



Aislamiento y caracterización molecular de especies nativas de *Trichoderma* en sitios con diferente manejo en Chilpancingo, Guerrero, México

Jatsiris A. Meza-Silva¹, Jeiry Toribio-Jiménez¹, Renato León-Rodríguez³, Nelda Xanath Martínez-Galero⁴, Erubiel Toledo-Hernández¹, Roxana Reyes-Ríos⁵, Alberto Patricio-Hernández^{2*}. ¹Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero (UAGro.), Ciudad Universitaria, Col. Hacienda, Chilpancingo, C. P. 39010, Guerrero, México. ²Facultad de Ciencias Agropecuarias y Ambientales, UAGro., Teloloapan S/N, Col. Ignacio Manuel Altamirano, Iguala, C. P. 40015, Guerrero, México. ³Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito Escolar S/N, Ciudad Universitaria, Coyoacán, C. P. 04510, Ciudad de México, México. ⁴Centro de Investigaciones Científicas, Instituto de Química Aplicada, Universidad del Papaloapan, Circuito Central 200, Tuxtpec, C. P. 68301, Oaxaca, México. ⁵Facultad de Ciencias Naturales, UAGro., Av. Universidad S/N, Ex Rancho Shalako, Carretera Nacional Chilpancingo–Petaquillas, C. P. 39105, Guerrero, México.

***Autor de correspondencia:**

Alberto Patricio-Hernández
patriciofcqb@gmail.com

Sección:

Edición periódica

Recibido:

15 Mayo, 2026

Aceptado:

21 Julio, 2026

Publicado:

29 Julio, 2026

Cita:

Meza-Silva JA, Toribio-Jiménez J, León-Rodríguez R, Martínez-Galero NX, Toledo-Hernández E, et al. 2026. Aislamiento y caracterización molecular de especies nativas de *Trichoderma* en sitios con diferente manejo en Chilpancingo, Guerrero, México. Revista Mexicana de Fitopatología 44(3): 129. <https://doi.org/10.18781/R.ME.X.FIT.2605-2>

RESUMEN

Antecedentes/Objetivo. El género *Trichoderma* comprende hongos ampliamente reconocidos por su capacidad como agentes de control biológico y promotores del crecimiento vegetal; sin embargo, la información sobre su diversidad molecular en sistemas agrícolas en Guerrero, México, es limitada. El objetivo de este estudio fue aislar e identificar molecularmente especies nativas de *Trichoderma* presentes en distintos sitios del municipio de Chilpancingo de los Bravo, Guerrero, y analizar su distribución en función de las condiciones de manejo.

Desarrollo experimental. Durante agosto y septiembre de 2025 se instalaron 125 trampas con arroz estéril en cuatro puntos de muestreo: Palo Blanco (parcela agroecológica), Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero (área de conservación vegetal) y dos áreas de Petaquillas (vegetación natural). Los aislamientos se purificaron mediante cultivo monospórico, se caracterizaron morfológicamente y se identificaron por secuenciación de la región ITS y análisis filogenético de máxima verosimilitud con 1 000 réplicas de bootstrap.

Resultados. Se obtuvieron siete aislamientos de *Trichoderma*, recuperados únicamente en la parcela agroecológica de Palo Blanco y en el Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero. El análisis filogenético permitió identificar *T. harzianum/Hypocrea lixii*, *T. asperellum* y *T. longibrachiatum*. En Palo Blanco se identificaron representantes de *T. harzianum/H. lixii* y *T. longibrachiatum*, mientras que en el Jardín Botánico se identificaron *T. harzianum/H. lixii* y *T. asperellum*. El complejo *T. harzianum/H. lixii* fue el taxón predominante, representando el 57.1 % de los aislamientos obtenidos.

Conclusión. Se identificaron tres taxones de *Trichoderma*, con predominio del complejo *T. harzianum/Hypocrea lixii* (57.1 %), presente en Palo Blanco y el Jardín Botánico. Los resultados amplían el conocimiento sobre su diversidad y distribución en Guerrero, aunque su potencial biotecnológico deberá confirmarse mediante evaluaciones funcionales.

Palabras clave: Filogenia, Rizósfera, Microbiota, Taxonomía, Suelo



INTRODUCCIÓN

El género *Trichoderma* (*Hypocrea*, como forma teleomorfa) comprende un grupo diverso de hongos filamentosos ampliamente distribuidos en suelos agrícolas, residuos orgánicos y la rizosfera de numerosas especies vegetales (Kubiak *et al.*, 2023). En agroecosistemas, estas especies destacan por su capacidad para actuar como agentes de control biológico y promotores del crecimiento vegetal, mediante mecanismos como la competencia por espacio y nutrientes, el micoparasitismo, la antibiosis y la inducción de respuestas de defensa en las plantas (Yao *et al.*, 2023; Ismaiel *et al.*, 2024). Además, diversas especies son capaces de sintetizar fitohormonas y favorecer la movilización de nutrientes, contribuyendo al desarrollo y productividad de los cultivos (Michel-Aceve *et al.*, 2013; Illescas *et al.*, 2021; López-López *et al.*, 2023).

En el contexto de la agricultura sustentable, el interés por microorganismos benéficos del suelo ha incrementado debido a su potencial para reducir la dependencia de agroquímicos y favorecer procesos biológicos asociados a la salud del suelo (Torres-De la Cruz *et al.*, 2015; Cucu *et al.*, 2025). Diversos estudios han documentado que las condiciones edáficas, el manejo del suelo y el contenido de materia orgánica influyen en la composición de las comunidades microbianas, incluyendo poblaciones nativas de *Trichoderma* (Gupta *et al.*, 2022; Kinsbergen *et al.*, 2025). En este sentido, los sistemas con manejo agroecológico han cobrado relevancia debido a que promueven prácticas orientadas a la conservación de la biodiversidad, el reciclaje de nutrientes y el mantenimiento de la calidad del suelo mediante estrategias como la diversificación de cultivos, la incorporación de materia orgánica, la reducción del uso de agroquímicos y la conservación de la microbiota edáfica (Wezel *et al.*, 2020; Banerjee y van der Heijden, 2023). Estas prácticas pueden favorecer ambientes más estables para el establecimiento y persistencia de microorganismos benéficos, incluyendo especies de *Trichoderma*, las cuales participan en procesos relacionados con la salud y funcionalidad del suelo (Poveda, 2021). Por ello, los sistemas agroecológicos representan ambientes de interés para la búsqueda, aislamiento y caracterización de especies nativas con posible aplicación biotecnológica. En este contexto, el estudio de la diversidad local de estos microorganismos constituye una estrategia relevante para la identificación de aislamientos adaptados a condiciones específicas de manejo y con posible potencial para su aprovechamiento en sistemas agrícolas sustentables (Zin y Badaluddin, 2020; Natsiopoulou *et al.*, 2024; Shao *et al.*, 2025).

La identificación de especies de *Trichoderma* basada únicamente en características morfológicas presenta limitaciones debido a la similitud fenotípica entre especies y a la plasticidad de sus estructuras reproductivas (Surma *et al.*, 2025). Por ello, la región espaciadora interna transcrita (ITS) del ADN ribosomal constituye uno de los marcadores moleculares más utilizados para la identificación de hongos y delimitación preliminar de taxones dentro de este género. Sin embargo, estudios recientes recomiendan complementar su uso con marcadores de mayor resolución, como el factor de elongación 1-alfa (TEF1- α) y la subunidad dos de la ARN polimerasa (RPB2), particularmente para la discriminación de especies estrechamente relacionadas y complejos taxonómicos dentro del género (García-Núñez *et al.*, 2017; Cai y Druzhinina, 2021).

En México existen estudios relacionados con la diversidad molecular y el potencial biotecnológico de *Trichoderma*; sin embargo, en Guerrero esta información es limitada, particularmente en sistemas agrícolas locales caracterizados por la producción de maíz, frijol, agave y otros cultivos manejados bajo esquemas tradicionales o agroecológicos

(Ahedo-Quero *et al.*, 2024; Matas-Baca *et al.*, 2023). El objetivo del presente estudio fue aislar e identificar molecularmente especies nativas de *Trichoderma* presentes en distintos sitios del municipio de Chilpancingo de los Bravo, Guerrero, y analizar su distribución en función de las condiciones de manejo, bajo el supuesto de que ambientes con mayor diversidad vegetal, aporte de materia orgánica y menor perturbación química favorecen una mayor recuperación de aislados nativos.

DESARROLLO EXPERIMENTAL

Muestreo y aislamiento de hongos. Los aislados de *Trichoderma* se obtuvieron mediante trampas elaboradas con arroz como sustrato, siguiendo la metodología descrita por Vega-Acosta (2016). Previamente, el arroz fue sometido a tres lavados consecutivos con agua para remover el exceso de almidón y posteriormente se dejó secar a temperatura ambiente. El sustrato no fue sometido a cocción y se esterilizó directamente en autoclave a 121 °C durante 20 min antes de su utilización en las trampas. Para ello, se utilizaron vasos desechables cubiertos con tela de malla fijada con ligas en la abertura, cada uno con 30 g de arroz. Las trampas se colocaron en tres sitios del municipio de Chilpancingo, Guerrero, durante agosto y septiembre de 2025, bajo un arreglo en zigzag, a 30 cm de profundidad y con una separación de 3 m entre puntos de muestreo. Se instalaron 25 trampas en el Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero, 50 en la localidad de Palo Blanco y 50 en la localidad de Petaquillas, para un total de 125 trampas distribuidas entre los sitios de estudio.

Los sitios evaluados presentaron diferencias en cuanto al uso y manejo del suelo. La localidad de Palo Blanco correspondió a una parcela manejada bajo principios agroecológicos, caracterizada por un sistema de policultivo que integra agave, maíz, frijol, calabaza, árboles frutales y especies maderables. El manejo del sistema incluyó la aplicación de composta como fertilizante orgánico, la reducción del uso de agroquímicos mediante bioinoculantes, prácticas de labranza mínima y el monitoreo periódico de las condiciones del suelo. Por su parte, el Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero corresponde a un área destinada a la conservación y mantenimiento de diversas especies ornamentales, forestales y nativas, cuyo manejo se realiza mediante control físico de la vegetación no deseada, evitando el uso de agroquímicos para favorecer la conservación de la microbiota nativa del suelo. El abastecimiento de agua se realizó mediante riego manual. Adicionalmente, se evaluaron puntos de muestreo en la localidad de Petaquillas, correspondientes a áreas con vegetación espontánea y cobertura natural, sin antecedentes recientes de cultivo, aplicación de insumos agrícolas o prácticas de manejo agronómico, por lo que fueron consideradas zonas sin manejo productivo. Después de 10 días, las trampas se recuperaron y trasladaron al Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental de la Facultad de Ciencias Químico-Biológicas para su procesamiento.

Caracterización cultural y morfológica de los aislamientos. El aislamiento de los hongos se realizó mediante la recuperación del micelio desarrollado sobre la malla de las trampas, seguido de su transferencia por punción a cajas Petri con medio papa dextrosa agar (PDA; MCD LAB®). Los cultivos se incubaron a temperatura ambiente durante siete días y posteriormente se sometieron a purificación mediante cultivo monospórico hasta obtener aislamientos axénicos (García-Latorre y Poblaciones, 2024). Como referencia para los análisis morfológicos y moleculares, se incluyó un aislado proveniente del producto

comercial Trichozyme®, el cual fue considerado como control comercial. La caracterización cultural y morfológica se realizó a partir de cultivos monospóricos de siete días realizado en medio PDA, mediante evaluación cultural y microscópica de las estructuras reproductivas.

Caracterización molecular y análisis filogenético. El ADN genómico se obtuvo a partir de micelio fresco utilizando un kit Quick-DNA Fungal/Bacterial Miniprep (Zymo Research®). La región ITS (ITS1-5.8S-ITS2) del ADN ribosomal se amplificó mediante PCR con los oligonucleótidos SR6R (5'-AAGTAGAAGTCGTAACAAGG-3') y LR1 (5'-GGTTGGTTTCTTTTCCT-3'), obteniéndose amplicones cercanos a 700 pb (Guigón-López *et al.*, 2010). Los productos amplificados se purificaron y secuenciaron en ambos sentidos en el Instituto de Biotecnología de la Universidad Nacional Autónoma de México. Las secuencias obtenidas fueron editadas y ensambladas en BioEdit v7.0.9, mientras que la identificación preliminar se realizó mediante BLAST en GenBank del NCBI (Altschul *et al.*, 1990). Posteriormente, se construyó un árbol filogenético mediante el método de Maximum Likelihood con 1 000 réplicas de bootstrap en MEGA 7.0 (Madeira *et al.*, 2024), utilizando *Aspergillus niger* (LC632396.1) como grupo externo.

Diversidad de *Trichoderma* por lugar de muestreo. A partir del trampeo se recuperaron siete aislamientos nativos asociados al género *Trichoderma*, obtenidos únicamente en dos de los cuatro sitios evaluados (Cuadro 1). La presencia del género se registró en el Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero y en la localidad de Palo Blanco, mientras que en los dos sitios correspondientes a Petaquillas no se observó crecimiento compatible con *Trichoderma*. En Palo Blanco se recuperaron cinco aislados (AT5–AT9) a partir de 50 trampas, mientras que en el Jardín Botánico se obtuvieron dos aislados (AT1 y AT2) de un total de 25 trampas. Esta distribución sugiere una variabilidad espacial en la recuperación del género, posiblemente asociada a factores ambientales y edáficos, así como a diferencias en el manejo local del suelo. Se ha documentado que la abundancia de *Trichoderma* puede variar según temperatura, humedad, temporalidad del muestreo y características fisicoquímicas del suelo (Michel-Aceves *et al.*, 2009; López-López *et al.*, 2022).

Cuadro 1. Localización de sitios de muestreo y aislamientos de *Trichoderma* obtenidos del acuerdo al tipo de manejo del sitio de muestreo.

Sitio de muestreo	Tipo de manejo	Latitud N	Longitud	Trampas	Aislamientos obtenidos
Jardín Botánico UAGro	Conservación vegetal	17°32'17.3''	-99°29'38.7''	25	AT1, AT2
Palo Blanco	Sistema agroecológico	17°22'32.412''	-99°28'52.3''	50	AT5, AT6, AT7, AT8, AT9
Petaquillas	Vegetación natural sin manejo	17°29'04.4''	-99°27'26.5''	25	-
		17°29'11.9''	-99°28'02.8''	25	-
Control (Trichozyme®)	Producto comercial	-	-	-	TC

Caracterización cultural y morfológica. Las colonias mostraron crecimiento radial rápido, cubriendo completamente el medio PDA después del periodo de incubación. A nivel macroscópico, las colonias presentaron forma circular, textura algodonosa a pulverulenta y superficie plana, con presencia de anillos concéntricos en la mayoría de aislamientos. Las tonalidades del anverso variaron de blanco y amarillo hasta verde intenso, mientras que el reverso mostró tonalidades claras a amarillentas. En la caracterización microscópica se observaron hifas hialinas, conidióforos ramificados, fiálides ampuliformes

y conidios agrupados en diferentes configuraciones (Figura 1), características morfológicas compatibles con *Trichoderma* (Carrasco-López *et al.*, 2024; Castrejón-Noguerón, 2024). No obstante, debido a la similitud fenotípica entre especies y a la plasticidad morfológica del género, la identificación taxonómica basada exclusivamente en caracteres morfológicos puede resultar limitada (Surma *et al.*, 2025).

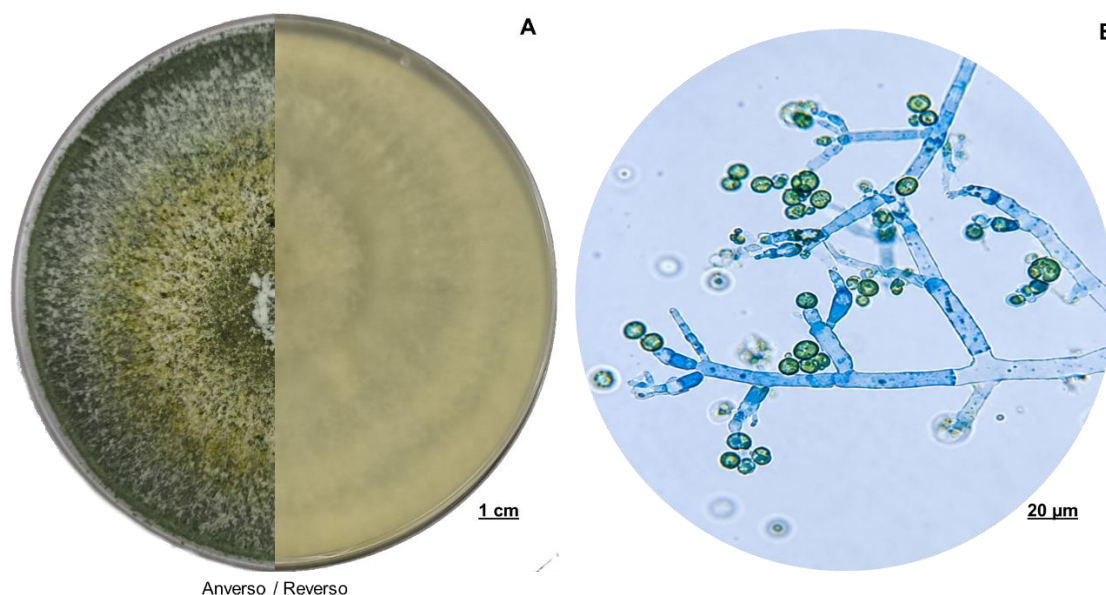


Figura 1. Caracterización morfológica representativa de *Trichoderma*. **A)** Morfología colonial observada en medio agar papa dextrosa (PDA), mostrando anverso y reverso de la colonia. **B)** Estructuras microscópicas observadas mediante la técnica de microcultivo y tinción con azul de lactofenol (100x), donde se aprecian hifas septadas, conidióforos ramificados, fiálides y conidios característicos del género *Trichoderma*.

Caracterización molecular. De acuerdo con el análisis molecular se identificó a *Trichoderma longibrachiatum*, *T. harzianum* y *T. asperelloides* de los aislados obtenidos (Cuadro 2). Las secuencias obtenidas fueron depositadas en GenBank bajo los números de acceso PZ281653–PZ281660, correspondientes a los aislamientos AT1, AT2, AT5, AT6, AT7, AT8, AT9 y TC (Cuadro 2). El árbol filogenético mostró agrupamientos consistentes con distintas especies del género (Figura 2). Los aislamientos AT8 y AT9 se agruparon con secuencias de referencia de *T. longibrachiatum*, mientras que AT2 se relacionó con *T. asperellum*. El aislamiento comercial (TC) se agrupó con *T. asperelloides*. Asimismo, AT5, AT6 y AT7 se asociaron con *T. harzianum*, mientras que AT1 se agrupó con *Hypocrea lixii*, estrechamente relacionada con *T. harzianum*, conformando el complejo *T. harzianum*/*H. lixii*. Este último representó el taxón predominante, con cuatro de los siete aislamientos recuperados y presencia en ambos sitios donde se registró el género.

Considerando el origen de los aislamientos, en la localidad de Palo Blanco se identificaron representantes de *T. harzianum*/*Hypocrea lixii* y *T. longibrachiatum*, mientras que en el Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero se identificaron *T. harzianum*/*H. lixii* y *T. asperellum*. En términos de riqueza específica, Palo Blanco presentó dos especies de *Trichoderma* distribuidas en cinco aislamientos, mientras que el Jardín Botánico presentó dos especies representadas por dos aislamientos. Estos resultados evidencian la presencia de especies nativas de *Trichoderma* asociadas a sitios con diferentes condiciones de manejo y uso del suelo.

Cuadro 2. Longitud, número de acceso GenBank y similitud de las secuencias ITS de aislamientos de *Trichoderma*.

Aislamiento	Longitud (pb)	N.º de acceso	Especie de alineamiento	% de identidad
AT1	595	PZ281653.1	<i>Hypocrea lixii</i>	98
AT2	569	PZ281654.1	<i>Trichoderma asperellum</i>	100
AT5	587	PZ281655.1	<i>Trichoderma harzianum</i>	97
AT6	588	PZ281656.1	<i>Trichoderma harzianum</i>	99
AT7	580	PZ281657.1	<i>Trichoderma harzianum</i>	98
AT8	611	PZ281658.1	<i>Trichoderma longibrachiatum</i>	97
AT9	605	PZ281659.1	<i>Trichoderma longibrachiatum</i>	100
TC	569	PZ281660.1	<i>Trichoderma asperelloides</i>	99

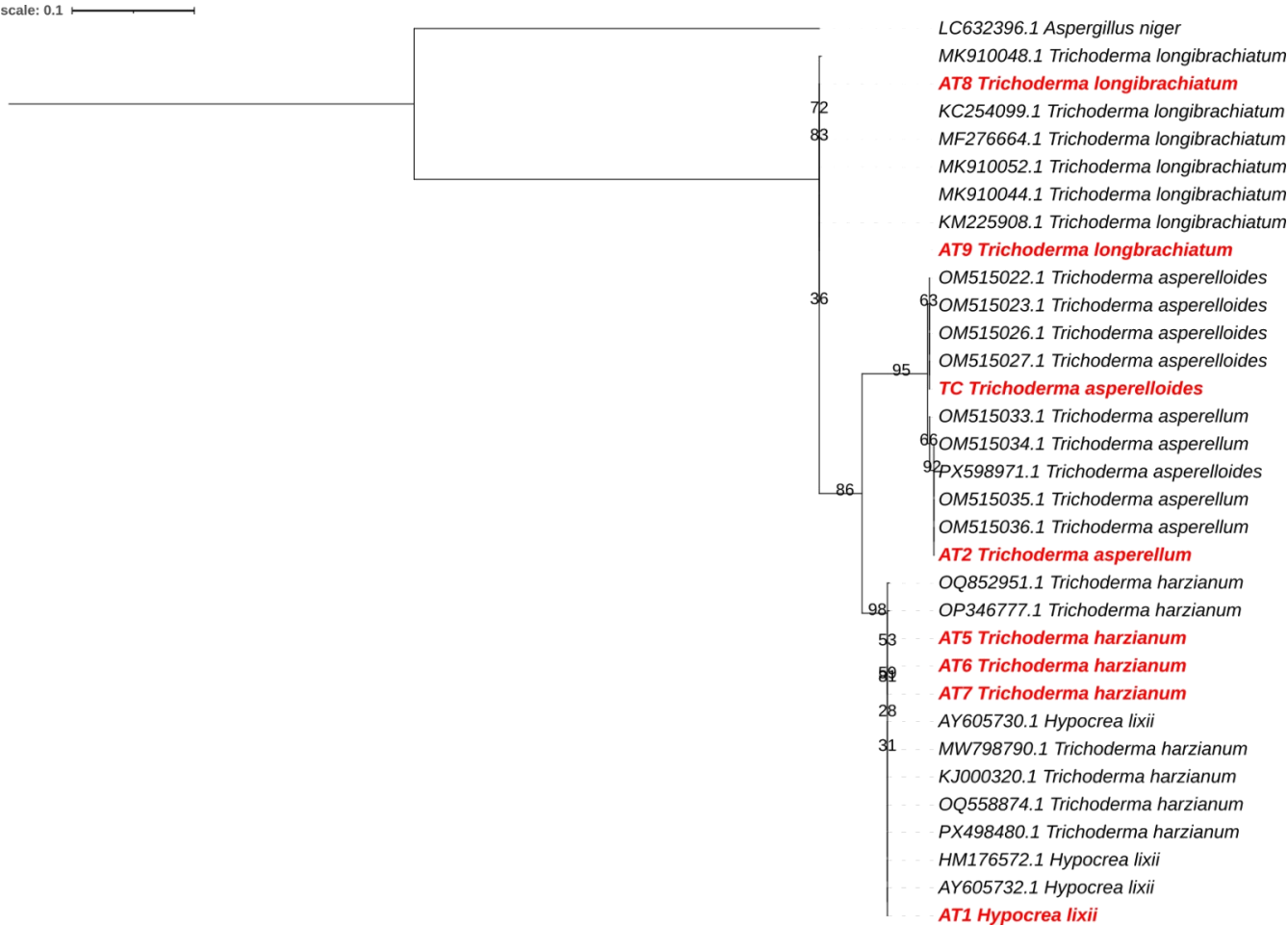


Figura 2. Árbol filogenético inferido a partir de secuencias de la región ITS (ITS1–5.8S–ITS2) de aislamientos de *Trichoderma* obtenidos en este estudio y secuencias de referencia recuperadas de GenBank. El análisis permitió agrupar los aislamientos dentro de los clados correspondientes a *T. longibrachiatum*, *T. asperelloides*, *T. asperellum*, *T. harzianum* e *Hypocrea lixii*. *Aspergillus niger* fue utilizado como grupo externo (outgroup) debido a su posición filogenética fuera del género *Trichoderma*, permitiendo el enraizamiento del árbol y la correcta interpretación de las relaciones evolutivas entre los aislamientos analizados. Los valores en los nodos representan el soporte de bootstrap (%) obtenido a partir de 1 000 réplicas.

Las especies identificadas coinciden con reportes previos realizados en México, donde *T. harzianum*, *T. asperellum* y *T. longibrachiatum* han sido registradas en distintos tipos de suelo y agroecosistemas, siendo consideradas especies de relevancia por su frecuente asociación con ambientes agrícolas (Guigón-López *et al.*, 2010; Romero-Rosales *et al.*, 2021; Sánchez-Miranda *et al.*, 2021; Ahedo-Quero *et al.*, 2024). En Guerrero, estudios previos han documentado especies similares asociadas a cultivos de jamaica y otros sistemas agrícolas (Romero-Rosales *et al.*, 2021), lo que sugiere que estos taxones forman parte de la microbiota edáfica regional. Diversos trabajos han señalado el potencial biotecnológico de estas especies como agentes de control biológico y promotores del crecimiento vegetal, debido a su capacidad antagonista frente a fitopatógenos y a la producción de metabolitos de interés agrícola (Poveda, 2021; Afrouz *et al.*, 2023; Jambhulkar *et al.*, 2024). En particular, la predominancia del complejo *T. harzianum*/*H. lixii* observada en este estudio coincide con reportes que destacan su amplia adaptabilidad ecológica y frecuente recuperación en ambientes agrícolas (Ismaiel *et al.*, 2024).

En este contexto, cabe mencionar que la recuperación de aislamientos varió entre los sitios evaluados, observándose una mayor frecuencia en la localidad de Palo Blanco, donde se obtuvieron cinco de los siete aislamientos recuperados. Este sitio se caracteriza por un manejo basado en principios agroecológicos, incluyendo la diversificación de cultivos, el uso de composta y una menor dependencia de insumos químicos. Diversos autores han señalado que prácticas de este tipo pueden contribuir al mantenimiento de comunidades microbianas más diversas y funcionales debido al incremento de la materia orgánica y a una menor perturbación del suelo (Gupta *et al.*, 2022; Kinsbergen *et al.*, 2025). Aunque los resultados obtenidos no permiten establecer una relación directa entre el manejo y la presencia de *Trichoderma*, la mayor recuperación de aislamientos en Palo Blanco coincide con lo reportado para sistemas donde se favorece la conservación de la actividad biológica del suelo.

CONCLUSIONES

El análisis molecular basado en la región ITS, complementado con la secuenciación y el análisis filogenético, permitió identificar los aislamientos obtenidos en el Jardín Botánico de la Universidad Autónoma de Guerrero como *Trichoderma harzianum*/*Hypocrea lixii* y *T. asperellum*, mientras que los aislados recuperados en la localidad de Palo Blanco correspondieron a *T. harzianum*/*H. lixii* y *T. longibrachiatum*. El complejo *T. harzianum*/*H. lixii* fue el taxón predominante, representando el 57.1 % de los aislamientos recuperados.

Los resultados obtenidos amplían el conocimiento sobre la diversidad de especies nativas de *Trichoderma* presentes en sitios con diferentes condiciones de manejo y uso del suelo en el municipio de Chilpancingo de los Bravo, Guerrero, incluyendo sistemas agroecológicos y áreas de conservación vegetal. Asimismo, aportan información sobre la distribución local de este género en la región. Sin embargo, dado que el presente estudio se limitó al aislamiento, caracterización morfológica e identificación molecular de los aislados, el posible potencial biotecnológico de los aislamientos obtenidos deberá ser corroborado mediante estudios posteriores de antagonismo, producción de metabolitos y evaluación funcional.

Limitaciones. El presente estudio representa una aproximación inicial a la diversidad de *Trichoderma* en tres sitios con diferentes condiciones de manejo y uso del suelo en el

municipio de Chilpancingo de los Bravo. Entre las limitaciones metodológicas se encuentran el número de sitios evaluados, el tamaño de muestreo y el uso exclusivo de la región ITS como marcador molecular, el cual puede presentar limitaciones para discriminar especies estrechamente relacionadas dentro del género. Estudios futuros deberían incorporar enfoques multilocus que incluyan marcadores como TEF1- α y RPB2 para incrementar la resolución taxonómica.

Conflicto de interés. Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés con respecto a la investigación, autoría y/o publicación de esta Nota.

Financiamiento. La presente investigación fue financiada parcialmente mediante una beca de la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) y con recursos complementarios aportados por el autor de correspondencia para el desarrollo experimental y analítico del estudio.

Agradecimientos. Agradecemos a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación por otorgar una beca a Jatsiris A. Meza-Silva (CVU: 2071621). Los autores también agradecen a Cristian A. Ramírez por su apoyo técnico.

Contribución de los autores. Conceptualización y diseño del estudio: Meza-Silva, Reyes-Ríos y Toribio-Jiménez. Trabajo experimental y adquisición de datos: Meza-Silva, Toledo-Hernández y Martínez-Galero. Análisis molecular y filogenético: León-Rodríguez, Patricio-Hernández y Meza-Silva. Análisis e interpretación de resultados: todos los autores. Escritura del borrador original: Meza-Silva, Patricio-Hernández y Toribio-Jiménez. Revisión, edición y aprobación de la versión final: todos los autores.

REFERENCIAS

- Afrouz M, Savyed RZ, Fazeli-Nasab B, Piri R, Almaliki WH, *et al.* 2023. Seed bio-priming with beneficial *Trichoderma harzianum* alleviates cold stress in maize. *PeerJ* 11:e15644. <https://doi.org/10.7717/peerj.15644>
- Ahedo-Quero HO, Aquino-Bolaños T, Ortiz-Hernández YD and García-Sánchez E. 2024. *Trichoderma* diversity in Mexico: a systematic review and meta-analysis. *Diversity* 16:68. <https://doi.org/10.3390/d16010068>
- Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW and Lipman DJ. 1990. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215:403–410. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Banerjee S and van der Heijden MGA. 2023. Soil microbiomes and one health. *Nature Reviews Microbiology* 2: 6–20. <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00779-y>
- Cai F and Druzhinina IS. 2021. In honor of John Bissett: authoritative guidelines for molecular identification of *Trichoderma*. *Fungal Diversity* 107:1–69. <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00464-4>
- Carrasco-López A, Romero-Ramírez Y, López-Barrera JA, Moreno-Terrazas-Casildo RD, Ramírez-Peralta A, *et al.* 2024. The use of native yeasts to improve the organoleptic characteristics and yield of artisanal mezcal. *Agro Productividad* 17:167–176. <https://doi.org/10.32854/agrop.v17i4.2755>
- Castrejón-Noguerón LA. 2024. Estandarización de microcultivos de *Aspergillus sydowii* para la localización de hidrofobinas fusionadas con proteínas fluorescentes. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Morelos, México. <https://riaa.uaem.mx/handle/20.500.12055/4592>. Consulta: abril 2026
- Cucu MA, Choudhary R, Trkulja V, Garg S and Matic S. 2025. Utilizing environmentally friendly techniques for the sustainable control of plant pathogens: a review. *Agronomy* 15:1551. <https://doi.org/10.3390/agronomy15071551>
- García-Latorre C and Poblaciones MJ. 2024. Isolation, identification, and application of endophytic fungi from *Lavandula stoechas* L.: mitigating salinity stress in hydroponic winter cereal fodder. *Agronomy* 14:2501. <https://doi.org/10.3390/agronomy14112501>
- García-Núñez HG, Martínez-Campos ÁR, Hermosa-Prieto MR, Monte-Vázquez E, Aguilar-Ortigoza CJ and González-Esquivel CE. 2017. Morphological and molecular characterization of native isolates of *Trichoderma* and its potential biocontrol against *Phytophthora infestans*. *Revista Mexicana de Fitopatología* 35:1–19. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1605-4>

- Guigón-López C, Guerrero-Prieto V, Vargas-Abores F, Carvajal-Millán E, Ávila-Quezada GD, *et al.* 2010. Identificación molecular de cepas nativas de *Trichoderma* spp., su tasa de crecimiento *in vitro* y antagonismo contra hongos fitopatógenos. Revista Mexicana de Fitopatología 28:87–96. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0185-33092010000200002.
- Gupta A, Singh UB, Sahu PK, Paul S, Kumar A, *et al.* 2022. Linking soil microbial diversity to modern agriculture practices: a review. International Journal of Environmental Research and Public Health 19:3141. <https://doi.org/10.3390/ijerph19053141>
- Illescas M, Pedrero-Méndez A, Pitorini-Bovolini M, Hermosa R and Monte E. 2021. Phytohormone production profiles in *Trichoderma* species and their relationship to wheat plant responses to water stress. Pathogens 10:991. <https://doi.org/10.3390/pathogens10080991>
- Ismaiel A, Lakshman DK, Jambhulkar PP and Roberts DP. 2024. *Trichoderma*: population structure and genetic diversity of species with high potential for biocontrol and biofertilizer applications. Applied Microbiology 4:875–893. <https://doi.org/10.3390/applmicrobiol4020060>
- Jambhulkar PP, Singh B, Raja M, Ismaiel A, Lakshman DK, *et al.* 2024. Genetic diversity and antagonistic properties of *Trichoderma* strains from the crop rhizospheres in southern Rajasthan, India. Scientific Reports 14:8610. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-58302-5>
- Kinsbergen DTP, Kooijman AM, Morriën E, English K and Oostermeijer JGB. 2025. Abiotic and biotic drivers of soil microbial diversity in an intensively grazed natural ecosystem. npj Biodiversity 4:10. <https://doi.org/10.1038/s44185-025-00081-x>
- Kubiak A, Wolna-Maruwka A, Pilarska AA, Niewiadomska A and Piotrowska-Cyplik A. 2023. Fungi of the *Trichoderma* genus: future perspectives of benefits in sustainable agriculture. Applied Sciences 13:6434. <https://doi.org/10.3390/app13116434>
- López-López ME, Del Toro-Sánchez CL, Gutiérrez-Lomelí M, Ochoa-Ascencio S, Aguilar-López JA, *et al.* 2022. Isolation and characterization of *Trichoderma* spp. for antagonistic activity against avocado (*Persea americana* Mill) fruit pathogens. Horticulturae 8:714. <https://doi.org/10.3390/horticulturae8080714>
- López-López ME, Del Toro-Sánchez CL, Ochoa-Ascencio S, Aguilar-López JA, Martínez-Cruz O, *et al.* 2023. Antagonism of *Trichoderma* strains isolated from Tanaxuri, Michoacán, Mexico against postharvest pathogens of avocado fruits (*Persea americana* Mill). Biotecnia 25: 24-33. <https://doi.org/10.18633/biotecnia.v25i1.1726>
- Madeira F, Madhusoodanan N, Lee J, Eusebi A, Niewielska A, *et al.* 2024. The EMBL-EBI Job Dispatcher sequence analysis tools framework in 2024. Nucleic Acids Research 52: 521–525. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae241>
- Matas-Baca MÁ, Flores-Córdova MA, Pérez-Álvarez S, Rodríguez-Roque MJ, Salas-Salazar NA, *et al.* 2023. *Trichoderma* fungi as an agricultural biological control in Mexico. Revista Chapingo Serie Horticultura 29:79–114. <https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2022.11.015>
- Michel-Aceves AC, Otero-Sánchez MA, Solano-Pascacio LY, Ariza-Flores R, Barrios-Ayala A y Rebolledo-Martínez A. 2009. Biocontrol *in vitro* con *Trichoderma* spp. de *Fusarium subglutinans* y *Fusarium oxysporum*, agentes causales de la “escoba de bruja” del mango (*Mangifera indica* L.). Revista Mexicana de Fitopatología 27:18–26. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0185-33092009000100003. Consulta: mayo 2026
- Michel-Aceves AC, Otero-Sánchez MA, Ariza-Flores R, Barrios-Ayala A y Mora-Aguilera JA. 2013. Eficiencia biológica de cepas nativas de *Trichoderma* spp. en el control de *Sclerotium rolfsii* Sacc. en cacahuete. Acta Agrícola y Pecuaria 1:39–46. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=83728497008>. Consulta: mayo 2026
- Natsiopoulos D, Topalidou E, Mantzoukas S and Eliopoulos PA. 2024. Endophytic *Trichoderma*: potential and prospects for plant health management. Pathogens 13:548. <https://doi.org/10.3390/pathogens13070548>
- Poveda J. 2021. *Trichoderma* as biocontrol agent against pests: new uses for a mycoparasite. Biological Control 159:104634. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2021.104634>
- Romero-Rosales T, Acuña-Soto J, Azuara-Domínguez A, Lázaro-Dzul MO, Monteón-Ojeda A, *et al.* 2021. Identification and *in vitro* antagonism evaluation of native strains of *Trichoderma* spp. on phytopathogenic fungi associated with chalice spot in jamaica (*Hibiscus sabdariffa* L.). Tropical and Subtropical Agroecosystems 24:3518. <https://doi.org/10.56369/tsaes.3518>
- Sánchez-Miranda MD, Moreno-Mayorga LF and Páramo-Aguilera LA. 2021. Identificación morfológica y molecular de especies autóctonas de *Trichoderma* spp. aisladas de suelos de importancia agrícola. El Higo Revista Científica y Tecnológica 11:26–42. <https://doi.org/10.5377/elhigo.v11i1.11715>
- Shao Y, Gu S, Peng H, Zhang L, Li S, *et al.* 2025. Synergic interactions between *Trichoderma* and the soil microbiomes improve plant iron availability and growth. npj Biofilms and Microbiomes 11:56. <https://doi.org/10.1038/s41522-025-00684-z>
- Surma S, Misbah SH, Dar MS, Padder BA, Khan I, *et al.* 2025. Morpho-cultural and molecular characterization of *Trichoderma* species from the northwestern Himalayan apple rhizosphere of India. Scientific Reports 15:26320. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-12086-4>
- Torres-De la Cruz M, Ortiz-García CF, Bautista-Muñoz C, Ramírez-Pool JA, Ávalos-Contreras N, *et al.* 2015. Diversidad de *Trichoderma* en el agroecosistema cacao del estado de Tabasco, México. Revista Mexicana de Biodiversidad 86:1048–1057. <https://doi.org/10.1016/j.rmb.2015.07.012>

- Vega-Acosta JP. 2016. Evaluación de microorganismos nativos en el proceso de degradación de materia orgánica en compostaje del relleno sanitario en el GAD del cantón de La Joya de los Sachas. Tesis de Licenciatura. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Riobamba, Ecuador. <https://dspace.esPOCH.edu.ec/items/09f69d29-f5fe-457e-8ca1-7c03a9d7dd1>. Consulta: abril 2026
- Wezel A, Gemmill-Herren B, Bezner R, Barrios E, Rodrigues AL, Sinclair F. 2020. Agroecological principles and elements and their implications for transitioning to sustainable food systems. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 40: 40. <https://doi.org/10.1007/s13593-020-00646-z>
- Yao X, Guo H, Zhang K, Zhao M, Ruan J and Chen J. 2023. *Trichoderma* and its role in biological control of plant fungal and nematode disease. *Frontiers in Microbiology* 14:1160551. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1160551>
- Zin NA and Badaluddin NA. 2020. Biological functions of *Trichoderma* spp. for agriculture applications. *Annals of Agricultural Sciences* 65:168–178. <https://doi.org/10.1016/j.aoas.2020.09.003>