

La investigación reportada en esta tesis es parte de los programas de investigación del CICESE (Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California).

La investigación fue financiada por el SECIHTI (Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación).

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México). El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo o titular de los Derechos de Autor.

CICESE© 2025. Todos los derechos reservados.

**Centro de Investigación Científica y de Educación
Superior de Ensenada, Baja California**



**Maestría en Ciencias
en Ciencias de la Vida**

**Estudio de la diversidad fúngica tolerante a pireno,
aislada de la rizósfera de *Salicornia* spp., y su interacción
con bacterias halófilas hidrocarbonoclastas**

Tesis
para cubrir parcialmente los requisitos necesarios para obtener el grado de
Maestra en Ciencias

Presenta:

Marilyn Yahayra Maturano Flores

Ensenada, Baja California, México
2025

Tesis defendida por
Marilyn Yahayra Maturano Flores

y aprobada por el siguiente Comité

Dr. Gilberto Curlango Rivera
Codirector de tesis

Dra. Hortencia Silva Jiménez
Codirectora de tesis

Dra. Olga Alicia Callejas Negrete

Mtro. Alejandro Hinojosa Corona



Dr. Edgardo Alfredo Sepúlveda Sánchez Hidalgo
Coordinador del Posgrado en Ciencias de la Vida

Dra. Ana Denise Re Araujo
Directora de Estudios de Posgrado

Resumen de la tesis que presenta **Marilyn Yahayra Maturano Flores** como requisito parcial para la obtención del grado de Maestra en Ciencias en Ciencias de la Vida.

Estudio de la diversidad fúngica tolerante a pireno, aislada de la rizósfera de *Salicornia* spp., y su interacción con bacterias halófilas hidrocarbonoclastas

Resumen aprobado por:

Dr. Gilberto Curlango Rivera
Codirector de tesis

Dra. Hortencia Silva Jiménez
Codirectora de tesis

El crecimiento humano, la industrialización y la expansión del transporte han dañado ecosistemas terrestres y acuáticos. Entre las principales fuentes de contaminación están los hidrocarburos, y sus derivados usados en industrias como la agrícola, marítima y portuaria, además de aguas residuales. Los componentes predominantes en los residuos de las fuentes de contaminación antes mencionadas son los Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos (HAPs), incluido el pireno, los cuales representan un importante riesgo para la salud de los seres humanos y zonas de alta importancia ecológica como los estuarios. Tomando en cuenta lo anterior, es necesario implementar y promover estrategias con un mayor alcance de remediación de los ecosistemas usando plantas nativas y a los microorganismos asociados a ellas. En este trabajo, se realizó un estudio de caracterización de especies fúngicas cultivables en pireno y aislados de la rizósfera de la planta halófila *Salicornia* spp. del Estero Punta Banda, Ensenada, Baja California, México. De igual manera, se estudió la interacción de los hongos aislados de *Salicornia* spp. con las cepas bacterianas halófilas hidrocarbonoclastas *Salinicola tamaricis* CSA4-1, *Microbacterium esteraromaticum* CSA25y *Kocuria* sp. HC51 aisladas de sedimentos marinos de la Costa Noroccidental de Baja California. Se aislaron 19 hongos filamentosos tolerantes a pireno, de los cuales *Fusarium* sp. cepa SsA14 y *Aspergillus* sp. cepa Ss27 interactuaron de manera positiva con las bacterias hidrocarbonoclastas mencionadas anteriormente. La identificación molecular sugirió las especies *Fusarium equiseti* y *Aspergillus ochraceus*, las cuales son candidatas potenciales para continuar estudios de interacción planta-bacteria-hongo que permitan eficientizar la fitorremediación de ambientes acuáticos contaminados con pireno.

Palabras clave: pireno, biorremediación, Estero Punta Banda, *Salicornia*, hongos

Abstract of the thesis presented by **Marilyn Yahayra Maturano Flores** as a partial requirement to obtain the Master of Science degree in Life Sciences

Study of pyrene-tolerant fungal diversity isolated from the rhizosphere of *Salicornia* spp., and its interaction with hydrocarbonoclastic halophyte bacteria

Abstract approved by:

Dr. Gilberto Curlango Rivera
Thesis codirector

Dra. Hortencia Silva Jiménez
Thesis codirector

Terrestrial and aquatic ecosystems have been polluted by human development, such as urban growth and industrialization. Hydrocarbons derived from agriculture, the marine industry, and port activities are the primary sources of pollution. The predominant components of hydrocarbon pollutants are Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs), including pyrene, which threaten human health and ecological conservancy, such as estuaries. The abovementioned highlights the need to implement and promote remediation strategies using native plants and their associated microbiome. This study focused on characterizing the pyrene-cultivable fungi associated with the rhizosphere of *Salicornia* spp. from the Punta Banda Estuary, Ensenada, Baja California. Also, interaction studies were carried out between the fungal isolates and the hydrocarbonoclastic halophyte bacteria species *Salinicola tamaricis* CSA4-1, *Microbacterium esteraromaticum* CSA25 and *Kocuria* sp. HC51 isolated from marine sediments. Nineteen filamentous pyrene-tolerant fungi were isolated, from which *Fusarium* sp. SsA14 and *Aspergillus* sp. Ss27 strains had a positive interaction with all bacteria. Molecular identification suggested that *Fusarium equiseti* and *Aspergillus ochraceus* have the potential for future plant-bacteria-fungi interaction studies, which will generate knowledge to increase the efficiency of phytoremediation applications in aquatic environments.

Keywords: pyrene, bioremediation, Punta Banda Estuary, *Salicornia*, fungi.

Dedicatoria

A Sam, porque tu llegada a este mundo revolucionó el mío.

A todos los activistas ambientales que fueron silenciados, y a aquellos que todos los días luchan y levantan la voz por la Madre Tierra.

Agradecimientos

Agradezco al Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California, por darme la oportunidad de entrar al posgrado en Ciencias de la Vida a pesar de ser Ing. Petrolera. A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación, por la beca proporcionada para solventar a esta investigación.

Agradezco a mis directores Dr. Gilberto Curlango y Dra. Hortencia Silva, por haberme aceptado como hija académica e inducirme al maravilloso mundo de los hongos, y gracias por preocuparse siempre por nuestra estabilidad emocional. Al Dr. Gilberto, por la paciencia con la que dirigió este trabajo, por habernos impulsado a tomar esas maravillosas técnicas de meditación. A la Dra. Hortencia, por haberme compartido los conocimientos que siguieron cultivando en mí ese gran interés por la biorremediación.

Agradezco a la Dra. Olga Callejas, por toda la paciencia y dedicación con la que resolvió mis dudas. Al Mtro. Alejandro Hinojosa, gracias por apoyarme con la información que complementó el mapa de mi trabajo. Al M.C Hiram Moreno, por habernos apoyado en el reconocimiento de las zonas de muestreo y en la colecta de las plantas. Al Dr. Diego Delgado, por haberme compartido técnicas de microscopía y de edición de imágenes. Al Técnico de microbiología, Elías Cruz y al M.C Rodrigo Chiriboga, gracias por la orientación en la parte molecular.

A la psicóloga Yahaira Castañeda, gracias por ayudarme a fortalecer mis capacidades, por enseñarme a comprender lo capaz y fuerte que puedo ser. Gracias por darme las herramientas que me ayudaron a forjar la resiliencia que me permitió terminar la maestría.

A mi Dr. Coral, Alexis Trejo, gracias por haber sido mi compañero, mi consejero, mi mejor amigo; por haber sido mi pilar y haber crecido emocionalmente conmigo. Por impulsarme siempre a salir de mi cascarón, por estar ahí cada vez que me rompía y ayudarme a armar lo que quedaba de mí.

A mis hermanos académicos Yaneth Santiago (Aby), Mariann Samaniego y Noé García, les agradezco por todo el apoyo y las risas que nunca faltaban. A Aby, por ser una de mis mejores amigas. Te admiro por ser tan resiliente; ha sido muy bello verte crecer y hacerte fuerte en este ambiente científico. A Mariann, gracias por ser una excelente compañera de laboratorio, por la paciencia con la que me guiaste durante las pruebas moleculares. Al M.C Ulises López y al Biol. Diego González, gracias por ser

buenos amigos, por siempre tan amables y por la enorme paciencia con la que me guiaron en el laboratorio.

A Ceci Madrigal, por ser otra de las mejores amigas que hice en esta etapa de mi vida, gracias por siempre ser tan dulce y paciente conmigo. Por todo el soporte que me diste en los momentos más duros que viví. A Paulette Segovia, por ser una increíble amiga y un apoyo, y por enseñarme que la maternidad no está peleada con la ciencia.

A mis roomies, Alberto, Viki, Michelle y Yael, les agradezco infinitamente todos los consejos, el cariño y todas las veces que estuvieron para mí cuando ya no podía más. Gracias por ser parte de mi crecimiento emocional. Gracias por ser mi otra familia.

A mis papás, Alfonso y Sofi, por el amor incondicional que siempre me dan, por enseñarme a perseguir mis sueños. Gracias por esos mensajes diarios de absoluto amor, soy tan afortunada de tenerlos como padres. A mis hermanos Edwin, Paul, Elena, Brandon y Ayrton, gracias por siempre estar conmigo, por hacerme sentir que están orgullosos de mí. Gracias por ser uno de los pilares más fuertes que me sostienen.

A Samantha, la luz de mi vida, gracias por llenar mi corazón con tu risa y tu amor. Gracias por cada juego y risa que compartimos a pesar de estar lejos. Ver tus fotos o escuchar tu voz me ayudaron a querer seguir adelante, a no rendirme. Por ti es que quiero un mundo bonito y limpio.

A las doctoras Lorena Durán y Noemí Sánchez, por escucharme, apoyarme y animarme a no desistir después de aquel incidente.

A los amigos increíbles que hice durante la maestría Oscar, Kari, Mayca, Sophie, Lolis, Mayra, Ari y al Sr. Rafa, gracias por el apoyo incondicional y por hacer tan divertida esta experiencia.

Gracias, Madre Tierra, por ayudarme a comprender que pertenezco más al reino de los hongos que al mundo de las rocas.

Tabla de contenido

Página

Resumen en español.....	ii
Resumen en inglés.....	iii
Dedicatoria.....	iv
Agradecimientos.....	v
Lista de figuras.....	x
Lista de tablas.....	xiii
Capítulo 1. Introducción.....	1
1.1 Contaminación de ambientes acuáticos.....	1
1.2 Origen de los hidrocarburos.....	1
1.3 Biorremediación.....	3
1.3.1 Rizósfera.....	4
1.4 Antecedentes.....	7
1.4.1 Diversidad bacteriana hidrocarbonoclasta cultivable en la Costa de Baja California.....	10
1.4.2 <i>Salinicola tamaricis</i>	10
1.4.3 <i>Microbacterium esteraromaticum</i>	11
1.4.4 <i>Kocuria</i> sp.....	11
1.5 Estero Punta Banda.....	12
1.5.1 <i>Salicornia</i> spp.....	12
1.6 Justificación.....	14
1.7 Hipótesis.....	15
1.8 Objetivo general.....	15
1.8.1 Objetivos específicos.....	15
Capítulo 2. Metodología.....	16

2.1	Trabajo de campo.....	16
2.2	Medios de cultivo.....	17
2.2.1	Medio de cultivo para aislamiento de hongos de la rizósfera	18
2.2.2	Medio cultivo para crecimiento de hongos en pireno como única fuente de carbono....	18
2.2.3	Medio de cultivo para microcultivos y resguardo de las cepas	19
2.2.4	Medio de cultivo para interacción bacteria-hongo.....	19
2.2.5	Medio de cultivo para crecimiento de micelio y extracción de ADN.....	19
2.3	Aislamiento de microorganismos fúngicos del suelo rizosférico de <i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>	20
2.3.1	Siembras en Medio mínimo, pireno y NaCl (MM-G-P)	20
2.3.2	Siembras en Medio mínimo, sin glucosa, pireno y NaCl (MM-P).....	21
2.4	Caracterización morfológica de hongos crecidos en pireno	21
2.4.1	Microcultivos.....	21
2.5	Ensayos de interacción entre cepas bacterianas halófilas hidrocarbonoclastas y especies fúngicas crecidas en pireno.....	22
2.6	Caracterización molecular de hongos seleccionados.....	23
2.6.1	Extracción de ADN genómico.....	23
2.6.2	Amplificación de la región ITS, factor de elongación (EF) y β -tubulina (β t) por PCR punto final.....	24
2.6.3	Análisis bioinformático.....	25
Capítulo 3.	Resultados y discusión	26
3.1	Crecimiento en medio con pireno y glucosa.....	26
3.2	Crecimiento en medio con pireno y sin glucosa	27
3.3	Identificación morfológica	28
3.3.1	<i>Fusarium</i> spp.	29
3.3.2	<i>Aspergillus</i> spp.....	32
3.3.3	<i>Penicillium</i> spp.....	34
3.3.4	<i>Trichoderma</i> sp.....	36

3.3.5	<i>Cladosporium</i> sp.....	37
3.3.6	<i>Colletotrichum</i> sp.	38
3.3.7	<i>Acremonium</i> sp.....	39
3.3.8	<i>Neophaeothea</i> sp.....	40
3.3.9	<i>Rhodotorula</i> sp.	41
3.4	Interacción hongo-bacteria.....	42
3.4.1	Interacción de cepas fúngicas seleccionadas del posible rizoplano con <i>Salinicola tamaricis</i> CSA4-1.....	42
3.4.2	Interacción de las cepas fúngicas seleccionadas del posible rizoplano con <i>Microbacterium esteraromaticum</i> CSA25	44
3.4.3	Interacción de las cepas fúngicas seleccionadas del posible rizoplano con <i>Kocuria</i> sp. HC51.....	46
3.5	Identificación molecular de las cepas fúngicas seleccionadas.....	49
3.5.1	Identificación molecular de <i>Fusarium</i> sp. cepa SsA14	51
3.5.2	Identificación molecular de <i>Trichoderma</i> sp. cepa SpA18	53
3.5.3	Identificación molecular de <i>Aspergillus</i> sp. cepa SsA27.....	54
Capítulo 4.	Conclusiones.....	56
	Literatura citada	57
	Anexos	73

Lista de figuras

Tabla	Página
Figura 1. Mecanismos de degradación ejecutados por las especies vegetales. Peralta-Pérez & Volke-Sepúlveda, 2012; Sarma et al., 2019. Imagen elaborada en BioRender por Maturano-Flores, 2025.	4
Figura 2. Microhábitats en la interacción raíz-suelo. A) Imagen ilustrativa del sistema radicular de <i>Salicornia</i> sp. (ápice de la raíz, flecha roja) B) Componentes del ápice de la raíz (vellosidad radicular, flecha azul). C) Rizoplasma; microorganismos epífitos (flecha morada). Guzmán Duchén & Montero Torres, 2021; Hawes et al., 2012; Long-Jun et al., 2019. Imagen en elaborada en BioRender por Maturano-Flores, 2025.	5
Figura 3. <i>Salicornia</i> spp. del Estero Punta Banda, Baja California, México. Fotografía por Maturano-Flores, 2023.	13
Figura 4. A) Sitios de muestreo del Estero Punta Banda. Triángulos verdes: distribución del género <i>Salicornia</i> según la CONABIO. Fuente: http://geoportal.conabio.gob.mx/metadatos/doc/html/plantas.html . Líneas azules: Arroyo Las Ánimas y San Carlos. Fuente: Hinojosa-Corona, comunicación personal, 29 de mayo de 2024. Mapa elaborado por Maturano-Flores & Hinojosa-Corona, 2024. B) Zona de muestreo Reserva Lengüeta Arenosa (círculos púrpuras). C) Zona de muestreo Arroyo Las Ánimas (círculos rojos). Fotografías por Maturano-Flores, 2023.	16
Figura 5. A) <i>Salicornia pacífica</i> . Se encuentra principalmente en marisma media a alta. B) <i>Salicornia subterminalis</i> . Se encuentra principalmente en marisma alta. Fotografías por Maturano-Flores, 2023.	17
Figura 6. Crecimiento de micelio en microcultivo en medio PDA-S. Fotografía por Maturano-Flores, 2024.	22
Figura 7. Diagrama de inoculación de bacteria y hongo para ensayos de interacción. A) Bacteria. B) Hongo. C) Interacción bacteria-hongo. Imagen elaborada en BioRender por Maturano-Flores, 2024.	23
Figura 8. Crecimiento de micelio en medio MM-G-P a las 48 horas. B) Raíz colonizada por un hongo filamentosos. Imagen tomada con el estereomicroscopio OLYMPUS SZX12.	27
Figura 9. Cepas fúngicas seleccionadas que crecieron en pireno.	27
Figura 10. Morfología colonial y microestructura de <i>Fusarium</i> spp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de <i>S. pacífica</i> y <i>S. subterminalis</i> colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de <i>Fusarium</i> sp. cepa SpR7. A-1) Macroconidias e hifas de <i>Fusarium</i> sp. cepa SpR7. B) Morfología colonial de <i>Fusarium</i> sp. cepa SsA14. B-1) Macroconidias e hifas de <i>Fusarium</i> sp. cepa SsA14, C) Morfología colonial de <i>Fusarium</i> sp. cepa SpA17. C-1) Macroconidias e hifas de <i>Fusarium</i> sp. cepa SpA17. D) Morfología colonial de <i>Fusarium</i> sp. cepa SpA21 y SpA24. D-1) Macroconidias e hifas de <i>Fusarium</i>	

- sp. cepa SpA21 y SpA24. E) Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpA22 y SpR34. E-1) Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpA22 y SpR34. F) Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpA32. F-1) Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpA32. Barra de escala de 25 μm .
..... 31
- Figura 11. Morfología colonial y microestructuras de *Aspergillus* sp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y SpA20. A-1) Conidióforo e hifas de *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y SpA20. A-2) Cleistotecio de *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y SpA20. Barra de escala 50 μm 33
- Figura 12. Morfología colonial y microestructuras de *Aspergillus* spp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonia de *Aspergillus* sp. cepa SsA16 y SsA27. A-1) Conidióforo de *Aspergillus* sp. cepa SsA16 y SsA27. B) Morfología colonial de *Aspergillus* sp. cepa SpA25. B-1) Conidióforo de *Aspergillus* sp. cepa SpA25. Barra de escala 50 μm 33
- Figura 13. Morfología colonial y microestructuras de *Penicillium* spp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de *Penicillium* sp. cepa SpR11, SsA29 y SpA31. A-1) Conidióforos de *Penicillium* sp. cepa SpR11, SsA29 y SpA31. B) Morfología colonia de *Penicillium* sp. cepa SpA28. B-1) Conidióforo de *Penicillium* sp. cepa SpA28. Barra de escala 25 μm 35
- Figura 14. Morfología colonial y microestructuras de *Trichoderma* sp., *Cladosporium* sp., *Colletotrichum* sp. y *Acremonium* sp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y SpA23. A-1) Estructuras de *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y SpA23. B) Morfología colonial de *Cladosporium* sp. cepa SpR12 y SsA26. B-1) Fascículo de conidióforo de *Cladosporium* sp. cepa SpR12 y SsA26. C) Morfología colonial de *Colletotrichum* sp. cepa SpA19. C-1) Conidias de *Colletotrichum* sp. cepa SpA19. D) Morfología colonial de *Acremonium* sp. cepa SsA15. D-1) Conidias de *Acremonium* sp. cepa SsA15. Barra de escala 25 μm 37
- Figura 15. Morfología colonial y microestructuras de *Neophaeothea* sp. y *Rhodotorula* sp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de *Neophaeothea* sp. cepa SsA6. A-1) Endoconidios de *Neophaeothea* sp. cepa SsA6. B) Morfología colonial de *Rhodotorula a* sp. cepa SpA4. B-1) Células de *Rhodotorula a* sp. cepa SpA4. Barra de escala 10 μm 40
- Figura 16. Interacción entre *Salinicola tamaricis* CSA4-1 y *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 o *Trichoderma* sp. cepa SpA18. I) *S. tamaricis* CSA4-1. II) *Fusarium* sp. cepa SsA14. III) Interacción *S. tamaricis* CSA4-1 y *Fusarium* sp. cepa SsA14. IV) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. V) Interacción *S. tamaricis* CSA4-1 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27. VI) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. VII) Interacción *S. tamaricis* CSA4-1 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18. 42
- Figura 17. Crecimiento de cepas fúngicas del posible rizoplano en presencia de *S. tamaricis* CSA4-1. A) *Fusarium* sp. cepa SsA14 en interacción con *S. tamaricis* CSA4-1. B) *Fusarium* sp. cepa SsA14. C) *Aspergillus* sp. cepa SsA27 en interacción con *S. tamaricis* CSA4-1. D) *Aspergillus* sp. cepa SsA27.

- E) *Trichoderma* sp. cepa SpA18 en interacción con *S. tamaricis* CSA4-1. F) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. 43
- Figura 18. Interacción entre *Microbacterium esteraromaticum* CSA25 y *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 o *Trichoderma* sp. cepa SpA18. I) *M. esteraromaticum* CSA25. II) *Fusarium* sp. cepa SsA14. III) Interacción *M. esteraromaticum* CSA25 y *Fusarium* sp. cepa SsA14. IV) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. V) Interacción *M. esteraromaticum* CSA25 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27. VI) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. VII) Interacción *M. esteraromaticum* CSA25 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18. 45
- Figura 19. Crecimiento cepas fúngicas del posible rizoplano en presencia de *M. esteraromaticum* CSA25. A) *Fusarium* sp. cepa SsA14 en interacción con *M. esteraromaticum* CSA25. B) *Fusarium* sp. cepa SsA14. C) *Aspergillus* sp. cepa SsA27 en interacción con *M. esteraromaticum* CSA25. D) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. E) *Trichoderma* sp. cepa SpA18 en interacción con *M. esteraromaticum* CSA25. F) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. 46
- Figura 20. Interacción entre *Kocuria* sp. HC51 y *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 o *Trichoderma* sp. cepa SpA18. I) *Kocuria* sp. HC51 II) *Fusarium* sp. cepa SsA14. III) Interacción *Kocuria* sp. HC51 y *Fusarium* sp. cepa SsA14. IV) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. V) Interacción *Kocuria* sp. HC51 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27. VI) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. VII) Interacción *Kocuria* sp. HC51 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18. 47
- Figura 21. Crecimiento de cepas fúngicas del rizoplano en presencia de *Kocuria* sp. HC51 A) *Fusarium* sp. cepa SsA14 en interacción con *Kocuria* sp. HC51. B) *Fusarium* sp. cepa SsA14. C) *Aspergillus* sp. cepa SsA27 en interacción con *Kocuria* sp. HC51. D) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. E) *Trichoderma* sp. cepa SpA18 en interacción con *Kocuria* sp. HC51 y. F) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. 47
- Figura 22. Electroforesis de productos de PCR de las regiones ITS5 e ITS 4 de las cepas de hongos seleccionados. Carril 1) Escalera 1 Kb. Carril 2) *Fusarium* sp. cepa SsA14. Carril 3) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. Carril 4) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. 50
- Figura 23. Electroforesis de productos de PCR de las regiones EF-1, EF-2 y β t2a, β t2b de las cepas de hongos seleccionados. Carril 1) Escalera 1 Kb. Carril 2) *Fusarium* sp. cepa SsA14 (β t2a y β t2b). Carril 3) *Trichoderma* sp. cepa SpA18 (EF-1, EF-2). Carril 4) *Aspergillus* sp. cepa SsA27 (β t2a y β t2b). 50
- Figura 24. Cepas puras y microestructuras de las cepas no identificadas crecidas en medio PDA-S, a temperatura ambiente y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de la cepa SpR30. A-1) Estructuras de la cepa SpR30, barra de escala 10 μ m. B) Morfología colonial de la cepa SsA13. B-1) Estructuras de la cepa SsA13, barra de escala 25 μ m. C) Morfología colonial de las cepas SpR8 y SpR10. 74
- Figura 25. Cepas puras y microestructuras de las cepas levaduriformes no identificadas crecidas en medio PDA-S, a temperatura ambiente y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. A) Morfología colonial de la cepa SpR1. A-1) Estructuras de la cepa SpR1. B) Morfología colonial de la cepa SpR2. B-1) Estructuras de la cepa SpR2. C) Morfología colonial de la cepa SsA5. C-1) Estructuras de la cepa SsA5. Barra de escala 10 μ m. 75

Lista de tablas

Tabla	Página
Tabla 1. Lista de los Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos prioritarios según la USEPA. Modificado de Dandajeh et al., (2019).....	2
Tabla 2. Interacciones benéficas entre microorganismos y plantas. Modificado de Cano, 2011.....	6
Tabla 3. Tabla de secuencias de oligonucleótidos.	24
Tabla 4. Tabla de cepas fúngicas puras aisladas de <i>Salicornia</i> spp. Las cepas están agrupadas por sitio de muestreo (Reserva Lengüeta Arenosa o Arroyo Las Ánimas), por planta (<i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>) y por zona de aislamiento de la raíz (rizósfera, posibles endófitos o epífitos).	26
Tabla 5. Tabla de cepas de hongos filamentosos y levaduriformes observados por microscopía DIC. Las cepas fueron agrupadas por sitio de muestreo (Reserva Lengüeta Arenosa o Arroyo Las Ánimas), por planta (<i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>) y por zona de aislamiento de la raíz (rizósfera, posibles endófitos y posible rizoplaneo). Debajo de cada género se incluye la identificación (ID) correspondiente para cada aislado. Los ID que no están acompañados de un género es debido a que no se lograron identificar.	28
Tabla 6. Tamaño promedio en micras (μm) de conidias de cepas <i>Fusarium</i> spp. aislados de <i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>	29
Tabla 7. Tamaño en micras (μm) de conidias de <i>Aspergillus</i> spp. aislados de <i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>	32
Tabla 8. Tamaño en micras (μm) de conidias de <i>Penicillium</i> spp. aislados de <i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>	34
Tabla 9. Especies de <i>Penicillium</i> spp. con capacidad para catabolizar HAPs. Modificada de Zehra et al., (2018)	35
Tabla 10. Tamaño en micras (μm) de conidias de <i>Trichoderma</i> sp. aislados de <i>Salicornia pacifica</i>	36
Tabla 11. Tamaño en micras (μm) de conidias de <i>Cladosporium</i> sp. aislados de <i>S. pacifica</i> y <i>S. subterminalis</i>	37
Tabla 12. Tamaño en micras (μm) de conidias de <i>Colletotrichum</i> sp. aislado de <i>Salicornia pacifica</i>	38
Tabla 13. Tamaño en micras (μm) de conidias de <i>Acremonium</i> sp. aislados de <i>Salicornia subterminalis</i>	39
Tabla 14. Tamaño en micras (μm) de las endoconidias de <i>Neophaeothea</i> sp. aislada de <i>Salicornia subterminalis</i>	40
Tabla 15. Tamaño en micras (μm) de las células de <i>Rhodotorula</i> sp. aislada de <i>Salicornia pacifica</i>	41
Tabla 16. Marcadores moleculares seleccionados acorde al género de hongo filamentosos.	49

Tabla 17. Identificación molecular de <i>Fusarium</i> sp. cepa SsA14 con los marcadores β t2a y β t2b en relación con lo reportado en la base de datos NCBI.	52
Tabla 18. Identificación molecular de <i>Trichoderma</i> sp. cepa SpA18 con los marcadores ITS5 y 4 en relación con lo reportado en la base de datos NCBI.	53
Tabla 19. Identificación molecular de <i>Trichoderma</i> sp. cepa SpA18 con el marcador EF-1 en relación con lo reportado en la base de datos NCBI.	54
Tabla 20. Identificación molecular de <i>Aspergillus</i> sp. cepa SsA27 con los marcadores β t2a y β t2b en relación con lo reportado en la base de datos NCBI.	55

Capítulo 1. Introducción

1.1 Contaminación de ambientes acuáticos

Los cuerpos de agua son uno de los recursos naturales más importantes, pero el acelerado aumento poblacional, el incremento de las actividades industriales, tales como la industria minera, agroindustria, petrolera, petroquímica, y contaminantes emergentes (Vergara Villadiego et al., 2024), ha derivado en amenazas a estos ecosistemas, a la salud humana, y al desarrollo sostenible (Evans et al., 2019).

La contaminación por hidrocarburos no solo se da por el colapso de un pozo o un derrame, también ocurre por fugas de los equipos de perforación, un mal diseño y planeación de la explotación, y durante el transporte en los buques tanques. De igual manera, la contaminación de los cuerpos de agua ocurre durante la carga y descarga en los puertos, tanto en los ductos como en el abastecimiento de los tanques cisterna en los puertos de almacenamiento y transporte (Celis-Hidalgo, 2009).

Galán, (2014) reporta que las modificaciones ambientales derivadas de la industria de los hidrocarburos se dividen en efectos mecánicos y tóxicos. Los efectos mecánicos forman una película aceitosa en la interfase agua-aire, ya sea como petróleo crudo o en forma de algún aceite derivado de este, lo cual limita el proceso de reoxigenación del medio. Los efectos tóxicos al entrar en contacto con los seres vivos afectan su membrana y su interacción celular con el entorno; a nivel de ecosistema, provoca alteraciones en la tensión superficial, modificaciones en el pH, temperatura, potencial óxido-reducción y el intercambio de minerales vitales para los organismos fotosintéticos.

1.2 Origen de los hidrocarburos

De acuerdo con la Secretaría de Energía (2015), los hidrocarburos son moléculas compuestas principalmente por átomos de carbono e hidrógeno de los cuales derivan otros compuestos orgánicos y, dependiendo de las condiciones petrofísicas y de la formación geológica que los albergue (Escobar, 2012), pueden hallarse en forma líquida (petróleo), gaseosa (gas natural) o sólida (hidratos de metano). Asimismo, Rivera-Cruz et al., (2002) determinaron que el petróleo crudo y algunos derivados de este (como los combustibles, aditivos, etc., los cuales abarcan desde gas para uso doméstico hasta

combustibles para los diversos medios de transporte, incluido el asfalto para las carreteras) poseen formas químicas estructurales que se dividen principalmente en hidrocarburos alifáticos y aromáticos. Dentro del grupo de los hidrocarburos aromáticos, se encuentran los monocíclicos y policíclicos.

La Agencia de Protección Ambiental de los Estados Unidos de Norteamérica (USEPA, por sus siglas en inglés) catalogan a 16 Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos (HAPs) como contaminantes prioritarios por su impacto en la salud humana y ambiental (

	Nombre	Abreviatura	Grupo de carcinogenicidad	Factor de toxicidad	No. de anillos	Peso molecular (g/mol)
1	Naftaleno	NPH	D	0.001	2	128
2	Acenaftileno	ACY	D	0.001	3	152
3	Acenafteno	ACN	ND	0.001	3	154
4	Fluoreno	FLU	D	0.001	3	166
5	Fenantreno	PHN	D	0.001	3	178
6	Antraceno	ATR	D	0.01	3	178
7	Fluoranteno	FLT	D	0.001	4	202
8	Pireno	PYR	ND	0.001	4	202
9	Benzo[a]antraceno	B[a]A	B2	0.1	4	228
10	Criseno	CRY	B2	0.01	4	228
11	Benzo[b]Fluoranteno	B[b]F	B2	0.1	5	252
12	Benzo[k]Fluoranteno	B[k]F	B2	0.1	5	252
13	Benzo[a]pireno	B[a]P	B2	1.0	5	252
14	Indeno[1,2,3-cd]pireno	I[123cd]P	B2	0.1	6	276
15	Dibenzo[a,h]antraceno	D[ah]A	B2	1.0	5	278
16	Benzo[g,h,i]pirenilo	B[ghi]P	D	0.01	6	276

), dentro de los cuales se incluyen el pireno, fenantreno y naftaleno (Sarria-Villa et al., 2016). Autores como Pérez-García & González Díaz, (1988) y Mastandrea et al., (2005), señalaron que los HAPs son una extensa clase de compuestos cancerígenos y contaminantes químicos presentes a diferentes concentraciones en el medio ambiente; además de encontrarse en el petróleo crudo, también surgen de diversos procesos industriales y como derivado de la combustión incompleta en autos, aviones, barcos, entre otros medios de transporte que usen como fuente de energía a algún combustible derivado del petróleo.

Tabla 1. Lista de los Hidrocarburos Aromáticos Policíclicos prioritarios según la USEPA. Modificado de Dandajeh et al., (2019).

	Nombre	Abreviatura	Grupo de carcinogenicidad	Factor de toxicidad	No. de anillos	Peso molecular (g/mol)
1	Naftaleno	NPH	D	0.001	2	128
2	Acenaftileno	ACY	D	0.001	3	152
3	Acenafteno	ACN	ND	0.001	3	154
4	Fluoreno	FLU	D	0.001	3	166
5	Fenantreno	PHN	D	0.001	3	178
6	Antraceno	ATR	D	0.01	3	178
7	Fluoranteno	FLT	D	0.001	4	202
8	Pireno	PYR	ND	0.001	4	202
9	Benzo[a]antraceno	B[a]A	B2	0.1	4	228
10	Criseno	CRY	B2	0.01	4	228
11	Benzo[b]Fluoranteno	B[b]F	B2	0.1	5	252
12	Benzo[k]Fluoranteno	B[k]F	B2	0.1	5	252
13	Benzo[a]pireno	B[a]P	B2	1.0	5	252
14	Indeno[1,2,3-cd]pireno	I[123cd]P	B2	0.1	6	276
15	Dibenzo[a,h]antraceno	D[ah]A	B2	1.0	5	278
16	Benzo[g,h,i]pirenilo	B[ghi]P	D	0.01	6	276

Grupo B2: Posible agente carcinogénico para los humanos

Grupo D: No clasificado como carcinogénico

ND: No disponible.

El Servicio Geológico Nacional (SGM, 2017), expresa que más del 56% del potencial del recurso prospectivo de hidrocarburos del país se encuentra en aguas profundas del Golfo de México y el porcentaje restante proviene de pozos en tierra ubicados también en las zonas aledañas al Golfo de México. Petróleos Mexicanos (PEMEX, 2023) divide a la industria de los hidrocarburos en tres disciplinas: La exploración y producción, que incluye la exploración de yacimientos y extracción de hidrocarburos; la logística, que maneja el transporte y almacenamiento de hidrocarburos y sus derivados a través de ductos marítimos y terrestres; y la transformación industrial, que se dedica a la refinación y elaboración de productos para uso común e industrial.

Aunque hoy en día, alternativas energéticas amigables con el medio ambiente estén teniendo un rápido crecimiento, seguimos dependiendo de los hidrocarburos y sus derivados y, desafortunadamente durante las actividades industriales bajo las cuales se extraen, transportan y transforman, se generan emisiones atmosféricas, efluentes líquidos y desechos sólidos altamente tóxicos, que, además de propiciar el desgaste de los ecosistemas, son dañinos para la salud (Guédez et al., 2003).

1.3 Biorremediación

La biorremediación se ha sugerido como respuesta ante las contingencias ambientales propiciadas por los derrames petroleros en el mar, aunque hoy en día se empieza a explorar su aplicación en otras áreas (Alexander, 1999). La biorremediación es una técnica de restauración natural en la que se aprovechan las capacidades metabólicas de microorganismos y plantas, los cuales, a pesar de requerir cantidades distintas de nutrimentos, son capaces de formar asociaciones simbióticas que transforman los contaminantes (Julián-Benites & Rivero-Méndez, 2023). Martínez-Alonso & Gaju, (2005), refiriéndose a los contaminantes, indicaron que “convirtiendo los componentes tóxicos y mutagénicos de estos en productos no tóxicos, pueden integrarse en los ciclos biogeoquímicos naturales” (p. 80).

De acuerdo con Perdigão et al., (2021) la biorremediación se puede dividir en dos estrategias: bioestimulación y bioaumentación. La bioestimulación consiste en la adición de nutrientes al área afectada para estimular los metabolismos de degradación del contaminante producidos por parte de la comunidad microbiana naturalmente presente; la bioaumentación se basa en agregar microorganismos degradadores, transformadores o acumuladores del contaminante para aumentar su abundancia entre la comunidad microbiana local. Se ha demostrado que una combinación de estos dos métodos mejora la degradación de los contaminantes.

La aplicación biotecnológica de la biorremediación es tan amplia que no solo se centra en el uso de microorganismos. Cabe destacar que, las plantas por si solas son capaces de llevar a cabo la remoción de contaminantes presentes en el agua, suelo (sedimentos) y aire, y a ese proceso se le conoce como fitorremediación (Delgadillo-López et al., 2011). En esta tecnología biológica, el tejido vegetal tiene una función similar al hígado de un mamífero y debido a eso, son capaces de realizar mecanismos como la fitoestabilización, fitoextracción, fitodegradación, fitovolatilización y rizorremediación (Figura 1) (Peralta-Pérez & Volke-Sepúlveda, 2012; Sarma et al., 2019).

La rizorremediación se basa en la remediación llevada a cabo por el sistema radicular de las plantas y su interacción con los microorganismos que se desarrollan en ella, propiciando así una alta actividad enzimática, lo cual favorece la degradación de los contaminantes recalcitrantes (Hernández-Acosta & Rubiños-Panta, 2004).

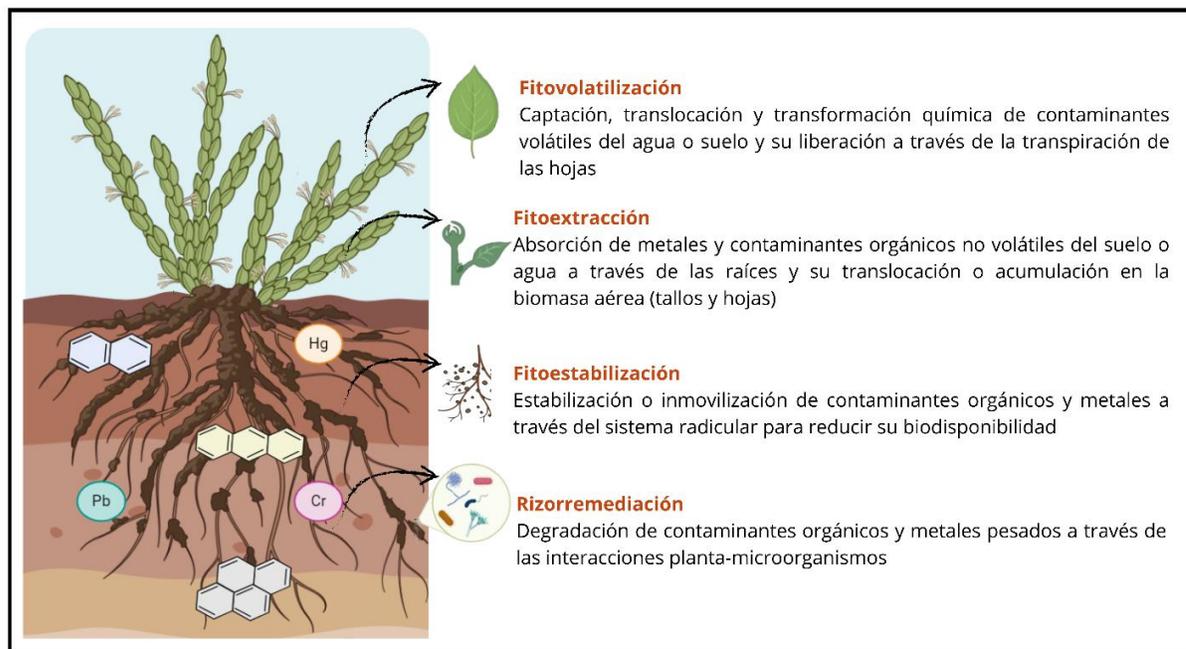


Figura 1. Mecanismos de degradación ejecutados por las especies vegetales. Peralta-Pérez & Volke-Sepúlveda, 2012; Sarma et al., 2019. Imagen elaborada en BioRender por Maturano-Flores, 2025.

1.3.1 Rizósfera

El término rizósfera fue introducido por Hiltner en 1904 y se define como una interfase entre el suelo y raíces de las plantas, en donde existe una alta actividad microbiana influenciada por las plantas (Hartmann et al., 2008). Esto ocurre porque las raíces liberan exudados ricos en nutrientes, los cuales favorecen el crecimiento de microorganismos; además, se sugiere que las partes de la raíz que liberan más exudados tendrán un crecimiento microbiano más abundante (Rovira, 1991; Hawes et al., 2012). Se considera que la rizósfera es un punto clave para conocer la microbiota del sistema radicular de las plantas y comprender sus relaciones simbióticas al momento de llevar a cabo la degradación de algún contaminante (Hinsinger et al., 2009; Jones & Hinsinger, 2008; Raaijmakers et al., 2009).

El rizoplano es la región de la rizósfera que comprende la superficie de la raíz (Figura 2) (Long-Jun et al., 2019), la cual proporciona una base nutritiva que promueve el desarrollo de comunidades microbianas especializadas que se ven influidas por aspectos particulares del genotipo de la planta (Guzmán Duchén & Montero Torres, 2021).

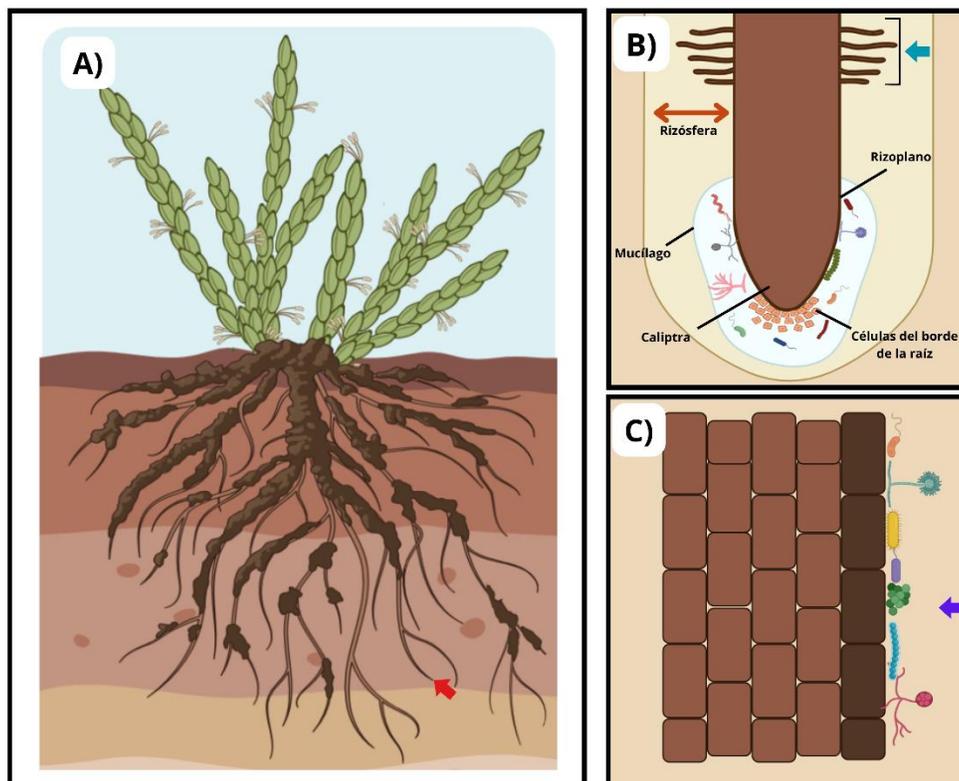


Figura 2. Microhábitats en la interacción raíz-suelo. **A)** Imagen ilustrativa del sistema radicular de *Salicornia* sp. (ápice de la raíz, flecha roja) **B)** Componentes del ápice de la raíz (vellosidad radicular, flecha azul). **C)** Rizoplano; microorganismos epífitos (flecha morada). Guzmán Duchén & Montero Torres, 2021; Hawes et al., 2012; Long-Jun et al., 2019. Imagen en elaborada en BioRender por Maturano-Flores, 2025.

Así mismo, Li et al., (2023) indicaron que la presencia de comunidades microbianas en el nicho del rizoplano está asociada con la adaptación a los entornos fisicoquímicos, influenciados por los perfiles únicos del exudado de las raíces. En la revisión realizada por Cano, (2011) se aborda la gama de interrelaciones que se llevan a cabo entre el suelo, los microorganismos y el sistema radicular de las plantas. Las interrelaciones entre los microorganismos tienen un papel fundamental en la interacción suelo-planta-microorganismo-ambiente e influye fuertemente y de forma directa en el crecimiento y desarrollo de la planta durante toda su etapa de vida. En la tabla 2 se enlistan algunos efectos de la asociación simbiótica entre microorganismos y plantas según lo reportado por Cano, (2011).

Aunque los avances en la biotecnología y en la biología molecular han incrementado en los últimos años, aún no se han explorado a fondo los mecanismos que estimulan la sinergia que se da en la rizósfera entre las plantas y los microorganismos (Schlaeppi et al., 2014), lo que apertura un gran campo de investigación. Otros de los métodos de fitorremediación que han sido poco explorados es la rizofiltración, en la cual se involucra una relación entre los microorganismos y el sistema radicular de las plantas, con la finalidad de eliminar contaminantes tanto del suelo como del agua (Dushenkov et al., 1995).

Tabla 2. Interacciones benéficas entre microorganismos y plantas. Modificado de Cano, 2011.

Interacción hongo-planta-raíz
Referencias: Gosling et al., 2006; Franken et al., 2007; Sayeed Akhtar & Siddiqui, 2008; Kapoor et al., 2008; Harman et al., 2004
<ul style="list-style-type: none"> • Mayor capacidad de absorción de agua, nutrientes, iones de fósforo y potasio • Disminución del estrés biótico y abiótico • Aumentan el desarrollo y la vida productiva de las raíces • Amplían la tolerancia de las plantas a las toxinas del suelo y a pH ácidos • Incrementan la capacidad fotosintética de la planta y por consiguiente la producción de biomasa de las plantas • Control biológico ante enfermedades causadas por patógenos en la raíz y foliares • Remedición de suelos contaminados con compuestos tóxicos y metales pesados • Propician el incremento del crecimiento de vello radicular • Contribuyen al enraizamiento
Interacción bacteria-planta-raíz
Referencias: Sturz & Christie, 2003; Brown, 2010; Siddiqui & Shahid Shaukat, 2003; Alves et al., 2004; Fgaier & Eberl, 2010; (Rosas et al., 2009)
<ul style="list-style-type: none"> • Producción de metabolitos secundarios con influencia positiva • Favorecen el crecimiento y desarrollo de las plantas • Incrementan la disponibilidad de minerales y nutrientes en el suelo • Mejoran la fijación de nitrógeno • Disminuyen la susceptibilidad a las temperaturas bajas • Incrementa la sanidad vegetal (control biológico ante patógenos) • Facilitan la fijación de las plantas al sustrato • Permiten la tolerancia a elevadas concentraciones salinas • Mejoran la calidad del suelo
Interacción bacteria-hongo
<ul style="list-style-type: none"> • Reducción de enfermedades • Producción de sustancias aleloquímicas o antibióticos

Uno de los elementos fundamentales en la rizofiltración es la presencia de las células del borde de la raíz (del inglés, "root border cells") las cuales tienen la función de establecer relaciones simbióticas con los microorganismos del suelo (Hawes et al., 1998). Además, contribuyen en el atrapamiento y secuestro de

contaminantes a través de la producción de trampas de ADN extracelular que impiden que estos sean absorbidos por los tejidos vegetales (Huskey et al., 2018, 2019).

De igual manera, las interacciones entre microorganismos son fundamentales en el funcionamiento de los ecosistemas, dado que contribuyen en los ciclos biogeoquímicos y pueden resultar en un impacto positivo (beneficio), un impacto negativo (pérdida), o ningún impacto (neutralidad) en las especies involucradas (Faust & Raes, 2012; Deveau et al., 2018). Un ejemplo de impacto positivo son las interacciones mutualistas, las cuales se caracterizan porque ambas especies involucradas obtienen beneficios de dicha interacción (Moënné-Loccoz et al., 2015). Otro tipo de interacción es el comensalismo, en el cual se observa que uno de los organismos implicados se beneficia, mientras que el otro se mantiene neutral (Mathis & Bronstein, 2020).

El antagonismo es una interacción negativa para uno de los organismos involucrados dado que se inhibe su crecimiento por acción del otro individuo. Los microorganismos antagónicos pueden interferir con otros microorganismos por medio la competencia, que es un tipo de interacción negativa que involucra una demanda simultánea de nutrientes, agua, espacio vital, luz, etc. en un ambiente limitado (Moënné-Loccoz et al., 2015). Otros mecanismos de interferencia son el parasitismo, donde uno de los organismos se alimenta de la célula huésped viva (Davis et al., 2008).

El amensalismo es un tipo de antagonismo en donde uno de los organismos involucrados se mantiene neutral, mientras que el otro se ve perjudicado, pero no hay una competencia entre las dos especies, sino que existen modificaciones físicas o químicas en el medio en el que se encuentran coexistiendo las especies, lo cual causa la liberación de compuestos tóxicos por el microorganismo antagonista (Moënné-Loccoz et al., 2015).

1.4 Antecedentes

Aunque las actividades de exploración y explotación de yacimientos petroleros se sitúan en el Golfo de México, en Baja California se encuentran tres estaciones de almacenamiento y transporte de hidrocarburos y sus derivados ubicadas en Rosarito, Mexicali y Ensenada las cuales están contribuyendo a la biodisponibilidad de los HAPs en el medio ambiente.

Ensenada es un ciudad ampliamente turística y según lo reportado por el XXV Ayuntamiento de Ensenada (2025), para el mes de noviembre de 2024 se sumaron 272 arribos de cruceros turísticos. De igual manera, Proturismo de Ensenada (2025), describió que acorde a un estudio realizado durante los meses de octubre de 2023 y mayo de 2024 por la “Business Research & Economic Advisors”, la ciudad de Ensenada continúa considerándose como uno de los destinos predilectos para los turistas. Si bien, la derrama económica es importante para el estado, la contaminación por la movilización turística también ha incrementado con ella.

Aunado a lo anterior, de acuerdo con lo reportado por la Administración del Sistema Portuario Nacional de Ensenada (ASIPONA, 2023), en el Noroeste de México, la cobertura comercial (del inglés “hinterland”) incluye a los estados de Baja California, Baja California Sur, Sonora y Chihuahua; respecto a Estados Unidos abarca el Sur de California y Arizona. El puerto de Ensenada alberga alrededor de 1,114 productores y exportadores pertenecientes solo al territorio nacional. Asimismo, en los puertos de El Sauzal, San Felipe y Rosarito se destacan actividades como la pesca y el transporte de hidrocarburos.

En lo que a las conexiones del puerto (del inglés “foreland”) concierne, la ASIPONA de Ensenada (2023), reportaron que el Puerto de Ensenada se encuentra en una región estratégica y dinámica para el intercambio comercial mundial, ya que la conectividad de las exportaciones e importaciones provienen de Centroamérica, Asia, África y Europa, siendo el continente asiático con quien tiene mayor interacción debido al intercambio comercial de la industria maquiladora.

Haciendo un análisis de lo antes mencionado, autores como Macías-Zamora, (2011), Silva-Jiménez et al., (2018) y Ramos-Mendoza et al., (2024) han concluido que diferentes contaminantes químicos, como metales pesados y metaloides, hidrocarburos alifáticos, mono y poliaromáticos, así como compuestos halogenados, se introducen en las aguas marinas de la Costa de Baja California a través del tráfico marítimo y portuario, así como por las descargas de aguas residuales y protocolos ineficientes de las plantas tratadoras de agua, escorrentía continental y contaminación por motores de combustión interna e incendios forestales (Dell’ Anno et al., 2021; Macías-Zamora, 2011).

La ciudad de Ensenada cuenta con seis plantas de tratamiento de aguas residuales El Naranjo, El Sauzal, El Gallo, Maneadero, Noreste y Francisco Zarco (Elizondo & Mendoza-Espinosa, 2020). Mendoza-Espinosa et al., (2004) mencionaron que, aunque algunas de las plantas de tratamiento cumplen con las normativas mexicanas (NOM-003-SEMARNAT-1997 y NOM 001-SEMARNAT-1996), el proceso de tratamiento de aguas

residuales debe ser más riguroso, ya que tan solo el 2% se utiliza para riego de los cultivos y cuestiones públicas, y el 98% restante es descargado al mar (Acosta-Zamorano et al., 2013).

Compuestos como materia orgánica, nitrógeno, fósforo, aceites de diversa índole y grasas se encuentran en la composición química de las aguas residuales, por ende, el impacto que tiene el vertido de aguas residuales a cuerpos de agua limpios es realmente incalculable (Arreola-Serrano et al., 2022). Asimismo, debido al incremento de la población y a la urbanización e industrialización en la última década, también se ha registrado el aumento de contaminantes bioacumulables de origen orgánico (como los HAPs) en los cuerpos de agua y aguas residuales (Blanco-Enríquez et al., 2019).

En 1996, Villegas-Jiménez et al., realizaron un estudio sobre la presencia de HAPs en los sedimentos superficiales en la Bahía de Todos los Santos, incluyendo el Estero Punta Banda. En este trabajo, los investigadores detectaron concentraciones de 460 a 713.6 ng/g (0.46 a 0.7136 µg/g) de HAPs en la parte norte de la Bahía (Punta San Miguel) y cerca de la punta del Estero. Entre la Isla y Punta Banda, en donde se encuentra la mayor tasa de sedimentación, se detectaron 1270 a 1610 ng/g (1.27 y 1.61 µg/g de HAPs). Finalmente, en la parte central de la Bahía se detectaron concentraciones de HAPs de entre 120 a 800 ng/g (0.12 a 0.80 µg/g).

De igual manera, Macías-Zamora et al., (2002) llevaron a cabo investigaciones en donde se involucraba la detección de los 16 HAPs considerados por la USEPA como contaminantes prioritarios en la Bahía de Todos Santos. En ese análisis, los autores describieron que la mayor concentración de HAPs se encontró en el Cañón de Todos Santos, la cual fue de 813.1 ng/g. Para el caso de las concentraciones de pireno en la zona cercana al Estero Punta Banda fueron de 1.4 y 2.4 ng/g, teniendo concentraciones totales de HAPs de 7.6, 10.5 y 29.6 ng/g.

Asimismo, Silva-Jiménez et al., (2018), a través de un análisis de cuantificación por cromatografía de gases acoplado a un espectrofotómetro de masas, detectaron concentraciones de 74–266 ng/g en sedimento en la costa del puerto de Rosarito y 0.461–0.525 ng/mL de HAPs en agua de mar superficial.

La información más reciente sobre la presencia de HAPs en la Costa de Baja California se encuentra en el trabajo de Ramos-Mendoza et al., (2024), en donde se describió que en las 33 estaciones de muestreo que abarcaron desde el límite fronterizo con Estados Unidos hasta la Bahía Todos Santos (Punta Banda), detectaron presencia de Benzo[a]antraceno, pireno y criseno, a una concentración total de 4022 ng/g (4.022 mg/kg) en sedimentos.

Un ejemplo de las concentraciones de HAP que se pueden encontrar en el agua es detallado en el trabajo realizado por Blanco-Enríquez et al. (2019) donde reportaron que las concentraciones de HAPs en aguas superficiales es de 0.0005 a 6 mg/L (0.05 a 6000 µg/L); en agua potable las concentraciones abarcan desde 2×10^{-8} a 1.8×10^{-6} (0.02 a 1.8 ng/L) (Santana-Romero & Valdés-Callado, 2012) y las concentraciones en las plantas tratadoras de agua (PTAR) son desde 13.17 a 26.38 mg/L (13,170 a 26,380 µg/L) (Edokpayi et al., 2016).

1.4.1 Diversidad bacteriana hidrocarbonoclasta cultivable en la Costa de Baja California

En el 2018, Silva-Jiménez et al., llevaron a cabo estudios tanto en sedimento como en muestras de agua superficial de la costa del Puerto de Rosarito, Baja California con la finalidad de determinar la concentración de los diferentes tipos de HAPs e identificar la diversidad bacteriana hidrocarbonoclasta nativa por métodos dependientes de cultivo. Asimismo, reportaron que las cepas bacterianas aisladas poseen un alto potencial de degradación de dicho hidrocarburo.

Entre los aislados bacterianos se encuentran *Salinicola tamaricis* CSA4-1 (esta no fue identificada hasta 2020 y aún no ha sido reportada) y *Microbacterium esteraromaticum* CSA25 aisladas de la Bahía Todos Santos; *Kocuria* sp. HC51, aislada del Puerto de Rosarito (Silva-Jiménez, comunicación personal, 2 de abril de 2022).

Cabe destacar que el trabajo de Silva-Jiménez et al., (2018) es el primer estudio publicado acerca de la diversidad microbiana halófila hidrocarbonoclasta cultivable en la Costa de Baja California.

1.4.2 *Salinicola tamaricis*

El género *Salinicola* es un grupo de bacterias gramnegativas aeróbicas, quimioorganotróficas y halófilas moderadas. Acorde a lo descrito por Nazina et al., (2019), varias cepas del género *Salinicola* se han aislado de yacimientos de petróleo pesado en Rusia. Otros estudios revelan que *Salinicola socius* se puede hallar en minas de sal, pudiendo crecer en amplios rangos de salinidad, los cuales van desde 0.5 a 30% (peso/volumen), de igual manera tiene la capacidad de degradar naftaleno (Al-Marri et al., 2023; Anan'ina et al., 2007). Mientras que *Salinicola tamaricis* F01, es una bacteria endofítica que se encuentra asociada

a plantas de humedales, pero principalmente se asocia al arbusto halófito *Tamarix chinensis Lour* y se ha determinado su capacidad para resistir diversos metales (Zhao et al., 2023).

1.4.3 *Microbacterium esteraromaticum*

Logeshwaran et al., (2022) indicaron que *Microbacterium esteraromaticum* MM1 es una bacteria grampositiva no patógena que se puede encontrar en suelo y posee la capacidad de degradar diferentes contaminantes, tales como plaguicidas organofosforados (fenamifos y malatión) a una concentración de 10 mg/L y HAP de elevado peso molecular como el pireno y benzo[*a*]pireno (BaP) (Cáceres et al., 2009). Asimismo, se ha descrito que la cepa MM1 de *Microbacterium* es capaz de degradar el 98.7% de pireno a una concentración de 100 mg/L (Logeshwaran et al., 2022).

Salam et al., (2017) reportaron que la cepa SL9 de *M. esteraromaticum* es capaz de tolerar concentraciones de 1-5 mM de plomo y níquel, además, toleró una concentración de salinidad del 6%. De igual manera, la sepa mostró una alta tasa de crecimiento en petróleo crudo a los cinco días de incubación; así mismo, presentó una tasa de degradación del 55.16% y 89.28% de pireno (a una concentración de 50 mg/L) a los 12 y 21 días, respectivamente.

1.4.4 *Kocuria* sp.

El género *Kocuria* resalta con menos frecuencia en la literatura médica (Corti et al., 2012), de las 18 especies que se han identificado, se reporta que *K. kristinae*, *K. marina* y *K. rhizophila* podrían afectar a la salud humana (Lee et al., 2009), principalmente a pacientes comprometidos con padecimientos de neoplasias hematológicas, tumores sólidos o trastornos metabólicos (Savini et al., 2010). Estudios recientes llevados a cabo por Khandelwal et al., (2022) determinaron que *Kocuria rosea* es un microorganismo que interactúa de manera positiva con *Aspergillus sydowii* para la degradación de distintos HAPs como el naftaleno, fluoreno, fenantreno, antraceno y pireno.

1.5 Estero Punta Banda

Ortiz et al., (2003) reportaron que Punta Banda es un sistema estuarino localizado en la Bahía Todos

Santos, al noroeste de la Península de Baja California (Figura 6), el cual se encuentra conformado por una barrera arenosa de aproximadamente 8 km de longitud que separa a la bahía del estero; la marea tiene un fuerte impacto en el intercambio de agua y de sedimento entre el estero y la bahía.

De igual manera, debido a que Punta Banda es un humedal prioritario en la conservación de la biodiversidad, ya que funge como zona de desove, anidación y refugio de aves migratorias, además posee una variedad de especies animales y vegetales de alto interés biológico, está considerado dentro de la categoría de sitios RAMSAR (Manriquez-Gomez et al., 2021). RAMSAR es un tratado intragubernamental mundial aprobado en 1971 en la ciudad iraní Ramsar, el cual tiene como objetivos principales la protección y conservación de los humedales de importancia internacional, el uso racional de los humedales y la cooperación internacional (Davidson, 2016).

En el estudio realizado por Silva, (1995), se determinó que el Estero Punta Banda es un ambiente muy vulnerable, ya que debido al incremento constante de las actividades antropogénicas y a la baja energía del oleaje, la contaminación y/o derrame de compuestos tóxicos tendría una persistencia de entre 5 o 6 años aproximadamente, lo que ocasionaría la cobertura total de la marisma y por ende las repercusiones biológicas serían incalculables.

1.5.1 *Salicornia* spp.

Dentro de las especies vegetales que se encuentran en el Estero Punta Banda están las plantas halófitas, las cuales poseen procesos fisiológicos a nivel radicular que les permiten desarrollarse en ambientes salinos, regular su potencial osmótico y almacenar sodio en sus tejidos. Jones & Hinsinger (2008) describieron que la variedad de plantas halófitas abarca desde zacates, arbustos y matorrales.

Uno de los géneros más abundantes en Estero Punta Banda es *Salicornia* (Figura 3), la cual es conocida coloquialmente como hierba de cristal, judías marinas, espárragos marinos, semillas flotantes, hinojo marino y patas de gallos (Ozturk et al., 2018). Algunas de las especies que conforman a este género son *S. pacifica*, *S. subterminalis*, *S. virginica*, *S. borealis*, *S. maritima*, *S. rubra*, *S. depressa*, *S. maritima*, *S. fruticosa*, *S. perennis*, *S. utahensis* y *S. bigelovii* (United States Department of Agriculture, 2025). Faber, (1982), reportó que dentro de las especies de *Salicornia* que se desarrollan en la costa de California son *S. subterminalis*, *S. virginica*, *Salicornia bigelovii* y *S. europea*.

Una de las especies que crecen en el Estero Punta Banda es *Salicornia bigelovii* y es considerada una especie nativa de la Península de Baja California. También es posible encontrar registro de su distribución en India, Irak, Península de Arabia, Noreste de África, Australia, Chile, Perú, costas del Océano Pacífico de Estados Unidos; su ciclo de vida oscila de 10 a 12 meses y se encuentra distribuida en la zona superior de intermareales (Rueda-Puente et al., 2012).



Figura 3. *Salicornia* spp. del Estero Punta Banda, Baja California, México. Fotografía por Maturano-Flores, 2023.

Por otro lado, investigaciones realizadas en otras partes del mundo donde también crece *Salicornia*, autores como Ghazisaeedi et al., (2014) reportaron que *S. europea* es capaz de sobrevivir en altas concentraciones de petróleo crudo (desde 8 mg hasta 18 mg de aceite crudo por 1 g de suelo), lo que las convierte en excelentes candidatas para la degradación de petróleo y sus derivados, como los HAPs.

Mota, (1990) y Rueda-Puente et al., (2012), indicaron que *S. bigelovii* destaca debido a su potencial biotecnológico en los ámbitos ecológicos, agroindustrial y social, y además de tener un alto valor nutrimental para el consumo humano y animal, esta especie posee mecanismos bioquímicos que favorecen la restauración de suelos salinos y la remediación de áreas contaminadas con metales pesados.

En el estudio realizado en Baja California Sur por Rueda-Puente et al., (2012) en los aislados de la raíz de *S. bigelovii* detectaron la presencia de dos especies bacterianas fijadoras de nitrógeno, *Klebsiella pneumoniae* y *Azospirillum halopraeferen*, las cuales tienen efectos benéficos en el crecimiento de la planta.

En México se desconoce el estado actual de las comunidades fúngicas asociadas a la rizósfera de otras especies del género *Salicornia*, como *S. pacifica* y *S. subterminalis*. Pero en otros países, como en Polonia Furtado et al., (2019), revelaron que las comunidades endofíticas de *S. europea* se encuentran constituidas principalmente por hongos del género *Alternaria*, *Didymella*, *Paradendryphiella* y *Plenodomus*.

Asimismo, en Suiza, Petrini & Fisher, (1986) identificaron en *S. perennis* a los hongos endófitos *Alternaria alternata*, *Alternaria tenuissima*, *Cladosporium tenuissimum*, *Coniothyrium* sp., *Diplodina salicorniae*, *Hypoxyton bipapillatum*, *Leptosphaeria* sp., *Phoma* sp., *Pleospora bjorlingii*, *Pleospora herbarum*, *Pleospora salicorniae*, *Septoria* sp., *Stagonospora* sp., *Sterile mycelium*, *Acremonium* sp., *Aspergillus* sp., *Chaeromium* spp., *Cladosporium cladosporioides*, *Coniella fragariae*, *Didymosphaeria* sp., *Doratomyces microsporus*, *Fusarium lateritium*, *Geomyces pannorum*, *Gliomastix murorum*, *Penicillium* spp., *Phomopsis* sp., *Scopulariopsis fusca* y *Trichoderma vivide*.

1.6 Justificación

La contaminación de los cuerpos de agua por la industria de los hidrocarburos y sus derivados, así como la descarga de aguas residuales mal tratadas, es un problema latente, dado que se compromete a la salud humana y de los ecosistemas, por lo que hoy en día es fundamental hallar formas de remediar el impacto de los hidrocarburos en el medio ambiente. Dentro de los ecosistemas que se ven afectados por las acciones antropogénicas antes mencionadas son los humedales (por ejemplo, acuíferos subterráneos, pantanos y marismas, pastizales húmedos, turberas, oasis, estuarios, manglares, etc.).

La península de Baja California aún conserva sistemas estuarinos considerados como sitios RAMSAR, los cuales tienen un papel fundamental en el ciclo hidrológico; además, son el hábitat y refugio de especies animales nativas y migratorias. De igual manera, estos sistemas albergan a una gran variedad de géneros y especies vegetales endémicas como *Salicornia* spp. De acuerdo con lo descrito en la literatura, esta especie vegetal tiene potenciales biotecnológicos para realizar la remediación de suelos contaminados por metales pesados y recientemente se ha estudiado su aplicación como potencial fitorremediadora de hidrocarburos en suelos salinos. Por lo que en este trabajo se aislaron y caracterizaron a las especies fúngicas cultivables en pireno de la rizósfera de *S. pacifica* y *S. subterminalis*, y se estudió su interacción con cepas bacterianas halófilas hidrocarbonoclastas, con la finalidad de que en un futuro sean utilizados en asociación simbiótica para la rizerremediación de ambientes contaminados con hidrocarburos.

1.7 Hipótesis

Las bacterias halófilas *Salinicola tamaricis*, *Microbacterium esteraromaticum*, *Kocuria* sp. establecerán una simbiosis con hongos cultivables en pireno de la rizósfera de *Salicornia* spp.

1.8 Objetivo general

Caracterizar hongos cultivables en pireno aislados de la rizósfera del género *Salicornia*, y su interacción con bacterias halófilas hidrocarbonoclastas.

1.8.1 Objetivos específicos

1. Caracterizar morfológicamente la diversidad fúngica cultivable en pireno de la rizósfera de *Salicornia pacifica* y *Salicornia subterminalis*.
2. Analizar la interacción entre *Salinicola tamaricis*, *Microbacterium esteraromaticum* y *Kocuria* sp. con hongos cultivables en pireno y aislados del rizoplano de *Salicornia* spp.
3. Identificar molecularmente especies fúngicas que interactúen con las bacterias *Salinicola tamaricis*, *Microbacterium esteraromaticum*, *Kocuria* sp.

Capítulo 2. Metodología

2.1 Trabajo de campo

Primeramente, se realizó una revisión de la distribución geoespacial de la especie *Salicornia* en el Estero Punta Banda. Se buscaron los metadatos según lo reportado en la CONABIO (<http://geoportal.conabio.gob.mx/metadatos/doc/html/plantas.html>). Dado que son metadatos de todo el país, los documentos se encuentran agrupados por zonas UTM (del inglés “Universal Transverse Mercator”); se identificó la zona UTM correspondiente para Baja California (Zona UTM 11) y se realizó la búsqueda de la especie en el catálogo de datos.

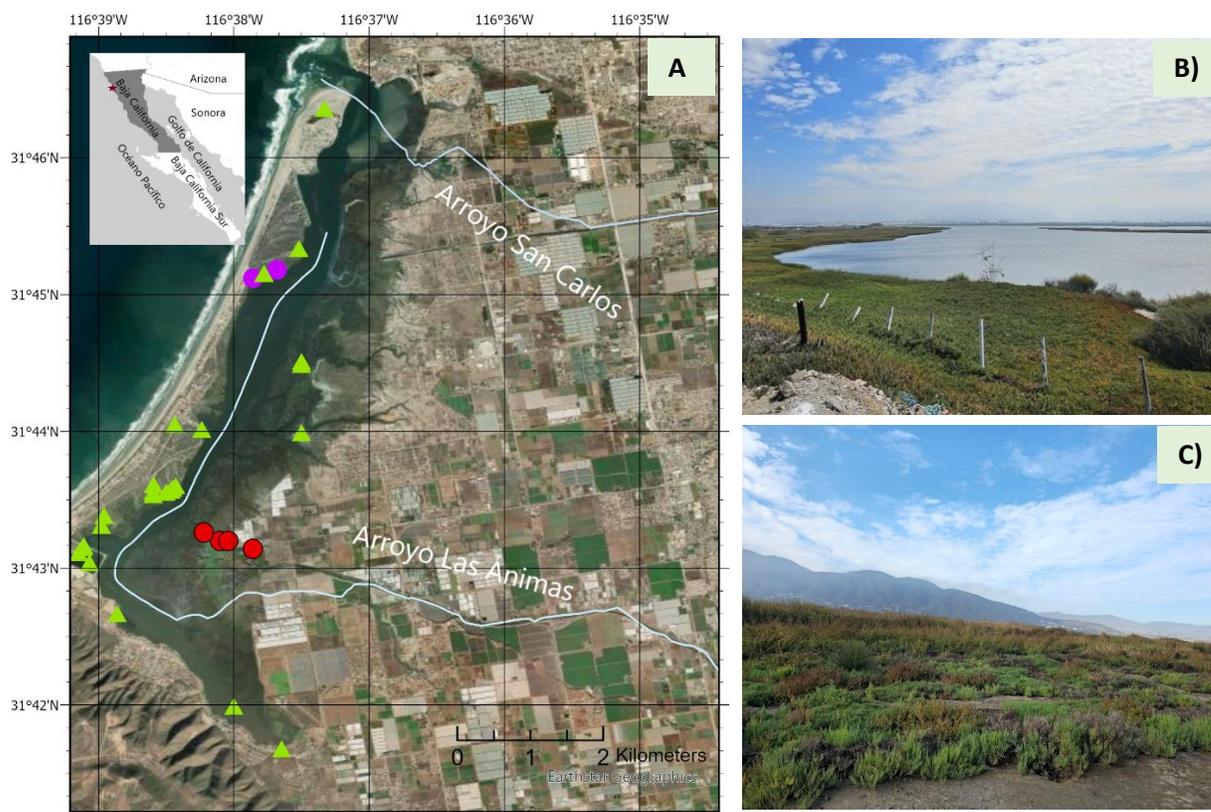


Figura 4. A) Sitios de muestreo del Estero Punta Banda. Triángulos verdes: distribución del género *Salicornia* según la CONABIO. Fuente: <http://geoportal.conabio.gob.mx/metadatos/doc/html/plantas.html>. Líneas azules: Arroyo Las Ánimas y San Carlos. Fuente: Hinojosa-Corona, comunicación personal, 29 de mayo de 2024. Mapa elaborado por Maturano-Flores & Hinojosa-Corona, 2024. B) Zona de muestreo Reserva Lengüeta Arenosa (círculos púrpuras). C) Zona de muestreo Arroyo Las Ánimas (círculos rojos). Fotografías por Maturano-Flores, 2023.

Se usó el software ArcGIS Pro (<https://www.esri.com/es-es/arcgis/products/arcgis-pro/overview>) para crear el mapa en que se incluyó la base de datos únicamente de la distribución de *Salicornia* spp. en el Estero Punta Banda (Figura 4-A, triángulos verdes), así como la distribución de los principales arroyos de descarga cercanos al humedal (Hinojosa-Corona, comunicación personal, 29 de mayo de 2024).

Una vez que se determinó la presencia del género *Salicornia* se realizó un muestreo en el mes de septiembre de 2023 en dos sitios del Estero Punta Banda: Arroyo Las ánimas y Reserva Lengüeta Arenosa (Moreno-Higareda & De la Cueva, comunicación personal, 23 de septiembre de 2023).

Se siguió la metodología de recolección de muestras propuesta por Rueda et al., (2012), en la cual se indicó que es de suma importancia equilibrar el balance hídrico de las plantas para que las células presentes en el sistema radicular y en la porción de la rizósfera conserven su turgencia y estabilidad, por lo que, al momento de retirar la planta del sustrato, cada ejemplar sustraído se metió en una bolsa de plástico, previamente etiquetada, de un tamaño considerable para mantener el CO₂ y tratar de reducir el estrés abiótico. Consecutivamente, las muestras colectadas se almacenaron en un contenedor térmico con hielos para mantener una temperatura entre 4 y 10 °C.

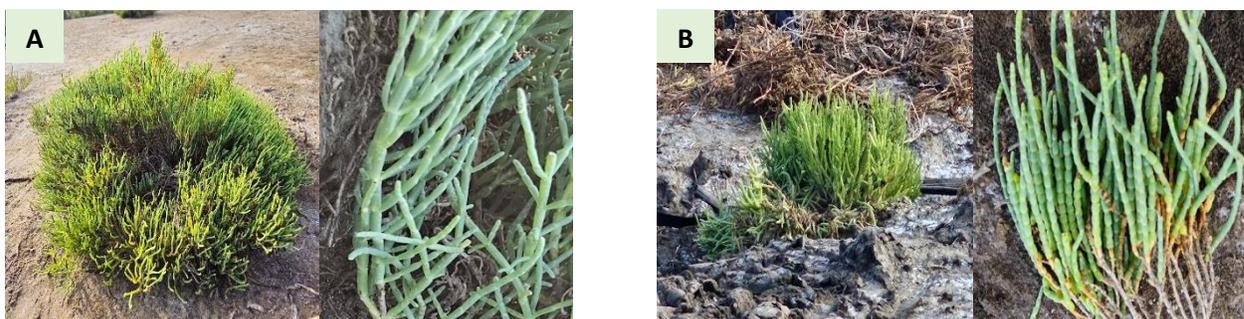


Figura 5. A) *Salicornia pacifica*. Se encuentra principalmente en marisma media a alta. **B)** *Salicornia subterminalis*. Se encuentra principalmente en marisma alta. Fotografías por Maturano-Flores, 2023.

En la Reserva Lengüeta Arenosa (Figura 4-B) solo fue posible encontrar a *S. pacifica* (Figura 5-A), y se colectaron ocho ejemplares de dicha planta. Del Arroyo Las Ánimas (Figura 4-C) se recolectaron seis muestras de *S. pacifica* (Figura 5-A) y tres de *S. subterminalis* (Figura 5-B).

2.2 Medios de cultivo

La preparación de los medios de cultivo se realizó acorde a los protocolos proporcionados por el Laboratorio de Microbiología Celular y Molecular del CICESE. La concentración de salinidad que se usó en

los medios de cultivo se basó en lo descrito en la investigación *Strategies for Coastal Lagoons and Recovery Efforts for Light Fooed Ridgway's Rail* (Moreno-Higareda, comunicación personal, 23 de septiembre de 2023), en la cual se reporta que la salinidad del Estero Punta Banda se encuentra en los 34 g/L (3.4%). Todos los medios se esterilizaron en autoclave a 120 °C por 15 minutos.

2.2.1 Medio de cultivo para aislamiento de hongos de la rizósfera

Medio mínimo, pireno y NaCl (MM-G-P). Por cada 1000 mL contiene: 3 g de KH_2PO_4 , 1.8 g de NH_4NO_3 , 20 g de glucosa, 20 g de agar bacteriológico, sales 50x (MgSO_4 2.5 %, ZnSO_4 0.009 %, FeSO_4 0.005 %, MnSO_4 0.001 % y CuSO_4 0.002 %), 34 g/L de NaCl y 1000 mL de agua destilada. Para la preparación de las cajas de Petri (90 x 20 mm), se vertieron 25 mL de MM-G-P y se agregó cloranfenicol (0.5 mg/mL) y ampicilina (0.1 mg/mL) con la finalidad de inhibir el crecimiento de bacterias. Consecutivamente, se adicionó pireno a una concentración de 25 mg/L (Silva-Jiménez et al., 2018) y se distribuyó con asa de vidrio bajo campana de extracción.

Una vez absorbido el pireno, las cajas Petri se taparon y se dejaron en la campana, en condiciones de oscuridad, durante 48 horas, con la intención de que se volatilizara la acetona con la que fue diluido previamente el pireno. Posteriormente, por cada planta colectada se realizaron siembras por triplicado.

2.2.2 Medio cultivo para crecimiento de hongos en pireno como única fuente de carbono

Medio mínimo sin glucosa, pireno y NaCl (MM-P). Se usó la misma fórmula que en la sección de Medio de cultivo para aislamiento de hongos de la rizósfera, con la diferencia de que al MM se le retiró la glucosa (MM-P). Otra de las diferencias es que el pireno no se distribuyó con asa de vidrio sobre la superficie del agar, se vertió en un tubo de 50 mL estéril que contenía los 25 mL de medio de cultivo y se homogeneizó suavemente por inversión y posteriormente se vació en la caja de Petri. Finalmente, las cajas se dejaron en oscuridad por 48 horas.

2.2.3 Medio de cultivo para microcultivos y resguardo de las cepas

Medio papa Dextrosa Agar con NaCl (PDA-S). Se utilizó una mezcla ya preparada (MCD LAB), la cual contiene 200 g de infusión de papa, 20 g de dextrosa y 15 g de agar bacteriológico. Para preparar 1000 mL, se disolvieron 39 g de la mezcla en 1000 mL de agua destilada estéril y se añadieron 34 g/L de NaCl.

Medio Papa Dextrosa Agar con NaCl (PDA-S). Se utilizó una mezcla ya preparada (MCD LAB), la cual contiene 200 g de infusión de papa, 20 g de dextrosa y 15 g de agar bacteriológico. Para preparar 1000 mL, se disolvieron 39 g de la mezcla en 1000 mL de agua destilada estéril y se añadieron 34 g/L de NaCl.

2.2.4 Medio de cultivo para interacción bacteria-hongo

Para los ensayos de interacción, se usaron dos medios de cultivo, medio papa dextrosa agar con NaCl y medio Luria Bertani con NaCl, con la finalidad de observar a cuál de ellos se adaptaban mejor las cepas fúngicas y las cepas bacterianas. Por cada caja de Petri (60 x 15 mm) se vertieron 10 mL de medio.

Medio papa dextrosa agar con NaCl (PDA-S) sólido. Se usó la misma metodología descrita en el apartado Medio de cultivo para microcultivos.

Medio Luria Bertani con NaCl (LB-S) sólido: Para preparar 1000 mL se usaron 10 g de extracto de triptona, 5 g de extracto de levadura, 20 g de agar bacteriológico y 34 g/L de NaCl.

Medio Luria Bertani con NaCl (LB-S) líquido. Se siguió la misma fórmula descrita para el Medio Luria Bertani con NaCl (LB-S) sólido, pero se retiró el agar.

2.2.5 Medio de cultivo para crecimiento de micelio y extracción de ADN

Para el crecimiento del micelio de las cepas fúngicas, se usaron matraces Erlenmeyer y se vertieron 250 mL de caldo dextrosa sabouraud.

Caldo dextrosa sabouraud (SDA). Por cada 1000 mL contiene: 5 g de peptona de carne, 5 g de peptona de caseína y 10 g de dextrosa.

2.3 Aislamiento de microorganismos fúngicos del suelo rizosférico de *S. pacifica* y *S. subterminalis*

2.3.1 Siembras en Medio mínimo, pireno y NaCl (MM-G-P)

Se retiró el excedente de suelo adherido a la raíz, se tomaron trozos de diferentes partes de esta y se realizaron resuspensiones usando una preparación del surfactante Tritón X-100 al 0.01% en una solución salina al 2% (González-Martínez et al., 2017).

Para el aislamiento de los microorganismos de la rizósfera, las raíces seleccionadas se colocaron en un tubo estéril de 50 mL, se añadieron 9 mL de la solución surfactante, se agitó suavemente y se dejó reposar por cinco minutos. Transcurrido el tiempo y en condiciones de esterilidad se tomaron 100 µl de dicha solución, se inocularon en una caja de Petri con medio MM-G-P y se distribuyó con asa de vidrio

Consecutivamente se tomó un gramo de raíz previamente resuspendida y se transfirió a un tubo de 1.5 mL que contenía 1 mL de la solución surfactante, se dejó reposar por cinco minutos y se homogeneizó durante 30 segundos usando un Vórtex. El gramo de raíz homogeneizado se transfirió a otro tubo de 1.5 mL con 1 mL de solución surfactante y se dejó reposar por cinco minutos.

Posteriormente, la raíz embebida en la solución surfactante se sonicó por 40 segundos usando agua destilada en el sonicador Fisher Scientific FS3 con una frecuencia de salida de 55 khz y potencia de 117 v. Para aislar los posibles hongos endófitos y los posibles hongos del rizoplano (organismos epífitos), las raíces homogeneizadas en el sonicador Fisher scientific FS3 se sembraron en cajas con medio MM-G-P y finalmente, se inocularon 100 µl del sobrenadante en el medio antes mencionado.

Los cultivos se incubaron a temperatura ambiente y en condiciones de oscuridad. Se monitoreó el crecimiento diario, y al observar los primeros indicios de crecimiento de micelio, este se analizó con un estereomicroscopio OLYMPUS SZX12 para corroborar que ya había contacto con el agar y que no había colonias cruzadas. Posteriormente, cada muestra fúngica se transfirió a cajas de Petri (60 x 20 mm) con medio PDA-S para su purificación.

2.3.2 Siembras en Medio mínimo, sin glucosa, pireno y NaCl (MM-P)

Una vez que se aseguró un cepario de organismos fúngicos que crecieron en presencia del pireno, se realizó el experimento retirando la glucosa del medio para que el pireno fuera la única fuente de carbono, comparando dichos crecimientos (sin glucosa) con un medio sin pireno y sin glucosa.

Las cepas fúngicas se sembraron por triplicado usando la técnica de sacabocados, en cajas de 60 x 15 mm, en medio MM-P. Los cultivos se incubaron en oscuridad y a temperatura ambiente durante cuatro días.

2.4 Caracterización morfológica de hongos crecidos en pireno

2.4.1 Microcultivos

Se preparó una caja de Petri con medio PDA-S y se marcó una cuadrícula con cuadrados de 1 x 1 cm. Posteriormente, en condiciones de esterilidad, se cortó un trozo del medio sólido (siguiendo la cuadrícula previamente marcada) y se colocó sobre un portaobjetos estéril. Consecutivamente, en una caja de Petri de 90 x 15 mm se colocaron dos palillos estériles en forma perpendicular y sobre estos se colocó el portaobjetos con el cubo de PDA-S.

Con un asa de metal, se tomó una muestra del hongo y se inoculó cuidadosamente en las cuatro periferias del cubo de PDA-S, se cubrió con un portaobjetos estéril y finalmente se colocó una porción de algodón estéril húmedo (con 3 mL de agua destilada estéril) en uno de los extremos de la caja. El cultivo se incubó a temperatura ambiente y en oscuridad. Se monitoreó el crecimiento diario hasta observar la formación de micelio en las periferias del cubo de PDA-S.

Una vez que se observó crecimiento de micelio (Figura 6), bajo condiciones de esterilidad, se retiraron el algodón y el cubreobjetos, y se desechó el cubo de PDA, teniendo sumo cuidado de no dañar el micelio crecido en el portaobjetos y cubreobjetos. La muestra se fijó con etanol al 96% y se pasó cuidadosamente por un mechero de alcohol, finalmente, se realizó una tinción con 20 μ l de azul de lactofenol (azul de algodón 0.05%, cristales de fenol 20%, glicerol al 40% y ácido láctico al 20%) y se volvió a colocar el cubreobjetos con el lado sobre la que creció el micelio hacia abajo.

Finalmente se observaron y registraron estructuras de crecimiento y de reproducción de cada cepa fúngica con el microscopio Nikon Eclipse Ti-U, y con los objetivos S Fluor 40X Oil DIC H N2, Apo TIRF 60X Oil DIC N2 y Apo TIRF 100X Oil DIC N2 con la técnica Contraste de Interferencia Diferencial (DIC, por sus siglas en inglés).

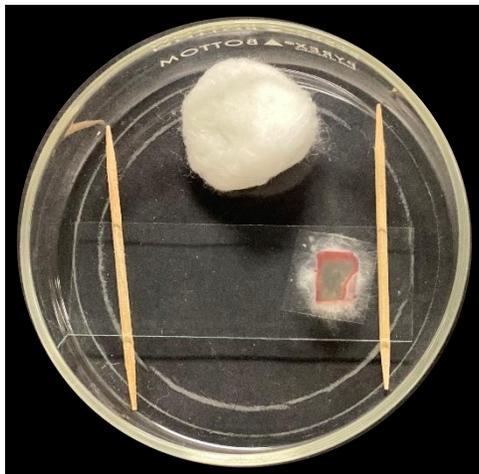


Figura 6. Crecimiento de micelio en microcultivo en medio PDA-S. Fotografía por Maturano-Flores, 2024.

2.5 Ensayos de interacción entre cepas bacterianas halófilas hidrocarbonoclastas y especies fúngicas crecidas en pireno

Una vez que se seleccionó el medio de cultivo (como se describe en Anexos), se tomó una colonia aislada de cada cepa bacteriana y se sumergió en 375 μ l de medio LB-S líquido, se incubó a temperatura ambiente, en agitación constante a 100 Revoluciones Por Minuto (rpm) durante 48 horas. Posterior a este tiempo, se realizaron ensayos de interacción entre una cepa fúngica y una bacteriana, usando cajas de Petri de 60 x 15 mm. Para la siembra de la cepa bacteriana (Figura 7-A y C) se usó un asa de metal estéril, se sumergió en el cultivo bacteriano y se hizo una estría. Este proceso se repitió dos veces por caja.

Las cepas fúngicas se inocularon por la técnica de sacabocados como se indica en la figura 7-B y -C. Los cultivos se incubaron a temperatura ambiente, en oscuridad y se realizaron mediciones diarias para monitorear el crecimiento. Transcurridos cuatro días de incubación, se realizaron tres mediciones del crecimiento radial en diferentes ángulos de 45°. Los ensayos de interacción se realizaron por triplicado.

Finalmente, se realizó un análisis estadístico de normalidad e igualdad de varianza con las pruebas Shapiro-Wilk y Levene, respectivamente. Se realizaron pruebas paramétricas (T-STUDENT) a los datos con normalidad e igualdad de varianza y pruebas no paramétricas (U de Mann-Whitney) a los que no cumplieron con normalidad. El Intervalo de confianza fue del 95%. Las pruebas estadísticas se realizaron con el software IBM SPSS Statistics 25 (<https://www.ibm.com/support/pages/downloading-ibm-spss-statistics-25>).

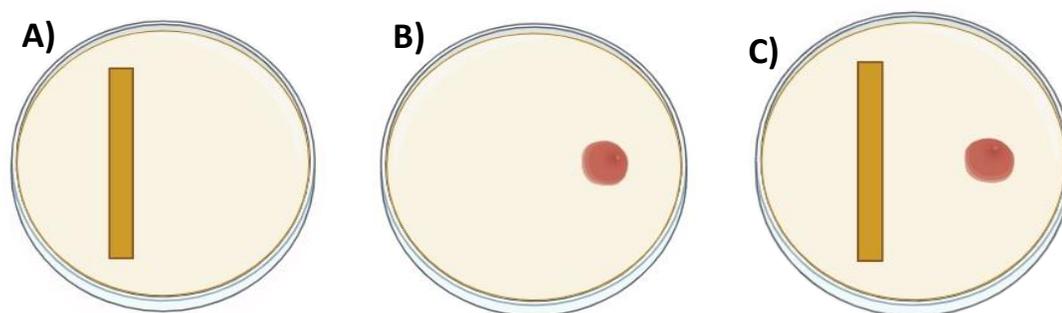


Figura 7. Diagrama de inoculación de bacteria y hongo para ensayos de interacción. **A)** Bacteria. **B)** Hongo. **C)** Interacción bacteria-hongo. Imagen elaborada en BioRender por Maturano-Flores, 2024.

2.6 Caracterización molecular de hongos seleccionados

2.6.1 Extracción de ADN genómico

Para la extracción de ADN genómico se tomaron en cuenta las cepas de hongos seleccionadas que se aislaron del posible rizoplano de ambas especies de *Salicornia*. Es importante mencionar que se descartaron las que presentaron exceso de esporulación y que no se pudieron manejar por la técnica de sacabocados.

Previo a la extracción del ADN genómico, se realizó el cultivo de las cepas fúngicas en medio SDA, en agitación constante a 150 rpm, a temperatura ambiente y durante un tiempo de incubación de tres días. Transcurrido el tiempo de incubación, la biomasa se recuperó por filtración. El micelio se lavó con agua destilada estéril y se dejó secar a temperatura ambiente. Una vez seco, el micelio se depositó en tubos de 1.5 mL y se almacenó a $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ durante 48 horas.

Consecutivamente, la biomasa se trasladó a un mortero frío y estéril adicionado con nitrógeno líquido para su maceración hasta que se obtuvo un polvo fino. Finalmente, el micelio pulverizado se procesó con el Kit DNeasy® plant (QUIAGEN, Cat. No. 69104) siguiendo las recomendaciones descritas por el fabricante.

Para evaluar la integridad del ADN extraído, se realizó una electroforesis en un gel de agarosa al 1%, con bromuro de etidio al 0.1%. Las condiciones de la electroforesis fueron 80 V y 400 mAh en amortiguador TAE 1X durante 40 min.

2.6.2 Amplificación de la región ITS, factor de elongación (EF) y β -tubulina (β t) por PCR punto final

Acorde a lo descrito por Tekpinar y Kalmer (2019), la identificación de especies fúngicas es un reto dada la gran diversidad en morfología y ecología de estos, es por ello que en este trabajo se amplificó, mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR, del inglés Polymerase Chain Reaction), la región del Espaciador Transcrito Interno (ITS, de inglés Internal Transcribed Spacer) (Bellemain et al., 2010; White et al., 1990); el Factor de Elongación (EF, del inglés Elongation Factor) (O'Donnell et al., 1998) y la β -tubulina (β t) (Jia et al., 2019) utilizando los oligonucleótidos que se describen en la tabla 3.

Tabla 3. Tabla de secuencias de oligonucleótidos.

Oligonucleótido	Secuencia del oligonucleótido	Tamaño	Referencia
Dirección delantera			
ITS5	5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3'	≈632 pb	White et al., 1990
EF-1	5'-ATGGGTAAGGAAGACAAGAC-3'	≈750 pb	O'Donnell et al., 1998
β t2a	5'-GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTC-3'	≈476 pb	Jia et al., 2019
Antisentido			
ITS4	5'-TCCTCCGCTTQTGATATGC-3'	≈632 pb	White et al., 1990
EF-2	5'-GGAAGTACCAGTGATCATGTT-3'	≈750 pb	O'Donnell et al., 1998
β t2b	5'-ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC-3'	≈476 pb	Jia et al., 2019

El volumen de reacción de PCR tanto para los oligonucleótidos ITS como para β t y EF fue de 50 μ L. La mezcla de reacción contenía 19 μ L de agua grado HPLC, 2.5 μ L del oligonucleótido en dirección delantera, 2.5 μ L de oligonucleótido antisentido, 1 μ L de ADN genómico (100 ng/ μ L) como cadena molde de las cepas a probar y 25 μ L de REDTaq ReadyMix₂, la cual contiene MgCl₂, 20 mM de Tris-HCl, pH 8.3, con 100 mM de

KCl, 3 mM de MgCl₂, 0.002% de gelatina, 0.4 mM de mezcla de dNTP (dATP, dCTP, dGTP, TTP), estabilizadores y 0.06 unidades/ μ L de ADN polimerasa Taq.

Las condiciones de amplificación para las reacciones de los ITS5-ITS4 y EF1-EF-2 consistió en una primera etapa de 94 °C por dos minutos, seguido de 30 ciclos de 94 °C por 30 segundos, 55 °C por 30 segundos, 72 °C por un minuto, finalmente, un ciclo de 72 °C por cinco minutos.

Las condiciones de amplificación para la β t fue un ciclo inicial de 94 °C por dos minutos, continuando con 30 ciclos de 94 °C por 30 segundos, 60 °C por 30 segundos y 72 °C por un minuto, concluyendo con un ciclo de 72 °C por cinco minutos. Las mezclas se sometieron a reacciones de amplificación en un termociclador VeritiPro Applied Biosystems ABI SimpliAmp PCR 96-pocillos.

Posteriormente, se evaluó la integridad y el tamaño de los amplicones con una electroforesis en gel de agarosa al 1%, a 80 V y 400 mA en amortiguador TAE 1X por 40 min. Finalmente, los productos de PCR fueron secuenciados en Eton Bioscience, Inc. (San Diego, CA, USA).

2.6.3 Análisis bioinformático

Se realizó la limpieza con el software SnapGene (<https://www.snapgene.com/>), el alineamiento de las secuencias de los amplicones en Mega 11 (Tamura et al., 2021) y se usó la herramienta de alineamiento ClustalW. Posteriormente, usando la secuencia alineada, se obtuvo la secuencia consenso con el software Geneious Prime versión 2025 ([Geneious | Bioinformatics Software for Sequence Data Analysis](#)). Con el mismo software se realizó un alineamiento de secuencias (BLAST, del inglés Basic Local Alignment Search Tool) para conocer las secuencias similares reportadas en las bases de datos públicas o locales y poder identificar a las especies fúngicas que se encontraban relacionadas molecularmente.

Capítulo 3. Resultados y discusión

3.1 Crecimiento en medio con pireno y glucosa

En las cajas Petri de MM-G-P que contenían las raíces, el crecimiento de los microorganismos empezó a partir del segundo día de siembra (Figura 8). Una vez que se observó aparente contacto con el agar, los cultivos se revisaron con el estereomicroscopio OLYMPUS SZX12 para asegurar que el hongo efectivamente estaba creciendo en el medio y poder aislarlo inmediatamente, y evitar contaminación por la presencia de otros hongos. Un total de 11 cepas puras fueron aisladas de *S. pacifica* recolectada en el sitio A (Lengüeta Arenosa). Del sitio B (Arrollo las Ánimas) se obtuvieron un total de 21 cepas puras, siendo 12 provenientes de *S. pacífica* y nueve de *S. subterminalis* (Tabla 4).

Tabla 4. Tabla de cepas fúngicas puras aisladas de *Salicornia* spp. Las cepas están agrupadas por sitio de muestreo (Reserva Lengüeta Arenosa o Arroyo Las Ánimas), por planta (*S. pacifica* y *S. subterminalis*) y por zona de aislamiento de la raíz (rizósfera, posibles endófitos o epífitos).

Planta	Reserva Lengüeta Arenosa			Arroyo Las Ánimas		
	A	B	C	A	B	C
<i>S. pacifica</i>	SpR1	SpR9*	SpR8*	SpA25	SpA17*	SpA4
	SpR2	SpR30*	SpR12		SpA19*	SpA18*
	SpR7*	SpR34*			SpA20*	SpA23
	SpR10*				SpA21*	
	SpR11				SpA22*	
					SpA24*	
					SpA28	
					SpA31*	
					SpA32*	
	<i>S. subterminalis</i>				SsA5	SsA13*
				SsA6		SsA27*
				SsA15*		SsA26
				SsA16*		SsA29

A: Rizósfera. **B:** Posibles endófitos. **C:** Posibles epífitos del rizoplano.

*Hongos seleccionados para crecimiento en MM-P

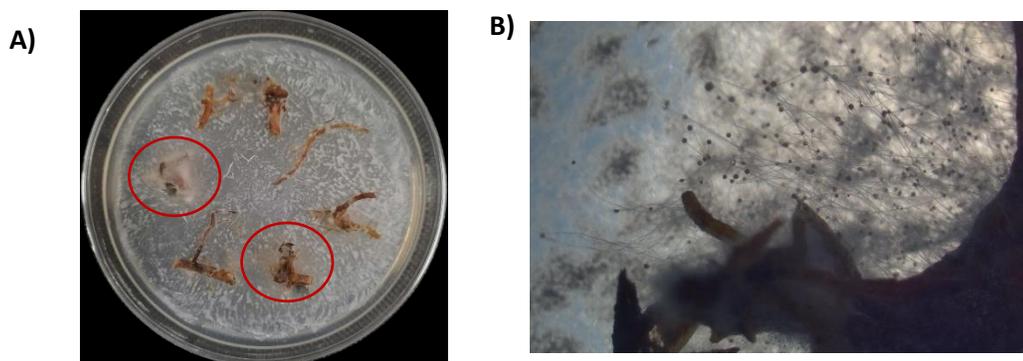


Figura 8. Crecimiento de micelio en medio MM-G-P a las 48 horas. **B)** Raíz colonizada por un hongo filamentosos. Imagen tomada con el estereomicroscopio OLYMPUS SZX12.

3.2 Crecimiento en medio con pireno y sin glucosa

Una vez que se tuvo un cepario robusto en MM-G-P, para los siguientes análisis, se realizó una selección de los hongos sembrando a estos en medio PDA-S, considerando solamente las cepas de hongos filamentosos. Además, se descartaron a aquellos hongos que presentaron exceso de esporulación, ya que por la técnica de inoculación por sacabocados estos hongos se reinocularon por toda la placa, lo que impedía realizar las mediciones del crecimiento radial. Se seleccionaron 20 hongos, los cuales se inocularon por triplicado usando la técnica de sacabocados en MM-P.

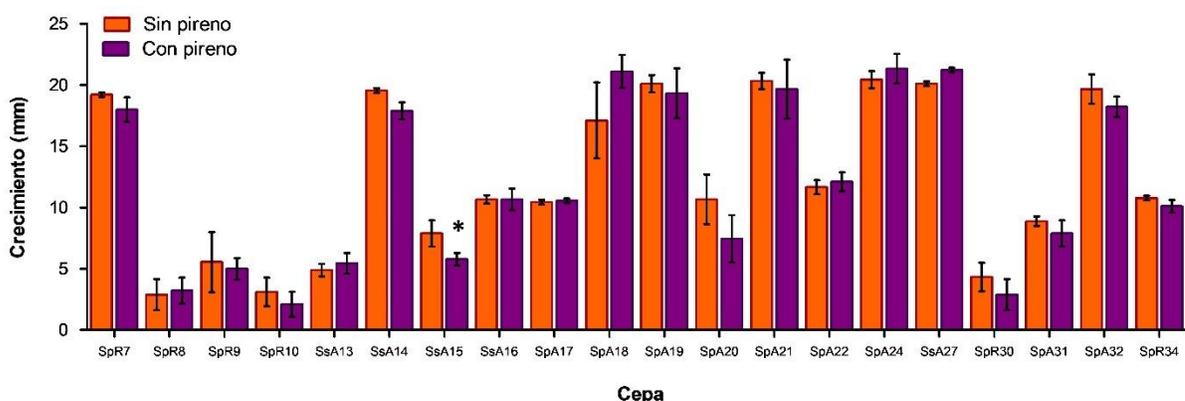


Figura 9. Cepas fúngicas seleccionadas que crecieron en pireno.

Las pruebas estadísticas indicaron que el pireno únicamente afectó el crecimiento de la cepa SsA15 (Figura 9). No hubo diferencias significativas entre el crecimiento del resto de los hongos ante la presencia del pireno, lo cual podría indicar que son tolerantes a pireno y posibles candidatos para usarse en la biorremediación de ambientes contaminados con este contaminante.

3.3 Identificación morfológica

Dado que no todas las cepas de hongos filamentosos crecieron en los microcultivos en medio PDA-S, solo se realizó la caracterización morfológica de aquéllos que lograron crecer bajo las condiciones descritas en el apartado 3.4.1 de “Microcultivos”.

Tabla 5. Tabla de cepas de hongos filamentosos y levaduriformes observados por microscopía DIC. Las cepas fueron agrupadas por sitio de muestreo (Reserva Lengüeta Arenosa o Arroyo Las Ánimas), por planta (*S. pacifica* y *S. subterminalis*) y por zona de aislamiento de la raíz (rizósfera, posibles endófitos y posible rizoplano). Debajo de cada género se incluye la identificación (ID) correspondiente para cada aislado. Los ID que no están acompañados de un género es debido a que no se lograron identificar.

Planta	Reserva Lengüeta Arenosa			Arroyo Las Ánimas		
	A	B	C	A	B	C
<i>S. pacifica</i>	SpR1	<i>Aspergillus</i> (SpR9)	<i>Cladosporium</i> (SpR12)	<i>Aspergillus</i> (SpA25)	<i>Fusarium</i> (SpA17)	<i>Rhodotorula</i> (SpA4)
	SpR2	SpR30			<i>Colletotrichum</i> (SpA19)	<i>Trichoderma</i> (SpA18)
	<i>Fusarium</i> (SpR7)	<i>Fusarium</i> (SpR34)			<i>Aspergillus</i> (SpA20)	<i>Trichoderma</i> (SpA23)
	<i>Penicillium</i> (SpR11)				<i>Fusarium</i> (SpA21)	
					<i>Fusarium</i> (SpAH22)	
					<i>Fusarium</i> (SpA24)	
					<i>Penicillium</i> (SpAH28)	
					<i>Penicillium</i> (SpA31)	
					<i>Fusarium</i> (SpA32)	
	<i>S. subterminalis</i>				SsA5	SsA13
				<i>Neophaeo- theca</i> (SsA6)		<i>Aspergillus</i> (SsA27)
				<i>Acremonium</i> (SsA15)		<i>Cladosporium</i> (SsA26)
				<i>Aspergillus</i> (SsA16)		<i>Penicillium</i> (SsA29)

A: Rizósfera. **B:** Posibles endófitos. **C:** Posibles epífitos del rizoplano.

Acorde a las estructuras fúngicas observadas con el microscopio Nikon Eclipse Ti-U bajo la técnica DIC, se obtuvo como resultado la caracterización a nivel género de 23 hongos filamentosos pertenecientes a los géneros *Fusarium* spp., *Aspergillus* spp., *Penicillium* spp., *Trichoderma* sp., *Cladosporium* sp., *Colletotrichum* sp. y *Acremonium* sp. (Tabla 5).

De igual manera, fue posible identificar por morfología dos cepas de hongos levaduriformes correspondientes a los géneros *Rhodotorula* sp. y *Neophaeothea* sp. (Tabla 5). Finalmente, usando el programa ImageJ (<https://imagej.net/ij/>), se realizó la medición de las conidias (n=30) de las cepas fúngicas filamentosas y levaduriformes que fueron observados por la técnica de microscopía DIC. En anexos se encuentran descritas las macro y micromorfologías de los aislados que no fueron identificados por la técnica de observación morfológica.

3.3.1 *Fusarium* spp.

En este trabajo se aislaron ocho cepas del género *Fusarium*: *Fusarium* sp. cepa SpR7, *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Fusarium* sp. cepa SpA17, *Fusarium* sp. cepa SpA21, *Fusarium* sp. cepa SpA24, *Fusarium* sp. cepa SpA22, *Fusarium* sp. cepa SpR34 y *Fusarium* sp. cepa SpA32. En la tabla 6 se enlistan los tamaños promedio de las macroconidias (n=30) de las cepas de *Fusarium* aisladas en este trabajo comparadas con lo reportado en la literatura.

Tabla 6. Tamaño promedio en micras (μm) de conidias de cepas *Fusarium* spp. aislados de *S. pacifica* y *S. subterminalis*.

Cepa	Largo promedio	Ancho promedio	Largo reportado	Ancho reportado	Especie relacionada	Referencia
SpR7	17.34	3.1	17-40	3-3.5	<i>Fusarium heterosporum</i>	Booth, 1977
SsA14	27.89	5.72	22-60	3.5-9	<i>Fusarium equiseti</i>	Booth, 1977
SpA17	47.70	5.83	27-60	3-5	<i>Fusarium oxysporum</i>	Booth, 1977
SpA21	24.80	5.37	22-60.5	2.5-5.5	<i>Fusarium pseudograminearum</i> sp. nov	Aoki & O'Donnell, 1999
SpA22	55.42	7.15	45-100	5-8	<i>Fusarium solani</i>	Booth, 1997
SpR34	51.92	6.02				
SpA24	21.86	4.71	20-46	3-5.5	<i>Fusarium semitectum</i>	Booth, 1997
SpA32	10.31	2.69	6-11	2.5-4	<i>Fusarium sporotrichioides</i>	Booth, 1997

Fusarium sp. cepa SpR7 (Figura 10-A), a nivel macroscópico presentó colonia circular, elevada con márgenes filiformes, coloración blanquecina, con tonos ligeramente rosados pálidos con el paso del tiempo. Se observó presencia de micelio aéreo y floco. Por otro lado, de manera microscópica, se observaron macroconidias septadas (la mayoría presentó tres septos), fusiforme, curvadas y alargadas. Hifas delgadas, con septos y abundantes vesículas de diversos tamaños al interior.

La coloración de la colonia de *Fusarium* sp. cepa SsA14 (Figura 10-B) fue de color blanquecino y con exudados de color amarillento, las características de la forma, elevación y márgenes de la colonia fueron similares a *Fusarium* sp. cepa SpR7. En la micromorfología se observaron macroconidias alargadas, fusiforme, con tres septos. Hifas delgadas, septadas con algunas vesículas al interior.

Se observó que *Fusarium* sp. cepa SpA17 (Figura 10-C) presentó colonia circular, plana, con márgenes filiformes, coloración lila, textura gelatinosa; teñía el medio de color púrpura y posee micelio flooso. Respecto a la micromorfología, se observaron hifas gruesas, septadas, hialinas con vesículas pequeñas al interior. Macroconidias largas, fusiforme, con forma de hoz, y con presencia de tres a cinco septos. Se detectó la presencia de clamidosporas subglobosas.

De igual manera, también se observaron semejanzas en las características macroscópicas de *Fusarium* sp. cepa SpA21 y *Fusarium* sp. cepa SpA24 (Figura 10-D), las cuales mostraron colonia circular, elevada, márgenes filiformes, coloración rosa intenso al centro y tonos amarillentos a las orillas, abundante micelio aéreo y flooso. Se observó que ambas cepas teñían el medio de color rojizo/rozado intenso. En las características microscópicas también hubo similitudes, como hifas delgadas, hialinas y septadas, macroconidias gruesas, fusiformes con diferencias en la cantidad de septos; *Fusarium* sp. cepa SpA21 posee tres septos y *Fusarium* sp. cepa SpA24 de tres a cinco septos. En *Fusarium* sp. cepa SpA21 se observó la producción de clamidosporas.

Se observaron similitudes entre las colonias macroscópicas y la micromorfología de *Fusarium* sp. cepa SpA22 y *Fusarium* sp. cepa SpR34 (Figura 10-E). Ambas cepas mostraron colonia irregular, plana, márgenes filiformes, color rosa pálido con tonos lila y teñían el medio de color morado. Se observó la formación de esporodocios de color blanco con tonos ligeramente amarillentos los cuales tiñeron el medio de color naranja formando un punto. Asimismo, se observó la producción de exudados de color blanquecinos/amarillentos. Respecto a las características micromorfológicas, se identificaron hifas delgadas, hialinas y septadas. Macroconidias alargadas, casi rectas, fusoides, ligeramente cónicas en la parte basal y apical, con tres a cinco septos.

Por otro lado, en *Fusarium* sp. cepa SpA32 (Figura 10-F) se observaron características macroscópicas como colonia circular, plana con márgenes regulares y superficie áspera. En el centro presenta una coloración avellana (formando un anillo concéntrico) y beige a las orillas, textura granulosa. Teñía el medio de color ocre. Respecto a las características microscópicas se observaron hifas gruesas, septadas y con presencia

de vesículas de diferentes tamaños. Por otro lado, también se observaron macroconidias claviformes con presencia de polifialides y sin septos.

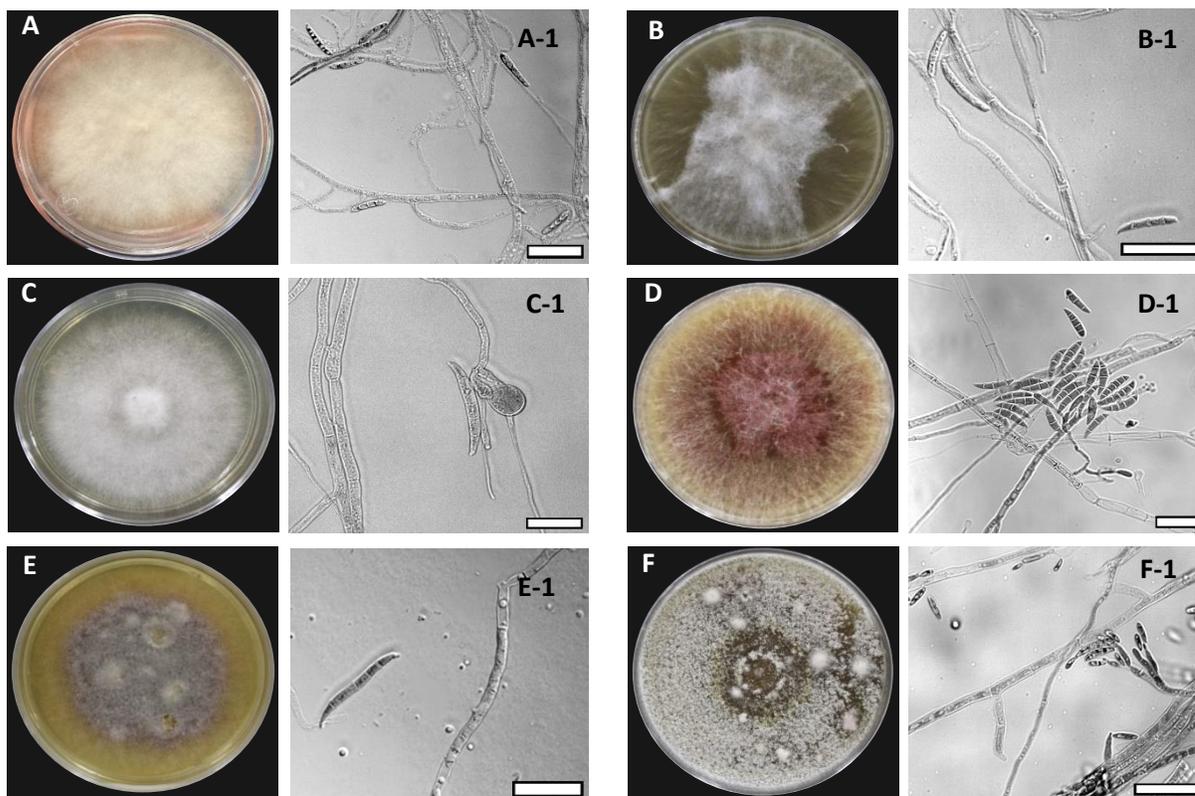


Figura 10. Morfología colonial y microestructura de *Fusarium* spp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpR7. **A-1)** Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpR7. **B)** Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SsA14. **B-1)** Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SsA14. **C)** Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpA17. **C-1)** Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpA17. **D)** Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpA21 y SpA24. **D-1)** Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpA21 y SpA24. **E)** Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpA22 y SpR34. **E-1)** Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpA22 y SpR34. **F)** Morfología colonial de *Fusarium* sp. cepa SpA32. **F-1)** Macroconidias e hifas de *Fusarium* sp. cepa SpA32. Barra de escala de 25 µm.

Fusarium es un género que comprende hongos filamentosos y saprófitos que se pueden hallar en el suelo y plantas (Tapia & Amaro, 2014). Aunque algunas especies producen micotoxinas o pueden ser patógenas de humanos y plantas (Ma et al., 2013), otras especies como *Fusarium solani*, son capaces de biorremediar suelos contaminados por metales pesados, plaguicidas y agroquímicos (El Sayed & El-Sayed, 2020). Asimismo, El Sayed & El-Sayed, (2020); Fayeulle et al., (2014); Thion et al., (2012), describieron que *F. solani* es capaz de biorremediar y mineralizar HAPs, como benzo[a]pireno (BaP), fenantreno (PHE), pireno (PYR) y dibenzo(a,h)antraceno (DBA), a través de cuerpos lipídicos y peroxisomas.

3.3.2 *Aspergillus* spp.

Asociados a la raíz de *S. pacifica* y *S. subterminalis*, se obtuvieron cinco aislados de *Aspergillus* spp: *Aspergillus* sp. cepa SpR9, *Aspergillus* sp. cepa SpA20, *Aspergillus* sp. cepa SsA16, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 y *Aspergillus* sp. cepa SpA25. En la tabla 7 se enlistan los tamaños promedio de las conidias (n=30) de las cepas de *Aspergillus* aisladas en este trabajo en comparación con lo reportado en la literatura.

Tabla 7. Tamaño promedio en micras (μm) de conidias de *Aspergillus* spp. aislados de *S. pacifica* y *S. subterminalis*

Cepa	Diámetro	Diámetro reportado	Especie relacionada	Referencia
SpR9	3.56	3.5-5.5	<i>Aspergillus caperatus</i>	Chen et al., 2017
SpA20	3.71			
SsA16	3.14	2.5-3.5	<i>Aspergillus ochraceus</i>	Pitt & Hocking, 2022
SsA27	3.39			
SpA25	3.40	2.7-4.5	<i>Aspergillus niger</i>	Watanabe, 2002

Se observaron similitudes entre los aislados *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y *Aspergillus* sp. cepa SpR9 H20 (Figura 11). Ambas cepas presentaron colonia irregular, ligeramente elevada, con márgenes ondulados y superficie brillante de color amarillo mostaza, textura granulosa, teñían el medio de color marrón. Se observó la producción de exudados de color amarillento. En la micromorfología se observaron hifas delgadas, septadas y con abundantes vesículas. Presentaron conidióforos no ramificados, con estípite liso. Conidios globosos con pared lisa, vesículas piriformes y monoseriadas. Se observó la formación de cleistotecios globosos.

Otras cepas que presentaron similitudes fueron *Aspergillus* sp. cepa SsA16 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27 (Figura 12-A). En las características macroscópicas se apreciaron colonias irregulares, ligeramente elevadas, con márgenes filiformes. Coloración amarillo pálido, teñían el medio de color ámbar, textura gelatinosa abundante esporulación, cabeza conidial color amarillo mostaza. Respecto a las características microscópicas se observaron hifas delgadas y sin septos, vesículas biseriadas, piriformes, méntulas ordenadas de manera radial alrededor de la vesícula y conidios globosos con pared lisa.

Se observó que *Aspergillus* sp. cepa SpA25 (Figura 12-B) tenía colonia circular, ligeramente elevada, con márgenes regulares. Coloración negruzca, con abundante esporulación y textura gelatinosa. Presentó tinción del medio de color marrón. En la micromorfología se identificaron hifas delgadas y sin septos. En cuanto a los conidióforos, estos mostraron superficie lisa, con vesícula de forma esferoidal y monoseriada. La forma de los conidios era globosa, con cabezas conidiales de color negro.



Figura 12. Morfología colonial y microestructuras de *Aspergillus* sp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y SpA20. **A-1)** Conidióforo e hifas de *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y SpA20. **A-2)** Cleistotecio de *Aspergillus* sp. cepa SpR9 y SpA20. Barra de escala 50 μ m.

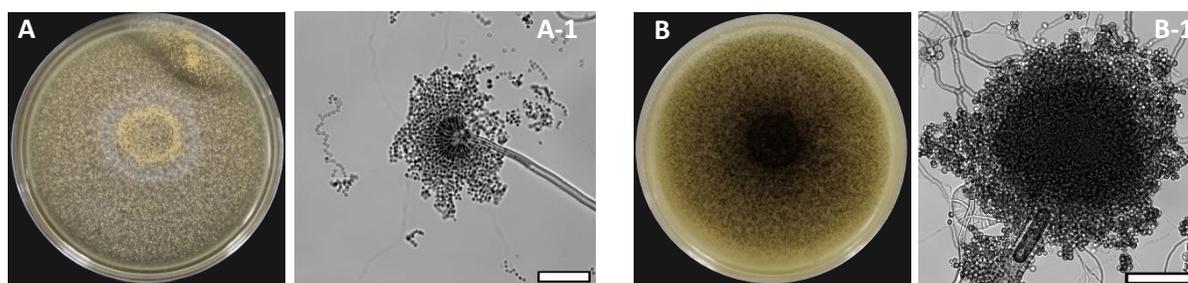


Figura 11. Morfología colonial y microestructuras de *Aspergillus* spp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonia de *Aspergillus* sp. cepa SsA16 y SsA27. **A-1)** Conidióforo de *Aspergillus* sp. cepa SsA16 y SsA27. **B)** Morfología colonial de *Aspergillus* sp. cepa SpA25. **B-1)** Conidióforo de *Aspergillus* sp. cepa SpA25. Barra de escala 50 μ m.

Aspergillus es uno de los géneros más diversos y comunes en todo el mundo (Yu, 2010) principalmente se pueden encontrar en zonas terrestres y constituyen un papel fundamental en la descomposición de materia orgánica (Abdel-Azeem et al., 2016). Dada la diversidad de este género, algunas especies tienen la capacidad de degradar microplásticos en ambientes acuáticos a través de la liberación de enzimas como lipasas, lacasas, peroxidasas, esterases y ureasas (Nasrabadi et al., 2023). Estudios realizados por Wu et al., (2009) indicaron que la cepa *Aspergillus* sp. BAP14, la cual fue aislada de sedimentos marinos de la

ciudad de Xiamen, China, tiene la capacidad de degradar entre el 30 y 60% de BaP a una concentración de 10 mg/L en un tiempo de incubación de entre 3 y 12 días.

3.3.3 *Penicillium* spp.

En este trabajo se aislaron cuatro cepas de *Penicillium* (Figura 13) asociados a *S. pacifica* y *S. subterminalis*: *Penicillium* sp. cepa SpR11, *Penicillium* sp. cepa SsA29, *Penicillium* sp. cepa SpA31 y *Penicillium* sp. cepa SpA28. En la tabla 8 se ordenan los tamaños promedio (n=30) de las conidias de las cepas aisladas y se comparan con lo reportado en la literatura.

Tabla 8. Tamaño en micras (μm) de conidias de *Penicillium* spp. aislados de *S. pacifica* y *S. subterminalis*.

Cepa	Diámetro	Diámetro reportado	Especie relacionada	Referencia
SpR11	2.64			
SsA29	3.10	2.5-4	<i>Penicillium simplicissimum</i>	Pitt & Hocking, 1997
SpA31	3.05	2.5-3.5	<i>Penicillium taii</i>	Wang et al., 2023
SpA28	2.32	2.1-2.8	<i>Penicillium resticulosum</i> Birkinshaw, Raistrick, & Smith	Watanabe, 2002

Se observaron semejanzas entre las morfologías macroscópicas y microscópicas de los aislados *Penicillium* sp. cepa SpR11, *Penicillium* sp. cepa SsA29 y *Penicillium* sp. cepa SpA31 (Figura 13-A). Dentro de las características macroscópicas se observaron colonias circulares, planas, con márgenes casi regulares. Coloración verdosa seca, pulverulenta, con abundante esporulación, textura aterciopelada y ligeramente granulosa. Respecto a la micromorfología se observaron hifas delgadas y hialinas, con septos. Penicilios biverticilados, fiálides organizadas en la forma típica de “píncel”. Conidios redondos, en cadena o ramificadas.

Por otro lado, en *Penicillium* sp. cepa SpA28 (Figura 13-B) se observó colonia circular, translúcida, con márgenes filiformes, elevada y con micelio aéreo, flocooso, y se observó la formación de anillos concéntricos. Coloración verdosa/grisácea, con abundante esporulación y textura gelatinosa. Tiñó el medio de color ocre. En las características microscópicas se observaron hifas delgadas y septadas, penicilios monoverticilados con conidios globosos, hialinos y organizados en cadena. El conidióforo posee la forma típica de “píncel”.

Penicillium, al igual que *Aspergillus*, es un género abundante en la naturaleza; se puede encontrar en el suelo, asociado a plantas, aire y de igual manera, posee la capacidad de sobrevivir en ambientes extremos (temperatura, salinidad, pH, etc.), lo que le confiere amplios usos y aplicaciones ambientales, biotecnológicas e industriales (Yadav et al., 2018). En la tabla 9 se describen a las diversas especies de *Penicillium* y el tipo de HAP que pueden catabolizar según lo reportado por Zehra et al., (2018).

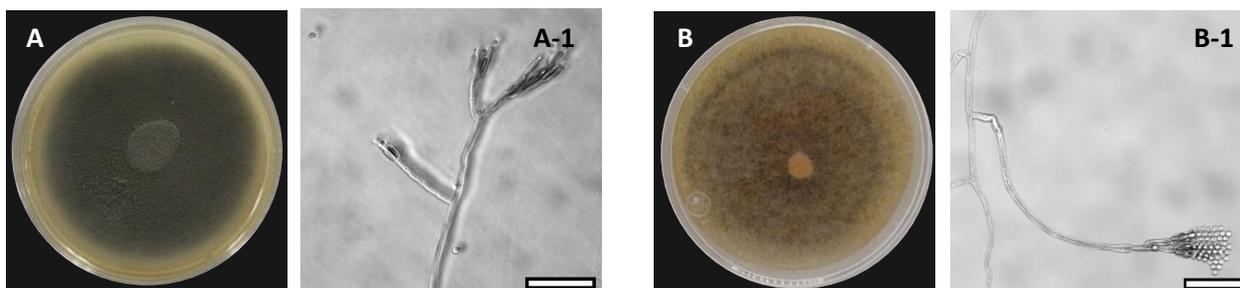


Figura 13. Morfología colonial y microestructuras de *Penicillium* spp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de *Penicillium* sp. cepa SpR11, SsA29 y SpA31. **A-1)** Conidióforos de *Penicillium* sp. cepa SpR11, SsA29 y SpA31. **B)** Morfología colonia de *Penicillium* sp. cepa SpA28. **B-1)** Conidióforo de *Penicillium* sp. cepa SpA28. Barra de escala 25 μ m.

Tabla 9. Especies de *Penicillium* spp. con capacidad para catabolizar HAPs. Modificada de Zehra et al., (2018)

HAP	<i>Penicillium</i> spp.	Referencia
Fluoreno	<i>P. canescens</i> ; <i>P. janczewskii</i> ; <i>P. montanense</i> ; <i>P. simplicissimum</i> ; <i>P. restrictum</i>	Garon et al., 2004
	<i>P. chrysogenum</i> ; <i>P. italicum</i>	Garon et al., 2002
Pireno	<i>P. terrestre</i> ; <i>P. simplicissimum</i> ; <i>P. janthinellum</i> ; <i>P. funiculosum</i>	Saraswathy & Hallberg, 2002
	<i>P. ochrochloron</i>	Saraswathy & Hallberg, 2005
	<i>P. chrysogenum</i> ; <i>P. aurantiogriseum</i> ; <i>P. crustosum</i> ; <i>P. decumbens</i> ; <i>P. griseofulvum</i> ; <i>P. janczewskii</i> ;	Ravelet et al., 2000
	<i>P. janthinellum</i> ; <i>P. roqueforti</i> ; <i>P. rugulosum</i> ; <i>P. simplicissimum</i> ; <i>P. velutinum</i>	
	<i>P. janthinellum</i>	Saraswathy & Hallberg, 2002
Benzo[a]pireno	<i>P. janthinellum</i>	Launen et al., 1995
Fenantreno	<i>P. frequentans</i>	Meléndez-Estrada et al., 2006
	<i>Penicillium</i> sp. M1	Sack & Günther, 1993
Antraceno	<i>P. simplicissimum</i>	

3.3.4 *Trichoderma* sp.

En este trabajo obtuvieron dos cepas de *Trichoderma* aisladas de *S. pacifica*: *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y *Trichoderma* sp. cepa SpA23. En la tabla 10 se indican los diámetros promedio (n=30) de las conidias de ambas colonias de *Trichoderma* sp. y se comparan con lo reportado en la literatura.

Tabla 10. Tamaño en micras (μm) de conidias de *Trichoderma* sp. aislados de *Salicornia pacifica*.

Cepa	Diámetro	Diámetro reportado	Especie relacionada	Referencia
SpA18	2.86	2.1-4	<i>Trichoderma harzianum</i> Rifai	Watanabe, 2002
		2.5-4	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	Pitt & Hocking, 2022
		1.7-3.2	<i>Trichoderma endophyticum</i>	Chaverri et al., 2015
SpA23	2.63	2.55-3.33	<i>Trichoderma azevedoi</i>	Inglis et al., 2020

Trichoderma sp. cepa SpA18 y *Trichoderma* sp. cepa SpA23 (Figura 14-A), presentaron similitudes tanto en la colonia macroscópica como en las estructuras de reproducción, lo cual indica que podrían ser la misma cepa. En la macromorfología se observaron colonias irregulares, ligeramente elevadas, con márgenes filiformes. Coloración verdosa/blancuzca, con el paso del tiempo genera motas de color verde, pulverulentas. Textura gelatinosa, produce exudados de color amarillento. En las orillas se observó ligera aparición de micelio aéreo algodonoso con coloración amarillenta. Respecto a las características microscópicas se apreciaron conidióforos erectos, hialinos, ramificados, fiálides verticiladas; se agrupaban de dos a tres verticilios en las fiálides, con conidios globosos de paredes lisas.

Los hongos del género *Trichoderma* son cosmopolitas, se pueden encontrar tanto en el suelo como en la rizósfera de las plantas (pueden ser endófitos o encontrarse en el rizoplano), en el aire, en diferentes cuerpos de agua dulce y salada (László et al., 2014). Estudios realizados con *Trichoderma harzianum* CCECH-Te1, *Trichoderma viride* CCECH-Te2 y *Trichoderma pseudokoningii* CCECH-Te3, indicaron que estos pueden biorremediar hasta el 60% tanto de metales pesados como petróleo crudo en muestras de suelo (Pesántez & Castro, 2016).

Otras investigaciones revelaron que *Trichoderma reesei* FS10-C tiene el potencial para degradar hasta un 54% de BaP (20 mg/L) a los 12 días de inoculación, de igual manera, puede catabolizar el 35% de pireno a una concentración de $14,3805 \pm 76 \mu\text{g}/\text{kg}$ en suelo seco (Yao et al., 2015).

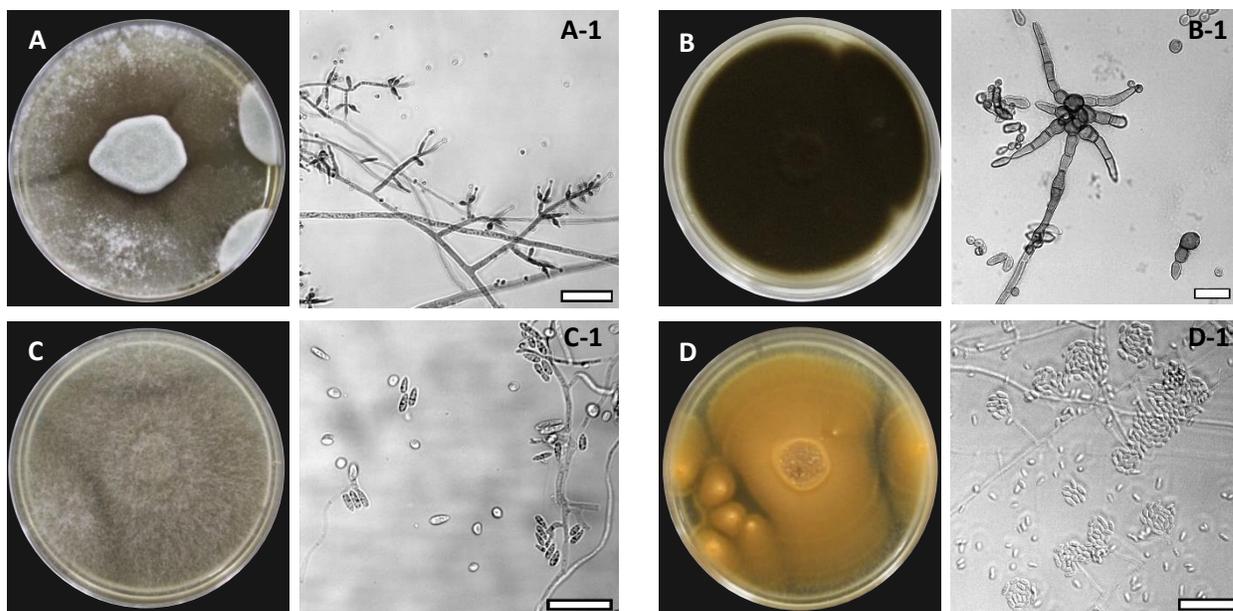


Figura 14. Morfología colonial y microestructuras de *Trichoderma* sp., *Cladosporium* sp., *Colletotrichum* sp. y *Acremonium* sp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y SpA23. **A-1)** Estructuras de *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y SpA23. **B)** Morfología colonial de *Cladosporium* sp. cepa SpR12 y SsA26. **B-1)** Fascículo de conidióforo de *Cladosporium* sp. cepa SpR12 y SsA26. **C)** Morfología colonial de *Colletotrichum* sp. cepa SpA19. **C-1)** Conidias de *Colletotrichum* sp. cepa SpA19. **D)** Morfología colonial de *Acremonium* sp. cepa SsA15. **D-1)** Conidias de *Acremonium* sp. cepa SsA15. Barra de escala 25 µm

3.3.5 *Cladosporium* sp.

En esta investigación se obtuvieron dos cepas de *Cladosporium* aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis*: *Cladosporium* sp. cepa SpR12 y *Cladosporium* sp. cepa SsA26. En la tabla 11 se indican los diámetros promedio de las conidias (n=30) de dichos aislamientos, las cuales se contrastaron con los tamaños reportados en la literatura.

Tabla 11. Tamaño en micras (µm) de conidias de *Cladosporium* sp. aislados de *S. pacifica* y *S. subterminalis*.

Cepa	Promedio largo	Promedio ancho	Largo reportado	Ancho reportado	Especie relacionada	Referencia
SpR12	9.59	6.16	8-20	4-6	<i>Cladosporium herbarum</i>	Pitt & Hocking, 2022
SsA26	8.51	6.62				

Cladosporium sp. cepa SpR12 y *Cladosporium* sp. cepa SsA26 (Figura 14-B) mostraron semejanza tanto en las características macroscópicas como en las microscópicas. Lo anterior podría indicar que se trata de la

misma cepa. En la macromorfología se observaron colonias de forma irregular y planas, opacas, con superficie aterciopelada, coloración verde olivo, pulverulenta y abundante esporulación; teñían el medio de color negro. De manera microscópica se observaron conidióforos frágiles, erectos, ramificados, y pigmentados. Los conidios tenían forma de limón, ovalados y ordenados en cadena.

Cladosporium es un género saprófito y cosmopolita que se encuentra en el aire, suelo y agua, incluida agua salada (Ogórek et al., 2012). Algunas especies son patógenas de plantas y otras como *Cladosporium herbarum*, *Cladosporium macrocarpum*, *Cladosporium sphaerospermum* y *Cladosporium cladosporioides*, poseen la capacidad de degradar petróleo crudo (Bakri, 2022). De igual manera, *Cladosporium* sp. CBMAI 1237 puede degradar fluoreno, fluoranteno, pireno y fenantreno de aguas residuales (Alao & Adebayo, 2022).

3.3.6 *Colletotrichum* sp.

En esta investigación se aisló a una cepa de *Colletotrichum* de *S. pacifica*: *Colletotrichum* sp. cepa SpA19. En la tabla 12 se enlistan los tamaños promedio de las conidias (n=30) del aislado de *Colletotrichum* sp. en comparación con lo reportado en la literatura.

Tabla 12. Tamaño en micras (μm) de conidias de *Colletotrichum* sp. aislado de *Salicornia pacifica*.

Cepa	Promedio largo	Promedio ancho	Largo reportado	Ancho reportado	Especie relacionada	Referencia
SpA19	9.78	2.69	9.7-16.9	2.2-6.1	<i>Colletotrichum tamarilloi</i>	Gañán et al., 2015

Se observó que *Colletotrichum* sp. cepa SpA19 (Figura 14-C) tenía colonia circular, elevada, con márgenes ligeramente filiformes. Coloración blanquecina con tonos grisáceos, translúcida, abundante micelio aéreo, denso, flocoso y textura gelatinosa. En la micromorfología se observaron hifas delgadas, sin septos, conidios cilíndricos, rectos, unicelulares, e hialinos.

El género endófito *Colletotrichum* es conocido por su importancia como patógeno de antracnosis de diversos hospederos leñosos, herbáceas y frutales, de igual manera, es un organismo modelo para la investigación genética (Cannon et al., 2012). *Colletotrichum gleosporioides* posee la capacidad de producir la enzima lipasa en presencia de los hidrocarburos, lo cual podría estar relacionado con la degradación de

HAPs (Kadri et al., 2017). Sin embargo, en este presente trabajo se observó que la cepa de *Colletotrichum* sp. cepa SpA19 aislada de *S. pacifica* no presentó diferencias significativas en su crecimiento en presencia de pireno (25 mg/L), por lo tanto, se sugiere continuar con los estudios para dilucidar que HAPs puede ser degradado por *Colletotrichum* spp.

3.3.7 *Acremonium* sp.

Asociada a la rizósfera de *S. subterminalis* se obtuvo un aislamiento de *Acremonium* sp. etiquetado como *Acremonium* sp. cepa SsA15 (Figura 14-D), en la cual se observó una colonia filamentososa, plana, con márgenes filiformes, superficie brillante, coloración durazno, textura semicremosa y con ausencia de micelio aéreo. En la micromorfología se observaron hifas delgadas, sin septos, conidios cilíndricos, hialinos agregados en la punta de la fiálide en forma círculos conocidos glioconidios. Fiálides hialinas, alargadas, no ramificadas y solitarias. En la tabla 13 se describen los tamaños promedio (n=30) de los conidios de este aislamiento en comparación con lo reportado en la literatura.

Tabla 13. Tamaño en micras (μm) de conidias de *Acremonium* sp. aislados de *Salicornia subterminalis*.

Cepa	Promedio largo	Promedio ancho	Largo reportado	Ancho reportado	Especie relacionada	Referencia
SsA15	5.31	2.37	5-14	2-4	<i>Acremonium link</i>	Ren et al., 2024

Los hongos pertenecientes al género *Acremonium* son considerados polifiléticos, siendo la mayor parte saprófitos y patógenos de plantas, insectos e incluso, de otros hongos (Perdomo et al., 2011). *Acremonium* sp. fue identificado como un hongo endófito asociado a *Salicornia arabica* (Sadrati et al., 2022). Investigaciones realizadas por Heras-Martínez et al., (2022) revelaron que, *Acremonium* sp. posee la capacidad de degradar el 95%, 94% y 89% de fenantreno, antraceno y pireno, respectivamente, a una concentración de 50 mg/L. Contrastando lo anterior con lo encontrado en este trabajo, la cepa de *Acremonium* sp. aislada de la rizósfera de *S. subterminalis* presentó disminución en su crecimiento en presencia de pireno (25 mg/L).

Considerando que en esta investigación se trabajó en medio sólido (en placas de 60 x 15 mm), a un tiempo de incubación de cuatro días, a diferencia de la metodología realizada por Heras-Martínez et al., (2022), la cual involucra condiciones de laboratorio más controladas, en medio líquido y durante 7, 14, 21 y 30 días,

se sugiere realizar más investigaciones ajustándose a la metodología descrita en la literatura para dilucidar la concentración de HAPs en la que pueden crecer *Acremonium* sp. cepa SsA15, así como el potencial de degradación de los contaminantes por dicha cepa en diferentes tiempos de incubación.

3.3.8 *Neophaeotheca* sp.

Del cepario aislado en este trabajo, fue posible obtener a una levadura negra aislada de *S. subterminalis*. *Neophaeotheca* sp. cepa SsA6 (Figura 15-A), en la cual se observó una colonia de color marrón al inicio y con el paso del tiempo se tornó negra, textura cremosa y superficie opaca. En la micromorfología se identificaron endoconidios marrones, melanizados, globosos a ovoides, y septados. En la tabla 14 se enlistan los tamaños promedio de los endoconidios (n=30) de *Neophaeotheca* sp. cepa SsA6 en comparación con lo reportado en la literatura.

Tabla 14. Tamaño en micras (μm) de las endoconidios de *Neophaeotheca* sp. aislada de *Salicornia subterminalis*.

Cepa	Diámetro promedio	Diámetro reportado	Especie relacionada	Referencia
SsA6	5.55	5-8	<i>Neophaeotheca salicorniae</i>	Crous et al., 2016

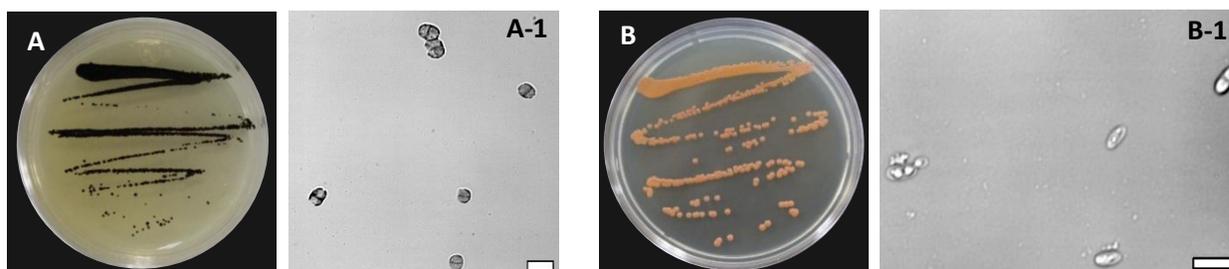


Figura 15. Morfología colonial y microestructuras de *Neophaeotheca* sp. y *Rhodotorula* sp. en medio PDA-S, a temperatura ambiente durante 10 días, y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de *Neophaeotheca* sp. cepa SsA6. **A-1)** Endoconidios de *Neophaeotheca* sp. cepa SsA6. **B)** Morfología colonial de *Rhodotorula a* sp. cepa SpA4. **B-1)** Células de *Rhodotorula a* sp. cepa SpA4. Barra de escala 10 μm .

Las levaduras negras conforman a un grupo de hongos melanizados que poseen capacidades y morfologías que les permiten sobrevivir en ambientes extremos, como, por ejemplo, los ambientes salinos (Gostinčar & Gunde-Cimerman, 2024; Tiquia-Arashiro & Grube, 2019).

Neophaeotheca salicorniae y *Neophaeotheca triangularis* son levaduras negras pertenecientes a la familia Neophaeothecaceae y su incidencia se reporta en aguas hipersalinas (Calabon et al., 2023; Chung & Krahn, 2022; Gunde-Cimerman, 2000). *Neophaeotheca salicorniae* es una levadura negra aislada de *Salicornia mayeriana* y dado que producen melanina, esta les confiere un alto nivel de protección ante la radiación UV, estrés oxidativo, toxicidad por metales pesados y altas concentraciones de salinidad (Elsayis et al., 2022). El potencial de biorremediación de ambientes contaminados con HAPs por *Neophaeotheca* aún no se ha dilucidado por completo, por lo que se sugiere continuar con las investigaciones usando el aislado *Neophaeotheca* sp. cepa SsA6 obtenido en este trabajo.

3.3.9 *Rhodotorula* sp.

En esta investigación fue posible aislar de *S. pacifica*, a una cepa de *Rhodotorula* etiquetada como *Rhodotorula* sp. cepa SpA4 (Figura 15-B), la cual presentó coloración naranja con tonos rosados, brillante, textura cremosa y superficie lisa. En la micromorfología se apreciaron células ovoidales y globosas, que probablemente se encontraban fase de división celular. En la tabla 15 se describen los tamaños de las células (n=30) de *Rhodotorula* sp. cepa SpA4 en comparación con lo reportado en la literatura.

Tabla 15. Tamaño en micras (μm) de las células de *Rhodotorula* sp. aislada de *Salicornia pacifica*.

Cepa	Largo promedio	Ancho promedio	Largo reportado	Ancho reportado	Especie relacionada	Referencia
SpA4	7.60	3.64	4-10.1 2-12	2-4 2-8	<i>Rhodotorula marina</i> <i>Rhodotorula mucilaginoso</i>	Statzell-Tallman & Fell, 1998

El género levaduriforme *Rhodotorula* conforma a levaduras saprófitas que se pueden encontrar tanto en el aire, suelo, lagos, en el mar, e incluso en alimentos como la leche o el jugo de frutas (Wirth & Goldani, 2012). Estudios realizados con la cepa *Rhodotorula* BMH1013 indicaron que es halotolerante y puede crecer de manera óptima en pH alcalino; de igual manera, es capaz de remover hidrocarburos monoaromáticos como xileno, tolueno y benceno (Ide-Pérez et al., 2020).

Otros estudios realizados por Martínez-Ávila et al., (2021) indicaron que la cepa *Rhodotorula mucilaginoso* EXF-1630 es poliextremotolerante y en condiciones de cometabolismo (usando glucosa al 2%) puede degradar hasta el 80% de PHE y BaP a una concentración de 100 ppm.

3.4 Interacción hongo-bacteria

3.4.1 Interacción de cepas fúngicas seleccionadas del posible rizoplasma con *Salinicola tamaricis* CSA4-1

En la interacción entre *S. tamaricis* CSA4-1 con *Fusarium* sp. cepa SsA14 (Figura 16-A) y *Aspergillus* sp. cepa SsA27 (Figura 16-B), no se observó una reducción significativa del crecimiento de ningún microorganismo. Respecto a la interacción entre *S. tamaricis* CSA4-1 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18 (Figura 16-C), sí se observó una reducción significativa del crecimiento del hongo en comparación con su respectivo tratamiento control. Lo anterior se corroboró en los análisis estadísticos, los cuales arrojaron una diferencia significativa. En el gráfico de la figura 17 se pueden apreciar los resultados de las pruebas estadísticas respecto a los crecimientos de las tres cepas fúngicas en presencia de la *S. tamaricis* CSA4-1.

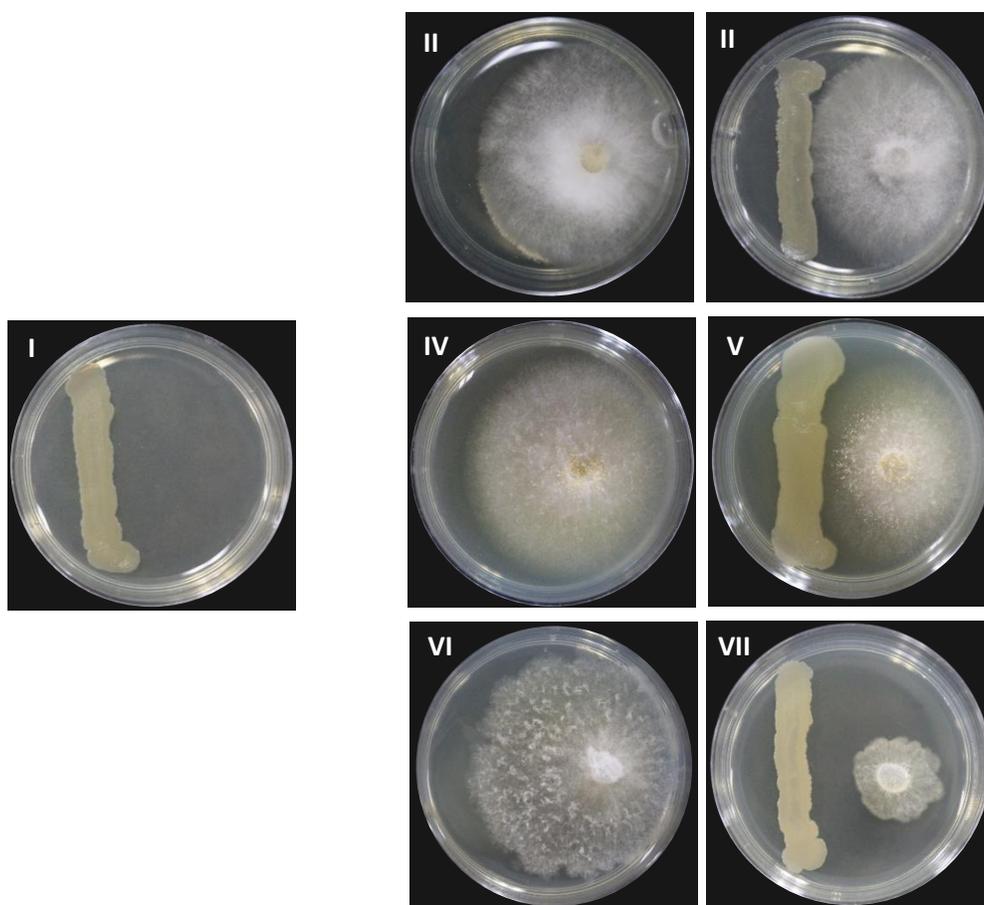


Figura 16. Interacción entre *Salinicola tamaricis* CSA4-1 y *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 o *Trichoderma* sp. cepa SpA18. I) *S. tamaricis* CSA4-1. II) *Fusarium* sp. cepa SsA14. III) Interacción *S. tamaricis* CSA4-1 y *Fusarium* sp. cepa SsA14. IV) *Aspergillus* sp. cepa SsA27. V) Interacción *S. tamaricis* CSA4-1 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27. VI) *Trichoderma* sp. cepa SpA18. VII) Interacción *S. tamaricis* CSA4-1 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18.

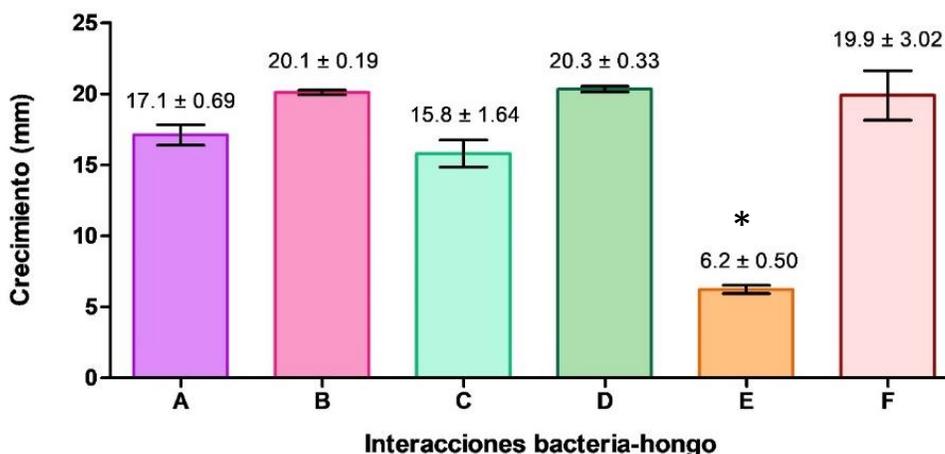


Figura 17. Crecimiento de cepas fúngicas del posible rizoplasma en presencia de *S. tamaricis* CSA4-1. **A)** *Fusarium* sp. cepa SsA14 en interacción con *S. tamaricis* CSA4-1. **B)** *Fusarium* sp. cepa SsA14. **C)** *Aspergillus* sp. cepa Ssa27 en interacción con *S. tamaricis* CSA4-1. **D)** *Aspergillus* sp. cepa Ssa27. **E)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18 en interacción con *S. tamaricis* CSA4-1. **F)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18.

Por lo obtenido en este trabajo, se sugiere que *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y *Salinicola tamaricis* CSA4-1 no podrían ser candidatos para formar una asociación simbiótica positiva bacteria-hongo-planta. Mientras que los sistemas de interacción hongo-planta o bacteria-planta sí podrían formar una relación simbiótica positiva, dado que algunas cepas de estos microorganismos son benéficas para las plantas, ya que promueven el crecimiento vegetal, y activan respuestas ante estreses bióticos y abióticos (Woo et al., 2023).

Singh et al., (2021) indicaron que *Salinicola tamaricis* es una bacteria endófito cultivable presente en las raíces de *Salicornia brachiata*. Esta información se complementa con lo reportado por Szymańska et al., (2016), quienes revelaron que *Salinicola* sp. también se encuentra como bacteria endófito cultivable asociada a las raíces de *Salicornia europea*.

Contrastando lo reportado en la literatura con lo encontrado en este trabajo, se deduce que *Salinicola tamaricis* CSA4-1 podría ser una importante candidata para formar asociaciones positivas entre el sistema planta-bacteria-hongo para la restauración de ambientes contaminados con HAPs, ya que la cepa usada en este estudio presenta un potencial hidrocarbonoclástico frente a HAPs y su genoma ya ha sido secuenciado, confirmando la presencia de genes que degradan dichos contaminantes (Silva-Jiménez, comunicación personal, 24 de enero de 2025).

Furtado et al., (2019) describieron que los géneros *Salinicola* sp., *Fusarium* sp. y *Aspergillus* sp. se encontraron coexistiendo como microorganismos endófitos de *S. europea*. Esto podría ser un indicador

de que *Fusarium* sp. SsA14 y *Aspergillus* sp. SsA27 en conjunto con *S. tamaricis* conformarían una asociación simbiótica positiva para la degradación de HAPs.

Aunque se han reportado a *Trichoderma* sp. y *Salinicola* sp. como parte de los microorganismos endófitos en la microbiota de *S. europea* (Furtado & Hryniewicz, 2021), en este trabajo se observó que la interacción entre *Trichoderma* sp. cepa SpA18 (aislado de *S. pacifica*) y *Salinicola tamaricis* CSA4-1 resultó perjudicial para el crecimiento del hongo.

3.4.2 Interacción de las cepas fúngicas seleccionadas del posible rizoplasma con *Microbacterium esteraromaticum* CSA25

En el ensayo de interacción hongo-bacteria, se observó que el crecimiento de *Fusarium* sp. cepa SsA14 (Figura 18-A) y *Aspergillus* sp. cepa SsA27 (Figura 18-B) no fue afectado negativamente ante la presencia de *M. esteraromaticum* CSA25. Lo anterior se corroboró con análisis estadísticos (Figura 19), en los que se demuestra que no hubo diferencias significativas, lo cual es favorable, ya que se infiere que podría haber una coexistencia neutral entre estos microorganismos y por ende podrían usarse en la formación de asociaciones simbióticas para la degradación de HAPs.

Respecto a la interacción entre *M. esteraromaticum* CSA25 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18, sí se observó una reducción en el crecimiento en comparación su respectivo control (Figura 18-C), esto fue confirmado a través de los análisis estadísticos, los cuales evidenciaron la existencia de una diferencia significativa (Figura 19). De igual manera, es importante resaltar que en la literatura publicada aún no se encuentra registro de la interacción entre estos microorganismos bajo condiciones de laboratorio, siendo este uno de los primeros acercamientos para conocer dicha relación.

Acorde a lo descrito por Jurado et al., (2019) *M. esteraromaticum* es una bacteria que se puede usar como control biológico en contra de microorganismos que causen la pudrición de la raíz, como, por ejemplo, algunas cepas del género *Fusarium*. Por otro lado, Majumdar et al., (2021) revelaron que *Microbacterium* sp. se usa como biocontrol de *Aspergillus flavus*.

Contrario a lo antes mencionado, en este trabajo se observó que la cepa bacteriana *M. esteraromaticum* CSA25 tuvo interacciones neutrales con *Fusarium* sp. cepa SsA14 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27, lo cual sugiere que existe la posibilidad de utilizar a estos microorganismos para formar asociaciones simbióticas

positivas, ya que el crecimiento de ninguno de los dos hongos es inhibido en presencia de la bacteria, siendo esto la posible apertura de una ventana de oportunidad para realizar más investigaciones al respecto.

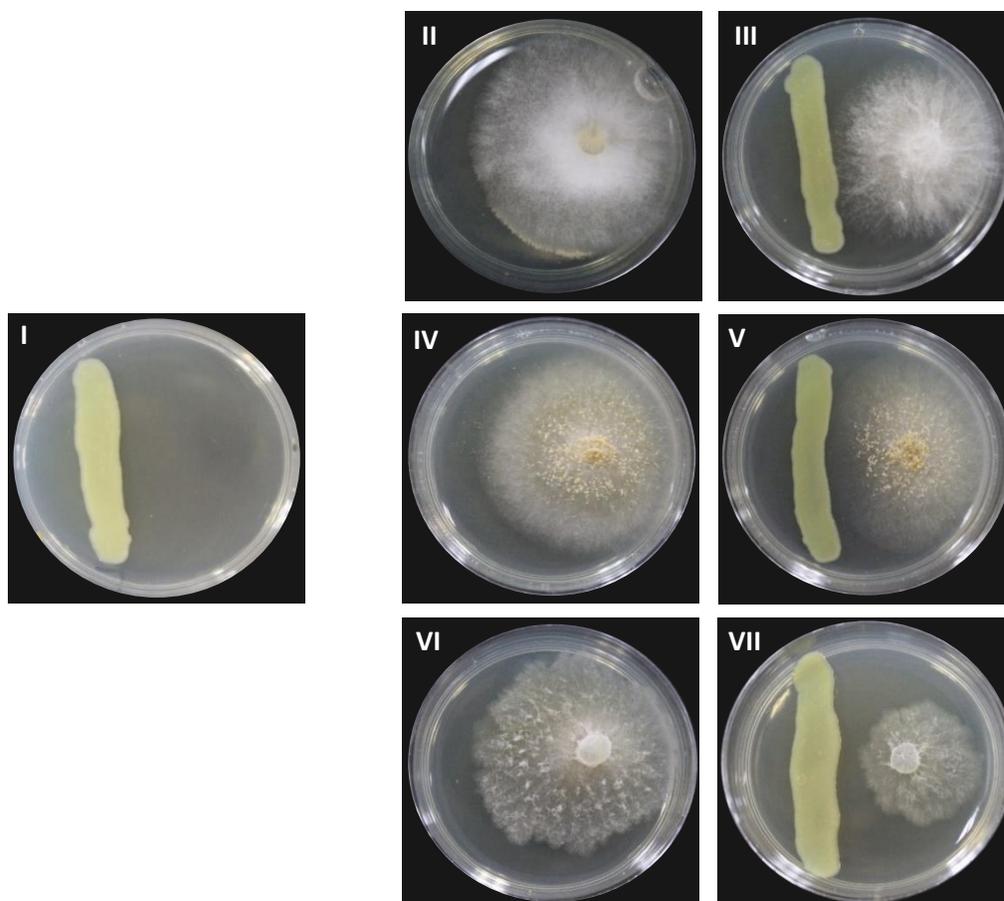


Figura 18. Interacción entre *Microbacterium esteraromaticum* CSA25 y *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 o *Trichoderma* sp. cepa SpA18. **I)** *M. esteraromaticum* CSA25. **II)** *Fusarium* sp. cepa SsA14. **III)** Interacción *M. esteraromaticum* CSA25 y *Fusarium* sp. cepa SsA14. **IV)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27. **V)** Interacción *M. esteraromaticum* CSA25 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27. **VI)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18. **VII)** Interacción *M. esteraromaticum* CSA25 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18.

Szymańska et al., (2016) determinaron que *Microbacterium* sp. CSE-10 es una bacteria endófito cultivable identificada en la rizósfera de *Salicornia europaea*. De igual manera, *Microbacterium* sp. funge como bacteria endófito fijadora de nitrógeno en *S. europaea* (Furtado et al., 2019). Asimismo, es necesario señalar que el genoma ya secuenciado de la cepa CSA25 de *M. esteraromaticum* usada en esta investigación, indicó la presencia de genes involucrados en la degradación de HAPs (Silva-Jiménez, comunicación personal, 24 de enero de 2025).

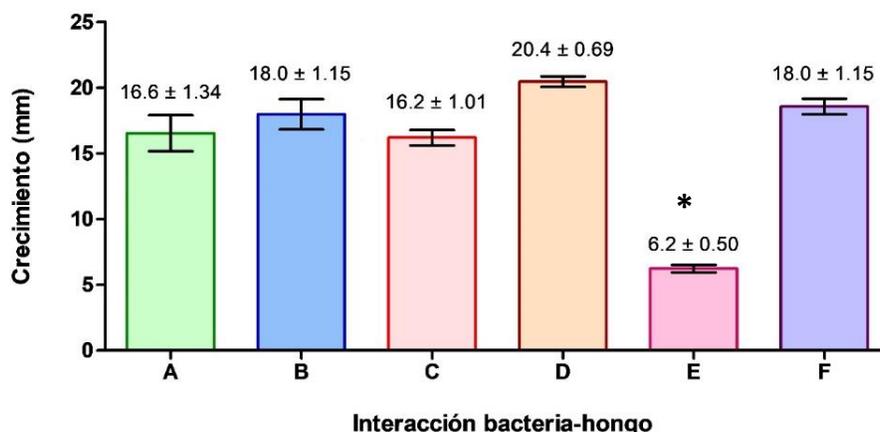


Figura 19. Crecimiento cepas fúngicas del posible rizoplasma en presencia de *M. esteraromaticum* CSA25. **A)** *Fusarium* sp. cepa SsA14 en interacción con *M. esteraromaticum* CSA25. **B)** *Fusarium* sp. cepa SsA14. **C)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27 en interacción con *M. esteraromaticum* CSA25. **D)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27. **E)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18 en interacción con *M. esteraromaticum* CSA25. **F)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18.

Considerando lo antes mencionado con lo hallado en este trabajo sobre la capacidad de *M. esteraromaticum* de interactuar con hongos del género *Fusarium* y *Aspergillus*, se infiere que esta bacteria al estar asociado a las raíces de *Salicornia* spp., podría tener un papel significativo en la conformación de asociaciones simbióticas positivas entre plantas, bacterias, y hongos para la restauración de ecosistemas contaminados con HAPs, ya que se ha probado que tiene la capacidad de crecer de manera óptima en pireno y otros HAPs (Silva-Jiménez, comunicación personal, 24 de enero de 2025).

3.4.3 Interacción de las cepas fúngicas seleccionadas del posible rizoplasma con *Kocuria* sp. HC51

En los ensayos de interacción entre *Kocuria* sp. HC51 con *Fusarium* sp. cepa SsA14 (Figura 20-A) y *Kocuria* sp. HC51 con *Aspergillus* sp. cepa SsA27 (Figura 20-B) ocurrió algo similar a la interacción con *S. tamaricis* CSA4-1 y *M. esteraromaticum* CSA25, no se encontraron diferencias significativas en el crecimiento de los hongos en interacción con la bacteria (Figura 21). Sin embargo, en el caso de la interacción entre *Kocuria* sp. HC51 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18 (Figura 20-C) se observaron efectos negativos en el crecimiento del hongo ante la presencia de la bacteria, lo cual se verificó con análisis estadísticos, en donde se observaron diferencias significativas (Figura 21). Hasta el momento, no se han encontrado reportes publicados de la interacción en condiciones de laboratorio entre los géneros *Kocuria* y *Trichoderma*, por lo que este estudio involucra uno de los primeros intentos por comprender dicha asociación microbiana en condiciones de laboratorio.

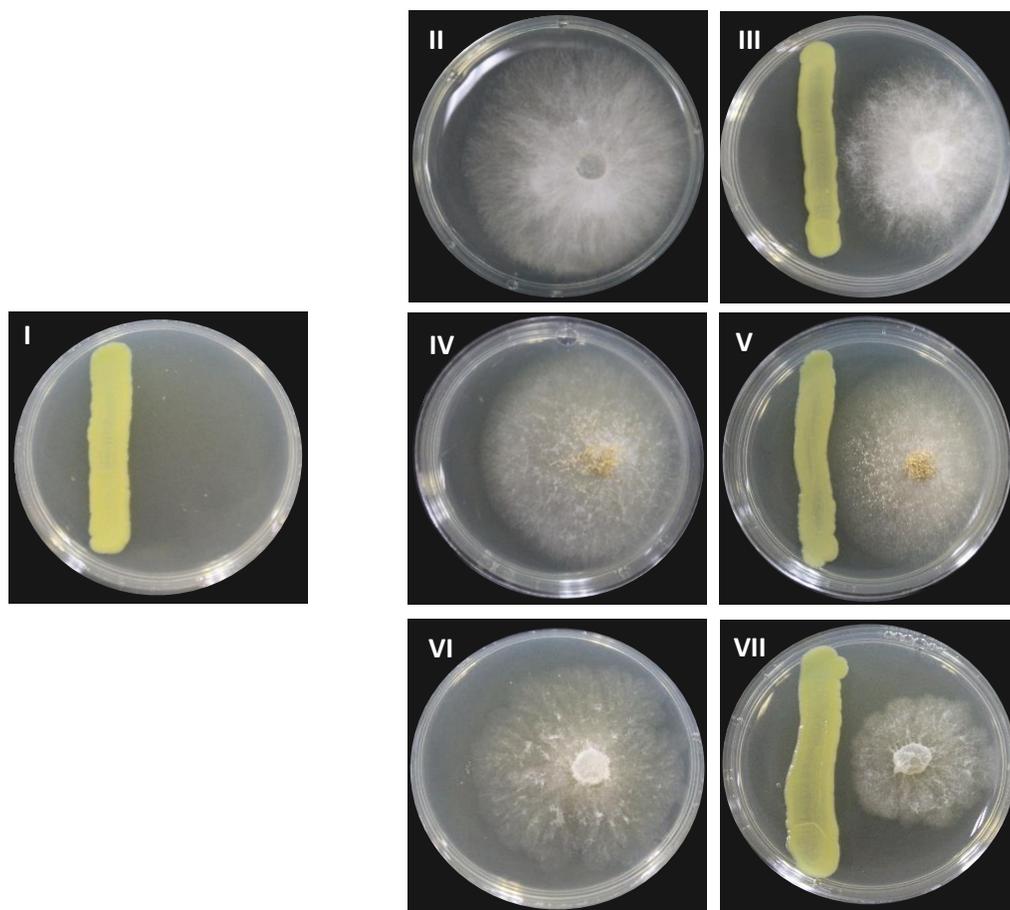


Figura 20. Interacción entre *Kocuria* sp. HC51 y *Fusarium* sp. cepa SsA14, *Aspergillus* sp. cepa SsA27 o *Trichoderma* sp. cepa SpA18. **I)** *Kocuria* sp. HC51 **II)** *Fusarium* sp. cepa SsA14. **III)** Interacción *Kocuria* sp. HC51 y *Fusarium* sp. cepa SsA14. **IV)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27. **V)** Interacción *Kocuria* sp. HC51 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27. **VI)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18. **VII)** Interacción *Kocuria* sp. HC51 y *Trichoderma* sp. cepa SpA18.

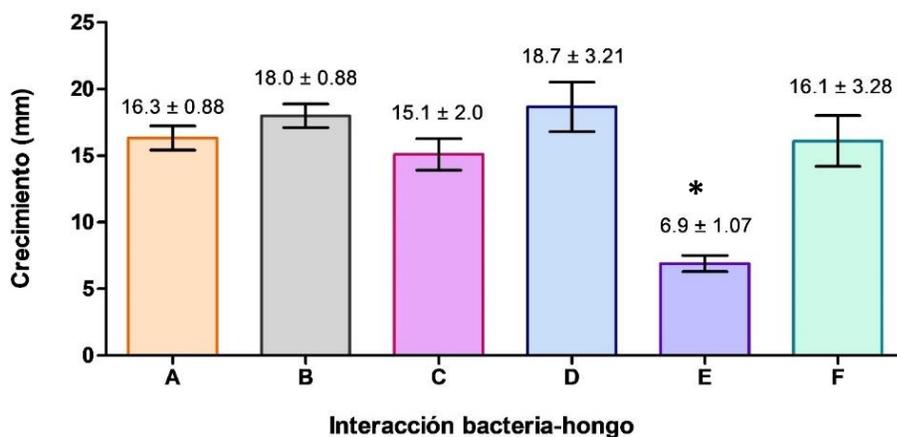


Figura 21. Crecimiento de cepas fúngicas del rizoplasma en presencia de *Kocuria* sp. HC51 **A)** *Fusarium* sp. cepa SsA14 en interacción con *Kocuria* sp. HC51. **B)** *Fusarium* sp. cepa SsA14. **C)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27 en interacción con *Kocuria* sp. HC51. **D)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27. **E)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18 en interacción con *Kocuria* sp. HC51 y. **F)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18.

En este trabajo se observó que *Kocuria* sp. HC51 y *Fusarium* sp. cepa SsA14 pueden coexistir sin presentarse una inhibición aparente a los cuatro días de incubación, contrario a lo que se ha observado en la literatura. Setiawan et al., (2022), describieron que la cepa *Kocuria palustris* 19C38A1 puede usarse como control biológico en contra de *Fusarium oxysporum*.

Contrastando lo encontrado en el presente estudio con los reportes en la literatura, se sugiere que al tratarse de géneros microbianos que coexisten en el entorno radicular de *Salicornia* spp. de manera natural, pueden tener una interacción compleja y dinámica, y para poder discernir entre el tipo de interacción que hay entre estos microorganismos es necesario realizar más pruebas, así como establecer la especie a la que pertenecen estas cepas mediante técnicas moleculares.

Zhao et al., (2016) describieron que, dentro de las comunidades bacterianas asociadas a las raíces de *Salicornia europaea* es posible identificar a las especies endófitas *Kocuria polaris* CMS 76 y *Kocuria rosea* DMS 20447. De igual manera, se sabe que la cepa HC51 de *Kocuria* sp. usada en este trabajo posee la capacidad de crecer de forma eficiente en presencia de pireno y otros HAPs (Silva-Jiménez, comunicación personal, 24 de enero de 2025).

Vinculando lo encontrado en este trabajo con lo descrito por Barcia-Piedras et al., (2023), se infiere que *Kocuria* sp. en conjunto con *Fusarium* y *Aspergillus*, con previas pruebas de fitopatogenicidad para no poner en riesgo a la planta, podrían usarse en interacción simbiótica positiva con *Salicornia pacifica* y *Salicornia subterminalis* para la restauración de ambientes contaminados con HAPs.

El neutralismo es una interacción en la cual las especies pueden coexistir sin afectarse, ni beneficiarse, a menos que uno de los organismos presente una tasa de crecimiento mayor a la del otro (Valiei et al., 2024). De igual manera, Yan et al., (2021) sugirieron que la neutralidad es fundamental en la preservación de la diversidad microbiana en los suelos. Por lo anterior, se deduce que las interacciones entre *S. tamaricis* CSA4-1, *M. esteraromaticum* CSA25 y *Kocuria* sp. HC51 con *Fusarium* sp. cepa SsA14 y *Aspergillus* sp. cepa SsA27, fueron neutrales dado que el crecimiento de los hongos en interacción con las tres cepas bacterianas no fue diferente estadísticamente.

En el caso de la interacción con *Trichoderma* sp. cepa SpA18 y las tres cepas bacterianas, se infiere que ocurrió una interacción antagonista, en la cual existió un efecto negativo en uno de los microorganismos (*Trichoderma* sp. cepa SpA18), pero no en el otro (cepas bacterianas). Este resultado pudiera estar

relacionado con modificaciones físicas o químicas del ambiente en el que se desarrollaron los microorganismos (Moënne-Loccoz et al., 2015).

Lo anterior podría inducir a una competencia interespecífica y por ende a fenotipos de explotación e interferencia en las diferentes etapas de crecimiento de los microorganismos. Un ejemplo es la liberación de compuestos tóxicos por parte de uno de los organismos (competencia por interferencia), los cuales pueden ser intolerables o inhibitorios para el otro individuo (Moënne-Loccoz et al., 2015), o el consumo rápido de los nutrientes para disminuir la disponibilidad de estos para el otro microorganismo, causando inhibición del crecimiento (competencia de explotación) (Krebs, 2014).

3.5 Identificación molecular de las cepas fúngicas seleccionadas

Una vez identificados morfológicamente los géneros de los hongos aislados en presencia de pireno, y con el propósito de determinar las especies seleccionadas para los estudios de interacción con las cepas bacterianas *S. tamaricis* CSA4-1, *Kocuria* sp. HC51 y *M. esteraromaticum* CSA25, se seleccionaron los marcadores moleculares para cada género (Tabla 16) y se realizaron pruebas PCR para el ITS (Figura 22), EF y la βt (Figura 23).

Tabla 16. Marcadores moleculares seleccionados acorde al género de hongo filamentoso.

Oligonucleótido	Hongo	Referencia
ITS5, ITS4	<i>Fusarium</i> sp. cepa SsA14, <i>Trichoderma</i> sp. cepa SpA18, <i>Aspergillus</i> sp. cepa SsA27	White et al., 1990
EF-1, EF-2	<i>Trichoderma</i> sp. cepa SpA18	O'Donnell et al., 1998
$\beta t2a$, $\beta t2b$	<i>Fusarium</i> sp. cepa SpA18, <i>Aspergillus</i> sp. cepa SsA27	Dizkirici & Kalmer, 2019

Los tamaños de amplificación de las bandas de la amplificación de los ITS5 e ITS4 observadas en la figura 23 para los tres organismos fúngicos fueron del tamaño esperado según lo descrito por Shafique et al., (2022), quienes reportaron que el tamaño de los amplicones de los ITS1 e ITS4 para *Fusarium equiseti* es

de 520 pb y 320 para $\beta t2a$ y $\beta t2b$. El tamaño de los ITS1 e ITS2 para el género *Trichoderma* ronda en las 600 pb (Chaverri et al., 2015).

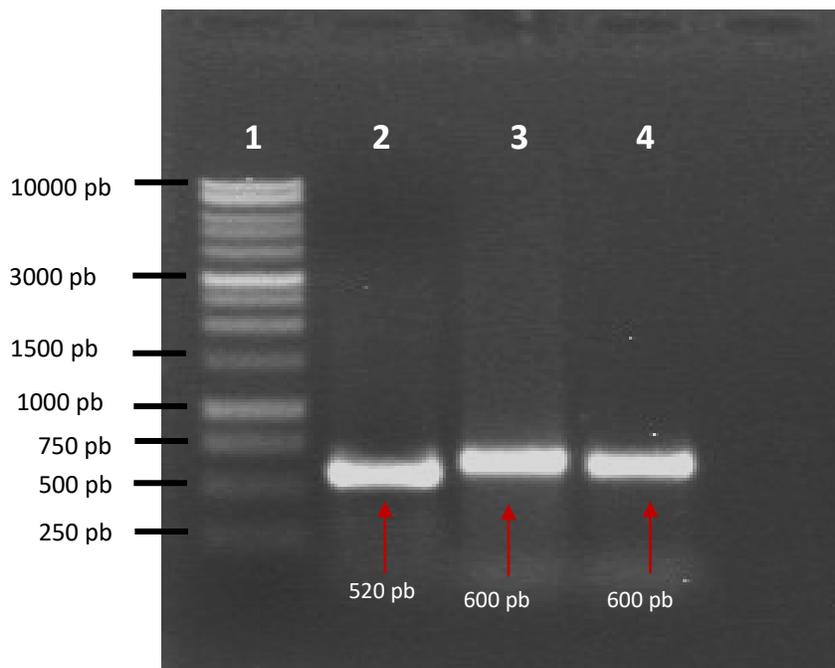


Figura 22. Electroforesis de productos de PCR de las regiones ITS5 e ITS 4 de las cepas de hongos seleccionados. **Carril 1)** Escalera 1 Kb. **Carril 2)** *Fusarium* sp. cepa SsA14. **Carril 3)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18. **Carril 4)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27.

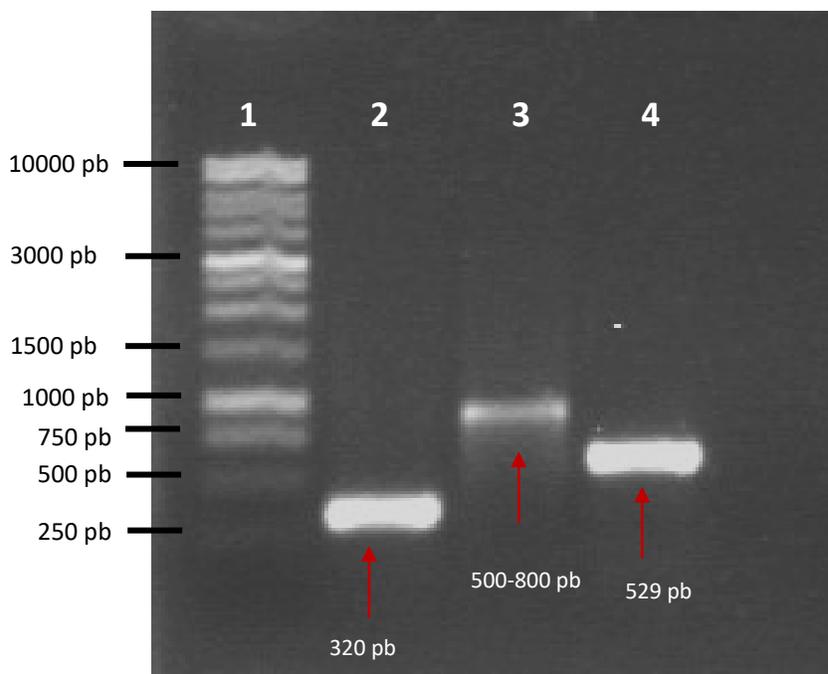


Figura 23. Electroforesis de productos de PCR de las regiones EF-1, EF-2 y $\beta t2a$, $\beta t2b$ de las cepas de hongos seleccionados. **Carril 1)** Escalera 1 Kb. **Carril 2)** *Fusarium* sp. cepa SsA14 ($\beta t2a$ y $\beta t2b$). **Carril 3)** *Trichoderma* sp. cepa SpA18 (EF-1, EF-2). **Carril 4)** *Aspergillus* sp. cepa SsA27 ($\beta t2a$ y $\beta t2b$).

El tamaño de los amplicones de los ITS1 e ITS4 para el género *Aspergillus* es de 600 pb (Mahata et al., 2022). Respecto al tamaño de la beta tubulina, Nasri et al., (2015) reportaron que *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus flavus*, *Aspergillus niger*, *Aspergillus terreus*, *Aspergillus clavatus* y *Aspergillus nidulans* tienen un tamaño de 549, 550, 531, 564, 562 y 475 pb en el orden descrito. De igual manera, para *Aspergillus ochraceus* se ha reportado un tamaño de amplicón de 529 pb usando beta tubulina (Morello et al., 2007).

Los tamaños de amplificación de las bandas de la amplificación de EF-1, EF-2 y $\beta t2a$, $\beta t2b$ mostradas en la figura 24 fueron del tamaño esperado acorde a lo descrito por Prabhakaran et al., (2015), quienes describieron que el tamaño de los amplicones del factor de elongación para *Trichoderma asperellum*, *Trichoderma longibrachiatum*, *Trichoderma virens* son de 507, 824 y 452 pb, respectivamente.

Dizkirici & Kalmer, (2019) indicaron que el ITS es confiable para determinar el género, pero para la identificación molecular de ascomicetos el ITS no es suficiente para ciertas especies altamente específicas de *Fusarium* y *Aspergillus*, por lo cual, se requiere de la amplificación de “regiones codificantes de proteínas ricas en intrones” (p. 194) como lo son el EF y la βt (Tabla 16).

3.5.1 Identificación molecular de *Fusarium* sp. cepa SsA14

Los resultados del análisis molecular (Tabla 17) indicaron que *Fusarium* sp. cepa SsA14 podría pertenecer a las especies *Fusarium equiseti*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium flageliforme* o *Fusarium incarnatum*. Para discernir entre las especies se consideró el tamaño de las macroconidias. *Fusarium* sp. cepa SsA14 fueron de 27.89 μm de largo (cepa que aisló en este trabajo) y según lo reportado en la literatura, *F. incarnatum* tiene macroconidias que miden a partir de 35-45 μm de largo (Wang et al., 2019), para el caso de *F. equiseti* se tiene un tamaño de 22- 60 μm (Booth, 1977). Contrastando los tamaños antes mencionados con lo encontrado en este trabajo y conjugándolo con lo observado en los resultados moleculares, se sugiere que *Fusarium* sp. cepa SsA14 podría ser *F. equiseti*.

De igual manera, es importante mencionar que las especies *F. equiseti* y *F. incarnatum* se encuentran estrechamente relacionadas (Pitt & Hocking, 2022) y conforman al Complejo de Especies *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC, del inglés “The *Fusarium incarnatum-equiseti* Species Complex”) (Leslie & Summerell, 2006), el cual incluye aproximadamente 33 especies filogenéticamente distintas (Villani et al., 2019). *Fusarium flageliforme* pertenece al clado *F. equiseti* (Żelechowski et al., 2021). De acuerdo con lo

descrito por Xia et al., (2019), la distribución de *Fusarium flageliforme* se limita a Europa y siendo su huésped predilecto las plantas de cereal.

Tabla 17. Identificación molecular de *Fusarium* sp. cepa SsA14 con los marcadores β t2a y β t2b en relación con lo reportado en la base de datos del NCBI.

Cepa	Especie	% de cobertura	E value	% de identidad	No. de acceso en NCBI
SsA14	<i>Fusarium</i>	100%	1.07e-160	97.9%	OP680530.1
	<i>equiseti</i>	100%	1.07e-160	97.9%	OP680529.1
	<i>Fusarium</i>	99.70%	3.84e-165	98.8%	MF445639.1
	<i>oxysporum</i>				
	<i>Fusarium</i>	96.40%	1.07e-160	99.1%	OP642154.1
	<i>flageliforme</i>	96.40%	1.07e-160	99.1%	OP642153.1
		95.80%	2.99e-161	99.4%	OM362472.1
	<i>Fusarium cf.</i>	95.80%	2.99e-161	99.4%	OM362471.1
	<i>incarnatum</i>	95.80%	2.99e-161	99.4%	OM362469.1
		95.80%	2.99e-161	99.4%	OM362468.1
	<i>Fusarium</i>	95.50%	1.07e-160	99.4%	MH521296.1
<i>equiseti</i>					

Por otro lado, dado que hay una variedad genética significativa en el complejo FIESC, Maryani et al., (2019), indicaron que para la identificación molecular se requiere de la secuenciación de:

“Fragmentos parciales de beta-tubulina (β t), calmodulina (CAM), factor de elongación de la traducción 1-alfa (TEF1- α), la región espaciadora transcrita interna del ADNr (ITS), la subunidad grande del ADNr (LSU), así como los genes de la subunidad grande de la ARN polimerasa II (RPB1) y la segunda subunidad más grande (RPB2)” (pp. 48).

Valorando que para el caso de este trabajo solo se secuenció el ITS5, β t2a y β t2b, se sugiere que para dilucidar la especie a la que pertenece *Fusarium* sp. cepa SsA14, se realice el análisis molecular tomando en cuenta los marcadores que Maryani et al., (2019) propusieron.

Se ha reportado la presencia de *F. equiseti* en plantas de lechuga (Tziros et al., 2022), así como en plantas de cereal (Leslie & Summerell, 2006); en cereales como trigo, maíz, cebada, centeno, arroz, cacahuates, nueces, soya, frijol carilla, sorgo y semillas oleaginosas (Pitt & Hocking, 2022); en tomate (Okoli & Erinle, 1989); pimientos (Sharma & Shukla, 2021); en plátano (Jimenez et al., 1997) y en calabazas (Elmer, 1996).

Así mismo, es posible aislar a *F. equiseti* de “materia vegetal o sustratos de suelo/sedimentos” (p. 203) (Xia et al., 2019), y su distribución se encuentra reportada en agrosistemas (Żelechowski et al., 2021).

Asimismo, estudios realizados por Barnes et al., (2023) indicaron que *F. equiseti* NIOSN-T4 es un hongo marino que tiene la capacidad de degradar en 99.98% HAPs tales como pireno, benzo[a]antraceno e indeno[1,2,3-c, d]pireno, así como el 100% de naftaleno y acenaftileno.

3.5.2 Identificación molecular de *Trichoderma* sp. cepa SpA18

Para este trabajo se consideró el alineamiento del ITS5-4 (Tabla 18) y el EF-1 (Tabla 19) para corroborar el género y posible especie de *Trichoderma* sp. cepa SpA18. De igual manera, se comparó el diámetro de las conidias de esta cepa (2.63-2.86 μ), cuyo tamaño coincidió con lo descrito por Watanabe, (2002), quien reportó un rango de 2.1-4 μ m para *Trichoderma harzianum* Rifai, y con lo detallado por Pitt & Hocking (2022), quienes describieron un rango de 2.1-4 μ m para *Trichoderma afroharzianum*. Así mismo, se comparó el tamaño de las conidias de las especies resultantes del BLAST. Según lo reportado por Chaverri et al., (2015), el diámetro de las conidias de *T. lentiforme* es de 2.5 μ m; de acuerdo con el mismo autor, el rango del diámetro de las conidias de *T. endophyticum* es de 1.7-3.2 μ m. Inglis et al., (2020) reportaron que el rango del diámetro de las conidias de *T. azevedoi* es de 2.55-3.33 μ m.

Tabla 18. Identificación molecular de *Trichoderma* sp. cepa SpA18 con los marcadores ITS5 y 4 en relación con lo reportado en la base de datos del NCBI.

Cepa	Especie	% de cobertura	E value	% de identidad	No. de acceso en NCBI	
SpA18	<i>Trichoderma</i> sp.	100%	0	99.7%	MN602871.1	
	<i>Trichoderma harzianum</i>	99.84%	0	99.7%	PP968647.1	
	<i>Trichoderma endophyticum</i>	99.84%	0	99.7%	PP336504.1	
	<i>Trichoderma lentiforme</i>		99.84%	0	99.7%	OM515076.1
			99.84%	0	99.7%	OM515074.1
			99.84%	0	99.7%	OM515045.1
	<i>Trichoderma azevedoi</i>		99.84%	0	99.7%	OM515044.1
			99.84%	0	99.7%	OM515043.1
	<i>Trichoderma harzianum</i>	99.84%	0	99.7%	MF782822.1	
	<i>Trichoderma</i> sp.	99.84%	0	99.8%	KF367569.1	

Tomando en cuenta lo anterior, dado que con los marcadores usados en este trabajo solo se confirmó el género, para definir la especie a la que pertenece *Trichoderma* sp. cepa SpA18 se sugiere realizar el análisis

molecular usando los marcadores moleculares propuestos por Dou et al., (2020): los espaciadores transcritos internos (ITS) 1 y 2 del ARNr nuclear; factor de elongación de la traducción 1-alfa (TEF7) y la subunidad 2 de la ARN polimerasa (RPB2). De igual manera Dou et al., (2020) expusieron que la identificación exacta de especies del género *Trichoderma* es un reto dada su acelerada expansión taxonómica.

Cabe destacar que Cai & Druzhinina (2021), indicaron que las especies *Trichoderma lentiforme*, *Trichoderma endophyticum*, y *Trichoderma azevedoi* se encuentran filogenéticamente relacionadas con *T. harzianum*, y según lo detallado por Jaklitsch (2009), dichas especies se encuentran agrupadas en el complejo de especies de *Trichoderma harzianum*, en el clado de la especie *T. harzianum*.

Tabla 19. Identificación molecular de *Trichoderma* sp. cepa SpA18 con el marcador EF-1 en relación con lo reportado en la base de datos del NCBI.

Cepa	Especie	% de cobertura	E value	% de identidad	No. de acceso en NCBI
SpA18	<i>Trichoderma harzianum</i>	100%	0	97.6%	PP566703
	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	100%	0	96.8%	OQ362346
	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	100%	0	96.8%	OQ362344
	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	100%	0	96.8%	OQ362341
	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	100%	0	96.8%	OQ362337
	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	100%	0	96.9%	MZ927282
	<i>Trichoderma harzianum</i>	100%	0	96.9%	MN927126
	<i>Trichoderma harzianum</i>	100%	0	96.9%	MH208255
	<i>Trichoderma harzianum</i>	100%	0	96.9%	MH208254
	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	99.88%	0	96.9%	MT681951

3.5.3 Identificación molecular de *Aspergillus* sp. cepa SsA27

Para el caso de *Aspergillus* sp. cepa SsA27, en los resultados obtenidos del BLAST (Tabla 20) no se observó variación en las especies relacionadas, siendo la especie *Aspergillus ochraceus* la que se presentó con gran incidencia en los resultados, además, contrastando lo anterior con lo observado de manera morfológica, se sugiere que *Aspergillus* sp. cepa SsA27 corresponde a la especie *Aspergillus ochraceus*.

Aspergillus ochraceus Wilh es un hongo cosmopolita que se puede encontrar principalmente en suelo y en vegetación en descomposición, teniendo gran afinidad por colonizar cultivos de cereales (como el trigo) y legumbres (Van Der Merwe et al., 1965).

Hareeri et al., (2022), describieron que *A. ochraceus* posee aplicaciones biotecnológicas prometedoras tales como la producción de bioetanol, decoloración de tintes y biodegradación de queroseno, además de la producción de enzimas como hidrolasas y oxidasas, las cuales contribuyen en el desarrollo biotecnológico e industrial. Asimismo, la cepa *A. ochraceus* NCIM-1146 posee la capacidad de degradar naftaleno (Saratale et al., 2007), un HAP de dos anillos y de bajo peso molecular (Srivastava et al., 2017).

Tabla 20. Identificación molecular de *Aspergillus* sp. cepa SsA27 con los marcadores β t2a y β t2b en relación con lo reportado en la base de datos del NCBI.

Cepa	Especie	% de cobertura	E value	% de identidad	No. de acceso en NCBI
SsA27	<i>Aspergillus ochraceus</i>	100%	0	99.8%	MN097071.1
		100%	0	100%	MK519555.1
		100%	0	100%	MH018228.1
		100%	0	100%	KJ136106.1
		99.82%	0	99.8%	MG832177.1
		99.82%	0	100%	FM995527.1
		99.65%	0	99.8%	FR775371.1
		99.47%	0	100%	MG832164.1
		99.30%	0	100%	MG832175.1
		99.12%	0	100%	MT410156.1

Capítulo 4. Conclusiones

En el Estero Punta Banda se desarrollan las especies vegetales halófitas *S. pacifica* y *S. subterminalis*, en las cuales es posible encontrar tanto en la rizósfera como en el posible rizoplano, a los géneros fúngicos *Fusarium*, *Aspergillus*, *Trichoderma*, *Penicillium*, *Colletotrichum*, *Acremonium*, *Cladosporium*, *Rhodotorula* y *Neophaeotheca*, siendo *Fusarium* el género más abundante. De los hongos seleccionados, se observó que 19 cepas de hongos filamentosos y cuatro cepas de hongos levaduriformes son tolerantes al pireno (25 mg/mL).

Se observó que *Fusarium equiseti* cepa SsA14 y *Aspergillus ochraceus* cepa SsA27 tuvieron un crecimiento neutral ante la presencia de las tres cepas de bacterias con alto potencial hidrocarbonoclasto, lo cual sugiere que podrían ser candidatos para usarse en estudios de interacción hongo-bacteria para la degradación de HAPs. Esto puede brindar funciones de alta importancia como la salud, así como la restauración de ecosistemas a través de los diferentes tipos de biorremediación.

Trichoderma sp. cepa SpA18 fue un aislado que no creció de manera óptima en la interacción con ninguna de las tres cepas bacterianas. Sin embargo, lo anterior no descarta a esta cepa debido a que pertenece a un género usado ampliamente con funciones biotecnológicas benéficas para las plantas, y se sugiere que podría usarse en la formación de asociaciones simbióticas positivas planta-hongo para la remoción de HAPs. De igual manera, la identificación molecular a nivel de especie de *Trichoderma* es un reto, por lo que, además de los marcadores empleados en este trabajo, se sugiere usar otros marcadores moleculares como RPB2, y otros marcadores reportados en la literatura para dilucidar la especie a la que pertenece esta cepa.

Este trabajo abre una nueva ventana de oportunidad ya que es el primer acercamiento en México para conocer la diversidad fúngica que puede crecer en pireno, asociada al sistema radicular del género *Salicornia*.

Literatura citada

- Abdel-Azeem, A. M., Salem, F. M., Abdel-Azeem, M. A., Nafady, N. A., Mohesien, M. T., & Soliman, E. A. (2016). Biodiversity of the Genus *Aspergillus* in Different Habitats. In *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering Elsevier*, 3-28. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-63505-1.00001-4>
- Acosta-Zamorano, D., Macías-Carranza, V., Mendoza-Espinosa, L., & Cabello-Pasini, A. (2013). Efecto de las aguas residuales tratadas sobre el crecimiento, fotosíntesis y rendimiento en vides tempranillo (*Vitis vinifera*) en Baja California, México. *Agrociencia*, 47(8). https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952013000800002
- Administración del Sistema Portuario Nacional (ASIPONA). (Consultado el 14 de julio del 2023, de <https://www.puertoensenada.com.mx/esps/0000143/hinterland-y-foreland>). Hinterland y foreland.
- Alao, M. B., & Adebayo, E. A. (2022). Fungi as veritable tool in bioremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons-polluted wastewater. *Journal of Basic Microbiology*, 62(3-4), 223-244. <https://doi.org/10.1002/jobm.202100376>
- Alexander, M. (1999). *Biodegradation and Bioremediation* (2nd edition). Gulf Professional Publishing. <https://books.google.es/>
- Al-Marri, S., Eldos, H. I., Ashfaq, M. Y., Saeed, S., Skariah, S., Varghese, L., Mohamoud, Y. A., Sultan, A. A., & Raja, M. M. (2023). Isolation, identification, and screening of biosurfactant-producing and hydrocarbon-degrading bacteria from oil and gas industrial waste. *Biotechnology Reports*, 39, (e00804). <https://doi.org/10.1016/j.btre.2023.e00804>
- Alves, S. H. S., Da Silva, R., Reginaldo, Macagnan, D., Halfeld-Vieira, B. D. A., Baracat, P. M. C., & Munteer, A. (2004). Rhizobacterial induction of systemic resistance in tomato plants: Non-specific protection and increase in enzyme activities. *Biological Control*, 29(2), 288-295. [https://doi.org/10.1016/S1049-9644\(03\)00163-4](https://doi.org/10.1016/S1049-9644(03)00163-4)
- Anan'ina, L. N., Plotnikova, E. G., Gavrish, E. Yu., Demakov, V. A., & Evtushenko, L. I. (2007). *Salinicola socius* gen. Nov., sp. Nov., a moderately halophilic bacterium from a naphthalene-utilizing microbial association. *Microbiology*, 76(3), 324-330. <https://doi.org/10.1134/S0026261707030095>
- Aoki, T., & O'Donnell, K. (1999). Morphological and molecular characterization of *Fusarium pseudograminearum* sp. Nov., formerly recognized as the Group 1 population of *F. Graminearum*. *Mycologia*, 91(4), 597-609. <https://doi.org/10.1080/00275514.1999.12061058>
- Arreola-Serrano, A. S., Mendoza-Espinosa, L. G., Hernández-Cruz, A., Daesslé, L. W., & Villada-Canela, M. (2022). Quantifying the pollutant load into the Southern California Bight from Mexican sewage discharges from 2011 to 2020. *Frontiers in Water*, 4, 993713. <https://doi.org/10.3389/frwa.2022.993713>

- Bakri, M. (2022). Assessing some *Cladosporium* species in the biodegradation of petroleum hydrocarbon for treating oil contamination. *Journal of Applied Microbiology*, 133(6), 3296-3306. <https://doi.org/10.1111/jam.15815>
- Barcia-Piedras, J.-M., Pérez-Romero, J.-A., Mateos-Naranjo, E., Parra, R., Rodríguez-Llorente, I.-D., Camacho, M., & Redondo-Gómez, S. (2023). Stimulation of PGP Bacteria on the Development of Seeds, Plants and Cuttings of the Obligate Halophyte *Arthrocaulon (Arthrocnemum) macrostachyum* (Moric.) Piirainen & G. Kadereit. *Plants*, 12(7), 1436. <https://doi.org/10.3390/plants12071436>
- Barnes, N. M., Damare, S. R., Bhatawadekar, V. C., Garg, A., & Lotlikar, N. P. (2023). Degradation of crude oil-associated polycyclic aromatic hydrocarbons by marine-derived fungi. *3 Biotech*, 13, 335. <https://doi.org/10.1007/s13205-023-03753-2>
- Bellemain, E., Carlsen, T., Brochmann, C., Coissac, E., Taberlet, P., & Kauserud, H. (2010). ITS as an environmental DNA barcode for fungi: An in silico approach reveals potential PCR biases. *BMC Microbiology*, 10, 189. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-10-189>
- Blanco-Enríquez, E. G., Zavala-Díaz De La Serna, F. J., Peralta-Pérez, M. D. R., Ballinas-Casarrubias, L., & Rocha Gutiérrez, B. A. (2019). Análisis de la biorremoción de hidrocarburos aromáticos policíclicos en agua por SPME-GC/MS. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 35, 27-36. <https://doi.org/10.20937/RICA.2019.35.esp03.04>
- Booth, C. (1977). *Fusarium*. Laboratory guide to the identification of the major species. Commonwealth Mycological Institute. <https://www.amazon.com/Fusarium-Laboratory-Guide-Identification-Species/dp/0851983839>
- Brown, D. (2010). A mathematical model of the Gac/Rsm quorum sensing network in *Pseudomonas fluorescens*. *Biosystems*, 101(3), 200-212. <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2010.07.004>
- Cáceres, Tanya. P., Megharaj, M., Malik, S., Beer, M., & Naidu, R. (2009). Hydrolysis of fenamiphos and its toxic oxidation products by *Microbacterium* sp. In pure culture and groundwater. *Bioresource Technology*, 100(10), 2732-2736. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2008.12.043>
- Cai, F., & Druzhinina, I. S. (2021). In honor of John Bissett: Authoritative guidelines on molecular identification of *Trichoderma*. *Fungal Diversity*, 107, 1-69. <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00464-4>
- Calabon, M. S., Jones, E. B. G., Pang, K.-L., Abdel-Wahab, M. A., Jin, J., Devadatha, B., Sadaba, R. B., Apurillo, C. C., & Hyde, K. D. (2023). Updates on the classification and numbers of marine fungi. *Botanica Marina*, 66(4), 213-238. <https://doi.org/10.1515/bot-2023-0032>
- Cannon, P. F., Damm, U., Johnston, P. R., & Weir, B. S. (2012). *Colletotrichum* – current status and future directions. *Studies in Mycology*, 73, 181-213. <https://doi.org/10.3114/sim0014>
- Cano, M. A. (2011). Interacción de microorganismos benéficos en plantas: Micorrizas, *Trichoderma* spp. *Pseudomonas* spp. Una revisión. *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 14(2), 15-31. <https://revistas.udca.edu.co/index.php/ruadc/article/view/771>
- Celis-Hidalgo, J. (2009). Efectos de los derrames de petróleo sobre los hábitats marinos. *Ciencia Ahora*, 24. <https://www.udocz.com/apuntes/504871/03derrames-petroleo-with-cover-page-v2-2>

- Chaverri, P., Branco-Rocha, F., Jaklitsch, W., Gazis, R., Degenkolb, T., & Samuels, G. J. (2015). Systematics of the *Trichoderma harzianum* species complex and the re-identification of commercial biocontrol strains. *Mycologia*, *107*(3), 558-590. <https://doi.org/10.3852/14-147>
- Chen, A. J., Hubka, V., Frisvad, J. C., Visagie, C. M., Houbraken, J., Meijer, M., Varga, J., Demirel, R., Jurjević, Ž., Kubátová, A., Sklenář, F., Zhou, Y. G., & Samson, R. A. (2017). Polyphasic taxonomy of *Aspergillus* section *Aspergillus* (formerly Eurotium), and its occurrence in indoor environments and food. *Studies in Mycology*, *88*(1), 37-135. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2017.07.001>
- Chung, C. Z., & Krahn, N. (2022). The selenocysteine toolbox: A guide to studying the 21st amino acid. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, *730*(109421). <https://doi.org/10.1016/j.abb.2022.109421>
- Corti, M., Villafañe, M. F., Soto, I., Palmieri, O., & Callejo, R. (2012). Bacteriemia por *Kocuria rosea* en un paciente con SIDA. *Revista chilena de infectología*, *29*(3), 355-356. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182012000300019>
- Crous, P. W., Wingfield, M. J., Richardson, D. M., Leroux, J. J., Strasberg, D., Edwards, J., Roets, F., Hubka, V., Taylor, P. W. J., Heykoop, M., Martín, M. P., Moreno, G., Sutton, D. A., Wiederhold, N. P., Barnes, C. W., Carlavilla, J. R., Gené, J., Giraldo, A., Guarnaccia, V. & Groenewald, J. Z. (2016). Fungal Planet description sheets: 400–468. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, *36*(1), 316-458. <https://doi.org/10.3767/003158516X692185>
- Dandajeh, H. A., Talibi, M., Ladommatos, N., & Hellier, P. (2019). Influence of Combustion Characteristics and Fuel Composition on Exhaust PAHs in a Compression Ignition Engine. *Energies*, *12*(13), 2575. <https://doi.org/10.3390/en12132575>
- Davidson, N. C. (2016). Ramsar Convention on Wetlands: Scope and Implementation. The Wetland Book: Structure and function, management, and methods. *Springer Netherlands*, 451-458. https://doi.org/10.1007/978-90-481-9659-3_113
- Davis, E. L., Hussey, R. S., & Baum, T. J. (2008). Parasitism Genes: What They Reveal about Parasitism. In R. H. Berg & C. G. Taylor (Eds.), *Cell Biology of Plant Nematode Parasitism* (Vol. 15, pp. 15-44). Springer Berlin Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-540-85215-5_2
- Delgadillo-López, A. E., González-Ramírez, C. A., Prieto-García, F., Villagómez-Ibarra, J. R., & Acevedo-Sandoval, O. (2011). Fitorremediación: una alternativa para eliminar la contaminación. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, *14*(2), 597-612. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-04622011000200002
- Dell' Anno, F., Rastelli, E., Sansone, C., Brunet, C., Ianora, A., & Dell' Anno, A. (2021). Bacteria, Fungi and Microalgae for the Bioremediation of Marine Sediments Contaminated by Petroleum Hydrocarbons in the Omics Era. *Microorganisms*, *9*(8), 1695. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9081695>
- Deveau, A., Bonito, G., Uehling, J., Paoletti, M., Becker, M., Bindschedler, S., Hacquard, S., Hervé, V., Labbé, J., Lastovetsky, O. A., Mieszkin, S., Millet, L. J., Vajna, B., Junier, P., Bonfante, P., Krom, B. P., Olsson, S., Van Elsas, J. D., & Wick, L. Y. (2018). Bacterial–fungal interactions: Ecology, mechanisms and challenges. *FEMS Microbiology Reviews*, *42*(3), 335-352. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuy008>

- Dizkirici, A., & Kalmer, A. (2019). Utility of various molecular markers in fungal identification and phylogeny. *Nova Hedwigia*, 109(1-2), 187-224. https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2019/0528
- Dou, K., Lu, Z., Wu, Q., Ni, M., Yu, C., Wang, M., Li, Y., Wang, X., Xie, H., Chen, J., & Zhang, C. (2020a). MIST: A Multilocus Identification System for *Trichoderma*. *Applied and Environmental Microbiology*, 86(18), e01532-20. <https://doi.org/10.1128/AEM.01532-20>
- Dushenkov, Viatcheslav., Kumar, P. B. A. Nanda., Motto, Harry., & Raskin, Ilya. (1995). Rhizofiltration: The Use of Plants to Remove Heavy Metals from Aqueous Streams. *Environmental Science & Technology*, 29(5), 1239-1245. <https://doi.org/10.1021/es00005a015>
- Edokpayi, J., Odiyo, J., Popoola, O., & Msagati, T. (2016). Determination and Distribution of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Rivers, Sediments and Wastewater Effluents in Vhembe District, South Africa. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 13(4), 387. <https://doi.org/10.3390/ijerph13040387>
- El Sayed, M. T., & El-Sayed, A. S. A. (2020). Bioremediation and tolerance of zinc ions using *Fusarium solani*. *Heliyon*, 6(9), e05048. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05048>
- Elizondo, L. S., & Mendoza-Espinosa, L. G. (2020). An analysis of water scarcity in a drought prone city: The case of Ensenada, Baja California, Mexico. *Tecnología y ciencias del agua*, 11(2), 01-55. <https://doi.org/10.24850/j-tyca-2020-02-01>
- Elmer, W. H. (1996). *Fusarium* Fruit Rot of Pumpkin in Connecticut. *Plant Disease*, 80(2), 131. <https://doi.org/10.1094/PD-80-0131>
- Elsayis, A., Hassan, S. W. M., Ghanem, K. M., & Khairy, H. (2022). Optimization of melanin pigment production from the halotolerant black yeast *Hortaea werneckii* AS1 isolated from solar salter in Alexandria. *BMC Microbiology*, 22(1), 92. <https://doi.org/10.1186/s12866-022-02505-1>
- Escobar, M. F. H. (2012). Fundamentos de ingeniería de yacimientos. *Editorial Universidad Surcolombiana*. <https://es.scribd.com/document/339302931/Libro-Fundamentos-de-Ing-de-Yacimientos-Fredy-Escobar-pdf>
- Evans, A. E., Mateo-Sagasta, J., Qadir, M., Boelee, E., & Ippolito, A. (2019). Agricultural water pollution: Key knowledge gaps and research needs. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 36, 20-27. <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2018.10.003>
- Faber, P. M. (1982). Common Wetland Plants of Coastal California: A Field Guide for the Layman. *Pickleweed Press*. <https://www.amazon.com/Common-Wetland-Plants-Coastal-California/dp/0960789006>
- Faust, K., & Raes, J. (2012). Microbial interactions: From networks to models. *Nature Reviews Microbiology*, 10(8), 538-550. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2832>
- Fayeulle, A., Veignie, E., Slomianny, C., Dewailly, E., Munch, J.-C., & Rafin, C. (2014). Energy-dependent uptake of benzo[a]pyrene and its cytoskeleton-dependent intracellular transport by the telluric fungus *Fusarium solani*. *Environmental Science and Pollution Research*, 21(5), 3515-3523. <https://doi.org/10.1007/s11356-013-2324-3>

- Fgaiier, H., & Eberl, H. J. (2010). A competition model between *Pseudomonas fluorescens* and pathogens via iron chelation. *Journal of Theoretical Biology*, 263(4), 566-578. <https://doi.org/10.1016/j.itbi.2009.12.003>
- Franken, P., Donges, K., Grunwald, U., Kost, G., Rexer, K.-H., Tamasloukht, M., Waschke, A., & Zeuske, D. (2007). Gene expression analysis of arbuscule development and functioning. *Phytochemistry*, 68(1), 68-74. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2006.09.027>
- Furtado, B. U., Gołębiewski, M., Skorupa, M., Hulisz, P., & Hryniewicz, K. (2019). Bacterial and Fungal Endophytic Microbiomes of *Salicornia europaea*. *Applied and Environmental Microbiology*, 85, 1-18. <https://doi.org/10.1128/AEM.00305-19>
- Furtado, B. U., & Hryniewicz, K. (2021). Halophyte–Endophyte Interactions: Linking Microbiome Community Distribution and Functionality to Salinity. In N. Shrivastava, S. Mahajan, & A. Varma (Eds.), *Symbiotic Soil Microorganisms* (Vol. 60, pp. 363-377). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-51916-2_21
- Galán, P. (2014). Contaminación petrolera. *Signos universitarios*, 18(35), 1999. <https://p3.usal.edu.ar/index.php/signos/article/view/2306/2853>
- Gañán, L., Álvarez, E., & Castaño Zapata, J. (2015). Identificación genética de aislamientos de *Colletotrichum* spp. Causantes de antracnosis en frutos de aguacate, banano, mango y tomate de árbol. *Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 39(152), 339. <https://doi.org/10.18257/raccefyn.192>
- Garon, D., Krivobok, S., Wouessidjewe, D., & Seigle-Murandi, F. (2002). Influence of surfactants on solubilization and fungal degradation of fluorene. *Chemosphere*, 47(3), 303-309. [https://doi.org/10.1016/S0045-6535\(01\)00299-5](https://doi.org/10.1016/S0045-6535(01)00299-5)
- Garon, D., Sage, L., & Seigle-Murandi, F. (2004). Effects of Fungal Bioaugmentation and Cyclodextrin Amendment on Fluorene Degradation in Soil Slurry. *Biodegradation*, 15(1), 1-8. <https://doi.org/10.1023/B:BIOD.0000009934.87627.91>
- Ghazisaeedi, F., Zamani, M. M., Ghadbeigi, S., Mortazavi, S. H., Fallahpour, M., Ghazisaidi, H., Zamani, M., Bakhtiarian, A., Khoshkholgh Sima, N. A., & Amini, M. (2014). Bioremediation of The Crude Oil Contamination of Soil by The Indigenous, Herbaceous Plant *Salicornia europaea* in Iran. *Thrita*, 3(2). <https://doi.org/10.5812/thrita.17409>
- González-Martínez, S., Soria, I., Ayala, N., & Portillo-López, A. (2017). Culturable halotolerant fungal isolates from Southern California Gulf sediments. *Open Agriculture*, 2(1), 292-299. <https://doi.org/10.1515/opag-2017-0033>
- Gosling, P., Hodge, A., Goodlass, G., & Bending, G. D. (2006). Arbuscular mycorrhizal fungi and organic farming. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 113(1-4), 17-35. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2005.09.009>
- Gostinčar, C., & Gunde-Cimerman, N. (2024). Black yeasts in hypersaline conditions. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 108(1), 252. <https://doi.org/10.1007/s00253-024-13052-2>

- Guédez, M. C., De Armas, H. D., Reyes, G. R., & Galván, R. L. (2003). Los sistemas de gestión ambiental en la industria petrolera internacional. *Interciencia*, 28(9), 528-533. https://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442003000900006
- Gunde-Cimerman, N. (2000). Hypersaline waters in salterns – natural ecological niches for halophilic black yeasts. *FEMS Microbiology Ecology*, 32(3), 235-240. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2000.tb00716.x>
- Guzmán Duchén, D., & Montero Torres, J. (2021). Interacción de bacterias y plantas en la fijación del nitrógeno. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, 8(2), 87-101. <https://doi.org/10.53287/uyxf4027gf99e>
- Hareeri, R. H., Aldurdunji, M. M., Abdallah, H. M., Alqarni, A. A., Mohamed, S. G. A., Mohamed, G. A., & Ibrahim, S. R. M. (2022). *Aspergillus ochraceus*: Metabolites, Bioactivities, Biosynthesis, and Biotechnological Potential. *Molecules*, 27(19), 6759. <https://doi.org/10.3390/molecules27196759>
- Harman, G. E., Petzoldt, R., Comis, A., & Chen, J. (2004). Interactions Between *Trichoderma harzianum* Strain T22 and Maize Inbred Line Mo17 and Effects of These Interactions on Diseases Caused by *Pythium ultimum* and *Colletotrichum graminicola*. *Phytopathology*®, 94(2), 147-153. <https://doi.org/10.1094/PHTO.2004.94.2.147>
- Hartmann, A., Rothballer, M., & Schmid, M. (2008). Lorenz Hiltner, a pioneer in rhizosphere microbial ecology and soil bacteriology research. *Plant and Soil*, 312(1-2), 7-14. <https://doi.org/10.1007/s11104-007-9514-z>
- Hawes, M. C., Brigham, L. A., Wen, F., Woo, H. H., & Zhu, Y. (1998). Function of root border cells in plant health: Pioneers in the Rhizosphere. *Annual Review of Phytopathology*, 36(1), 311-327. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.36.1.311>
- Hawes, M., Curlango-Rivera, G., Xiong, Z., & Kessler, J. O. (2012). Roles of root border cells in plant defense and regulation of rhizosphere microbial populations by extracellular DNA ‘trapping’. *Plant and Soil*, 355(1-2), 1-16. <https://doi.org/10.1007/s11104-012-1218-3>
- Heras-Martínez, H. M., Muñoz-Castellanos, L. N., Bugarín, A., Ramos-Sánchez, V. H., Salmerón Ochoa, I. & Chávez-Flores, D. (2022). Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by *Acremonium* sp. Activity. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 38, 261-269. <https://doi.org/10.20937/rica.54462>
- Hernández-Acosta, E., & Rubiños-Panta, J. E. (2004). Restauración de suelos contaminados con hidrocarburos: Conceptos básicos. *Colegio de Posgraduados*. https://www.researchgate.net/publication/272679969_Restauracion_de_suelos_contaminados_con_hidrocarburos_Conceptos_Basicos
- Hinsinger, P., Bengough, A. G., Vetterlein, D., & Young, I. M. (2009). Rhizosphere: Biophysics, biogeochemistry and ecological relevance. *Plant and Soil*, 321(1-2), 117-152. <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9885-9>
- Huskey, D. A., Curlango-Rivera, G., & Hawes, M. C. (2019). Use of rhodizonic acid for rapid detection of root border cell trapping of lead and reversal of trapping with DNase. *Applications in Plant Sciences*, 7(4), e01240. <https://doi.org/10.1002/aps3.1240>

- Huskey, D. A., Curlango-Rivera, G., Root, R. A., Wen, F., Amistadi, M. K., Chorover, J., & Hawes, M. C. (2018). Trapping of lead (Pb) by corn and pea root border cells. *Plant and Soil*, 430, 205-217. <https://doi.org/10.1007/s11104-018-3716-4>
- Ide-Pérez, M. R., Fernández-López, M. G., Sánchez-Reyes, A., Leija, A., Batista-García, R. A., Folch-Mallol, J. L., & Sánchez-Carbente, M. Del R. (2020). Aromatic Hydrocarbon Removal by Novel Extremotolerant *Exophiala* and *Rhodotorula* Spp. From an Oil Polluted Site in Mexico. *Journal of Fungi*, 6(3), 135. <https://doi.org/10.3390/jof6030135>
- Inglis, P. W., Mello, S. C. M., Martins, I., Silva, J. B. T., Macêdo, K., Sifuentes, D. N., & Valadares-Inglis, M. C. (2020). *Trichoderma* from Brazilian garlic and onion crop soils and description of two new species: *Trichoderma azevedoi* and *Trichoderma peberdyi*. *PLOS ONE*, 15(3), e0228485. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228485>
- Jaklitsch, W. M. (2009). European species of *Hypocrea* Part I. The green-spored species. *Studies in Mycology*, 63, 1-91. <https://doi.org/10.3114/sim.2009.63.01>
- Jia, J., Chen, M., Mo, X., Liu, J., Yan, F., Li, Z., Xie, S., & Chen, D. (2019). The first case report of kerion-type scalp mycosis caused by *Aspergillus protuberus*. *BMC Infectious Diseases*, 19(1), 506. <https://doi.org/10.1186/s12879-019-4144-7>
- Jimenez, M., Huerta, T., & Mateo, R. (1997). Mycotoxin production by *Fusarium* species isolated from bananas. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(2), 364-369. <https://doi.org/10.1128/aem.63.2.364-369.1997>
- Jones, D. L., & Hinsinger, P. (2008). The rhizosphere: Complex by design. *Plant and Soil*, 312(1-2), 1-6. <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9774-2>
- Julián Benites, A. M., & Rivero Méndez, J. F. (2023). Biorremediación de Agua y Suelo Contaminados por Residuos Orgánicos de Petróleo en Iquitos. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 7(5), 7936-7968. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v7i5.8376
- Jurado, M. M., Suárez-Estrella, F., López, M. J., López-González, J. A., & Moreno, J. (2019). Bioprospecting from plant waste composting: Actinobacteria against phytopathogens producing damping-off. *Biotechnology Reports*, 23, e00354. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2019.e00354>
- Kadri, T., Rouissi, T., Kaur Brar, S., Cledon, M., Sarma, S., & Verma, M. (2017). Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) by fungal enzymes: A review. *Journal of Environmental Sciences*, 51, 52-74. <https://doi.org/10.1016/j.jes.2016.08.023>
- Kapoor, R., Sharma, D., & Bhatnagar, A. K. (2008). Arbuscular mycorrhizae in micropropagation systems and their potential applications. *Scientia Horticulturae*, 116(3), 227-239. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.02.002>
- Khandelwal, A., Sugavanam, R., Ramakrishnan, B., Dutta, A., Varghese, E., Banerjee, T., Nain, L., Singh, S. B., & Singh, N. (2022). Bio-polysaccharide composites mediated degradation of polyaromatic hydrocarbons in a sandy soil using free and immobilized consortium of *Kocuria rosea* and *Aspergillus sydowii*. *Environmental Science and Pollution Research*, 29(53), 80005-80020. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-19252-5>

- Krebs, J. C. (2014). *Ecology: The Experimental Analysis of Distribution and Abundance* (6th ed.). Pearson. [https://www.academia.edu/106529893/Krebs Charles J Ecology the experimental analysis of distribution and abundance Pearson Education Limited](https://www.academia.edu/106529893/Krebs_Charles_J_Ecology_the_experimental_analysis_of_distribution_and_abundance_Pearson_Education_Limited)
- László, K., Lóránt, H., Shahram, N., Péter, K., László, M., Csaba, V., & Irina, D. (2014). Biodiversity of the Genus *Hypocrea/Trichoderma* in Different Habitats. In *Biotechnology and Biology of Trichoderma* (pp. 3-24). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-59576-8.00001-1>
- Launen, L., Pinto, L., Wiebe, C., Kiehlmann, E., & Moore, M. (1995). The oxidation of pyrene and benzo[a]pyrene by nonbasidiomycete soil fungi. *Canadian Journal of Microbiology*, 41(6), 477-488. <https://doi.org/10.1139/m95-064>
- Lee, J. Y., Kim, S. H., Jeong, H. S., Oh, S. H., Kim, H. R., Kim, Y. H., Lee, J. N., Kook, J.-K., Kho, W.-G., Bae, I. K., & Shin, J. H. (2009). Two Cases of Peritonitis Caused by *Kocuria marina* in Patients Undergoing Continuous Ambulatory Peritoneal Dialysis. *Journal of Clinical Microbiology*, 47(10), 3376-3378. <https://doi.org/10.1128/jcm.00847-09>
- Leslie, J. F., & Summerell, B. A. (2006). *Fusarium* laboratory workshops—A recent history. *Mycotoxin Research*, 22(2), 73-74. <https://doi.org/10.1007/BF02956766>
- Li, Y., Long, M., Hou, Y., Li, W., Qin, X., Zhang, B., Wen, T., Cui, Y., Wang, Z., & Liao, Y. (2023). Root exudation processes induce the utilization of microbial-derived components by rhizoplane microbiota under conservation agriculture. *Soil Biology and Biochemistry*, 178, 108956. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2023.108956>
- Logeshwaran, P., Subashchandrabose, S. R., Krishnan, K., Sivaram, A. K., Annamalai, P., Naidu, R., & Megharaj, M. (2022). Polycyclic aromatic hydrocarbons biodegradation by fenamiphos degrading *Microbacterium esteraromaticum* MM1. *Environmental Technology & Innovation*, 27, 102465. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2022.102465>
- Long-Jun, D., Hui-Ling, C., San-An, N., En, L., Gui-Lan, D., & Yong-Guan, Z. (2019). Microbiomes inhabiting rice roots and rhizosphere. *FEMS Microbiology Ecology*, 95(5). <https://doi.org/10.1093/femsec/fiz040>
- Ma, L.-J., Geiser, D. M., Proctor, R. H., Rooney, A. P., O'Donnell, K., Trail, F., Gardiner, D. M., Manners, J. M., & Kazan, K. (2013). *Fusarium* Pathogenomics. *Annual Review of Microbiology*, 67(1), 399-416. <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-092412-155650>
- Macías-Zamora, J. V. (2011). Ocean Pollution. *Academic Press*, 265-279. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-381475-3.10019-1>
- Macías-Zamora, J. V., Mendoza-Vega, E., & Villaescusa-Celaya, J. A. (2002). PAHs composition of surface marine sediments: A comparison to potential local sources in Todos Santos Bay, B.C., Mexico. *Chemosphere*, 46(3), 459-468. [https://doi.org/10.1016/S0045-6535\(01\)00069-8](https://doi.org/10.1016/S0045-6535(01)00069-8)
- Mahata, P. K., Dass, R. S., Pan, A., & Muthusamy, B. (2022). Substantive Morphological Descriptions, Phylogenetic Analysis and Single Nucleotide Polymorphisms of *Aspergillus* Species From *Foeniculum vulgare*. *Frontiers in Microbiology*, 13, 832320. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.832320>

- Majumdar, R., Kandel, S. L., Cary, J. W., & Rajasekaran, K. (2021). Changes in Bacterial Endophyte Community Following *Aspergillus flavus* Infection in Resistant and Susceptible Maize Kernels. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(7), 3747. <https://doi.org/10.3390/ijms22073747>
- Manriquez-Gomez, F. J., González-Gutiérrez, N. S., Ortiz-Serrato, L., Moreno-Higareda, H. R., & Valdez Villavicencio, J. H. (2021). Anfibios y reptiles del Estero de Punta Banda, Ensenada, Baja California, México. *Revista Latinoamericana de Herpetología*, 4(2), 74-84. <https://doi.org/10.22201/fc.25942158e.2021.02.247>
- Martínez-Alonso, M., & Gaju, N. (2005). El papel de los tapetes microbianos en la biorrecuperación de zonas litorales sometidas a la contaminación por vertidos de petróleo. *Ecosistemas*, 14(2), 79-91. <https://www.revistaecosistemas.net/index.php/ecosistemas/article/view/156/153>
- Martínez-Ávila, L., Peidro-Guzmán, H., Pérez-Llano, Y., Moreno-Perlín, T., Sánchez-Reyes, A., Aranda, E., Ángeles de Paz, G., Fernández-Silva, A., Folch-Mallol, J. L., Cabana, H., Gunde-Cimerman, N., & Batista-García, R. A. (2021). Tracking gene expression, metabolic profiles, and biochemical analysis in the halotolerant basidiomycetous yeast *Rhodotorula mucilaginosa* EXF-1630 during benzo[a]pyrene and phenanthrene biodegradation under hypersaline conditions. *Environmental Pollution*, 271, 116358. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.116358>
- Maryani, N., Sandoval-Denis, M., Lombard, L., Crous, P. W., & Kema, G. H. J. (2019). New endemic *Fusarium* species hitch-hiking with pathogenic *Fusarium* strains causing Panama disease in small-holder banana plots in Indonesia. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43(1), 48-69. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.02>
- Mastandrea, C., Chichizola, C., Ludueña, B., Sánchez, H., Álvarez, H., & Gutiérrez, A. (2005). Hidrocarburos aromáticos policíclicos. Riesgos para la salud y marcadores biológicos. *Acta Bioquím Clín Latinoam*, 39. https://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0325-29572005000100006
- Mathis, K. A., & Bronstein, J. L. (2020). Our Current Understanding of Commensalism. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 51(1), 167-189. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-011720-040844>
- Meléndez-Estrada, J., Amezcua-Allieri, M. A., Alvarez, P. J. J., & Rodríguez-Vázquez, R. (2006). Phenanthrene Removal by *Penicillium frequentans* Grown on a Solid-State Culture: Effect of Oxygen Concentration. *Environmental Technology*, 27(10), 1073-1080. <https://doi.org/10.1080/09593332708618720>
- Mendoza-Espinosa, L., Victoria Orozco-Borbón, M., & Silva-Nava, P. (2004). Quality assessment of reclaimed water for its possible use for crop irrigation and aquifer recharge in Ensenada, Baja California, Mexico. *Water Science and Technology*, 50(2), 285-291. <https://doi.org/10.2166/wst.2004.0143>
- Moënné-Loccoz, Y., Mavingui, P., Combes, C., Normand, P., & Steinberg, C. (2015). Microorganisms and Biotic Interactions. *Environmental Microbiology: Fundamentals and Applications*, 29, 395-444. Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-017-9118-2_11
- Morello, L. G., Sartori, D., De Oliveira Martinez, A. L., Vieira, M. L. C., Taniwaki, M. H., & Fungaro, M. H. P. (2007). Detection and quantification of *Aspergillus westerdijkiae* in coffee beans based on selective amplification of β -tubulin gene by using real-time PCR. *International Journal of Food Microbiology*, 119(3), 270-276. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2007.08.009>

- Mota, U. (1990.) Seawater irrigation crops *Salicornia* (SOS7) as an example. *The University of Arizona, Tucson Arizona*.
- Nasrabadi, A. E., Ramavandi, B., & Bonyadi, Z. (2023). Recent progress in biodegradation of microplastics by *Aspergillus* sp. In aquatic environments. *Colloid and Interface Science Communications*, 57, 100754. <https://doi.org/10.1016/j.colcom.2023.100754>
- Nasri, T., Hedayati, M. T., Abastabar, M., Pasqualotto, A. C., Armaki, M. T., Hoseinnejad, A., & Nabili, M. (2015). PCR-RFLP on β -tubulin gene for rapid identification of the most clinically important species of *Aspergillus*. *Journal of Microbiological Methods*, 117, 144-147. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2015.08.007>
- Nazina, T., Sokolova, D., Grouzdev, D., Semenova, E., Babich, T., Bidzhieva, S., Serdukov, D., Volkov, D., Bugaev, K., Ershov, A., Khisametdinov, M., & Borzenkov, I. (2019). The Potential Application of Microorganisms for Sustainable Petroleum Recovery from Heavy Oil Reservoirs. *Sustainability*, 12(1), 15. <https://doi.org/10.3390/su12010015>
- O'Donnell, K., Kistler, H. C., Cigelnik, E., & Ploetz, R. C. (1998). Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: Concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95(5), 2044-2049. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.5.204>
- Ogórek, R., Lejman, A., Pusz, W., Miłuch, A., & Miodyńska, P. (2012). Characteristics and taxonomy of *Cladosporium* fungi. *Mikologia Lekarska*, 19(2), 80-85. https://www.researchgate.net/publication/233818972_Characteristics_and_taxonomy_of_Cladosporium_fungi/citation/download
- Okoli, C. A. N., & Erinle, I. D. (1989). Factors responsible for market losses of tomato fruits in the Zaria area of Nigeria. *Journal of Horticultural Science*, 64(1), 69-71. <https://doi.org/10.1080/14620316.1989.11515929>
- Ortiz, M., Huerta-Tamayo, L. & Hinojosa, A., (2003). Transporte de sedimento por tracción de marea en el Estero de Punta Banda, Baja California, México. *GEOS*, 23(3), 283-294. <https://www.ugm.org.mx/publicaciones/geos/pdf/geos03-3/Ortiz.pdf>
- Ozturk, M., Altay, V., Orçen, N., Yaprak, A. E., Tuğ, G. N., & Güvensen, A. (2018). A Little-Known and a Little-Consumed Natural Resource: *Salicornia*. *Global Perspectives on Underutilized Crops*. Springer International Publishing, 83-108. https://doi.org/10.1007/978-3-319-77776-4_3
- Peralta-Pérez, M. del R., & Volke-Sepúlveda, T. L. (2012). *La defensa antioxidante en las plantas: Una herramienta clave para la fitorremediación*. 11(1), 75-88. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1665-27382012000100006
- Perdigão, R., Almeida, C. M. R., Magalhães, C., Ramos, S., Carolas, A. L., Ferreira, B. S., Carvalho, M. F., & Mucha, A. P. (2021). Bioremediation of Petroleum Hydrocarbons in Seawater: Prospects of Using Lyophilized Native Hydrocarbon-Degrading Bacteria. *Microorganisms*, 9(11), 2285. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112285>
- Perdomo, H., Sutton, D. A., García, D., Fothergill, A. W., Cano, J., Gené, J., Summerbell, R. C., Rinaldi, M. G., & Guarro, J. (2011). Spectrum of Clinically Relevant *Acremonium* Species in the United States. *Journal of Clinical Microbiology*, 49(1), 243-256. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112285>

- Pérez-García, M. M., & González-Díaz, D. (1988). Separación por cromatografía de gases de alta eficiencia de hidrocarburos aromáticos policíclicos, (PAH) y alifáticos (AH) ambientales, empleado como fases estacionarias OV-1 y SE-54. [Informe técnico No. CIEMAT-620]. Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas. <https://inis.iaea.org/collection/NCLCollectionStore/Public/38/063/38063288.pdf>
- Pesántez, M., & Castro, R. (2016). Potencial de cepas de *Trichoderma* spp. Para la biorremediación de suelos contaminados con petróleo. *Biotecnología Vegetal*, 16(4), 251-256. <https://biblat.unam.mx/hevila/Biotecnologiavegetal/2016/vol16/no4/8.pdf>
- Petrini, O., & Fisher, P. J. (1986). Fungal endophytes in *Salicornia perennis*. *Transactions of the British Mycological Society*, 87(4), 647-651. [https://doi.org/10.1016/S0007-1536\(86\)80109-7](https://doi.org/10.1016/S0007-1536(86)80109-7)
- Petróleos Mexicanos (PEMEX). (Consultado el 14 de julio del 2023, de <https://www.pemex.com/nuestro-negocio/Paginas/default.aspx>). Qué hacemos para México.
- Pitt, J. I., & Hocking, A. D. (2022). Fungi and Food Spoilage. *Springer Cham*. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-85640-3>
- Prabhakaran, N., Prameeladevi, T., Sathiyabama, M., & Kamil, D. (2015). Multiplex PCR for detection and differentiation of diverse *Trichoderma* species. *Annals of Microbiology*, 65(3), 1591-1595. <https://doi.org/10.1007/s13213-014-0998-5>
- Proturismo Ensenada. (Consultado el 06 de marzo del 2025, de <https://www.bajacalifornia.gob.mx/secture/Boletines>). Boletín informativo sobre turismo de cruceros en Ensenada, Baja California.
- Raaijmakers, J. M., Paulitz, T. C., Steinberg, C., Alabouvette, C., & Moëne-Loccoz, Y. (2009). The rhizosphere: A playground and battlefield for soilborne pathogens and beneficial microorganisms. *Plant and Soil*, 321(1-2), 341-361. <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9568-6>
- Ramos-Mendoza, I. S., Embarcadero-Jiménez, S., Barrios-Navarro, A. F., Ledezma-González, D. C., Lago-Lestón, A., Valenzuela-Suárez, B. J., Ramírez-Álvarez, N., & Silva-Jiménez, H. (2024). Prokaryotic community structure and predicted metabolism associated with hydrocarbon degradation in marine sediments from the Northwest Coast of Baja California, Mexico. *Journal of Soils and Sediments*, 24(8), 3148-3166. <https://doi.org/10.1007/s11368-024-03822-w>
- Ravelet, C., Krivobok, S., Sage, L., & Steiman, R. (2000). Biodegradation of pyrene by sediment fungi. *Chemosphere*, 40(5), 557-563. [https://doi.org/10.1016/S0045-6535\(99\)00320-3](https://doi.org/10.1016/S0045-6535(99)00320-3)
- Ren, M., Xu, J., Geng, M., Zhang, L., Kimirei, I. A., Xu, Y., & Wang, J. (2024). Soil bacteria and fungi on tropical mountainsides: Joint effects of weathering, climate, and chemical factors. *Environmental Research*, 120027. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2024.120027>
- Rivera-Cruz, M. Del C., Ferrera-Cerrato, R., Volke, H. V., Rodríguez, V. R., & Fernández, L. L. (2002). Adaptación y selección de microorganismos autóctonos en medios de cultivo enriquecidos con petróleo crudo. *Terra Latinoamericana*, 20(4), 423-434. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=57320407>

- Rosas, S. B., Avanzini, G., Carlier, E., Pasluosta, C., Pastor, N., & Rovera, M. (2009). Root colonization and growth promotion of wheat and maize by *Pseudomonas aurantiaca* SR1. *Soil Biology and Biochemistry*, 41(9), 1802-1806. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2008.10.009>
- Rovira, A. D. (1991). Rhizosphere research—85 years of progress and frustration. The Rhizosphere and Plant Growth. *Springer Netherlands*. 14, 3-13. https://doi.org/10.1007/978-94-011-3336-4_1
- Rueda-Puente, E. O., López-Elías, J., & Huez-López, A. (2012). Las Halófitas en la Agricultura de Zonas Áridas. *Editorial Académica Española*. <https://dagus.unison.mx/publicaciones/libros/Libro%20Las%20Halofitas%20Rueda%20Puente%202012.pdf>
- Sack, U., & Günther, T. (1993). Metabolism of PAH by fungi and correlation with extracellular enzymatic activities. *Journal of Basic Microbiology*, 33(4), 269-277. <https://doi.org/10.1002/jobm.3620330411>
- Sadrati, N., Zerroug, A., Nedjemeddine, B., & Sofiane, H. (2022). Isolation of Endophytic Fungi from Algerian Plant *Salicornia arabica* and Screening of their Antimicrobial Activity. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 10(10), 1934-1943. <https://doi.org/10.24925/turjaf.v10i10.1934-1943.5388>
- Salam, L., Obayori, O., Campbell, C., Ilori, M., & Amund, O. (2017). Pyrene biodegradation potentials of an actinomycete, *Microbacterium esteraromaticum* isolated from tropical hydrocarbon-contaminated soil. *Journal of microbiology, biotechnology and food sciences*, 6(4), 995-1000. <https://doi.org/10.15414/jmbfs.2017.6.4.995-1000>
- Santana-Romero, J. L., Valdés-Callado, M., Olivares-Rieumont, S., & Lima-Cazorla, L. (2012). Determinación de hidrocarburos aromáticos policíclicos ligeros en aguas superficiales de los ríos Almendares y Luyanó en La Habana. *Ciencias Químicas*. 43, 1-7. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=181628775002>
- Saraswathy, A., & Hallberg, R. (2002). Degradation of pyrene by indigenous fungi from a former gasworks site. *FEMS Microbiology Letters*, 210(2), 227-232. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2002.tb11185.x>
- Saraswathy, A., & Hallberg, R. (2005). Mycelial pellet formation by *Penicillium ochrochloron* species due to exposure to pyrene. *Microbiological Research*, 160(4), 375-383. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2005.03.001>
- Saratale, G. D., Humnabadkar, R. P., & Govindwar, S. P. (2007). Study of mixed function oxidase system in *Aspergillus ochraceus* (NCIM 1146). *Indian Journal of Microbiology*, 47(4), 304-309. <https://doi.org/10.1007/s12088-007-0056-0>
- Sarma, H., Nava, A. R., & Prasad, M. N. V. (2019). Mechanistic understanding and future prospect of microbe-enhanced phytoremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons in soil. *Environmental Technology & Innovation*, 13, 318-330. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2018.12.004>
- Sarria-Villa, R., Ocampo-Duque, W., Páez, M., & Schuhmacher, M. (2016). Presence of PAHs in water and sediments of the Colombian Cauca River during heavy rain episodes, and implications for risk assessment. *Science of The Total Environment*, 540, 455-465. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.07.020>

- Savini, V., Catavittello, C., Masciarelli, G., Astolfi, D., Balbinot, A., Bianco, A., Febbo, F., D'Amario, C., & D'Antonio, D. (2010). Drug sensitivity and clinical impact of members of the genus *Kocuria*. *Journal of Medical Microbiology*, 59(12), 1395-1402. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.021709-0>
- Sayed Akhtar, M., & Siddiqui, Z. A. (2008). Biocontrol of a root-rot disease complex of chickpea by *Glomus intraradices*, *Rhizobium* sp. and *Pseudomonas straita*. *Crop Protection*, 27(3-5), 410-417. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2007.07.009>
- Schlaeppe, K., Dombrowski, N., Oter, R. G., Ver Loren Van Themaat, E., & Schulze-Lefert, P. (2014). Quantitative divergence of the bacterial root microbiota in *Arabidopsis thaliana* relatives. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(2), 585-592. <https://doi.org/10.1073/pnas.1321597111>
- Secretaría de Energía. (Consultado el 16 de julio del 2015, de <https://www.gob.mx/sener/articulos/que-son-los-hidrocarburos>). ¿Qué son los hidrocarburos?
- Servicio Geológico Mexicano (SGM). (Consultado el 03 de febrero del 2023, de https://www.sgm.gob.mx/Web/MuseoVirtual/Aplicaciones_geologicas/Petroleo-en-Mexico.html)
Petróleo en México.
- Setiawan, A., Setiawan, F., Juliasih, N. L. G. R., Widyastuti, W., Laila, A., Setiawan, W. A., Djailani, F. M., Mulyono, M., Hendri, J., & Arai, M. (2022). Fungicide Activity of Culture Extract from *Kocuria palustris* 19C38A1 against *Fusarium oxysporum*. *Journal of Fungi*, 8(3), 280. <https://doi.org/10.3390/jof8030280>
- Shafique, S., Mubarak, A., Shafique, S., Hussain, A., Javed, A., & Rafique, R. (2022). Isolation and identification of novel leaf spot pathogen *Fusarium equiseti* from *Spinacia oleracea*. *Pakistan Journal of Botany*, 54(3). [http://dx.doi.org/10.30848/PJB2022-3\(21\)](http://dx.doi.org/10.30848/PJB2022-3(21))
- Sharma, D., & Shukla, A. (2021). *Fusarium* Wilt of Cucumber- A Review. *International Journal of Economic Plants*, 8(4), 193-200. <https://doi.org/10.23910/2/2021.0423>
- Siddiqui, I. A., & Shahid Shaukat, S. (2003). Suppression of root-knot disease by *Pseudomonas fluorescens* CHA0 in tomato: Importance of bacterial secondary metabolite, 2,4-diacetylphloroglucinol. *Soil Biology and Biochemistry*, 35(12), 1615-1623. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2003.08.006>
- Silva, I. L. (1995). *Factores de vulnerabilidad en sistemas litorales de Baja California, México: Bahía de Salsipuedes, Bahía de Todos Santos y Punta Cabra*. [Tesis de Maestría, Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California]. Repositorio Institucional <https://cicese.repositorioinstitucional.mx/jspui/handle/1007/3440>
- Silva-Jiménez, H., Araujo-Palomares, C. L., Macías-Zamora, J. V., Ramírez-Álvarez, N., García-Lara, B., & Corrales-Escobosa, A. R. (2018). Identification by MALDI-TOF MS of Environmental Bacteria with High Potential to Degrade Pyrene. *Journal of the Mexican Chemical Society*, 62(2). <https://doi.org/10.29356/jmcs.v62i2.411>
- Singh, S., Ghadge, V. A., Kumar, P., Mathew, D. E., Dhimmarr, A., Sahastrabudhe, H., Nalli, Y., Rathod, M. R., & Shinde, P. B. (2021). Biodiversity and antimicrobial potential of bacterial endophytes from halophyte *Salicornia brachiata*. *Antonie van Leeuwenhoek*, 114(5), 591-608. <https://doi.org/10.1007/s10482-021-01544-4>

- Srivastava, P., Sreekrishnan, T. R., & Nema, A. K. (2017). Degradation of Low-Molecular-Weight pahs: Naphthalene, Acenaphthylene, Phenanthrene, and Fluorene. *Journal of Hazardous, Toxic, and Radioactive Waste*, 21(4). [https://doi.org/10.1061/\(ASCE\)HZ.2153-5515.0000360](https://doi.org/10.1061/(ASCE)HZ.2153-5515.0000360)
- Statzell-Tallman, A., & Fell, J. W. (1998). *Rhodotorula* F.C. Harrison. *The Yeasts* (4th edition), 800-827. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-044481312-1/50110-6>
- Sturz, A. V., & Christie, B. R. (2003). Beneficial microbial allelopathies in the root zone: The management of soil quality and plant disease with rhizobacteria. *Soil and Tillage Research*, 72(2), 107-123. [https://doi.org/10.1016/S0167-1987\(03\)00082-5](https://doi.org/10.1016/S0167-1987(03)00082-5)
- Szymańska, S., Płociniczak, T., Piotrowska-Seget, Z., & Hryniewicz, K. (2016). Endophytic and rhizosphere bacteria associated with the roots of the halophyte *Salicornia europaea* L. – community structure and metabolic potential. *Microbiological Research*, 192, 37-51. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2016.05.012>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Tapia, C., & Amaro, J. (2014). Género *Fusarium*. *Revista chilena de infectología*, 31(1), 85-86. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182014000100012>
- Tekpinar, A. D., & Kalmer, A. (2019). Utility of various molecular markers in fungal identification and phylogeny. *Nova Hedwigia*, 109(1-2), 187-224. https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2019/0528
- Thion, C., Cébron, A., Beguiristain, T., & Leyval, C. (2012). PAH biotransformation and sorption by *Fusarium solani* and *Arthrobacter oxydans* isolated from a polluted soil in axenic cultures and mixed co-cultures. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 68, 28-35. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2011.10.012>
- Tiquia-Arashiro, S., M., & Grube, M. (2019). Fungi in Extreme Environments: Ecological Role and Biotechnological Significance (S. M. Tiquia-Arashiro & M. Grube, Eds.). *Springer International Publishing*. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-19030-9>
- Tziros, G. T., Samaras, A., & Karaoglanidis, G. S. (2022). *Fusarium equiseti* as an Emerging Foliar Pathogen of Lettuce in Greece: Identification and Development of a Real-Time PCR for Quantification of Inoculum in Soil Samples. *Pathogens*, 11(11), 1357. <https://doi.org/10.3390/pathogens11111357>
- United States Department of Agriculture (USDA). (Consulado el 27 de febrero del 2025, de <https://plants.usda.gov/>). Plants database: *Salicornia*.
- Valiei, A., Dickson, A. M., Aminian-Dehkordi, J., & Mofrad, M. R. K. (2024). Bacterial community dynamics as a result of growth-yield trade-off and multispecies metabolic interactions toward understanding the gut biofilm niche. *BMC Microbiology*, 24(1), 441. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03566-0>
- Van Der Merwe, K. J., Steyn, P. S., Fourie, L., Scott, D. B., & Theron, J. J. (1965). Ochratoxin A, a Toxic Metabolite produced by *Aspergillus ochraceus* Wilh. *Nature*, 205(4976), 1112-1113. <https://doi.org/10.1038/2051112a0>

- Vergara Villadiego, J., Tejada Tovar, C., Leones Cerpa, J., Restrepo Mesa, J., & Ojeda Delgado, K. (2024). Uso de bioindicadores para determinar la presencia de contaminantes en cuerpos de agua. *Revista Ing-Nova*, 3(2), 74-92. <https://doi.org/10.32997/rin-2024-4942>
- Villani, A., Proctor, R. H., Kim, H.-S., Brown, D. W., Logrieco, A. F., Amatulli, M. T., Moretti, A., & Susca, A. (2019). Variation in secondary metabolite production potential in the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex revealed by comparative analysis of 13 genomes. *BMC Genomics*, 20(1), 314. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5567-7>
- Villegas-Jiménez, A., Macías-Zamora, J. V., Villaescusa-Celaya, J. A. (1996). *Aliphatic and polycyclic aromatic hydrocarbons in surficial sediments of Bahía de Todos Santos, B.C., México. Hidrobiológica* 6(1-2), 25-32. <https://hidrobiologica.izt.uam.mx/index.php/revHidro/article/view/596/187>
- Wang, M. M., Chen, Q., Diao, Y. Z., Duan, W. J., & Cai, L. (2019). *Fusarium incarnatum-equiseti* complex from China. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43(1), 70-89. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.03>
- Wang, X.-C., Zhang, Z.-K., & Zhuang, W.-Y. (2023). Species Diversity of *Penicillium* in Southwest China with Discovery of Forty-Three New Species. *Journal of Fungi*, 9(12), 1150. <https://doi.org/10.3390/jof9121150>
- Watanabe, T. (2002). Pictorial atlas of soil and seed fungi: Morphologies of cultured fungi and key to species. *CRC Press* (2nd edition). <https://doi.org/10.1201/9781420040821>
- Wernegreen, J. J. (2012). Endosymbiosis. *Current Biology*, 22(14), R555-R561. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2012.06.010>
- White, T., Bruns, T., Lee, S. & Taylor, J. (1990). Amplification and Direct Sequencing of Fungal Ribosomal RNA Genes for Phylogenetics. *Pcr Protocols: A Guide to Methods and Applications*, 31, 315-322. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>
- Wirth, F., & Goldani, L. Z. (2012). Epidemiology of *Rhodotorula*: An Emerging Pathogen. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 2012, 1-7. <https://doi.org/10.1155/2012/465717>
- Woo, S. L., Hermosa, R., Lorito, M., & Monte, E. (2023). *Trichoderma*: A multipurpose, plant-beneficial microorganism for eco-sustainable agriculture. *Nature Reviews Microbiology*, 21(5), 312-326. <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00819-5>
- Wu, Y.-R., He, T.-T., Lun, J.-S., Maskaoui, K., Huang, T.-W., & Hu, Z. (2009). Removal of Benzo[a]pyrene by a fungus *Aspergillus* sp. BAP14. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 25(8), 1395-1401. <https://doi.org/10.1007/s11274-009-0026-2>
- Xia, J. W., Sandoval-Denis, M., Crous, P. W., Zhang, X. G., & Lombard, L. (2019). Numbers to names—Restyling the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43(1), 186-221. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.05>
- XXV Ayuntamiento, Ensenada. (Consultado el 07 de febrero del 2024, de <https://www.ensenada.gob.mx/?p=22759>). Arriban a Ensenada más de 760 mil pasajeros de crucero.

- Yadav, A. N., Verma, P., Kumar, V., Sangwan, P., Mishra, S., Panjari, N., Gupta, V. K., & Saxena, A. K. (2018). Biodiversity of the Genus *Penicillium* in Different Habitats. *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering* 3-18. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-63501-3.00001-6>
- Yan, B., Liu, N., Liu, M., Du, X., Shang, F., & Huang, Y. (2021). Soil actinobacteria tend to have neutral interactions with other co-occurring microorganisms, especially under oligotrophic conditions. *Environmental Microbiology*, 23(8), 4126-4140. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15483>
- Yao, L., Teng, Y., Luo, Y., Christie, P., Ma, W., Liu, F., Wu, Y., Luo, Y., & Li, Z. (2015). Biodegradation of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) by *Trichoderma reesei* FS10-C and Effect of Bioaugmentation on an Aged PAH-Contaminated Soil. *Bioremediation Journal*, 19(1), 9-17. <https://doi.org/10.1080/10889868.2014.939137>
- Yu, J.-H. (2010). Regulation of Development in *Aspergillus nidulans* and *Aspergillus fumigatus*. *Mycobiology*, 38(4), 229. <https://doi.org/10.4489/MYCO.2010.38.4.229>
- Żelechowski, M., Molcan, T., Bilska, K., Myszczyński, K., Olszewski, J., Karpiesiuk, K., Wyrębek, J., & Kulik, T. (2021). Patterns of Diversity of *Fusarium* Fungi Contaminating Soybean Grains. *Toxins*, 13(12), 884. <https://doi.org/10.3390/toxins13120884>
- Zhao, G., Wang, W., Zheng, L., Chen, L., Duan, G., Chang, R., Chen, Z., Zhang, S., Dai, M., & Yang, G. (2023). Catalase-peroxidase stkatg is a bacterial manganese oxidase from endophytic *Salinicola tamaricis*. *International Journal of Biological Macromolecules*, 224, 281-291. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2022.10.123>
- Zhao, S., Zhou, N., Zhao, Z.-Y., Zhang, K., Wu, G.-H., & Tian, C.-Y. (2016). Isolation of Endophytic Plant Growth-Promoting Bacteria Associated with the Halophyte *Salicornia europaea* and Evaluation of their Promoting Activity Under Salt Stress. *Current Microbiology*, 73(4), 574-581. <https://doi.org/10.1007/s00284-016-1096-7>

Anexos

Selección del medio de cultivo para ensayos de interacción entre hongos y bacterias

Para seleccionar el medio de cultivo para la interacción, se realizaron pruebas en medio PDA-S y LB-S. El experimento se realizó tomando en cuenta a aquellas cepas fúngicas que crecieron más rápido en experimentos previos (SpA21, SpA32, SpA18 y SsA14) y dos cepas de bacterias (*Salinicola tamaricis* y *Microbacterium esteraromaticum*). En condiciones de esterilidad, con un sacabocados se retiró del centro de las placas de ambos controles un círculo de 1 cm de diámetro, posteriormente se tomó una colonia aislada de una cepa bacteriana y se sembró como se observa en la figura 8B. Consecutivamente, con un sacabocados se tomó un inóculo de cada cepa de hongo y se colocaron como se indica en la figura 25-A y B (círculos de colores). Los cultivos se dejaron en oscuridad a temperatura ambiente. Se realizaron mediciones diarias y al final se seleccionó el medio de cultivo en el que los microorganismos se adaptaron óptimamente.

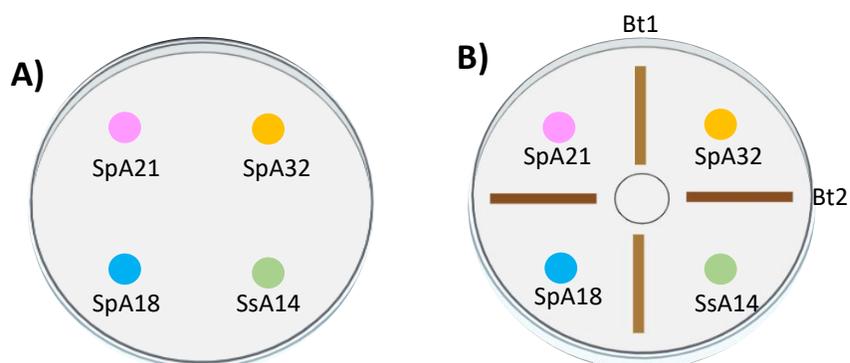


Figura 1. Diagrama de inoculación de cepas bacterianas y fúngicas. **A)** Control negativo (hongo-hongo). **B)** Control positivo (hongos-bacterias). Los círculos corresponden a los inóculos de las cepas fúngicas; las líneas pertenecen a la inoculación de las cepas bacterianas. Bt1. *Salinicola tamaricis* CSA4-1. Bt2. *Microbacterium esteraromaticum* CSA25. Figura elaborada en BioRender por Maturano-Flores (2024).

Especies no identificadas

Dentro de los aislamientos de *S. pacifica* y *S. subterminalis* no se lograron identificar a siete cepas, las cuales se describen a continuación.

Cepa SpR30 (Figura 24-A) mostró características morfológicas como: colonia circular, elevada, con márgenes filiformes, casi regulares. Coloración blanquecina, esponjosa y flocosa. Tiñó el medio de color amarillo. En la micromorfología se observaron hifas delgadas y sin septos, con presencia de vesículas pequeñas al interior. Conidios filiformes, hialinos y solitarios, con un tamaño promedio de $10.17 \times 20.5 \mu$.

En la cepa SsA13 (Figura 24-B) se observó una colonia irregular, elevada, con márgenes rizados, opaca, superficie granulosa y ligeramente aterciopelada. Coloración grisácea con algunos tonos blancos, produjo exudados hialinos. Tiñó el medio de color negro. En las microestructuras presentó hifas gruesas, sin septos. Se observaron estructuras globosas, hialinas y de superficie lisa, posiblemente son las estructuras de reproducción.

Las cepas SpR8 y SpR10 (Figura 24-F) no se pudieron observar de manera microscópica y respecto a la macromorfología se observaron colonias irregulares, planas, con márgenes ondulados, opacas. Coloración amarillenta/blanquecina. Se observó la formación de anillos concéntricos. Tiñó el medio de color marrón. Ambas cepas mostraron similitudes.

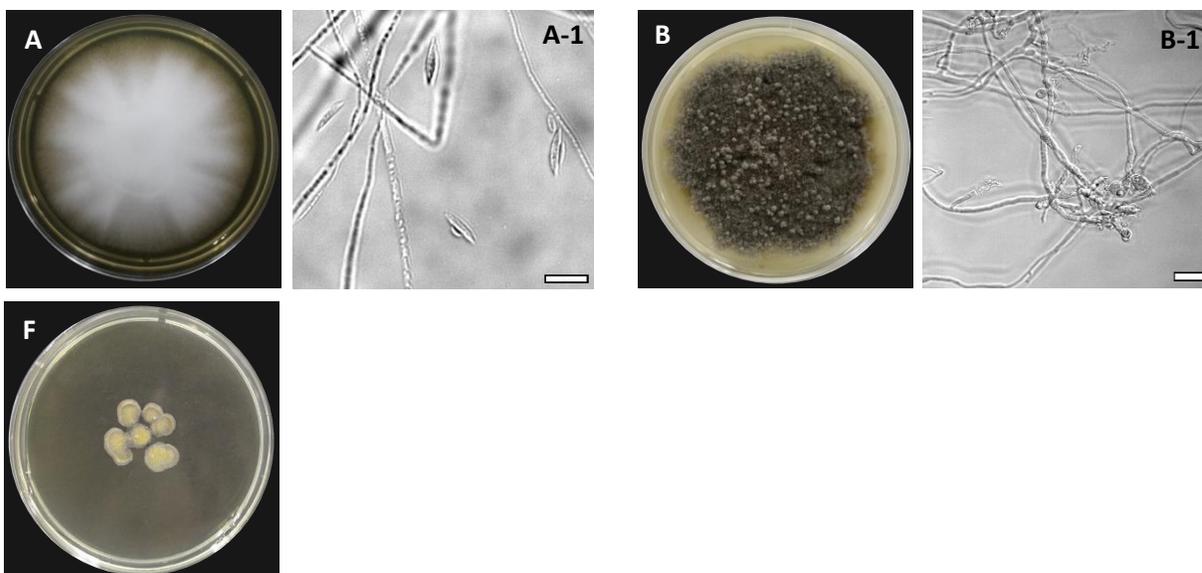


Figura 24. Cepas puras y microestructuras de las cepas no identificadas crecidas en medio PDA-S, a temperatura ambiente y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de la cepa SpR30. **A-1)** Estructuras de la cepa SpR30, barra de escala 10μ . **B)** Morfología colonial de la cepa SsA13. **B-1)** Estructuras de la cepa SsA13, barra de escala 25μ . **C)** Morfología colonial de las cepas SpR8 y SpR10.

Respecto a los aislados levaduriformes que no se lograron identificar se encuentran cepa SpR1 (Figura 25-C), la cual mostró características macroscópicas como colonia de color beige, con textura cremosa y superficie brillante. En la micromorfología se observaron células esféricas con un diámetro promedio de 3.53μ , con paredes lisas y hialinas, se agruparon en cadenas, dentro de las células se observan la formación de un anillo delgado.

La cepa SpR2 (Figura 25-D) presentó morfología colonia de color beige, con tonos rosados, textura cremosa y superficie brillante. Las estructuras microscópicas fueron células esféricas a ovoides con un diámetro promedio de 3.79μ , con paredes lisas, hialinas.

Se observaron algunas pequeñas células en forma de gema. La última cepa que no se identificó fue la cepa SsA5 (Figura 25-E), en la cual se observó una macromorfología de color beige, textura cremosa, superficie brillante. De manera microscópica se observaron células esféricas a ovoides con un diámetro promedio de 4.53μ , con paredes lisas y hialinas. Se observaron algunas levaduras en proceso de gemación.

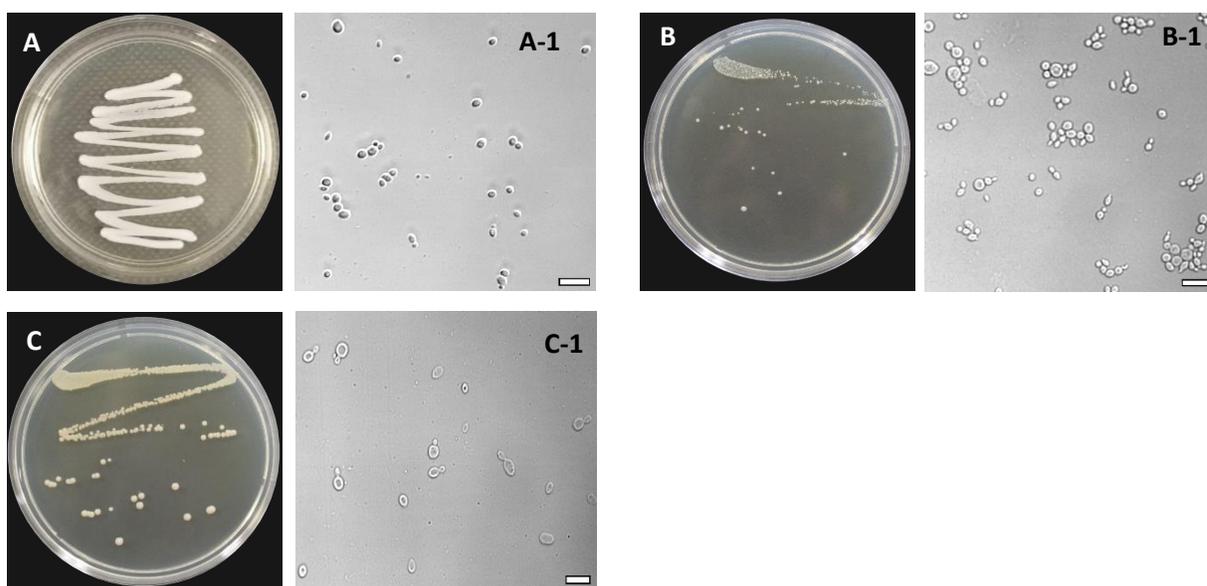


Figura 25. Cepas puras y microestructuras de las cepas levaduriformes no identificadas crecidas en medio PDA-S, a temperatura ambiente y observadas con microscopía DIC. Las cepas fueron aisladas de *S. pacifica* y *S. subterminalis* colectadas del Estero Punta Banda. **A)** Morfología colonial de la cepa SpR1. **A-1)** Estructuras de la cepa SpR1. **B)** Morfología colonial de la cepa SpR2. **B-1)** Estructuras de la cepa SspR2. **C)** Morfología colonial de la cepa SsA5. **C-1)** Estructuras de la cepa SsA5. Barra de escala $10 \mu\text{m}$.