8B4935E40FF53C545DAACDAA

BENINI, S. "The crystal structure of Rv2991 from Mycobacterium tuberculosis: An F 420 binding protein with unknown function". *Journal of Structural Biology* [en línea], 2019, 206(2), pp. 216–224. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 10958657. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jsb.2019.03.006>.

BENÍTEZ LÓPEZ, A.Y. Potencial biotecnológico de bacterias aisladas de las raíces y rizosfera de *Salicornia neei* (Lag.) del Chaco seco paraguayo [en línea], UNIVERSIDAD NACIONAL DE ASUNCIÓN. 2020 [Consulta: 26 febrero 2021] Disponible en: <https://www.conacyt.gov.py/sites/default/files/BECA02-33%20Yolanda%20L%C3%B3pez.pdf>

BERRIOS, L. & ELY, B. "Plant growth enhancement is not a conserved feature in the Caulobacter genus". *Plant and Soil*, [en línea], 2020, 449(2), pp. 81–95. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISSN 15735036. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11104-020-04472-w>

BERTRAND, J.C. "Environmental microbiology: Fundamentals and applications". [en línea], 2015, pp. 1–883. [Consulta: 19 noviembre 2020] ISBN 9789401791182. Disponible en: <https://link.springer.com/book/10.1007%2F978-94-017-9118-2>

BOONDAENG, A. "Herbidospira sakaeratensis sp. nov., isolated from soil, and reclassification of Streptosporangium claviforme as a later synonym of Herbidospira cretacea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, vol. 6(4), pp. 777–780. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/4/777_ajs024315.pdf?expires=1619540884&id=id&accname=guest&checksum=0C1CBDA7B927A2127FFBCD33D3A7B250

BOU, G. "Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología". *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, [en línea], 2011, 29(8), pp. 601–608. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 0213005X. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0213005X11001571>

BOURAS, N. "Effect of amino acids containing sulfur on dithiopyrrolone antibiotic productions by *Saccharothrix algeriensis* NRRL B-24137". *Journal of Applied Microbiology*, [en línea], 2006, 100(2), pp. 390–397. [Consulta: 26 febrero 2021] ISSN 13645072. Disponible en: <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1365-2672.2005.02762.x>

BRENNER, D.J. "Proposal of *Afipia* gen. nov., with *Afipia felis* sp. nov. (Formerly the cat scratch disease bacillus), *Afipia clevelandensis* sp. nov. (Formerly the Cleveland Clinic Foundation Strain), *Afipia broomeae* sp. nov., and three unnamed genospecies". *Journal of Clinical Microbiology*, [en línea], 1991, 29(11), pp. 2450–2460. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 00951137. Disponible en: <https://jcm.asm.org/content/jcm/29/11/2450.full.pdf>

BUSQUETS, A. "*Pseudomonas caspiana* sp. nov., a citrus pathogen in the *Pseudomonas syringae* phylogenetic group. Systematic and Applied Microbiology". [en línea], 2017, 40(5), pp. 266–273. [Consulta: 7 enero 2021] ISSN 16180984. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2017.04.002>.

BUSSE, H.J. "*Sphingomonas aurantiaca* sp. nov., *Sphingomonas aerolata* sp. nov. and *Sphingomonas faeni* sp. nov., air- and dustborne and Antarctic, orange-pigmented, psychrotolerant bacteria, and emended description of the genus *Sphingomonas*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(5), pp. 1253–1260. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/13130003/>

CADENA, ZAMUDIO, J. "Aplicación de la secuenciación masiva para el estudio y exploración de diversidad microbiana y su aprovechamiento biotecnológico". *Agroproductividad*, [en línea], 2016, 9(2), pp. 70–83. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 0188-7394. Disponible en: https://www.researchgate.net/profile/Jorge-Cadena-Zamudio/publication/298352046_APLICACION_DE_SECUENCIACION_MASIVA_PARA_EL_ESTUDIO_Y_EXPLORACION_DE_DIVERSIDAD_MICROBIANA_Y_SU_APROVECHAMIENTO_BIOTECNOLOGICO/links/56e8590508ae9bcb3e1cc548/APLICACION-DE-

SECUENCIACION-MASIVA-PARA-EL-ESTUDIO-Y-EXPLORACION-DE-DIVERSIDAD-MICROBIANA-Y-SU-APROVECHAMIENTO-BIOTECNOLOGICO.pdf

CALVO VÉLEZ, P. "ESTUDIO DE LAS POBLACIONES MICROBIANAS DE LA RIZÓSFERA DEL CULTIVO DE PAPA (*Solanum tuberosum*) EN ZONAS ALTOANDINAS". *Ecología Aplicada*, [en línea], 2008, 7(2), p. 141. [Consulta: 3 octubre 2020] ISSN 1726-2216. Disponible en: <http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v7n1-2/a17v7n1-2.pdf>

CÁMARA, B. "Pseudomonas reinekei sp. nov., Pseudomonas moorei sp. nov. and Pseudomonas mohnii sp. nov., novel species capable of degrading chlorosalicylates or isopimaric acid". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(5), pp. 923–931. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/57/5/923.pdf?expires=1619541243&id=id&accname=guest&checksum=DA4287A1414094363A22B396B8E44C68>

CAPELLO, R. "La diversidad microbiana en México". *Bisdiversitas*, [en línea], 2000, 32, pp. 6–10. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 00150282. Disponible en: http://euaem1.uaem.mx/bitstream/handle/123456789/1465/280_1.pdf?sequence=1&isAllowed=y

CARBAJAL, L. Diversidad bacteriana de la rizósfera de quinua (*chenopodium quinoa* willd) cultivada en suelo fértil y degradado. [en línea], UNIVERSIDAD NACIONAL DE HUANCAVELICA, 2019, [Consulta: 30 noviembre 2020] Disponible en: <http://repositorio.unh.edu.pe/bitstream/handle/UNH/2698/TESIS-2019-AGRONOMIA-CARBAJAL%20CUADROS%20.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

CARDINALE, M. "Frondihabitans cladoniiphilus sp. nov., an actinobacterium of the family microbacteriaceae isolated from lichen, and emended description of the genus frondihabitans". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(12), pp. 3033–3038. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/61/12/3033_ajs028324.pdf?expires=1619541341&id=id&accname=guest&checksum=02CD3FEFBE84A0A7E8A019CD8FA4C824

CARLSOHN, M.R. "Amycolatopsis saalfeldensis sp. nov., a novel actinomycete isolated from a medieval alum slate mine". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(7), pp. 1640–1646. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/57/7/1640.pdf?expires=1619541382&id=id&acname=guest&checksum=2321010F8AF7BC8DF93FB530D7E007E4>

CARRO, L. "Micromonospora ureilytica sp. nov., Micromonospora noduli sp. nov. and Micromonospora vinacea sp. nov., isolated from Pisum sativum nodules". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(9), pp. 3509–3514. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/66/9/3509_ijsem001231.pdf?expires=1619541415&id=id&acname=guest&checksum=5F2E26E144F9B10D06C6D81D4FCEB2E2

CARRO, L. "Micromonospora phytophila sp. nov. and micromonospora luteiviridis sp. nov., isolated as natural inhabitants of plant nodules". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(1), pp. 248–253. [Consulta: 18 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/68/1/248_ijsem002490.pdf?expires=1619541449&id=id&acname=guest&checksum=42523D9A0725FD4839B81617AB7A273C

CASTILLO, MONROY, A.P. "Puesta a punto de una técnica molecular para el estudio de hongos y bacterias totales de suelo en ecosistemas tropicales del sur de Ecuador". *Ciencia del Suelo*, [en línea], 2016, 34(1), pp. 145–154. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 03263169. Disponible en: https://www.researchgate.net/profile/Aminael-Sanchez-Rodriguez/publication/308518260_Puesta_a_punto_de_una_tecnica_molecular_para_el_estudio_de_hongos_y_bacterias_totales_de_suelo_en_ecosistemas_tropicales_del_sur_de_Ecuador/links/5a0064d6aca2725286d79886/Puesta-a-punto-de-una-tecnica-molecular-para-el-estudio-de-hongos-y-bacterias-totales-de-suelo-en-ecosistemas-tropicales-del-sur-de-Ecuador.pdf

CATARA, V. "Phenotypic and genomic evidence for the revision of Pseudomonas corrugata and proposal of Pseudomonas mediterranea sp. nov". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2002, 52(5), pp. 1749–1758. [Consulta: 7 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:

<https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/52/5/0521749a.pdf?expires=1619541515&id=id&acname=guest&checksum=38B2C07FC70066D3BCC7B1C444046A68>

CHANAMA, M. "Kutzneria chonburiensis sp. Nov., isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(11), pp. 4169–4174. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/65/11/4169_ijsem000552.pdf?expires=1619541544&id=id&acname=guest&checksum=324AA16138C31E37879D7E6AB2C5BD84

CHANCO ESPINOSA, P.N. De Vuelta a las Raíces: Descifrando la diversidad taxonómica y funcional del microbioma de la raíz del tomate nativo y moderno de los Andes ecuatorianos. [en línea], UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO USFQ, 2020 [Consulta 1 febrero 2021] Disponible en: <http://192.188.53.14/bitstream/23000/8750/1/146087.pdf>

CHATTERJEE, P. "Beneficial soil bacterium *Pseudomonas frederiksbergensis* Os261 augments salt tolerance and promotes red pepper plant growth". *Frontiers in Plant Science*, [en línea], 2017, 8, pp. 1–9. [Consulta: 5 diciembre 2021] ISSN 1664462X. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2017.00705/full>

CHAUHAN, P.S. "Purification and characterization of an alkali-thermostable β -mannanase from *Bacillus nealsonii* PN-11 and its application in mannooligosaccharides preparation having prebiotic potential". *European Food Research and Technology*, [en línea], 2014, 238(6), pp. 927–936. [Consulta: 7 enero 2021] ISSN 14382385. Disponible en: <http://192.188.53.14/bitstream/23000/87>

CHEN, H. "Sphingorhabdus buctiana sp. nov., isolated from fresh water, and reclassification of *Sphingopyxis contaminans* as *Sphingorhabdus contaminans* comb. nov. Antonie van Leeuwenhoek", *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2018, 111(3), pp. 323–331. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-017-0954-z>

CHEN, J. "Biocontrol potential of the antagonistic microorganism *Streptomyces enissocaesilis* against *Orobanche cumana*". *BioControl*, [en línea], 2016, 61(6), pp. 781–791. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 15738248. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10526-016-9738-z>

CHEN, J.W. "Genome Sequence of *Dyella japonica* Strain A8, a Quorum-Quenching Bacterium That Degrades N-Acylhomoserine Lactones, Isolated from Malaysian Tropical Soil". *Journal of Bacteriology*, [en línea], 2020, 194(22), p. 6331. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 00219193. Disponible en: <https://jb.asm.org/content/194/22/6331.short>

CHEN, Qi Hui. "Sphingomonas hunanensis sp. nov., isolated from forest soil. Antonie van Leeuwenhoek". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2011, 99(4), pp. 753–760 [Consulta: 30 noviembre 2020]. ISSN 00036072. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-011-9549-2>

CHEN. "Biodegradation of deltamethrin and its hydrolysis product 3-phenoxybenzaldehyde by a newly isolated *Streptomyces aureus* strain HP-S-01". *Applied Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2011, 90(4), pp. 1471–1483. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 01757598. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-011-3136-3>

CHEN, W. & TAO, T. "Nakamurella". *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, [en línea], 2019, pp. 1–11. [Consulta: 30 noviembre 2020] Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/9781118960608.fbm00021.pub2>

CHEN, W.M. "Pseudorhodiferax aquiterrae sp. nov., isolated from groundwater". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(1), pp. 169–174. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/63/1/169_ajs039842.pdf?expires=1619542227&id=id&accname=guest&checksum=4DE5CDB2B50515DC34EE2842A4E956DD

CHEN, X.Y. "Mucilaginibacter polytrichastri sp. nov., isolated from a moss (*Polytrichastrum formosum*), and emended description of the genus *Mucilaginibacter*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(4), pp. 1395–1400. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/64/4/1395_ajs055335.pdf?expires=1619542267&id=id&accname=guest&checksum=EFC53CF33C4772BC9E6EE92C9F16611B

CHEN, Y. "Devosia naphthalenivorans, isolated from east pacific ocean sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2019, 69(7), pp. 1974–1979. [Consulta: 7 enero 2021] ISSN 14665034. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/69/7/1974_ijsem003410.pdf?expires=1619542302&id=id&acname=guest&checksum=3B9B8903C34E3F3B7D2F3CEC092FC0BD

CHO, S.H. "Piscinibacter defluvii sp. nov., isolated from a sewage treatment plant, and emended description of the genus Piscinibacter Stackebrandt et al. 2009". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(11), pp. 4839–4843. [Consulta: 30 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/66/11/4839_ijsem001438.pdf?expires=1619542352&id=id&acname=guest&checksum=D4C2B685F9E937DB7625EF1F6E2C94FF

CHO, Y. "Aureimonas glaciistagni sp. nov., isolated from a melt pond on arctic sea ice". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(10), pp. 3564–3569. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/65/10/3564_ijsem000453.pdf?expires=1619542392&id=id&acname=guest&checksum=12F4A220B215902A0D9A1833AD9F6402

CHOI, J.H. Brevundimonas basaltis, isolated from black sand. [en línea], 2010 [Consulta: 30 noviembre 2020] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/7/1488.pdf?expires=1619542434&id=id&acname=guest&checksum=206BB5FFC4473910FF86CB91403850E1>

CHU, X. "Hamadaea flava sp. Nov., isolated from a soil sample and emended description of the genus Hamadaea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(4), pp. 1818–1822. [Consulta: 7 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/66/4/1818_ijsem000949.pdf?expires=1619542464&id=id&acname=guest&checksum=B958DDEA413B9B86CEC69446DFCE2FCD

CHU, X. "Umezawaea endophytica sp. nov., isolated from tobacco root samples. Antonie van Leeuwenhoek". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2015, 108(3), pp. 667–672. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-015-0522-3>

COBA, P. "Ethnobotanical study of the Mortiño (*Vaccinium floribundum*) as ancestral and potentially functional meal". *LA GRANJA, Revista de Ciencias de la Vida*, [en línea], 2012, 16(2), pp. 5–13. [Consulta: 5 diciembre 2020] Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/4760/476047400002.pdf>

COBO, M.M. "Preliminary analysis of the genetic diversity and population structure of mortiño (*Vaccinium floribundum* Kunth)". *Biochemical Systematics and Ecology*, [en línea], 2016, 64, pp. 14–21. [Consulta: 14 enero 2021] ISSN 03051978. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0305197815002902>

COLLINS, M.D. & PASCUAL, C. "Reclassification of *Actinomyces humiferus* (Gledhill and Casida) as *Cellulomonas humilata* nom. corrig". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(2), pp. 661–663. [Consulta: 14 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/50/2/0500661a.pdf?expires=1619542703&id=id&accname=guest&checksum=CFEA1C83341F2A865B49C0B9D131A12D>

COLLINS, M.D. "Taxonomic studies on a psychrophilic *Clostridium* from vacuum-packed beef: Description of *Clostridium estertheticum*". *FEMS Microbiology Letters*, [en línea], 1992, 96(3), pp. 235–239. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 15746968. Disponible en: <https://academic.oup.com/femsle/article/96/2-3/235/537201?login=true>

CÓRDOVA, BAUTISTA, Y. "Detección de bacterias benéficas en suelo con banano (*musa aaa simmonds*) cultivar “gran enano” y su potencial para integrar un biofertilizante". *Universidad y ciencia Trópico Húmedo*, [en línea], 2009, 25(3), pp. 253–265. [Consulta: 7 enero 2021] ISSN 0186-2979. Disponible en: <http://www.scielo.org.mx/pdf/uc/v25n3/v25n3a7.pdf>

CORTES, ALBAYAY, C. "*Streptomyces altiplanensis*, an alkalitolerant species isolated from chilean altiplano soil, and emended description of *streptomyces chryseus* (krasil'nikov et al. 1965) pridham 1970". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2019, 69(8), pp. 2498–2505. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665034. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/69/8/2498_ijsem003525.pdf?expires=1619542974&id=id&accname=guest&checksum=1A5125B60970FA8FDB9E283A8AA2FE2B

CORTÉS, LORENZO, C. "Two novel strains within the family Caulobacteraceae capable of degradation of linear alkylbenzene sulfonates as pure cultures". *International Biodeterioration and Biodegradation* [en línea], 2013, 85, pp. 62–65. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 09648305. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ibiod.2013.06.001>.

CRIOLLO, P.J. "Efecto de bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPR) asociadas a *Pennisetum clandestinum* en el altiplano cundiboyacense". *Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, [en línea], 2013, 13(2), pp. 189. [Consulta: 14 enero 2021] ISSN 0122-8706. Disponible en: <http://revista.corpoica.org.co/index.php/revista/article/view/254/257>

CROMBIE, A. & MURRELL, J.C. "Chapter eight - Development of a System for Genetic Manipulation of the Facultative Methanotroph *Methylocella silvestris* BL2. En: A.C. ROSENZWEIG y S.W.B.T.-M. in E. RAGSDALE". *Methods in Methane Metabolism, Part B: Methanotrophy*, [en línea], 2011, pp. 119–133. [Consulta: 14 enero 2021] ISBN 0076-6879. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780123869050000085>

CUI, Y. "Reyranella aquatilis, an alphaproteobacterium isolated from a eutrophic lake". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(9), pp. 3496–3500. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/67/9/3496_ijsem002151.pdf?expires=1619545736&id=id&acname=guest&checksum=711E714257DD2CC0C33655043D5643D5

CUI, Y.S. "Kribbella ginsengisoli, isolated from soil of a ginseng field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, pp. 364–368. [Consulta 1 febrero 2021] 60(2), ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/2/364.pdf?expires=1619545791&id=id&acname=guest&checksum=7FAB3C55B2498DBE601DFEE956BE56D8>

DASTAGER, S.G. "Marmoricola bigeumensis sp. nov., a member of the family Nocardioideae". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(5), pp. 1060–1063. [Consulta: 14 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65576-0?crawler=true>

DASTAGER, S.G. "Nocardioides halotolerans sp. nov., isolated from soil on Bigeum Island, Korea". *Systematic and Applied Microbiology*, [en línea], 2008a, 31(1), pp. 24–29. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 07232020. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0723202007001312>

DASTAGER, S.G. "Nocardioides islandiensis, isolated from soil in Bigeum Island Korea. Antonie van Leeuwenhoe". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2008b, 93(4), pp. 401–406. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 00036072. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-007-9217-8>

DASTAGER, S.G. "Nocardioides mesophilus, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(10), pp. 2288–2292. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/10/2288.pdf?expires=1619545953&id=id&accname=guest&checksum=F686BBE9A9B80997D9B8DD4239B7F557>

DE CARVALHO, C.R. & DA FONSECA, M.R. "The remarkable Rhodococcus erythropolis". *Applied Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2005, 67(6), pp. 715–726. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 01757598. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-005-1932-3>

DE MENEZES, C.B. "Marmoricola aquaticus sp. nov., an actinomycete isolated from a marine sponge". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(7), pp. 2286–2291. [Consulta: 14 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000254?crawler=true>

DE MEYER, S.E. "Tardiphaga robiniae, a new genus in the family Bradyrhizobiaceae isolated from Robinia pseudoacacia in Flanders (Belgium)". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2012, 35(4), pp. 205–214. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 07232020. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2012.02.002>.

DE MEYER, S.E. & WILLEMS, A. "Multilocus sequence analysis of Bosea species and description of Bosea lupini, Bosea lathyri and Bosea robiniae, isolated from legumes". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(10), pp. 2505–2510. [Consulta 1

febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.035477-0?crawler=true>

DE SOUZA, F.M. "Azorhizobium doebereineriae Microsymbiont of Sesbania virgata (Caz.) Pers". *Systematic and Applied Microbiology*, [en línea], 2006, 29(3), pp. 197–206. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 16180984. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S072320200500175X>

DEDYSH, S.N. "Methylocapsa palsarum sp. nov., a methanotroph isolated from a subarctic discontinuous permafrost ecosystem". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(10), pp. 3618–3624. [Consulta: 26 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000465?crawler=true>

DEDYSH, S.N. "Methylocella palustris gen. nov., a new methane-oxidizing acidophilic bacterium from peat bogs, representing a novel subtype of serine- pathway methanotrophs". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(3), pp. 955–969. [Consulta: 15 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-50-3-955?crawler=true>

DEDYSH, S.N. "Draft genome sequence of Methyloferula stellata AR4, an obligate methanotroph possessing only a soluble methane monooxygenase". *Genome Announcements*, [en línea], 2016, 3(2), pp. 4–6. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 21698287. Disponible en:
<https://mra.asm.org/content/3/2/e01555-14.short>

DIAS, R. "Ecotoxicology and Environmental Safety Oerskovia paurometabola can efficiently decolorize azo dye Acid Red 14 and remove its recalcitrant metabolite". *Ecotoxicology and Environmental Safety* [en línea], 2019, p. 117. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 0147-6513. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2019.110007>.

DÍAZ, L.A. "Secuenciación de regiones hipervariables V3 y V6 de microorganismos presentes en un biodigestor de nopal". *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, [en línea], 2017, 7(3), pp. 559.

[Consulta: 10 enero 2021] ISSN 2007-0934. Disponible en:
<http://www.scielo.org.mx/pdf/remexca/v7n3/2007-0934-remexca-7-03-559.pdf>

DOBRITSA, A.P. & SAMADPOUR, M. "Transfer of eleven species of the genus Burkholderia to the genus Paraburkholderia and proposal of Caballeronia to accommodate twelve species of the genera Burkholderia and Paraburkholderia". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(8), pp. 2836–2846. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001065?crawler=true>

DOROFEEVA, L. V. "Rathayibacter carisis sp. nov. and Rathayibacter festucae, isolated from the phyllosphere of Carex and the leaf gall induced by the nematode Anguina graminis on festuca rubra L, respectively". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2002, 52(6), pp. 1917–1923. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-52-6-1917?crawler=true>

DUANGMAL, K. "Allokutzneria oryzae, isolated from rhizospheric soil of Oryza sativa L". *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, [en línea], 2014, 64, pp. 3559–3564. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665034. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.065169-0?crawler=true>

DZIUBA, M. "Magnetospirillum caucaseum, magnetospirillum marisnigri and magnetospirillum moscoviense, freshwater magnetotactic bacteria isolated from three distinct geographical locations in European Russia". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(5), pp. 2069–2077. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/66/5/2069_ijsem000994.pdf?expires=1619546617&id=id&accname=guest&checksum=A400B35E6E845FDB4D26D3E687FAE815

ELDERINY, N. "Adhaeribacter terrae, a novel bacterium isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(8), pp. 2922–2927. [Consulta: 26 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002048?crawler=true>

ELSAYED, S. & ZHANG, K. "Bacteremia caused by *Janibacter melonis*". *Journal of Clinical Microbiology*, [en línea], 2005, 43(7), pp. 3537–3539. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 00951137. Disponible en: <https://jcm.asm.org/content/43/7/3537.short>

ESCOBAR, M. "Efecto de prácticas agroecológicas sobre características del suelo en un sistema de lechería especializada del trópico alto Colombiano". *Livestock Research for Rural Development* [en línea], 2020, 32(4). [Consulta: 10 enero 2021] Disponible en: https://www.researchgate.net/profile/Claudia_Medina7/publication/340998749_Efecto_de_practicas_agroecologicas_sobre_caracteristicas_del_suelo_en_un_sistema_de_lecheria_especializada_del_tropico_alto_colombiano/links/5ea91120a6fdcc705097830a/Efecto-de-prac.

ETESAMI, H. "Indole-3-Acetic Acid and 1-Aminocyclopropane-1-Carboxylate Deaminase: Bacterial Traits Required in Rhizosphere, Rhizoplane and/or Endophytic Competence by Beneficial Bacteria". [en línea], 2015, pp. 183–258. [Consulta: 26 enero 2021] ISBN 9783319246543. Disponible en: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-24654-3_8

EVTUSHENKO, L.I. "Leifsonia poae, isolated from nematode galls on *Poa annua*, and reclassification of "Corynebacterium aquaticum" Leifson 1962 as *Leifsonia aquatica* (ex Leifson 1962), and *Clavibacter xyli* Davis 1984". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(1), pp. 371–380. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-50-1-371?crawler=true>

FAN, K. "Wheat rhizosphere harbors a less complex and more stable microbial co-occurrence pattern than bulk soil". *Soil Biology and Biochemistry* [en línea], 2018, 125, pp. 251–260. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 00380717. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.07.022>.

FAULDS, C.B. & WILLIAMSON, G. "The purification and characterization of 4-hydroxy-3-methoxycinnamic (ferulic) acid esterase from *Streptomyces olivochromogenes*". *Journal of General Microbiology*, [en línea], 1991, 137(10), pp. 2339–2345. [Consulta: 26 enero 2021] ISSN 00221287. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/micro/10.1099/00221287-137-10-2339?crawler=true>

FERNANDEZ, E. "Bacterias De La Rizosfera De Garbanzo Con Capacidad Antagónica a Hongos Fitopatógenos Y De Promoción Del Crecimiento De La Planta". *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, [en línea], 2018, 21(8), pp. 557–568. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 1098-6596. Disponible en: <https://www.revista.ccba.uady.mx/ojs/index.php/TSA/article/view/2548>

FINNERAN, K.T. "Rhodoferax ferrireducens, a psychrotolerant, facultatively anaerobic bacterium that oxidizes acetate with the reduction of Fe(III)". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(3), pp. 669–673. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02298-0?crawler=true>

FLORES, FÉLIX, J.D. "Phyllobacterium endophyticum, isolated from nodules of Phaseolus vulgaris". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(3), pp. 821–826. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.038497-0?crawler=true>

FLOYD, M.M. "Mycobacterium kubicae, a slowly growing, scotochromogenic Mycobacterium". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(5), pp. 1811–1816. [Consulta: 26 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-50-5-1811?crawler=true>

FUJII, K. "Streptomyces abietis, a cellulolytic bacterium isolated from soil of a pine forest". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(12), pp. 4754–4759. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.053025-0?crawler=true>

FUKUDA, W. "Rhodoligotrophos appendicifer, an appendaged bacterium isolated from a freshwater Antarctic lake". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(8), pp. 1945–1950. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.032953-0?crawler=true>

FURUUCHI, K. "Interrelational changes in the epidemiology and clinical features of nontuberculous mycobacterial pulmonary disease and tuberculosis in a referral hospital in Japan". *Respiratory*

Medicine [en línea], 2019, 152, pp. 74–80. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 15323064. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.rmed.2019.05.001>.

GAASTRA, W. "Escherichia fergusonii". *Veterinary Microbiology* [en línea], 2014, 172(2), pp. 7–12. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 18732542. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.04.016>.

GALLEGO, V. "Roseomonas aquatica, isolated from drinking water". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(10), pp. 2291–2295. [Consulta: 26 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64379-0?crawler=true>

GARAVITO, M. Diversidad bacteriana asociada a rizósfera de papaya (*Carica Papaya* L.) en tres etapas fenológicas. [en línea], Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, 2007 [Consulta: 8 noviembre 2020] Disponible en: https://cibnor.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1001/470/1/garavito_m.pdf

GARCÍA, FRAILE, P. "Terracidiphilus gabretensis, an abundant and active forest soil acidobacterium important in organic matter transformation". *Applied and Environmental Microbiology*, [en línea], 2016, 82(2), pp. 560–570. [Consulta: 27 enero 2021] Disponible en: <https://aem.asm.org/content/82/2/560.short>

GARCÍA, I.E. "Microorganismos del suelo y sustentabilidad de los agroecosistemas". *Revista Argentina de Microbiología* [en línea], 2011, 43(1), pp. 1–3. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 03257541. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/2130/213019226001.pdf>.

GARCIA, L.C. "Micromonospora pisi, isolated from root nodules of pisum sativum". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(2), pp. 331–337. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/60/2/331.pdf?expires=1619548246&id=id&acname=guest&checksum=8264A3BF0D0E0B7BBF8735A3845CE372>

GARCIA, R. "Aetherobacter fasciculatus and Aetherobacter rufus, novel myxobacteria with promising biotechnological applications". *International Journal of Systematic and Evolutionary*

Microbiology, [en línea], 2016, 66(2), pp. 928–938. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026.
Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000813?crawler=true>

GARDAN, L. "DNA relatedness among the pathovars of *Pseudomonas syringae* and description of *Pseudomonas tremiae* and *Pseudomonas cannabina* (ex Sutic and Dowson 1959)". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1999, 49, pp. 469–478. [Consulta: 10 enero 2021]
Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-49-2-469?crawler=true>

GEBERS, R. "Enrichment, isolation, and emended description of *Pedomicrobium ferrugineum* Aristovskaya and *Pedomicrobium manganicum* Aristovskaya". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1981, 31(3), pp. 302–316. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 00207713.
Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-31-3-302?crawler=true>

GIUSEPPE, C. "*Mycobacterium tusciae*". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1999, 49, pp. 1839–1844. [Consulta: 10 enero 2021] Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/49/4/ijjs-49-4-1839.pdf?expires=1619548406&id=id&accname=guest&checksum=98A7C822338A0E4FD2B28FCFA037DB9F>

GÓMEZ, B. "Aislamiento y caracterización de bacterias de la rizósfera de guayaba con capacidad promotora de crecimiento de las plantas". [en línea], 2014, pp. 42–50. [Consulta 1 febrero 2021]
Disponible en: http://www.ecorfan.org/handbooks/Ciencia%20Agropecuarias%20T-II/Articulo_5.pdf

GONZÁLEZ, A.J. "*Pseudomonas asturiensis*, isolated from soybean and weeds". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2013, 36(5), pp. 320–324. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 07232020. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2013.04.004>.

GORDON, N.S. "*Pedobacter nyackensis*, *Pedobacter alluvionis* and *Pedobacter borealis*, isolated from Montana flood-plain sediment and forest soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(7), pp. 1720–1726. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN

14665026. DOI 10.1099/ijms.0.000158-0. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000158-0?crawler=true>

GREEN, P. & BOUSFIELD, I. "Emendation of *Methylobacterium* Patt, Cole, and Hanson 1976; *Methylobacterium rhodinum* (Heumann 1962); *Methylobacterium radiotolerans* (It0 and Iizuka 1971) and *Methylobacterium mesophilicum* (Austin and Goodfellow 19)". *International Journal of Systematic Bacteriology* [en línea], 1983, 33(4), pp. 875–877. [Consulta: 16 febrero 2021] Disponible en:

http://scholar.google.com.au/scholar?q=green,+methylobacterium&btnG=&hl=en&as_sdt=0,22#2.

GROTH, I. "Five novel *Kitasatospora* species from soil: *Kitasatospora arboriphila*, *K. gansuensis*, *K. nipponensis*, *K. paranensis*, and *K. terrestris*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(6), pp. 2121–2129. [Consulta: 8 noviembre 2020]

ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.63070-0?crawler=true>

GU, Z. "Description of *conyzicola nivalis*, isolated from glacial snow, and emended description of the genus *conyzicola* and *Conyzicola lurida*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(8), pp. 2818–2822. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026.

Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002027?crawler=true>

GUÉDEZ, C. "Control Biológico: Una herramienta para el desarrollo sustentable y sostenible". *Academia* [en línea], 2008, 7(13), pp. 50–74. [Consulta: 8 noviembre 2020] Disponible en:
<http://www.revencyt.ula.ve/storage/repo/ArchivoDocumento/academia/v7n13/articulo5.pdf>.

GUO, B. "*Aureimonas glaciei*, isolated from an ice core". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(2), pp. 485–488. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 14665026.

Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001661?crawler=true>

GUPTA, G. & PRAKASH, V. "Isolation and Identification of a Novel , Cold Active Lipase Producing Psychrophilic Bacterium *Pseudomonas vancouverensis*". *Trends in Bioscience*, [en línea], 2014, 7(22), pp. 3708–3711. [Consulta 1 febrero 2021] Disponible en:

https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/36446369/2014_G.N.Gupta_Trends_in_Biosciences.pdf?1422601010=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DIsoleation_and_Identification_of_a_Novel.pdf&Expires=1619551960&Signature=SxfkGxPpw-uUBKOxG83IN0MBtT4wfyjVjHofsqjHtgaGznqgFVq6ILQTVfYxNKZMPyGfM6ArbdcjQWG4D3tmSJlhaWTcsiDEeoowmHUfNLypNtOSUlwQOrhpN8tFWKvPeEn8TfkyuXCOODDIEKoXozN~R2w~0BMJ9oMNegFIRzflh8S9BXLaVOU6XczZPTv7yPX0vxVFXBXXBUpkImALpHzKxacTi1qGc2taxBxFFy0JPgTtPgioUUntBjNgbwoubHNrUXpD6hX1SbgGrckEVzxWbiSaw59nbxeeOhg-UC3VzsEc180HYBBYRh4HbkKhibABX0wtgW0hDGhCXv0npQ__&Key-Pair-Id=APKAJLOHF5GGSLRBV4ZA

HAN, J.-H. "A report of 42 unrecorded bacterial species isolated from fish intestines and clams in freshwater environments". *Korean Journal of Environmental Biology Original*, [en línea], 2020, 38(3), pp. 433–449. [Consulta: 8 noviembre 2020] Disponible en: <https://www.koreascience.or.kr/article/JAKO202032362242217.pdf>

HAN, J.H. "Nocardioides endophyticus and Nocardioides conyzicola, isolated from herbaceous plant roots". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(12), pp. 4730–4734. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.054619-0?crawler=true>

HAN, M.X. "Nocardioides cavernae, an actinobacterium isolated from a karst cave". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(3), pp. 633–639. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001676?crawler=true>

HAN, S.I. "Mucilagibacter polysacchareus, an exopolysaccharide-producing bacterial species isolated from the rhizoplane of the herb *Angelica sinensis*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(3), pp. 632–637. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/62/3/632_ijms029793.pdf?expires=1619549569&id=id&accname=guest&checksum=92B6DE3D0496AE26C74B0FD229CAE750

HAN, S.I. "Sphingomonas oligoaromativorans, an oligotrophic bacterium isolated from a forest soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(5), pp.

1679–1684. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.052894-0?crawler=true>

HAN, S.K. "Salinibacterium amurskyense, a novel genus of the family Microbacteriaceae from the marine environment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(6), pp. 2061–2066. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.052894-0?crawler=true>

HERNÁNDEZ, A. "Estudio de algunos géneros microbianos asociados a diferentes variedades de trigo (*triticum aestivum* L.) en suelo ferralítico rojo". *Cultivos Tropicales*, [en línea], 2002, 23(2), pp. 15–20. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 1819-4087. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/1932/193218114003.pdf>

HERNÁNDEZ, D. Respuesta de plantas nativas a la inoculación en vivero de rizobacterias aisladas en el páramo de rabanal. [en línea], Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, 2019 [Consulta: 8 noviembre 2020]. Disponible en: https://repositorio.uptc.edu.co/bitstream/001/2965/1/TGT_1580.pdf

HEZBRI, K. "Blastococcus capsensis, isolated from an archaeological roman pool and emended description of the genus Blastococcus, *B. aggregatus*, *B. saxobsidens*, *B. jejuensis* and *B. endophyticus*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(11), pp. 4864–4872. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001443?crawler=true>

HEZBRI, K. "Blastococcus colisei, isolated from an archaeological amphitheatre". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2017, 110(3), pp. 339–346. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10482-016-0804-4>

HOANG, V.A. "Microbacterium rhizomatis, a β -glucosidase-producing bacterium isolated from rhizome of Korean mountain ginseng". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(9), pp. 3196–3202. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. DOI 10.1099/ijsem.0.000399. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000399?crawler=true>

HOANG, V.A. "Chryseobacterium yeoncheonense, with ginsenoside converting activity isolated from soil of a ginseng field". *Archives of Microbiology*, [en línea], 2013, 195(7), pp. 463–471. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 03028933. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00203-013-0898-2>

HORBAL, L. "A gene cluster for the biosynthesis of moenomycin family antibiotics in the genome of teicoplanin producer *Actinoplanes teichomyceticus*". *Applied Microbiology and Biotechnology* [en línea], 2016, 100(17), pp. 7629–7638. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 14320614. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00253-016-7685-3>.

HOSHINO, T. "Paenibacillus macquariensis defensor, isolated from boreal soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(8), pp. 2074–2079. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.006304-0?crawler=true>

HOSTED, T.J. "Characterization of the biosynthetic gene cluster for the oligosaccharide antibiotic, evernimicin, in *Micromonospora carbonacea africana* ATCC39149". *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2001, 27(6), pp. 386–392. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 13675435. Disponible en: <https://academic.oup.com/jimb/article/27/6/386/5990346?login=true>

HSU, P.C.L. "Use of a gnotobiotic plant assay for assessing root colonization and mineral phosphate solubilization by *Paraburkholderia bryophila* Ha185 in association with perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.)". *Plant and Soil*, [en línea], 2018, 425(2), pp. 43–55. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 15735036. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11104-018-3633-6>

HUANG, S. "Fluoroacetate biosynthesis from the marine derived bacterium *Streptomyces xinghaiensis* NRRL B-24674". *Organic & Biomolecular Chemistry*, [en línea], 2014, 12, pp. 4828–4831. [Consulta: 16 febrero 2021] Disponible en: <https://pubs.rsc.org/iv/content/articlelanding/2014/ob/c4ob00970c/unauth#!divAbstract>

HUBER, K.J. "Aridibacter famidurans and *Aridibacter kavangonensis*, two novel members of subdivision 4 of the Acidobacteria isolated from semiarid savannah soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(6), pp. 1866–1875. [Consulta 1

febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/64/6/1866_ajs060236.pdf?expires=1619550200&id=id&accname=guest&checksum=BB1389A762FDE39A3CC43B414341343A

HUNTER, W.J. "Identification and characterization of an *Aeromonas salmonicida* (syn *Haemophilus piscium*) strain that reduces selenite to elemental red selenium". *Current Microbiology*, [en línea], 2006, 52(4), pp. 305–309. [Consulta: 3 diciembre 2020] ISSN 03438651. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00284-005-0303-8>

HUNTER, W.J. & MANTER, D.K. "Pseudomonas kuykendallii: A novel γ -proteobacteria isolated from a hexazinone degrading bioreactor". *Current Microbiology*, [en línea], 2012, 65(2), pp. 170–175. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 03438651. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00284-012-0141-4>

HUO, Y. "Paraburkholderia panacihumi, an isolate from ginseng-cultivated soil, is antagonistic against root rot fungal pathogen". *Archives of Microbiology* [en línea], 2018, 200(8), pp. 1151–1158. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 1432072X. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00203-018-1530-2>.

HWANG, Y.J. & GHIM, S.Y. "Paenibacillus aceris, isolated from the rhizosphere of acer okamotoanum, a plant native to Ulleungdo Island, republic of Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(4), pp. 1039–1045. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001748?crawler=true>

IDRIS, R. "Characterization of Ni-tolerant methylobacteria associated with the hyperaccumulating plant *Thlaspi goesingense* and description of *Methylobacterium goesingense*". *Systematic and Applied Microbiology*, [en línea], 2006, 29(8), pp. 634–644. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 16180984. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S072320200600021X>

INAHASHI, Y. "Phytohabitans suffuscus, an actinomycete of the family Micromonosporaceae isolated from plant roots". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en

línea], 2010, 60(11), pp. 2652–2658. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.016477-0?crawler=true>

INAHASHI, Y. "Phytohabitans flavus, Phytohabitans rumicis and Phytohabitans houttuyniae, isolated from plant roots, and emended description of the genus Phytohabitans". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(11), pp. 2717–2723. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.037747-0?crawler=true>

IRGENS, R.L. "Aquabacter spiritensis, an aerobic, gas-vacuolate aquatic bacterium Roar". *Archives of Microbiology*, [en línea], 1991, 155, pp. 137–142. [Consulta: 8 noviembre 2020] Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00248607>

ISLAM, M.S. "Labrys okinawensis and Labrys miyagiensis, budding bacteria isolated from rhizosphere habitats in Japan, and emended descriptions of the genus Labrys and Labrys monachus". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(3), pp. 552–557. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64239-0?crawler=true>

JANG, Y.H. "Diaminobutyricimonas aerilata, a novel member of the family Microbacteriaceae isolated from an air sample in Korea". *Journal of Microbiology*, [en línea], 2012, 50(6), pp. 1047–1052. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 12258873. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12275-012-2118-1>

JANG, Y.H. "Lysinimonas soli, isolated from soil, and reclassification of Leifsonia kribbensis Dastager 2009 as Lysinimonas kribbensis". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(4), pp. 1403–1410. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.042945-0?crawler=true>

JANSEN, R. "Pyrronazols, metabolites from the myxobacteria Nannocystis pusilla and N. exedens, are unusual chlorinated pyrone-oxazole-pyrroles". *Journal of Natural Products*, [en línea], 2014, 77(2), pp. 320–326. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 01633864. Disponible en: <https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/np400877r>

JIA, L. "Sphingomonas arantia, isolated from Hoh Xil basin, China". *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2015, 108(6), pp. 1341–1347. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-015-0586-0>

JIANG, F. "Mucilaginibacter soli, isolated from Arctic tundra soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(7), pp. 1630–1635. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.033902-0?crawler=true>

JIANG, F. "Cohnella arctica, isolated from Arctic tundra soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(4), pp. 817–821. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.030247-0?crawler=true>

JIANG, F. "Luteolibacter luojiensis, isolated from Arctic tundra soil, and emended description of the genus Luteolibacter". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(9), pp. 2259–2263. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.037309-0?crawler=true>

JIANG, F. "Terrimonas arctica, isolated from arctic tundra soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64, pp. 3798–3803. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.067033-0?crawler=true>

JIN, L. "Aquihabitans daechungensis, an actinobacterium isolated from reservoir water". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(8), pp. 2970–2974. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.046060-0?crawler=true>

JIN, L. "Kaistia geumhonensis and Kaistia dalseonensis, two members of the class Alphaproteobacteria". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(11), pp. 2577–2581. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.028894-0?crawler=true>

JIN, L. "Rhizobacter profundus, isolated from freshwater sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(5), pp. 1926–1931. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000962?crawler=true>

JIN, L. "Asprobacter aquaticus, a prosthecate alphaproteobacterium isolated from fresh water". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(11), pp. 4443–4448. [Consulta: 8 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002311?crawler=true>

JIN, L. "Ferruginibacter profundus, a novel member of the family Chitinophagaceae, isolated from freshwater sediment of a reservoir". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2014, 106(2), pp. 319–323. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-014-0202-8>

JOHANSEN, J.E. "Luteibacter rhizovicius, a yellow-pigmented gammaproteobacterium isolated from the rhizosphere of barley (*Hordeum vulgare* L.)". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(6), pp. 2285–2291. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.63497-0?crawler=true>

JONES, A.L. "Williamsia faeni, an actinomycete isolated from a hay meadow". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(11), pp. 2548–2551. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.015826-0?crawler=true>

JOUNG, Y. "Flavobacterium paronense, isolated from freshwater of an artificial vegetated island". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(1), pp. 365–370. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000727?crawler=true>

JOUNG, Y. "Mucilagibacter soyangensis, isolated from a lake". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(2), pp. 413–416. [Consulta: 27 enero

2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.055129-0?crawler=true>

JUNG, H.M. "Inquilinus ginsengisoli, isolated from soil of a ginseng field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(1), pp. 201–204. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.018689-0?crawler=true>

JURADO, V. "Agromyces salentinus and Agromyces neolithicus". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(1), pp. 153–157. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.63199-0?crawler=true>

KADEN, R. "Rhodoferax saidenbachensis, a psychrotolerant, very slowly growing bacterium within the family Comamonadaceae, proposal of appropriate taxonomic position of Albidiferax ferrireducens strain T118T in the genus Rhodoferax and emended description of". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(4), pp. 1186–1193. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.054031-0?crawler=true>

KAGEYAMA, A. "Microbacterium awajiense, Microbacterium fluvii and Microbacterium pygmaeum". *Actinomycetologica*, [en línea], 2008, 22(1), pp. 1–5. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 0914-5818. Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/saj/22/1/22_SAJ220101/_pdf/-char/ja

KAGEYAMA, A. "Microbacterium flavum and Microbacterium lacus, isolated from marine environments". *Actinomycetologica*, [en línea], 2007, pp. 1–6. [Consulta: 28 noviembre 2021] Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/saj/advpub/0/advpub_SAJ210201/_pdf/-char/ja

KAGEYAMA, A. "Microbacterium deminutum, microbacterium pumilum and microbacterium aoyamense". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(9), pp. 2113–2117. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64236-0?crawler=true>

KÄMPFER, P. "Sporosarcina contaminans and Sporosarcina thermotolerans, two endospore-forming species". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(6), pp. 1353–1357. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.014423-0?crawler=true>

KÄMPFER, P. "Undibacterium pigrum, isolated from drinking water". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(7), pp. 1510–1515. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64785-0?crawler=true>

KANG, J.E. "Efficacies of quorum sensing inhibitors, piericidin A and glucopiericidin A, produced by *Streptomyces xanthocidicus* KPP01532 for the control of potato soft rot caused by *Erwinia carotovora atroseptica*". *Microbiological Research* [en línea], 2016, 184, pp. 32–41. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 09445013. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.micres.2015.12.005>.

KANG, S.J. "Brevundimonas naejangsanensis, a proteolytic bacterium isolated from soil, and reclassification of *Mycoplana bullata* into the genus *Brevundimonas* as *Brevundimonas bullata* comb". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(12), pp. 3155–3160. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.011700-0?crawler=true>

KARASEV, E.S. "Evolution of Goat's Rue Rhizobia (*Neorhizobium galegae*): Analysis of Polymorphism of the Nitrogen Fixation and Nodule Formation Genes". *Russian Journal of Genetics*, [en línea], 2019, 55(2), pp. 263–266. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 16083369. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1134/S1022795419020078>

KASE, H. "K-13, a novel inhibitor of angiotensin i converting enzyme produced by micromonospora halophytica exilis: I. Fermentation, isolation and biological properties". *The Journal of Antibiotics*, [en línea], 1987, 40(4), pp. 450–454. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 18811469. Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/antibiotics1968/40/4/40_4_450/_pdf/-char/ja

KAUR, Jasvinder. "Sphingomonas laterariae, isolated from a hexachlorocyclohexane-contaminated dump site". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012,

62(12), pp. 2891–2896. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.034686-0?crawler=true>

KELLY, D.P. "Proposal for the reclassification of *Thiobacillus novellus* as *Starkeya novella*, in the α -subclass of the Proteobacteria". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(5), pp. 1797–1802. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-50-5-1797?crawler=true>

KHANDAN D. "Isolation, Identification and Assessment of the Antimicrobial Activity of *Streptomyces flavogriseus*, Strain ACTK2, From a Soil Sample From Kodagu, Karnataka State in India". *Jundishapur Journal of Microbiology*, [en línea], 2015, 8(2), pp. 1–9. [Consulta: 28 noviembre 2021] ISSN 2008-3645. Disponible en: <https://search.proquest.com/openview/c1dbd34edf8fbe9372c37b9f54fe827b/1?pq-origsite=gscholar&cbl=55020>

KIM, H.S. "First report of walnut blight canker on walnut tree (*Juglans regia*) by *Pseudomonas flavescens* in South Korea". *Journal of Plant Pathology*, [en línea], 2020, 102(3), p. 943. [Consulta: 27 enero 2021] ISSN 22397264. Disponible en: <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/s42161-020-00520-7.pdf>

KIM, H.S. "*Methylotherigena soli*, a methanol-utilizing bacterium isolated from chloroethylene-contaminated soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(1), pp. 101–106. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000680?crawler=true>

KIM, J.H. "*Flavobacterium chungangense*, isolated from a freshwater lake". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(7), pp. 1754–1758. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.007955-0?crawler=true>

KIM, Joong. "*Chryseolinea serpens*, a member of the phylum Bacteroidetes isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(2), pp. 654–

660. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.039404-0?crawler=true>

KIM, Jin. "Novosphingobium ginsenosidimutans, with the ability to convert ginsenoside". *Journal of Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2013, 23(4), pp. 444–450. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 10177825. Disponible en:
<https://www.koreascience.or.kr/article/JAKO201331056191365.page>

KIM, K.K. "Nakamurella panacisegetis and proposal for reclassification of *Humicoccus flavidus* Yoon, 2007 and *Saxeibacter lacteus* Lee, 2008 as *Nakamurella flavida* and *Nakamurella lactea*". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2012a, 35(5), pp. 291–296. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 07232020. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2012.05.002>.

KIM, K.K. "Patulibacter ginsengiterrae, isolated from soil of a ginseng field, and an emended description of the genus *Patulibacter*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012b, 62(3), pp. 563–568. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.032052-0?crawler=true>

KIM, M.C. "Terrimonas crocea, isolated from the till of a high Arctic glacier". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(4), pp. 868–874. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001689?crawler=true>

KIM, Myong. "Luteolibacter arcticus, isolated from high arctic tundra soil, and emended description of the genus *luteolibacter*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(6), pp. 1922–1928. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000202?crawler=true>

KIM, M.K. "Solirubrobacter soli, isolated from soil of a ginseng field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(7), pp. 1453–1455. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64715-0?crawler=true>

KIM, S.B. "Streptacidiphilus, acidophilic actinomycetes with wall chemotype I and emendation of the family Streptomycetaceae (Waksman and Henrici (1943)AL) Rainey 1997". *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2003, 83(2), pp. 107–116. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 00036072. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1023/A:1023397724023>

KIM, Soo. "Jatrophihabitans soli, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(6), pp. 1759–1763. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000173?crawler=true>

KIM, Soo. "Reyranella soli, isolated from forest soil, and emended description of the genus Reyranella Pagnier 2011". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(9), pp. 3164–3167. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.045922-0?crawler=true>

KIM, S.J. "Diaminobutyricibacter tongyongensis and Homoserinibacter gongjuensis Belong to the Family Microbacteriaceae". *Journal of Microbiology*, [en línea], 2014, 52(6), pp. 527–533. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 19763794. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs12275-014-3278-y>

KIM, S.J. "Sphingomonas aerophila and Sphingomonas naasensis, isolated from air and soil, respectively". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(3), pp. 926–932. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.055269-0?crawler=true>

KIM, Wan. "Dankookia rubra, an alphaproteobacterium isolated from sediment of a shallow stream". *Journal of Microbiology*, [en línea], 2016, 54(6), pp. 420–425. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 19763794. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12275-016-6054-3>

KIM, Yonghoon. "Sediminibacterium aquarii, isolated from sediment in a fishbowl". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(11), pp. 4501–4505. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001380?crawler=true>

KIM, Y.M. & HEGEMAN, G.D. "Purification and some properties of carbon monoxide dehydrogenase from *Pseudomonas carboxydohydrogena*". *Journal of Bacteriology*, [en línea], 1981, 148(3), pp. 904–911. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 00219193. Disponible en: <https://jb.asm.org/content/148/3/904.short>

KLEESPIES, M. "Mycobacterium hodleri, a new member of the fast-growing mycobacteria capable of degrading polycyclic aromatic hydrocarbons". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1996, 46(3), pp. 683–687. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 00207713. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-46-3-683?crawler=true>

KOCH, I.H. "Edaphobacter modestus and Edaphobacter aggregans, acidobacteria isolated from alpine and forest soils". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(5), pp. 1114–1122. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.65303-0?crawler=true>

KODAMA, Y. & WATANABE, K. "Sulfuricurvum kujiense, a facultatively anaerobic, chemolithoautotrophic, sulfur-oxidizing bacterium isolated from an underground crude-oil storage cavity". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(6), pp. 2297–2300. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.63243-0?crawler=true>

KONG, B.H. "Massilia namucunensis, isolated from a soil sample". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(1), pp. 352–357. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.039255-0?crawler=true>

KOZIŃSKA, A. "Acinetobacter johnsonii and Acinetobacter lwoffii - The emerging fish pathogens". *Bulletin of the Veterinary Institute in Pulawy*, [en línea], 2014, 58(2), pp. 193–199. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 00424870. Disponible en: https://www.researchgate.net/profile/Agnieszka-Pekala-2/publication/270175510_Acinetobacter_johnsonii_and_Acinetobacter_lwoffii_-_The_emerging_fish_pathogens/links/56716b8308ae0d8b0cc2fb98/Acinetobacter-johnsonii-and-Acinetobacter-lwoffii-The-emerging-fish-pathogens.pdf

KRISHNAMURTHI, S. "Psychrobacillus and proposal for reclassification of *Bacillus insolitus* Larkin & Stokes, 1967, *B. psychrotolerans* Abd-El Rahman, 2002 and *B. psychrodurans* Abd-El Rahman, 2002 as *Psychrobacillus insolitus*, *Psychrobacillus*". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2010, 33(7), pp. 367–373. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 07232020. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2010.06.003>.

KUDO, T. "Description of four new species of the genus *Kineosporia*: *Kineosporia succinea*, *Kineosporia rhizophila*, *Kineosporia mikuniensis* and *Kineosporia rhamnosa*, isolated from plant samples, and amended description of the genus". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1998, 48(4), pp. 1245–1255. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 00207713. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-48-4-1245?crawler=true>

KUDO, T. "*Catenuloplanes crispus* (Petrolini et al. 1993): Incorporation of the genus *Planopolyspora petrolini* 1993 into the genus *Catenuloplanes* Yokota 1993 with an amended description of the genus *Catenuloplanes*". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1999, 49(4), pp. 1853–1860. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 00207713. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-49-4-1853?crawler=true>

KULICHEVSKAYA, I.S. "Descriptions of *Roseiarcus fermentans*, a bacteriochlorophyll a-containing fermentative bacterium related phylogenetically to alphaproteobacterial methanotrophs, and of the family *Roseiarcaceae*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(8), pp. 2558–2565. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.064576-0?crawler=true>

KULICHEVSKAYA, I.S. "*Schlesneria paludicola*, the first acidophilic member of the order Planctomycetales, from Sphagnum dominated boreal wetlands". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(1), pp. 2680–2687. [Consulta: 1 febrero 2021] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65157-0?crawler=true>

KUMAR, M. "Devosia chinhatensis, isolated from a hexachlorocyclohexane (HCH) dump site in India". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(4), pp. 861–865. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65574-0?crawler=true>

KUMAR, R. "Genome assembly of *Chryseobacterium polytrichastri* ERM1:04, a psychrotolerant bacterium with cold active proteases, isolated from east rathong glacier in India". *Genome Announcements*, [en línea], 2015, 3(6), pp. 2014–2015. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 21698287. Disponible en: <https://mra.asm.org/content/3/6/e01305-15.short>

KUNZE, B. "Aurafuron a and B, new bioactive polyketides from *Stigmatella aurantiaca* and *Archangium gephyra* (myxobacteria): Fermentation, isolation, physico-chemical properties, structure and biological activity". *Journal of Antibiotics*, [en línea], 2005, 58(4), pp. 244–251. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 00218820. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/ja200528>

LA SCOLA, B. "A novel alpha-Proteobacterium, *Nordella oligomobilis*, isolated by using amoebal co-cultures". *Research in Microbiology*, [en línea], 2004, 155(1), pp. 47–51. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 09232508. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0923250803002249>

LA SCOLA, B. "Massilia timonae, isolated from blood of an immunocompromised patient with cerebellar lesions". *Journal of Clinical Microbiology*, [en línea], 1998, 36(10), pp. 2847–2852. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 00951137. Disponible en: <https://jcm.asm.org/content/36/10/2847.short>

LA SCOLA, B. "Description of *Afipia birgiae* and *Afipia massiliensis* and recognition of *Afipia felis* genospecies A". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2002, 52(5), pp. 1773–1782. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-52-5-1773?crawler=true>

LA SCOLA, B. "Bosea enee, *Bosea massiliensis* and *Bosea vestrisii*, isolated from hospital water supplies, and emendation of the genus *Bosea* (Das 1996)". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(1), pp. 15–20. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN

14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02127-0?crawler=true>

LABEDA, D.P. "Phylogenetic study of the species within the family Streptomycetaceae". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2012, 101(1), pp. 73–104. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 00036072. Disponible en:
<https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-011-9656-0>

LAGIER, J. "Non contiguous finished genome sequence and description of *Cellulomonas massiliensis*". *Standards in Genomic Sciences*, [en línea], 2012, 7(1), pp. 258–270. [Consulta: 1 febrero 2021] Disponible en:
<https://environmentalmicrobiome.biomedcentral.com/articles/10.4056/sigs.3316719>

LALUCAT, J. "Biology of *Pseudomonas stutzeri*". *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, [en línea], 2006, 70(2), pp. 510–547. [Consulta: 1 febrero 2021] Disponible en:
<https://mmbbr.asm.org/content/70/2/510.short>

LAZCANO, A. "Temas selectos de microbiología médica e infectología". [en línea], 2015 [Consulta: 4 enero 2021] ISBN 9786075023830. Disponible en:
<http://libros.uv.mx/index.php/UV/catalog/view/QC010/155/451-1>

LEE, Dae. "Pseudoxanthomonas sacheonensis, isolated from BTEX-contaminated soil in Korea, transfer of *Stenotrophomonas dokdonensis* yoon 2006 to the genus *Pseudoxanthomonas* as *Pseudoxanthomonas dokdonensis* and emended description of the gen". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(9), pp. 2235–2240. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65678-0?crawler=true>

LEE, D.W. & LEE, S.D. "Actinomadura scrupuli, isolated from rock". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(11), pp. 2647–2651. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.017608-0>

LEE, D.W. & LEE, S.D. "Allocatelliglobosispora scoriae, isolated from volcanic ash". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(2), pp. 264–270. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.020313-0?crawler=true>

LEE, Fwu. "Paenibacillus taichungensis, from soil in Taiwan". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(11), pp. 2640–2645. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65776-0?crawler=true>

LEE, Hyosun. "Reyranella terrae isolated from an agricultural soil, and emended description of the genus Reyranella". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(6), pp. 2031–2035. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001913?crawler=true>

LEE, Hyung. "Blastomonas fulva, aerobic photosynthetic bacteria isolated from a Microcystis culture". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(8), pp. 3071–3076. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002084?crawler=true>

LEE, H.J. "Catenulispora fulva, isolated from forest soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(1), pp. 271–275. [Consulta: 4 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000711?crawler=true>

LEE, H.J. & WHANG, K.S. "Micromonospora fulva, isolated from forest soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(6), pp. 1746–1751. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001858?crawler=true>

LEE, H.W. "Kaistia granuli, isolated from anaerobic granules in an upflow anaerobic sludge blanket reactor". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(10), pp. 2280–2283. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65023-0?crawler=true>

LEE, H.Y. "Marmoricola ginsengisoli and marmoricola pocheonensis isolated from a ginseng cultivating field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(5), pp. 1996–2001. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000977>

LEE, J.S. "Sphingomonas aquatilis, Sphingomonas koreensis and Sphingomonas taejonensis, yellow-pigmented bacteria isolated from natural mineral water". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2001, 51(4), pp. 1491–1498. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-51-4-1491?crawler=true>

LEE, K.C. "Jatrophihabitans telluris, isolated from sediment soil of lava forest wetlands and the emended description of the genus jatrophihabitans". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(4), pp. 1107–1111. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002639?crawler=true>

LEE, S.D. "Actinocorallia cavernae, isolated from a natural cave in Jeju, Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006a, 56(5), pp. 1085–1088. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.63895-0?crawler=true>

LEE, S.D. "Blastococcus jejuensis, an actinomycete from beach sediment, and emended description of the genus Blastococcus Ahrens and Moll 1970". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006b, 56(10), pp. 2391–2396. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.64268-0?crawler=true>

LEE, S.D. "Proposal to transfer Catellatospora ferruginea and "Catellatospora ishikariense" to Asanoa as Asanoa ferruginea and Asanoa ishikariensis, with emended description of the genus Catellatospora". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2002, 52(3), pp. 967–972. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:

<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-52-3-967?crawler=true>

LEE, S.D. "Hongia, a new genus of the order Actinomycetales". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(1), pp. 191–199. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/50/1/0500191a.pdf?expires=1619577514&id=id&accname=guest&checksum=FBC2A6FD7D600E57AA03D4FE0F738957>

LI, Chuang. "Streptomyces bryophytorum, an endophytic actinomycete isolated from moss (Bryophyta)". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2016, 109(9), pp. 1209–1215. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-016-0722-5>

LI, Chuang. "Actinoallomurus bryophytorum, an endophytic actinomycete isolated from moss (Bryophyta)". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2015, 108(2), pp. 453–459. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-015-0498-z>

LI, Dan. "Kibdelosporangium lantanae, isolated from the rhizosphere soil of an ornamental plant, Lantana camara L". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(8), pp. 2581–2585. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000302?crawler=true>

LI, J. "Kineosporia mesophila, isolated from surface-sterilized stems of Tripterygium wilfordii". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(12), pp. 3150–3154. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.012021-0?crawler=true>

LI, M. "Indole-3-acetic acid biosynthesis pathways in the plant-beneficial bacterium arthrobacter pascens zz21". *International Journal of Molecular Sciences*, [en línea], 2018, 19(2). [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14220067. Disponible en: <https://www.mdpi.com/1422-0067/19/2/443>

LI, Yong. "Corticibacterium populi, a member of the family Phyllobacteriaceae, isolated from bark of *Populus euramericana*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(7), pp. 2617–2622. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001097?crawler=true>

LI, Y. "Sphingomonas yabuuchiae and Brevundimonas nasdae, isolated from Russian space laboratory Mir". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(3), pp. 819–825. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.02829-0?crawler=true>

LI, Yan. "Novosphingobium endophyticum isolated from roots of *Glycyrrhiza uralensis*". *Archives of Microbiology*, [en línea], 2015, 197(7), pp. 911–918. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 1432072X. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00203-015-1124-1>

LIN, S.Y. "Sphingomonas colocasiae, isolated from taro (*colocasia esculanta*)". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(1), pp. 133–140. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002471?crawler=true>

LIN, S.Y. "Sphingomonas formosensis, a polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacterium isolated from agricultural soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(7), pp. 1581–1586. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.034728-0?crawler=true>

LINGENS, F. "Phenylobacterium immobile a Gram-Negative Bacterium That Degrades the Herbicide Chloridazon". *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, [en línea], 1985, 35(1), pp. 26–39. [Consulta: 16 febrero 2021] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-35-1-26?crawler=true>

LIU, D. "Sphingomonas faucium, isolated from canyon soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(8), pp. 2847–2852. [Consulta: 30 diciembre

2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001064?crawler=true>

LIU, Hongliang. "Lysinibacillus manganicus, isolated from manganese mining soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(10), pp. 3568–3573. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.050492-0?crawler=true>

LIU, M. "Kineococcus xinjiangensis, isolated from desert sand". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(5), pp. 1090–1093. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.004168-0?crawler=true>

LIU, Qing. "Nocardioides glacieisoli, isolated from a glacier". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(12), pp. 4845–4849. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000658?crawler=true>

LIU, Qing. "Nocardioides szechwanensis and Nocardioides psychrotolerans, isolated from a glacier". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(1), pp. 129–133. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.038091-0?crawler=true>

LIU, Q.M. "Emticicia ginsengisoli a species of the family "Flexibacteraceae" isolated from soil of a ginseng field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(5), pp. 1100–1105. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.65386-0?crawler=true>

LIU, Yong. "Low-temperature biodegradation of aniline by freely suspended and magnetic modified *Pseudomonas migulae* AN-1". *Applied Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2015, 99(12), pp. 5317–5326. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14320614. Disponible en:
<https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-015-6399-2>

LLIVISACA, S. "Chemical, antimicrobial, and molecular characterization of mortiño (*Vaccinium floribundum* Kunth) fruits and leaves". *Food Science and Nutrition*, [en línea], 2018, 6(4), pp. 934–942. [Consulta: 2 noviembre 2020] ISSN 20487177. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/fsn3.638>

LOCH, T.P. & FAISAL, M. "Flavobacterium spartansii, a pathogen of fishes, and emended descriptions of *Flavobacterium aquidurens* and *Flavobacterium araucanum*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(2), pp. 406–412. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.051433-0?crawler=true>

LODHI, A.F. "A Novel Culturing Chip Can Facilitate Culturing of Unculturable Bacteria From Aquatic Environment". *Research Square*, [en línea], 2020, pp. 1–23. [Consulta 1 febrero 2021] Disponible en: <https://assets.researchsquare.com/files/rs-91678/v1/6b82488e-dd9b-4fac-8780-043ef3d2efc0.pdf>

LOIDI, M. Evaluación del interés de métodos sencillos de medida de la actividad microbiana del suelo para la identificación y caracterización de terroirs vitícolas. [en línea], Universidad Pública de Navarra. 2020 [Consulta: 30 diciembre 2020] Disponible en: https://academica-e.unavarra.es/bitstream/handle/2454/38771/TFM_M.Loidi.pdf?sequence=1&isAllowed=y

LOREDO, O.C. "Bacterias promotoras del crecimiento vegetal asociadas con gramíneas: una revisión. Plant Growth-Promoting Bacteria in Association with Graminaceous Species: A Review". *TERRA Latinoamericana* [en línea], 2004, 22(2), pp. 225–239. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 1870-9982. Disponible en: [researchgate.net/publication/258219164_Plant_Growth-Promoting_Bacteria_in_Association_with_Graminaceous_Species_A_Review](https://www.researchgate.net/publication/258219164_Plant_Growth-Promoting_Bacteria_in_Association_with_Graminaceous_Species_A_Review).

MA, Y. "Serpentine endophytic bacterium *Pseudomonas azotoformans* ASS1 accelerates phytoremediation of soil metals under drought stress". *Chemosphere*, [en línea], 2017, 185, pp. 75–85. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 18791298. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S004565351731041X>

MADHAIYAN, M. "Jatrophihabitans endophyticus an endophytic actinobacterium isolated from a surface-sterilized stem of *Jatropha curcas* L". *International Journal of Systematic and Evolutionary*

Microbiology, [en línea], 2013, 63(4), pp. 1241–1248. [Consulta: 16 febrero 2021] ISSN 14665026.
Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.039685-0?crawler=true>

MADHAIYAN, M. "Mucilaginibacter gossypii and Mucilaginibacter gossypiicola, plant-growth-promoting bacteria isolated from cotton rhizosphere soils". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(10), pp. 2451–2457. [Consulta 1 diciembre 2020]
ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.018713-0?crawler=true>

MÄNNISTÖ, M.K. "Terriglobus saanensis, an acidobacterium isolated from tundra soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(8), pp. 1823–1828. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.026005-0?crawler=true>

MÄNNISTÖ, M.K. "Granulicella arctica, granulicella mallensis, granulicella tundricola and granulicella sapmiensis, novel acidobacteria from tundra soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(9), pp. 2097–2106. [Consulta: 2 noviembre 2020]
ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.031864-0?crawler=true>

MANNISTO, M.K. "Subtercola boreus and Subtercola frigoramans, two new psychrophilic actinobacteria isolated from boreal groundwater". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2000, 50(5), pp. 1731–1739. [Consulta: 29 diciembre 2020]
ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-50-5-1731?crawler=true>

MANTELIN, S. "Emended description of the genus Phyllobacterium and description of four novel species associated with plant roots: Phyllobacterium bourgognense, Phyllobacterium ifriqiense, Phyllobacterium leguminum and Phyllobacterium brassic". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(4), pp. 827–839. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026.
Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.63911-0?crawler=true>

MANTILLA, M.J. "Enfoque metagenómico para la caracterización del microbioma de aves corral". *Revista Colombiana de Biotecnología*, [en línea], 2019, 21(2), pp. 77–97. [Consulta 1 diciembre 2020] Disponible en: <https://revistas.unal.edu.co/index.php/biotecnologia/article/view/78390/pdf>

MARTI, E. & BALCÁZAR, J.L. "Aeromonas rivipollensis, a novel species isolated from aquatic samples". *Journal of Basic Microbiology*, [en línea], 2015, 55(12), pp. 1435–1439. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 15214028. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/jobm.201500264>

MATSUMOTO, A. "Microterricola viridarii, a new member of the family Microbacteriaceae". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(4), pp. 1019–1023. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65070-0?crawler=true>

MATSUO, H. "Acidicapsa acidisoli, from the acidic soil of a deciduous forest". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(4), pp. 862–867. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001688?crawler=true>

MAYORGA, M.F. Estudio del efecto de la deshidratación por aire sobre la capacidad antioxidante del mortiño (*Vaccinium floribundum* Kunt). [en línea], UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA EQUINOCCIAL. 2012 [Consulta: 30 diciembre 2020] Disponible en: http://repositorio.ute.edu.ec/xmlui/bitstream/handle/123456789/4988/51191_1.pdf?sequence=1&isAllowed=y

MCDONALD, I.R. "Hyphomicrobium chloromethanicum and Methylobacterium chloromethanicum, chloromethane-utilizing bacteria isolated from a polluted environment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2001, 51(1), pp. 119–122. [Consulta: 30 diciembre 2020] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-51-1-119?crawler=true>

MENG, S. "Enzymatic cascade biosynthesis reaction of musky macrolactones from fatty acids". *Enzyme and Microbial Technology* [en línea], 2019, pp. 109-417. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 18790909. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.enzmictec.2019.109417>.

MERGAERT, J. "Phyllobacterium myrsinacearum (subjective synonym Phyllobacterium rubiacearum) emend". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2002, 52(5), pp. 1821–1823. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-52-5-1821?crawler=true>

MERGAERT, J. "Taxonomic study of Cellvibrio strains and description of Cellvibrio ostraviensis Cellvibrio fibrivorans and Cellvibrio gandavensis". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(2), pp. 465–471. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02316-0?crawler=true>

MILLER, E.S. "Description of the erythromycin-producing bacterium Arthrobacter strain NRRL B-3381 as Aeromicrobium erythreum". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1991, 41(3), pp. 363–368. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 00207713. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-41-3-363?crawler=true>

MILLER, J.A. "Labrys methylaminiphilus, a novel facultatively methylotrophic bacterium from a freshwater lake sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(3), pp. 1247–1253. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.63409-0?crawler=true>

MINGMA, R. "Sphaerisporangium rufum, an endophytic actinomycete from roots of Oryza sativa L". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(4), pp. 1077–1082. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.057885-0?crawler=true>

MONCIARDINI, P. "Novel members of the family Micromonosporaceae, Rugosimonospora acidiphila and Rugosimonospora africana". *International Journal of Systematic and Evolutionary*

Microbiology, [en línea], 2009, 59(11), pp. 2752–2758. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.010231-0?crawler=true>

MONTERO, M. "Chryseobacterium oleae, an efficient plant growth promoting bacterium in the rooting induction of olive tree (*Olea europaea* L.) cuttings and emended descriptions of the genus *Chryseobacterium*, *C. daecheongense*, *C. gambrini*, *C. gleum*, *C. joostei*". *Systematic and Applied Microbiology*, [en línea], 2014, 37(5), pp. 342–350. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 16180984. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0723202014000605>

MONTERO, M. "Genome-scale data call for a taxonomic rearrangement of Geodermatophilaceae". *Frontiers in Microbiology*, [en línea], 2017, 8, pp. 1–15. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 1664302X. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.02501/full>

MONTERO, M.D. "Modestobacter italicus, isolated from carrara marble quarry and emended descriptions of the genus *modestobacter* and the species *modestobacter marinus*, *modestobacter multiseptatus*, *modestobacter roseus* and *modestobacter versicolor*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2019, 69(6), pp. 1537–1545. [Consulta: 30 diciembre 2020] ISSN 14665034. Disponible en: <https://digital.csic.es/bitstream/10261/212045/1/Modestobacter%20italicus%20sp.%20nov.%2c%20isolated%20from%20Carrara%20marble%20quarry.pdf>

MOON, J.C. "Paenibacillus sacheonensis, a xylanolytic and cellulolytic bacterium isolated from tidal flat sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(11), pp. 2753–2757. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.029066-0?crawler=true>

MORDOH, A. "Secuenciación masiva de ADN : la próxima generación DNA massive sequencing : the next generation". *Dermatología Argentina*, [en línea], 2019, 25(1), pp. 2–8. [Consulta: 8 enero 2021] Disponible en: <https://www.dermatolarg.org.ar/index.php/dermatolarg/article/view/1868/1005>

MOREIRA, Z.M. Análisis de las comunidades bacterianas formadoras de esporas relacionadas con la supresividad a *Phytophthora infestans* y *Rhizoctonia solani* en suelos paperos con diferente tipo de manejo en la provincia de Chimborazo-Ecuador. [en línea], 2012 [Consulta: 8 enero 2021], Disponible en: <https://www.researchgate.net/profile/Zayda-Moreira->

2/publication/283617757_Analisis_de_las_comunidades_bacterianas_formadoras_de_esporas_relacionadas_con_la_supresividad_a_Phytophthora_infestans_y_Rhizoctonia_solani_en_suelos_paperos_con_diferente_tipo_de_manejo_en_la_provin/links/583c726708aeb3987e2f9693/Analisis-de-las-comunidades-bacterianas-formadoras-de-esporas-relacionadas-con-la-supresividad-a-Phytophthora-infestans-y-Rhizoctonia-solani-en-suelos-paperos-con-diferente-tipo-de-manejo-en-la-provin.pdf

MORENO, A. "Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal: una alternativa de biofertilización para la agricultura sustentable". *Revista Colombiana de Biotecnología*, [en línea], 2018, 20(1), pp. 68–83. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 0123-3475. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?pid=S0123-34752018000100068&script=sci_abstract&lng=en

MOUSAVI, S.A. "Phylogeny of the Rhizobium-Allorhizobium-Agrobacterium clade supports the delineation of Neorhizobium". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2014, 37(3), pp. 208–215. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 16180984. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2013.12.007>.

MURILLO, F.D. "Fauna y microflora edáfica asociada a diferentes usos de suelo". *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, [en línea], 2019, 6(16), p. 23. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 2007-9028. Disponible en: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-90282019000100023&script=sci_arttext

MUTTRAY, A.F. "Population dynamics and metabolic activity of *Pseudomonas abietaniphila* BKME-9 within pulp mill wastewater microbial communities assayed by competitive PCR and RT-PCR". *FEMS Microbiology Ecology*, [en línea], 2001, 38(1), pp. 21–31. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 01686496. Disponible en: <https://academic.oup.com/femsec/article/38/1/21/538286?login=true>

NAIR, N.R. "Preparation of poly(l-lactide) blends and biodegradation by *Lentzea waywayandensis*". *Biotechnology Letters*, [en línea], 2012, 34(11), pp. 2031–2035. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 01415492. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10529-012-1005-5>

NAWAZ, M. "Detection and characterization of virulence genes and integrons in *Aeromonas veronii* isolated from catfish". *Food Microbiology* [en línea], 2010, 27(3), pp. 327–331. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 07400020. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.fm.2009.11.007>.

NGUYEN, T.M. & KIM, J. "Description of *Variovorax humicola*, isolated from a forest topsoil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(7), pp. 2520–2527. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001082?crawler=true>

NIHARIKA, N. "Novosphingobium barchaimii, isolated from hexachlorocyclohexane-contaminated soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(2), pp. 667–672. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.039826-0?crawler=true>

NIKITIN, D.I. "Phylogeny of the ring-forming bacterium *Arcicella aquatica* (ex Nikitin et al. 1994), from a freshwater neuston biofilm". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(3), pp. 681–684. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.02896-0?crawler=true>

NOUIOUI, I. "Frankia saprophytica, an atypical, non-infective (Nod-) and non-nitrogen fixing (Fix-) actinobacterium isolated from coriaria nepalensis root nodules". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(4), pp. 1090–1095. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002633?crawler=true>

NOUIOUI, I. "Mycolicibacterium stelleriae, a rapidly growing scotochromogenic strain isolated from stelleria chamaejasme". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2019, 69(11), pp. 3465–3471. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 14665034. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.003644?crawler=true>

OH, H.W. "Pedobacter luteus, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(4), pp. 1304–1310. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.033134-0?crawler=true>

OH, K.H. "Lysobacter dokdonensis, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(5), pp. 1089–1093. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN

14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.020495-0?crawler=true>

OH, Y.S. & ROH, D.H. "Phenylobacterium muchangponense, isolated from beach soil, and emended description of the genus Phenylobacterium". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(4), pp. 977–983. [Consulta: 29 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.028902-0?crawler=true>

OHTA, H., "Sphingomonas oligophenolica, a halo- and organo-sensitive oligotrophic bacterium from paddy soil that degrades phenolic acids at low concentrations". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(6), pp. 2185–2190. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.02959-0?crawler=true>

OLIVEROS, A. "Exudados de la raíz y su relevancia actual en las interacciones alelopáticas". *Quim Nova*, [en línea], 2009, 32(1), pp. 198–213. [Consulta 1 diciembre 2020] Disponible en:
https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-40422009000100035&script=sci_arttext

OREN, A. & GARRITY, G. "List of new names and new combinations previously effectively, but not validly, published". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(5), pp. 1411–1417. [Consulta 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.64188-0?crawler=true>

ORTIZ, A. "Molecular analysis of bacteria associated with refuse dumps of *Atta cephalotes* (Hymenoptera: Formicidae)". *Revista Colombiana de Entomología*, [en línea], 2016, 42(2), pp. 162–170. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 01200488. Disponible en:
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-04882016000200009

OTOGURO, M. "Virgisporangium aliadipatigenens, Isolated from Soil in Iriomote Island and Emended Description of the Genus Virgisporangium". *Actinomycetologica*, [en línea], 2010, 24(2), pp. 39–44. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 0914-5818. Disponible en:
https://www.jstage.jst.go.jp/article/saj/24/2/24_SAJ240203/_pdf/-char/ja

PAGNIER, I. "Genome sequence of *Afipia birgiae*, a rare bacterium associated with amoebae". *Journal of Bacteriology*, [en línea], 2012, 194(24), p. 7018. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 00219193. Disponible en: <https://jb.asm.org/content/194/24/7018.short>

PAIVA, G. "Mucilaginibacter pineti, isolated from *Pinus pinaster* wood from a mixed grove of pines trees". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(7), pp. 2223–2228. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.057737-0?crawler=true>

PAN, T. "Extractive biodegradation and bioavailability assessment of phenanthrene in the cloud point system by *Sphingomonas polyaromaticivorans*". *Applied Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2016, 100(1), pp. 431–437. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14320614. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-015-6980-8>

PANIZ, A.E. "Mycobacterium grossiae, a rapidly growing, scotochromogenic species isolated from human clinical respiratory and blood culture specimens". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(11), pp. 4345–4351. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002216?crawler=true>

PANKRATOV, T.A. & DEDYSH, S.N. "Granulicella paludicola, *Granulicella pectinivorans*, *Granulicella aggregans* and *Granulicella rosea*, acidophilic, polymer-degrading acidobacteria from Sphagnum peat bogs". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(12), pp. 2951–2959. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.021824-0?crawler=true>

PANKRATOV, T.A. "Mucilaginibacter paludis and *Mucilaginibacter gracilis*, pectin-, xylan and laminarin-degrading members of the family Sphingobacteriaceae from acidic Sphagnum peat bog". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(10), pp. 2349–2354. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65100-0?crawler=true>

PARK, D.S. "*Paenibacillus pectinilyticus*, isolated from the gut of *Diestrammena apicalis*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(6), pp.

1342–1347. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.002261-0?crawler=true>

PARK, J. "Comparative genome analysis of rathayibacter tritici NCPPB 1953 with rathayibacter toxicus strains can facilitate studies on mechanisms of nematode association and host infection". *Plant Pathology Journal*, [en línea], 2017, 33(4), pp. 370–381. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 20939280. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5538441/>

PARK, M.S. "Chryseobacterium soldanellicola and Chryseobacterium taeansense, isolated from roots of sand-dune plants". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(2), pp. 433–438. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.63825-0?crawler=true>

PARK, S. "Devosia confluentis, isolated from the junction between the ocean and a freshwater lake, and reclassification of two Vasilyevaea species as Devosia enhydra and Devosia mishustinii". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(10), pp. 3935–3941. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001291>

PARK, Y. "Classification of Nocardioides fulvus' IF0 14399 and Nocardioides ATCC 39419 in Kribbella, as Kribbella flavida and Kribbella sandramnycini". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1999, 49(1), pp. 743–752. [Consulta: 23 diciembre 2020] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-49-2-743?crawler=true>

PASCUAL, J. "Luteolibacter gellanilyticus a gellan-gum-degrading bacterium of the phylum verrucomicrobia isolated from miniaturized diffusion chambers". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(10), pp. 3951–3959. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002227?crawler=true>

PASCUAL, J. "Novel isolates double the number of chemotrophic species and allow the first description of higher taxa in Acidobacteria subdivision 4". *Systematic and Applied Microbiology* [en

línea], 2015a, 38(8), pp. 534–544. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 16180984. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2015.08.001>.

PASCUAL, J. "Terriglobus albidus, a member of the family acidobacteriaceae isolated from namibian semiarid savannah soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015b, 65(10), pp. 3297–3304. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000411?crawler=true>

PATTERSON, E.L. "Ethylation: Biological Formation of an S-Ethyl Homolog of Lincomycin". *Science*, [en línea], 1964, 146(3), pp. 1692–1693. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 00368075. Disponible en: <https://science.sciencemag.org/content/146/3652/1691.abstract>

PAUNGFOO, C. "A new species of Burkholderia isolated from sugarcane roots promotes plant growth". *Microbial Biotechnology*, [en línea], 2014, 7(2), pp. 142–154. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 17517907. Disponible en: <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/1751-7915.12105>

PAZ, I.E. & MENJIVAR, J.C. "Efecto del compost en la diversidad de bacterias rizosféricas del cultivo de morera (*Morus alba*)". *Revista Colombiana de Biotecnología*, [en línea], 2019, 21(1), pp. 47–56. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 0123-3475. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7046423>

PÉREZ, C. Impacto de diferentes prácticas agrícolas sobre la diversidad microbiana del suelo y la sustentabilidad de un agroecosistema sojero del norte argentino. [en línea], Universidad Nacional de Córdoba, 2014 [Consulta: 8 enero 2021]. Disponible en: <https://rdu.unc.edu.ar/handle/11086/1689>

PÉREZ, S. & VALDIVIESO, C. Colección y caracterización morfológica in situ del mortíño (*vaccinium floribundum* kunt) en la sierra norte de ecuador. [en línea], Escuela Politécnica del Ejército, 2007 [Consulta: 8 enero 2021]. Disponible en: <http://dspace.udla.edu.ec/bitstream/33000/8035/1/UDLA-EC-TIAG-2017-33.pdf>

PIAO, A.L. "Sphingomonas qilianensis, Isolated from Surface Soil in the Permafrost Region of Qilian Mountains". *Current Microbiology*, [en línea], 2016, 72(4), pp. 363–369. [Consulta: 4 febrero

2021] ISSN 14320991. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs00284-015-0957-9>

PINDI, P.K. "Description of *Leifsonia kafniensis* and *Leifsonia antarctica*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(6), pp. 1348–1352. [Consulta 1 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/59/6/1348.pdf?expires=1619620949&id=id&accname=guest&checksum=86A9418798FEEBBBBFF0C48CAB128C5D>

PORTER, S. "*Asticcacaulis biprosthecum* Life cycle, morphology and cultural characteristics". *Antonie Van Leeuwenhoek*, [en línea], 1973, 39, pp. 569–583. [Consulta: 23 diciembre 2020] Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF02578901>

QIN, S. "*Pseudonocardia ailaonensis*, isolated from soil in China". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(9), pp. 2086–2089. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65721-0?crawler=true>

QIU, X. "*Roseomonas arctica*, isolated from arctic glacial foreland soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(3), pp. 1218–1223. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000857?crawler=true>

QU, J.H. "A novel genus of the class Actinobacteria, *Longivirga aurantiaca*, isolated from lake sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 68(3), pp. 942–946. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002615?crawler=true>

QU, Z. "*Psychroglaciecola arctica*, isolated from Arctic glacial foreland soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(5), pp. 1817–1824. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.060913-0?crawler=true>

RAJKUMAR, M. "Potential of siderophore-producing bacteria for improving heavy metal phytoextraction". *Trends in Biotechnology* [en línea], 2010, 28(3), pp. 142–149. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 0167-7799. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tibtech.2009.12.002>.

RAMÍREZ, M.H. "Pseudomonas helmanticensis, isolated from forest soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(7), pp. 2338–2345. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.063560-0?crawler=true>

RAST, P. "Three novel species with peptidoglycan cell walls form the new genus *Lacunisphaera* in the family opitutaceae of the verrucomicrobial subdivision 4". *Frontiers in Microbiology*, [en línea], 2017, 8, pp. 1–18. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 1664302X. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.00202/full>

RATHER, S.A. "Isolation and characterization of *Streptomyces tauricus* from Thajiwas glacier a new source of actinomycin-D". *Medicinal Chemistry Research* [en línea], 2017, 26(9), pp. 1897–1902. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 15548120. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00044-017-1842-9>.

REDDY, G.S. & GARCIA, F. "Sphingomonas mucosissima and Sphingomonas desiccabilis, from biological soil crust in the Colorado Plateau". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(5), pp. 1028–1034. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64331-0?crawler=true>

RICABONI, D. "Romboutsia timonensis, a new species isolated from human gut". *New Microbes and New Infections*, [en línea], 2007, 12(1), pp. 6–7. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 20522975. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2052297516300105>

RODICIO, M. & MENDOZA, M. "Identificación bacteriana mediante secuenciación del ARNr 16S: fundamento, metodología y aplicaciones en microbiología clínica". *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica* [en línea], 2004, 22(4), pp. 238–245. [Consulta: 10 enero 2021] ISSN 0213005X. Disponible en: [http://dx.doi.org/10.1016/S0213-005X\(04\)73073-6](http://dx.doi.org/10.1016/S0213-005X(04)73073-6).

ROMAGNOLI, C.L. "Diversity of Mycobacteriaceae from aquatic environment at the São Paulo Zoological Park Foundation in Brazil". *PLOS ONE*, [en línea], 2020, 15(1), pp. 1–14. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 19326203. Disponible en: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0227759>

ROSENBERG, E. "The prokaryotes: Prokaryotic communities and ecophysiology". *Prokaryotic Communities and Ecophysiology*, [en línea], 2012, pp. 57–74. [Consulta: 29 enero 2021] Disponible en: <https://link.springer.com/referencework/10.1007%2F978-3-642-30123-0>

RUIJSSENAARS, H.J. "A novel gene encoding xanthan lyase of *Paenibacillus alginolyticus* strain XL-1". *Applied and Environmental Microbiology*, [en línea], 2000, 66(9), pp. 3945–3950. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 00992240. Disponible en: <https://aem.asm.org/content/66/9/3945.short>

SÁNCHEZ, I. "Stenotrophomonas bentonitica, isolated from bentonite formations". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(8), pp. 2779–2786. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5817250/>

SANTHANAM, R. "Streptomyces erringtonii and Streptomyces kaempferi, isolated from a hay meadow soil". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2013, 103(1), pp. 79–87. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 00036072. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-012-9788-x>

SATOLA, B. "Metabolic characteristics of the species *Variovorax paradoxus*". *Applied Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2013, 97(2), pp. 541–560. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 01757598. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-012-4585-z>

SATTLEY, W.M. "Psychrosinus fermentans, a lactate-fermenting bacterium from near-freezing oxycline waters of a meromictic Antarctic lake". *FEMS Microbiology Letters*, [en línea], 2008, 287(1), pp. 121–127. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 03781097. Disponible en: <https://academic.oup.com/femsle/article/287/1/121/543595?login=true>

SCHELLER, P.N. & NESTL, B.M. "The biochemical characterization of three imine-reducing enzymes from *Streptosporangium roseum* DSM43021, *Streptomyces turgidiscabies* and

Paenibacillus elgii". *Applied Microbiology and Biotechnology* [en línea], 2016, 100(24), pp. 10509–10520. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14320614. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00253-016-7740-0>.

SCHOEBITZ, I.M. Aislamiento y caracterización de bacterias promotoras de crecimiento vegetal de la rizósfera de *Lolium perenne* L. de suelo volcánico (modelo género *Azospirillum* spp.). [en línea], 2006 [Consulta: 8 enero 2021] Disponible en: <http://cybertesis.uach.cl/tesis/uach/2006/fas364a/sources/fas364a.pdf>

SCHRALLHAMMER, M. "Phylogenetic relationships among endosymbiotic R-body producer: Bacteria providing their host the killer trait". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2018, 41(3), pp. 213–220. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 16180984. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.syapm.2018.01.005>.

SCHUMANN, P. "Reclassification of *Subtercola pratensis* Behrendt et al. 2002 as *Agreia pratensis*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2003, 53(6), pp. 2041–2044. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02664-0?crawler=true>

SELVAKUMAR, G. "Characterization of a cold-tolerant plant growth-promoting bacterium *Pantoea dispersa* 1A isolated from a sub-alpine soil in the North Western Indian Himalayas". *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, [en línea], 2008, 24(7), pp. 955–960. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 09593993. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11274-007-9558-5>

SEO, J.B. "Psychrophilicity of *Bacillus psychosaccharolyticus*: A proteomic study". *Proteomics*, [en línea], 2004, 4(11), pp. 3654–3659. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 16159853. Disponible en: <https://analyticalsciencejournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/pmic.200401025>

SHABUER, G. "Plant pathogenic anaerobic bacteria use aromatic polyketides to access aerobic territory". *Sciencemag*, [en línea], 2015, 350(6), pp. 670–675. [Consulta: 19 febrero 2021] Disponible en: <https://science.sciencemag.org/content/350/6261/670.abstract>

SHAHRAKI, A.H. "Mycobacterium aquaticum, a rapidly growing species isolated from haemodialysis water". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea],

2017, 67(9), pp. 3279–3282. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002103?crawler=true>

SHARPLES, G.P. & WILLIAMS, S.T. "Fine structure of the globose bodies of *Dactylosporangium thailandense* (actinomycetales)". *Journal of General Microbiology*, [en línea], 1974, 84(1), pp. 219–222. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 00221287. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/micro/84/1/mic-84-1-219.pdf?expires=1619621940&id=id&accname=guest&checksum=58E051CA7B50E6B6DAC6B80E1CCEC892>

SHEN, L. "Massilia eurypsychrophila a facultatively psychrophilic bacteria isolated from ice core". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(7), pp. 2124–2129. [Consulta: 8 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000229?crawler=true>

SHIRATORI, H. "Longispora fulva, isolated from a forest soil, and emended description of the genus Longispora". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(4), pp. 804–809. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.023531-0?crawler=true>

SHOJAEI, H. "Mycobacterium iranicum, a rapidly growing scotochromogenic species isolated from clinical specimens on three different continents". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(4), pp. 1383–1389. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.043562-0?crawler=true>

SHOMURA, T. "Dactylosporangium roseum". *International Journal of Systematic Bacteriology*, [en línea], 1985, 35(1), pp. 1–4. [Consulta: 19 febrero 2021] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-35-1-1?crawler=true>

SIDDIQI, M.Z. "Panacibacter ginsenosidivorans, with ginsenoside converting activity isolated from soil of a ginseng field". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en

[en línea], 2016, 66(6), pp. 4039–4045. [Consulta: 29 enero 2021] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001307?crawler=true>

SIKORSKI, J. "Pseudomonas kilonensis, a bacterium isolated from agricultural soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2001, 51(4), pp. 1549–1555. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-51-4-1549?crawler=true>

SO, N.W. "A lead-absorbing protein with superoxide dismutase activity from *Streptomyces subtrutilus*". *FEMS Microbiology Letters*, [en línea], 2001, 194(1), pp. 93–98. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 03781097. Disponible en: <https://academic.oup.com/femsle/article/194/1/93/485164?login=true>

SONG, G.C. "Nocardioides caricicola, an endophytic bacterium isolated from a halophyte, *Carex scabrifolia* Steud". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(1), pp. 105–109. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.019919-0?crawler=true>

SONG, J. "Kribbella solani and Kribbella jejuensis, isolated from potato tuber and soil in Jeju, Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(4), pp. 1345–1348. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02953-0?crawler=true>

SPRINGER, B. "Mycobacterium conspicuum, a new species isolated from patients with disseminated infections". *Journal of Clinical Microbiology*, [en línea], 1995, 33(11), pp. 2805–2811. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 00951137. Disponible en: <https://jcm.asm.org/content/33/11/2805.short>

SRIPREECHASAK, P. "Streptomyces krungchingensis, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(1), pp. 50–54. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001570?crawler=true>

STACKEBRANDT, E. "Dissection of the genus *Methylibium*: Reclassification of *Methylibium fulvum* as *Rhizobacter fulvus*, *Methylibium aquaticum* as *Piscinibacter aquaticus* and *Methylibium subsaxonicum* as *Rivibacter subsaxonicus*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(10), pp. 2552–2560. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.008383-0?crawler=true>

STUTZMAN, K.J. "Regulation of secondary metabolism in *Streptomyces* and overproduction of daunorubicin in *Streptomyces peucetius*". *Journal of Bacteriology*, [en línea], 2016, 174(1), pp. 144–154. [Consulta: 29 enero 2021] ISSN 00219193. Disponible en: <https://jb.asm.org/content/174/1/144.short>

SUN, H.M. "*Actinophytocola gilvus*, Isolated from desert soil crusts, And emended description of the genus *Actinophytocola* Indananda 2010". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64, pp. 3120–3125. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.061051-0>

SUN, J.Q. "*Kribbella deserti*, isolated from rhizosphere soil of *Ammopiptanthus mongolicus*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(3), pp. 692–696. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001697?crawler=true>

SURESH, G. "Reclassification of *Gemmobacter changlensis* to a new genus as *Cereibacter changlensis*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2018, 65(3), pp. 794–798. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000016?crawler=true>

TAKAHASHI, Y. "*Patulibacter minatonensis*, a novel actinobacterium isolated using an agar medium supplemented with superoxide dismutase, and proposal of *Patulibacteraceae*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(2), pp. 401–406. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org>

TAKEUCHI, M. "Taxonomic study of bacteria isolated from plants: Proposal of *Sphingomonas rosa*, *Sphingomonas pruni*, *Sphingomonas asaccharolytica*, and *Sphingomonas mali*". *International*

Journal of Systematic Bacteriology, [en línea], 1995, 45(2), pp. 334–341. [Consulta: 19 febrero 2021]
ISSN 00207713. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-45-2-334?crawler=true>

TAMAKI, H. "Armatimonas rosea, of a novel bacterial phylum, Armatimonadetes phyl, formally called the candidate phylum OP10". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(6), pp. 1442–1447. [Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.025643-0?crawler=true>

TAMURA, T. & HATANO, K. "Phylogenetic analysis of the genus Actinoplanes and transfer of Actinoplanes minutisporangius Ruan 1986 and "Actinoplanes aurantiacus" to Cryptosporangium minutisporangium and Cryptosporangium aurantiacum". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2001, 51(6), pp. 2119–2125. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-51-6-2119?crawler=true>

TAMURA, T. "A new genus of the family Micromonosporaceae, Polymorphospora, with description of Polymorphospora rubra". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(8), pp. 1959–1964. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/>

TAMURA, T. "Description of Actinomycetospora chibensis, Actinomycetospora chlora, Actinomycetospora cinnamomea, Actinomycetospora corticicola, Actinomycetospora lutea, Actinomycetospora straminea and Actinomycetos". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(6), pp. 1275–1280. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.024166-0?crawler=true>

TAMURA, T. & SAKANE, T. "Asanoa iriomotensis, isolated from mangrove soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(2), pp. 725–727.

[Consulta: 4 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02982-0?crawler=true>

TEN, L.N. "Dokdonella ginsengisoli, isolated from soil from a ginseng field, and emended description of the genus Dokdonella". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2009, 59(8), pp. 1947–1952. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.004945-0?crawler=true>

THAWAI, C. "Micromonospora narathiwatensis, from Thai peat swamp forest soils". *Journal of General and Applied Microbiology*, [en línea], 2007, 53(1), pp. 287–293. [Consulta: 5 diciembre 2020] Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jgam/53/5/53_5_287/_article/-char/ja/

TIAN, M. "Dyadobacter sediminis, isolated from a subterranean sediment sample". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65, pp. 827–832. [Consulta: 23 enero 2021] Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000025?crawler=true>

TIROLA, M.A. "Novosphingobium lentum, a psychrotolerant bacterium from a polychlorophenol bioremediation process". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(2), pp. 583–588. [Consulta: 19 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.63386-0?crawler=true>

TORO, D. "La biodiversidad microbiana del suelo, un mundo por descubrir". *Universidad de Caldas*, [en línea], 2006, pp. 1–7. [Consulta: 23 diciembre 2020] Disponible en: http://190.15.17.25/lunazul/downloads/Lunazul19_5.pdf

TSUKAMURA, Taxonomy browser (Mycolicibacterium tokaiense). [en línea]. 1981 [Consulta: 3 diciembre 2020]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=39695>.

TURENNE, C.Y. "Mycobacterium parascrofulaceum novel slowly growing, scotochromogenic clinical isolates related to Mycobacterium simiae". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(5), pp. 1543–1551. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN

14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02940-0?crawler=true>

URZÌ, C. "Blastococcus saxobsidens, and emended descriptions of the genus Blastococcus Ahrens and Moll 1970 and Blastococcus aggregatus Ahrens and Moll 1970". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(1), pp. 253–259. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02745-0?crawler=true>

VALDEZ, R.A. "Genetic characterization of rice endophytic bacteria (*Oryza sativa* L.) with antimicrobial activity against *Burkholderia glumae*". *Revista Argentina de Microbiología*, [en línea], 2020, 52(4), pp. 315–327. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 03257541. Disponible en:
<https://europepmc.org/article/med/32147231>

VALENZUELA, F. El Gen aRNR 16s en el estudio de comunidades microbianas marinas. [en línea], 2015 [Consulta: 1 febrero 2021] Disponible en: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0185-38802015000400297&script=sci_arttext

VANPARYS, B. "Devosia limi, isolated from a nitrifying inoculum". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2005, 55(5), pp. 1997–2000. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.63714-0?crawler=true>

VASILYEVA, L. "Asticcacaulis benevestitus, a psychrotolerant, dimorphic, prosthecate bacterium from tundra wetland soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(9), pp. 2083–2088. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64122-0?crawler=true>

VOBIS, G. Actinoplanes. [en línea], 2015, [Consulta: 1 febrero 2021] ISBN 9781118960608. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/9781118960608.gbm00139>

WANG, Jie. "Draft genome sequence of *Sporosarcina globispora* W 25T (DSM 4), a psychrophilic bacterium isolated from soil and river water". *Genome Announcements*, [en línea], 2015, 3(5), pp.

2002–2003. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 21698287. Disponible en: <https://mra.asm.org/content/3/5/e01230-15.short>

WANG, Liang. "Thermomonas carbonis, Isolated from the soil of a coal mine". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64, pp. 3631–3635. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.063800-0?crawler=true>

WANG, Y. "Flavitalea populi, isolated from soil of a Euphrates poplar (Populus euphratica) forest". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(7), pp. 1554–1560. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.025221-0?crawler=true>

WANG, Y. "Genome sequence of selenium-solubilizing bacterium Caulobacter vibrioides T5M6". *Genome Announcements*, [en línea], 2016, 4(1), pp. 38-75. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 21698287. Disponible en: <https://mra.asm.org/content/ga/4/1/e01721-15.full.pdf>

WANG, Yanwei. "Romboutsia sedimentorum, isolated from an alkaline-saline lake sediment and emended description of the genus Romboutsia". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65, pp. 1193–1198. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.000079?crawler=true>

WANG, Y.X. "Microlunatus aurantiacus, a novel actinobacterium isolated from a rhizosphere soil sample". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(8), pp. 1873–1877. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65518-0?crawler=true>

WEILAN, L. "Spirosoma humi, Isolated from Soil in South Korea". *Current Microbiology* [en línea], 2018, 75(3), pp. 328–335. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14320991. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00284-017-1384-x>.

WEON, H.Y. "Skermanella aerolata, isolated from air, and emended description of the genus Skermanella". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007,

57(7), pp. 1539–1542. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.64676-0?crawler=true>

WEON, H.Y. "Lysobacter niabensis and Lysobacter niastensis, isolated from greenhouse soils in Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(3), pp. 548–551. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.64473-0?crawler=true>

WEON, H.Y. "Naasia aerilata a member of the family Microbacteriaceae isolated from air". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(7), pp. 2436–2441. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.046599-0?crawler=true>

WEON, H.Y. "Description of *Microvirga aerophila* and *Microvirga aerilata*, isolated from air, reclassification of *Balneimonas flocculans* Takeda 2004 as *Microvirga flocculans* and emended description of the genus *Microvirga*". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(11), pp. 2596–2600. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.018770-0?crawler=true>

WEON, H.Y. "*Kaistia soli*, isolated from a wetland in Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(7), pp. 1522–1524. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.65366-0?crawler=true>

WEON, H.Y. "*Terrabacter aerophilus*, isolated from an air sample". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2010, 60(5), pp. 1130–1134. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijjs.0.016444-0?crawler=true>

WINK, J.M. "Three new antibiotic producing species of the genus *Amycolatopsis*, *Amycolatopsis balhimycina*, *A. tolypomycina*, *A. vancoresmycina*, and description of *Amycolatopsis keratiniphila* *keratiniphila* and *A. keratiniphi*". *Systematic and Applied Microbiology* [en línea], 2003, 26(1), pp.

38–46. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 0723-2020. Disponible en: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0723202004701575>.

XING, T. "Polaromonas eurypsychrophila, isolated from an ice core". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(7), pp. 2497–2501. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001079?crawler=true>

XU, C. "Neutrotolerant acidophilic Streptomyces species isolated from acidic soils in China: Streptomyces guanduensis, Streptomyces paucisporeus, Streptomyces rubidus and Streptomyces yanglinensis". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(5), pp. 1109–1115. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.63959-0?crawler=true>

XUE, H. "Description of Altererythrobacter aerius, isolated from air, and emended description of the genus Altererythrobacter". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(11), pp. 4543–4548. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001388>

YABUUCHI, E. "Proposal of Sphingomonas wittichii for strain RW1T, known as a dibenzo-p-dioxin metabolizer". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2001, 51(2), pp. 281–292. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/51/2/0510281a.pdf?expires=1619625296&id=id&accname=guest&checksum=345079C04E08F2DF1ECDCE6126546AA7>

YAMAMURA, H. "Virgisporangium myanmarensis, a novel motile actinomycete isolated from an anthill soil in Myanmar". *Journal of Antibiotics* [en línea], 2017, 70(10), pp. 995–999. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 18811469. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1038/ja.2017.81>.

YANG, D.C. "Sphingomonas soli, a β -glucosidase-producing bacterium in the family Sphingomonadaceae in the α -4 subgroup of the Proteobacteria". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(4), pp. 703–707. [Consulta: 5 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.63839-0?crawler=true>

YANG, L.Q. "Chenggangzhangella methanolivorans, a member of the family Methylocystaceae, transfer of Methylopila helvetica Doronina 2000 to Albibacter helveticus and emended description of the genus Albibacter". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(8), pp. 2825–2830. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001062?crawler=true>

YAO, L. "Rhizorhabdus dicambivorans, a dicamba-degrading bacterium isolated from compost". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 66(9), pp. 3317–3323. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001194?crawler=true>

YI, H. & CHUN, J. "Nocardioides aestuarii, isolated from tidal flat sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004a, 54(6), pp. 2151–2154. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.63192-0?crawler=true>

YI, H. & CHUN, J. "Nocardioides ganghwensis, isolated from tidal flat sediment". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004b, 54(4), pp. 1295–1299. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.03040-0?crawler=true>

YOO, S.H. "Pseudoxanthomonas yeongjuensis, isolated from soil cultivated with Korean ginseng". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], [Consulta: 10 febrero 2021] vol. 57, no. 3, pp. 646–649. ISSN 14665026. DOI 10.1099/ijsem.0.64427-0. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.64427-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Brevundimonas lenta, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(10), pp. 2236–2240 [Consulta: 1 febrero 2021]. ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.65080-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Sphingomonas insulae, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(1), pp. 231–236. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN

14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65075-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Brevundimonas kwangchunensis, isolated from an alkaline soil in Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(3), pp. 613–617. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.63784-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Devosia insulae, isolated from soil, and emended description of the genus Devosia". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2007, 57(6), pp. 1310–1314. [Consulta: 10 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65028-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Yonghaparkia alkaliphila, a novel member of the family Microbacteriaceae isolated from an alkaline soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(10), pp. 2415–2420. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64258-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Nocardioides aquiterrae, isolated from groundwater in Korea". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2004, 54(1), pp. 71–75. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.02585-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Sphingomonas dokdonensis, isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(9), pp. 2165–2169. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64114-0?crawler=true>

YOON, J.H. "Mucilaginibacter calamicampi, a member of the family Sphingobacteriaceae isolated from soil at a field of reeds". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2013, 104(1), pp. 37–45. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 00036072. Disponible en:
<https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-013-9922-4>

ZAMORA, L. "Description of three novel *Flavobacterium* species: *Flavobacterium collinsii*, *Flavobacterium branchiarum* sp. nov., and *Flavobacterium branchiicola*". *Aquaculture* [en línea], 2015, 441, pp. 126–127. [Consulta: 10 febrero 2021] ISSN 00448486. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2014.11.021>.

ZHANG. Taxonomy browser (*Mycolicibacterium sediminis*). [en línea]. 2013 [Consulta: 3 diciembre 2020]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=1286180>.

ZHANG, D.C. "*Sphingomonas glacialis*, a psychrophilic bacterium isolated from alpine glacier cryoconite". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2011, 61(3), pp. 587–591. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.023135-0?crawler=true>

ZHANG, D.C. "*Salinibacterium xinjiangense*, a psychrophilic bacterium isolated from the China No. 1 glacier". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2008, 58(12), pp. 2739–2742. [Consulta: 23 diciembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65802-0?crawler=true>

ZHANG, D.C. "*Nocardioides alpinus*, a psychrophilic actinomycete isolated from alpine glacier cryoconite". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(2), pp. 445–450. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.031047-0?crawler=true>

ZHANG, D.C. "*Flavobacterium glaciei*, a novel psychrophilic bacterium isolated from the China No. 1 glacier". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2006, 56(12), pp. 2921–2925. [Consulta: 10 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.64564-0?crawler=true>

ZHANG, J. "*Nocardioides lianchengensis*, an actinomycete isolated from soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2012, 62(11), pp. 2698–2702. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.036723-0?crawler=true>

ZHANG, K. "Sphingomonas crusticola, isolated from biological soil crusts". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2017, 67(8), pp. 3033–3037. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002074?crawler=true>

ZHANG, L. "Paenibacillus rhizoryzae, isolated from rice rhizosphere". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2015, 65(9), pp. 3053–3059. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000376?crawler=true>

ZHANG, L. "Flavitalea gansuensis, isolated from soil from an arid area, and emended descriptions of the genus Flavitalea and Flavitalea populi". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2013, 63(2), pp. 490–495. [Consulta: 10 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.038455-0?crawler=true>

ZHANG, Lei. "Pseudoxanthomonas gei, a novel endophytic bacterium isolated from the stem of *Geum aleppicum*". *International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2014, 105(4), pp. 653–661. [Consulta: 23 enero 2021] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-014-0119-2>

ZHANG, Lei. "Solirubrobacter taibaiensis, isolated from a stem of *Phytolacca acinosa* Roxb". *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, [en línea], 2014, 10(2), pp. 279–285. [Consulta: 5 noviembre 2020] ISSN 15729699. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-014-0194-4>

ZHANG, Xinhui. "Nonomuraea fuscirosea, an actinomycete isolated from the rhizosphere soil of rehmanna (*Rehmannia glutinosa* Libosch)". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2014, 64(4), pp. 1102–1107. [Consulta: 1 febrero 2021] ISSN 14665026. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.057877-0?crawler=true>









ZHENG, R. "Mucilagibacter antarcticus, isolated from tundra soil". *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, [en línea], 2016, 66(12), pp. 5140–5144. [Consulta: 5

noviembre 2020] ISSN 14665026. Disponible en:
<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.001486?crawler=true>

ZHOU, B. "Antimycobacterial Rufomycin Analogues from *Streptomyces atratus* Strain MJM3502". *Journal of Natural Products*, [en línea], 2020, 83(3), pp. 657–667. [Consulta: 10 febrero 2021] ISSN 15206025. Disponible en: <https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.jnatprod.9b01095>

ANEXOS

ANEXO A: Protocolo para utilización de FastDNA™ SPIN Kit for Soil

PASOS	GRAFICO	DETALLES
1 Preparar la muestra		Añada hasta 500 mg de muestra de suelo, 978 µL de tampón de fosfato de sodio y 122 µL de tampón MT al tubo Lysing Matrix E
2 Homogenizar con FastPrep (o un instrumento similar)		Llenar el tubo en el instrumento FastPrep, procesar por 40s a una velocidad de 6m/s y centrifugar a 14000 revoluciones/gr durante 5-10 min para sedimentar los desechos.
3 Precipitar proteínas		Transferir el sobrenadante a un tubo de microcentrífuga limpio de 2 ml, añadir 250 µL de PPS y mezclar 10 veces, centrifugar a 14.000 revoluciones/g durante 5 minutos para sedimentar el precipitado.
4 Ajustar condiciones vinculantes		Transferir el sobrenadante a un tubo de 15 ml, añadir 1 ml de solución de matriz de unión. Invierta 2 minutos y coloque el tubo en una rejilla durante 3 minutos y desechar 500 µL de sobrenadante.
5 Unir el ADN		Transferir un máximo de 600 µL de solución de ADN a un tubo de filtro SPIN. Centrifugar a 14.000 revoluciones x g durante 1 min. Tubo de recogida vacío. Repita el paso 5 si el volumen de la mezcla es superior a 600 µL.
6 Lavar el filtro SPIN		Añada 500 µL de la solución SEWS-M preparada. Centrifugar a 14.000 revoluciones x g durante 1 min. Tubo de recogida vacío.
7 Secar el filtro spin		Centrifugar de nuevo a 14.000 x g durante 2 minutos. Filtro AIR DRY SPIN durante 5 minutos a temperatura ambiente
8 Eluir el ADN		Añada 50–100 µL de solución de elución DES. Centrifugar a 14.000 x g durante 1 min. El ADN del tubo de captura está listo para usar.

Fuente: MPBIO, 2021

Realizado por: Vaca Julián, 2021



epoch

**Dirección de Bibliotecas y
Recursos del Aprendizaje**

**UNIDAD DE PROCESOS TÉCNICOS Y ANÁLISIS BIBLIOGRÁFICO Y
DOCUMENTAL**

REVISIÓN DE NORMAS TÉCNICAS, RESUMEN Y BIBLIOGRAFÍA

Fecha de entrega: 06/ 05 / 2022

INFORMACIÓN DEL AUTOR/A (S)
Nombres – Apellidos: Julián David Vaca Cabezas
INFORMACIÓN INSTITUCIONAL
Facultad: RECURSOS NATURALES
Carrera: AGRONOMÍA
Título a optar: INGENIERO AGRÓNOMO
f. responsable: Ing. Cristhian Fernando Castillo Ruiz



0552-DBRA-UTP-2022