



Nota Fitopatológica

Caracterización morfológica y molecular de cepas de *Trichoderma* aisladas del biofertilizante BioHumisol®

Karla Marina Báez-Parra¹, Edith Salazar-Villa², Josefina León-Félix³, Miguel Ángel Angulo-Escalante³, Indira Rojo-Báez^{2*}

¹Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, ²Facultad de Biología, Universidad Autónoma de Sinaloa, Calzada de las Américas, Blvd. Universitarios, Cd. Universitaria, C.P. 80040, Culiacán, Sinaloa, México; ³Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A. C. Coordinación Culiacán, Carretera Culiacán-El dorado Km 5.5, Campo El Diez, C.P. 80110, Culiacán, Sinaloa, México.

*Autor de Correspondencia:

Indira Rojo-Báez
indira@uas.edu.mx

Sección:

Edición periódica

Recibido:

28 Julio, 2024

Aceptado:

10 Diciembre, 2025

Publicado:

16 Diciembre, 2025

Adelantada 2026

Cita:

Báez-Parra KM, Salazar-Villa E, León-Félix J, Angulo-Escalante MA y Rojo-Báez I. 2026. Caracterización morfológica y molecular de cepas de *Trichoderma* aisladas del biofertilizante líquido BioHumisol® de uso agrícola en Culiacán y Navolato, Sinaloa, México. Revista Mexicana de Fitopatología 44(1): 105. <https://doi.org/10.18781/R.ME.X.FIT.2407-3>

RESUMEN

Antecedentes/Objetivo. Existen biofertilizantes, que contienen microorganismos benéficos para la planta y el ambiente. Sin embargo, algunos productos comerciales proporcionan poca información de las especies que emplean en sus productos; por lo que este trabajo tuvo el objetivo de identificar cultural, morfológica, morfométrica y molecularmente las especies de *Trichoderma* presentes en el biofertilizante BioHumisol® de uso agrícola en Culiacán y Navolato, Sinaloa, México.

Desarrollo experimental. A partir del biofertilizante líquido BioHumisol® se aislaron y purificaron colonias fúngicas. Para la identificación cultural, morfológica y morfométrica se emplearon tres cajas Petri con crecimiento fúngico por aislado, se registraron las características de color, forma del micelio y disposición en el medio de cultivo, días de esporulación, tamaño y forma de conidios, fiálides y clamidosporas. Además, se registró la tasa de crecimiento micelial. A nivel molecular se amplificó la región ITS y el gen TEF-1 α , las secuencias se registraron en GenBank con los números de acceso: PP956784, PP956785 para ITS; PP968400, PP968399 para TEF-1 α , y se realizó el análisis filogenético de las secuencias concatenadas mediante el método de máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana con un bootstrap de 1000 réplicas.

Resultados. Las colonias fúngicas presentaron conidióforos hialinos, ramificados, no verticilados; fiálides simples o en grupos con ramificaciones terminales con medidas promedio de 4.1-6.2 \times 9.7-15.3 μ m; conidios unicelulares, ovoides con medidas promedio de 3.6-5.09 \times 3.27-6.41 μ m y clamidosporas subglobosas intercalares y terminales cuyo tamaño fue de 21.41 \times 21.72 μ m, lo que coincide con *Trichoderma*. Actualmente, para una correcta identificación se requiere la caracterización cultural, morfológica, morfométrica completada con la caracterización molecular. El análisis BLAST de las secuencias parciales de ITS mostraron una homología del 99 % y del gen TEF -1 α una homología del 100 % con *T. asperellum*, el análisis filogenético confirma cercanía genética con especies del clado Viride.

Conclusión. De acuerdo con la caracterización cultural, morfológica, morfométrica y molecular la especie que se encuentra en el biofertilizante líquido BioHumisol® es *Trichoderma asperellum*.

Palabras clave: *Trichoderma asperellum*, ITS, TEF -1 α , Biocontrol



INTRODUCCIÓN

La agricultura en México emplea fertilizantes que proveen nutrientes a los cultivos para aumentar la producción y calidad de los productos. Esto permite a los productores obtener un mayor rendimiento y en consecuencia mayor ingreso económico (SAGARPA, 2025). En Sinaloa, el uso de fertilizantes químicos en la agricultura tiene una participación aproximadamente el 98 %. No obstante, además del costo económico que representa su adquisición, el uso excesivo de químicos tiene repercusiones ecológicas y ambientales (Debnath *et al.*, 2020).

Los biofertilizantes contienen microorganismos con capacidad de sintetizar compuestos químicos que promueven el crecimiento vegetal, ayudan a fijar el nitrógeno atmosférico, solubilizar o movilizar los nutrientes del suelo, un ejemplo es el hongo *Trichoderma* (Shahwar *et al.*, 2023). Los beneficios del uso de *Trichoderma* spp., incluyen la promoción del crecimiento y desarrollo vegetal mediante factores de crecimiento, disminución del pH del suelo, solubilización de componentes del metabolismo vegetal, y disminución de la contaminación del suelo por medio de la biorremediación (Rodríguez-García y Vargas-Rojas, 2022). Se han sugerido diversos mecanismos para explicar cómo las especies de *Trichoderma* favorecen el crecimiento vegetal. Entre ellos se encuentra la biosíntesis de metabolitos secundarios, lo que promueve la producción de enzimas como la xylanasa, celulasa y glucanasa, la solubilización de fósforo que sintetiza el ácido indol-acético y la promoción del crecimiento de raíces y tallos vegetales, así como el aumento de la tasa del metabolismo de carbohidratos, fotosíntesis y mecanismos de defensa de las plantas (Contreras-Cornejo *et al.*, 2024).

Además, *Trichoderma* actúa como control biológico al combatir bacterias, hongos y nematodos fitopatógenos por diversos mecanismos como la competencia por sustrato y espacio, antibiosis, antagonismo, micoparasitismo, reconocimiento, crecimiento quimiotrófico, actividad lítica y la promoción de resistencia sistémica inducida en plantas (Yao *et al.*, 2023; Sánchez-Rivera *et al.*, 2025). En México se reproduce y comercializa a *T. harzianum*, *T. viride*, *T. koningii*, *T. asperellum*, *T. longibrachiatum*, *T. virens*, *T. lignorum* y *T. aureoviridae* como agentes de control biológico (Allende-Molar *et al.*, 2022; SENASICA, 2025). Se destaca el uso de especies certificadas del género *Trichoderma* que se utilizan con fines biotecnológicos en la formulación de biofertilizantes las cuales son: *T. harzianum*, *T. viride*, *T. asperellum*, *T. virens*, *T. atroviride*, *T. gamsii*, *T. hamatum* y *T. polysporum*. La mayoría de los biofertilizantes se preparan a base de *T. viride*, *T. virens* y en mayor proporción *T. harzianum* (Hernández-Melchor *et al.*, 2019; Yao *et al.*, 2023). La empresa Humisol Orgánico S.A. de C.V. produce y comercializa el biofertilizante líquido BioHumisol®, el cual de acuerdo a su etiqueta contiene bacterias anaeróbicas y nitrificantes; no obstante, se desconocen las especies de *Trichoderma* presentes en el producto comercial. El biofertilizante BioHumisol® se emplea en cultivos como berries, espárrago y hortalizas. Debido a que no se cuenta con una cepa certificada y se desconoce la especie de *Trichoderma* presente en este biofertilizante fue necesaria su caracterización cultural, morfológica, morfométrica y molecular (Biohumisol, 2025). Por tanto, este trabajo tuvo como objetivo identificar cultural, morfológica, morfométrica y molecularmente las especies de *Trichoderma* presentes en el biofertilizante líquido comercial BioHumisol® de uso agrícola en Culiacán y Navolato, Sinaloa, México.

DESARROLLO EXPERIMENTAL

Muestreo, aislamiento, purificación y conservación. El muestreo se llevó a cabo en la empresa Humisol Orgánico S.A de C.V. ubicada en la Cofradía de San Pedro, Navolato, Sinaloa, México donde se produce el biofertilizante líquido BioHumisol® (registro RSCO-381/X/21), y se comercializa en los municipios de Culiacán y Navolato en Sinaloa. Para el aislamiento de los hongos, se preparó una solución madre de la producción final, para ello se tomaron 50 mL del biofertilizante líquido y se vació en un frasco de vidrio con 450 mL de agua destilada estéril y se agitó durante 30 s (solución madre). Posteriormente, se realizaron seis diluciones seriadas (10^{-1} hasta 10^{-6}), tomando 1 mL a partir de la solución madre y se colocó en un tubo de vidrio con 9 mL con agua destilada estéril, después, se agitó durante 30 s en un vórtex (Cis-Lab, México) para homogenizar solución (Suárez-Palacios *et al.*, 2023). Partiendo de esa suspensión se realizaron diluciones seriadas hasta 1×10^{-6} . Adicionalmente, se colocó 100 μ L de la suspensión de conidios en cajas Petri con medio de cultivo Agar papa dextrosa (Bioxon®) adicionado con ácido láctico (PDA-AL), se homogenizó la suspensión de conidios utilizando perlas de vidrio de 0.8 mm estériles. Las cajas Petri se sembraron por triplicado por cada dilución, se incubaron a (\pm) 28° C durante cuatro días en una incubadora (Ecoshel, USA) (Savín-Molina *et al.*, 2021). La purificación se llevó a cabo mediante la técnica de punta de hifa (Cuervo-Parra *et al.*, 2024). Una vez obtenidos los cultivos por punta de hifa, se tomaron discos miceliales con un sacabocados de 5 mm y se conservaron en tubos de 1.5 mL con agua destilada estéril (método Castellani) y se almacenaron a 4 °C hasta su posterior uso (Fernández *et al.*, 2013).

Identificación cultural, morfológica y morfométrica. Para la identificación cultural, morfológica y morfométrica se utilizaron tres cajas Petri con crecimiento fúngico por aislado, se registraron las características de color, forma del micelio y disposición en el medio de cultivo, días de esporulación, tamaño y forma de conidios, fiálides y clamidosporas (Ynfante-Martínez *et al.*, 2023). Las estructuras se observaron mediante una cámara digital (Dino-Lite) acoplada al microscopio compuesto serie CxL (Labomed®) (Sánchez-Hernández *et al.*, 2018). Las mediciones de conidios, fiálides y clamidosporas (n=50) se realizaron en el software (Dino Capture 2.0) (Zainudin *et al.*, 2023). Las características culturales, morfológicas y morfométricas fueron comparadas con las características taxonómica reportadas por Barnett y Hunter (1998) y Samuels y Hebbbar (2015). Además, se determinó la tasa de crecimiento micelial de las cepas mediante una medición continua de las placas de Petri con medio de cultivo PDA-AL incubadas a (\pm) 28 °C bajo las condiciones de 12 h luz/12 h oscuridad durante cuatro días. La tasa de crecimiento micelial se calculó midiendo el diámetro del crecimiento radial en direcciones perpendiculares con un vernier cada 24 h durante cuatro días. La tasa de crecimiento se expresó en mm/día (Samaniego *et al.*, 2018).

Identificación molecular. Se utilizaron tres cajas Petri con crecimiento fúngico libre de contaminación por aislado, el micelio se raspó con espátula estéril de cajas Petri que contenían 7 días de crecimiento fúngico en medio de cultivo PDA-AL. Luego, se depositaron 150 mg del micelio en tubos estériles de 1.5 mL. Posteriormente, se realizó la extracción de ADN fúngico siguiendo las instrucciones del fabricante del Kit comercial ZR Fungal/Bacterial DNA Miniprep® (Zymo Research, USA) (Manfredini *et al.*, 2025). Para verificar la concentración y pureza del ADN de las muestras se determinó con un espectrofotómetro (QIAXpert, QUIAGEN®) y se verificó su integridad mediante

electroforesis en gel de agarosa al 1 %. Las muestras de ADN se almacenaron en un ultracongelador a -80 °C hasta su posterior uso (Matas-Baca *et al.*, 2022). La Región Espaciadora Transcrita Interna (ITS) fue amplificada utilizando los iniciadores ITS4 (5'TCCTCCGCTTATTGATATGC3') e ITS5 (5'GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG3') de acuerdo con las siguientes condiciones de amplificación: Desnaturalización inicial a 94 °C durante 5 min, seguido de 29 ciclos con desnaturalización a 94 °C durante 30 s, alineamiento a 60 °C durante 30 s y extensión a 72 °C durante 45 s con una extensión final a 72 °C durante 5 min (Ríos *et al.*, 2016).

Además, se amplificó el gen Factor de Elongación 1 alfa (TEF-1 α) de los aislamientos ATV y ATB utilizando los iniciadores: EF1-728 (5'CATCGAGAAGTTCGAGAAGG3') y TEF1R (5'GCCATCCTTGGGAGATACCAGC3') con las siguientes condiciones de amplificación: Desnaturalización inicial a 94 °C durante 2 min, seguido de 29 ciclos con desnaturalización a 94 °C durante 30 s, alineamiento a 55 °C durante 30 s y extensión a 72 °C durante 1 min con una extensión final a 72 °C durante 10 min (Lee *et al.*, 2020). La amplificación se realizó en un Termociclador Biorad C1000 con un volumen final de 25 μ L (Samuels *et al.*, 2002; García-Nuñez *et al.*, 2017). Se verificó la integridad de los productos de PCR mediante electroforesis en gel de agarosa al 1 % teñido con Bromuro de Etidio, y el gel se visualizó en un fotodocumentador UV (Axygen™, USA) (Lee *et al.*, 2020).

El producto de PCR obtenido fue purificado y secuenciado mediante el método de Sanger y enviados a la Unidad de Genómica Avanzada de LANGEBIO, Cinvestav, Irapuato. Las secuencias obtenidas se analizaron en el programa BioEdit (García-Nuñez *et al.*, 2017) y se enviaron a GenBank con los siguientes números de accesión: PP956784, PP956785, PP968400 y PP968399; posteriormente, se compararon con otras secuencias de la base de datos GenBank del National Center for Biotechnology Information (www.ncbi.nlm.nih.gov/) utilizando el algoritmo BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) (NCBI, 2024).

Análisis filogenético. Las secuencias parciales de nucleótidos de la región ITS y el gen TEF-1 α se alinearon con secuencias de referencias obtenidas del GenBank y las relaciones filogenéticas se infirieron basándose en un alineamiento múltiple mediante el programa MAFFT (Vences *et al.*, 2022). Las secuencias se concatenaron con el programa Mesquite versión 3.8. El árbol filogenético se construyó con el método de máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana, para determinar los valores de confianza para los clados dentro del árbol resultante, se realizó un análisis bootstrap con 1000 réplicas, utilizando el modelo de sustitución TPM2+F+G4 en IQTREE y se visualizó en FigTree versión 1.4.4 (Zhao *et al.*, 2024). Las secuencias utilizadas en el análisis filogenético se muestran en el Cuadro 1. Como grupo externo se utilizó una secuencia de *Fusarium oxysporum* (número de acceso GenBank: OR734798 y ON316841).

Cuadro 1. Especies y números de acceso de GenBank correspondientes de las secuencias utilizadas en el análisis filogenético.

Especie	Número de cepa	No. Acceso GenBank (ITS)	No. Acceso GenBank (TEF 1- α)
<i>T. atroviride</i>	IMI206040	OR975627.1	MK644115.1
<i>T. composticola</i>	CBS133497	MT187974.1	DQ841716.1
<i>T. asperellum</i> ^z	ATV	PP956784	PP968400
<i>T. asperellum</i> ^z	ATB	PP956785	PP968399
<i>T. asperellum</i>	CBS43397	OR770586.1	OL825045.1
<i>T. asperellum</i>	CBS43397	MN727373.1	MW457023.1
<i>T. flagellatum</i>	CBS130626	MH865822.1	FJ763158.1
<i>T. orientale</i>	CBS130428	PP464121.1	OL757487.1
<i>T. bissettii</i>	CBS137447	MW295457.1	HG931271.1
<i>T. virens</i>	FT333	ON357718.1	OQ702629.1
<i>T. crassum</i>	CBS33693	PP860359.1	KJ871144.1
<i>T. alni</i>	CBS120633	MK459321.1	KJ665356.1
<i>T. amazonicum</i>	CBS126898	MH864268.1	HM142378.1

^z Secuencias de este estudio.

Identificación cultural, morfológica y morfométrica. Este estudio aporta la identificación cultural, morfológica, morfométrica y molecular de dos aislamientos con características similares a *Trichoderma* ATV y ATB, a partir del biofertilizante líquido de uso agrícola BioHumisol®. Después de cuatro días, las colonias consistieron en micelio con textura polvoso de color blanco que se volvió verde con la edad, se observó esporulación abundante y crecimiento radial. La tasa de crecimiento radial diaria en promedio de los dos aislados durante cuatro días fue de 26, 57, 84 y 90 mm. Las colonias fúngicas presentaron características morfológicas tales como conidióforos hialinos, ramificados, no verticilados, fiálides simples o en grupos con ramificaciones terminales, conidios color turquesa, unicelulares, ovoides y clamidosporas subglobosas intercalares y terminales (Figura 1). Los conidios (n=50) midieron de 3.6-5.09 \times 3.27-6.41 μ m, las fiálides (n=50) midieron de 4.1-6.2 \times 9.7-15.3 μ m y el tamaño de las clamidosporas fueron de 21.41 \times 21.72 μ m. Con base a las características culturales, morfológicas y morfométricas los dos aislados se identificaron tentativamente como *Trichoderma* de acuerdo a las claves taxonómicas de Barnett y Hunter (1998) y Samuels y Hebbbar (2015).

El tamaño de los conidios coincide con lo reportado para *T. asperellum* (Calle-Cheje *et al.*, 2023); no obstante, en este estudio los conidios presentaron tamaño superior con respecto a otros estudios sobre caracterización morfológica de *T. asperellum* (Sebumpan *et al.*, 2022; Andrade-Hoyos *et al.*, 2023). *Trichoderma* se utiliza ampliamente como biofertilizante y bioplaguicida en la agricultura mexicana en distintos cultivos de importancia económica por sus distintos mecanismos de acción; *T. asperellum* se emplea en bioformulaciones en México, especie que presenta variedad morfo-cultural (Andrade-Hoyos *et al.*, 2023). Además, Foyate (2023) reportó la diversidad de caracteres morfológicos como la pigmentación, tamaño, forma de conidios y fiálides. Esta variabilidad morfológica puede deberse al tipo de formulación de los productos comerciales. Por otra parte, la variabilidad morfo-cultural dificulta la identificación precisa de *Trichoderma* sp. por lo que se requiere del uso de distintas claves taxonómicas e identificación molecular (Ynfante-Martínez *et al.*, 2023).

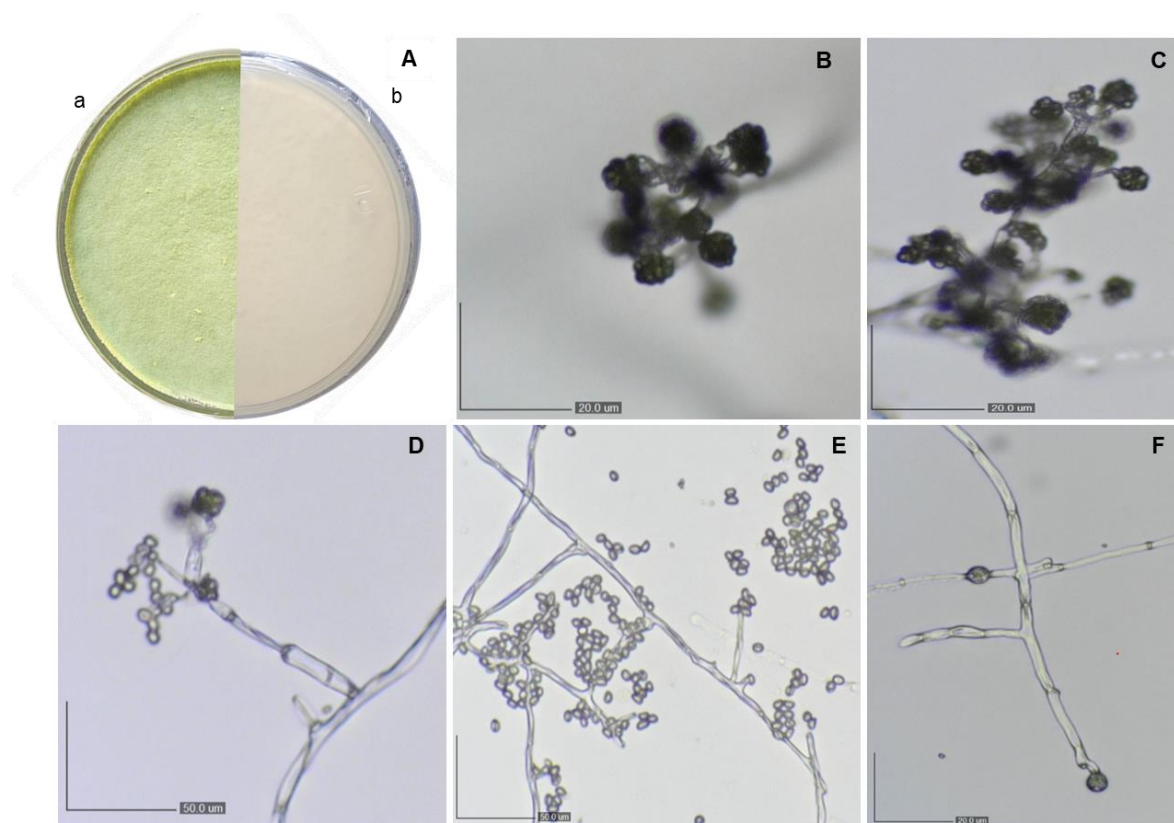


Figura 1. Morfología de aislamientos de *Trichoderma asperellum*. **A)** Caja Petri con siete días de crecimiento en PDA-AL a) anverso, b) reverso; **B-D)** Conidióforos con fiálides y conidios en racimos; **E)** Hifas y conidios y **F)** clamidosporas.

Identificación molecular. Las secuencias de los aislados ATV y ATB se depositaron en GenBank (ITS, PP956784, PP956785; TEF 1- α , PP968400 y PP968399). El análisis BLAST de las secuencias parciales de ITS (549 pb y 588 pb) mostró una similitud de 99 % con los aislamientos de *T. asperellum* (KY750369, KY750373) y las secuencias parciales de TEF 1- α (631 pb y 624 pb) mostró una similitud de 100 % con *T. asperellum* (JQ040494, KP747448). El árbol filogenético obtenido con las secuencias concatenadas de este estudio y otras secuencias basadas en especies de *Trichoderma* pertenecientes a diferentes clados, muestra que los aislados obtenidos del biofertilizante BioHumisol® pertenecen al clado Viride (Figura 2).

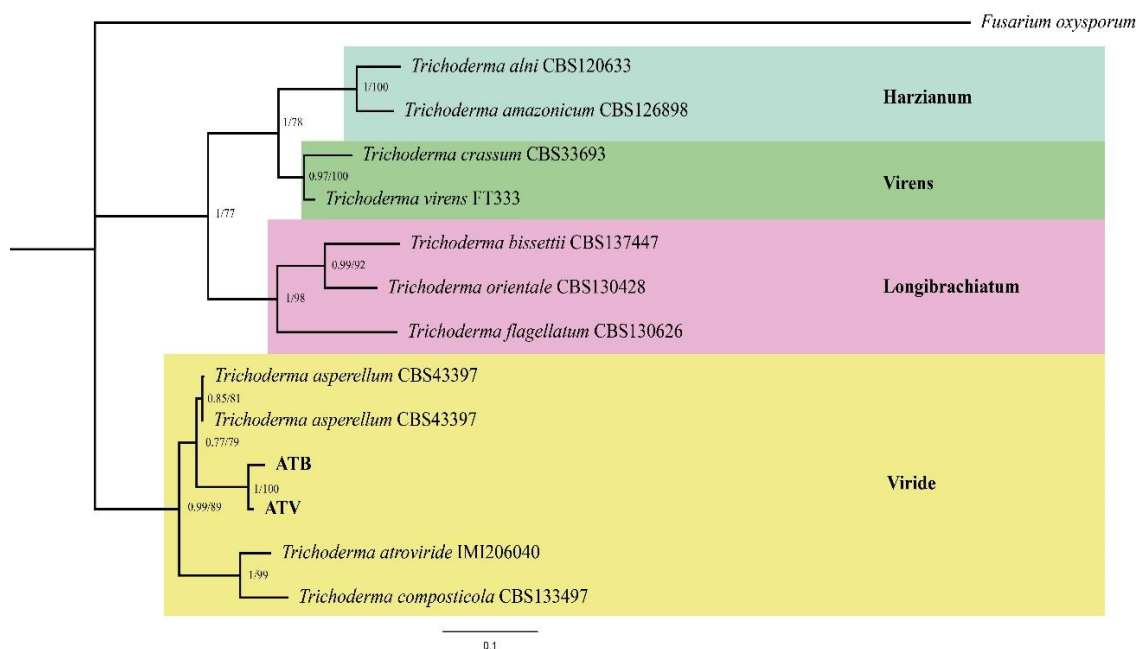


Figura 2. Árbol filogenético basado en secuencias parciales concatenadas de ITS y TEF 1- α de especies de *Trichoderma*. El árbol se construyó utilizando el método máxima verosimilitud e inferencia Bayesiana con 1000 réplicas, las probabilidades posteriores bayesianas (PP>0.5) y valores de Bootstrap (BS>50) se muestran en los nodos. Las secuencias de este estudio se encuentran en negrita. Como grupo externo se utilizó *Fusarium oxysporum* (número de acceso GenBank: OR734798 y ON316841).

Actualmente, para una correcta identificación se requiere la caracterización cultural, morfológica, morfométrica completada con la caracterización molecular. Existen diversos estudios sobre la caracterización molecular de *T. asperellum* utilizando la región génica ITS (Ma *et al.*, 2020; Sehim *et al.*, 2023). En el presente estudio, el porcentaje de homología con *T. asperellum* utilizando ITS fue de 99 %; reportes de estudios moleculares empleando la región ITS mencionan una similitud del 98 % (número de acceso de GenBank: MN950427) de la especie nativa de *Trichoderma asperellum* aislada de suelo en Guasave, Sinaloa, México (Matas-Baca *et al.*, 2022). En México, la identificación molecular de *T. asperellum* se basa principalmente en la región ITS y el gen TEF-1 α (Allende-Molar *et al.*, 2022). El marcador universal para la identificación molecular en hongos es la región ITS (Maldonado-Bonilla *et al.*, 2024); sin embargo, no permite distinguir la variabilidad entre especies relacionadas y presenta baja resolución en especies de *Trichoderma* (Samuels *et al.*, 2002); por lo que este género se ha clasificado como notoriamente difícil de identificar, por lo tanto se sugiere el uso de más de un gen para aumentar la especificidad y proporcionar mayor robustez a la identificación molecular (Samuels y Hebbbar, 2015). Un gen ampliamente utilizado para la identificación molecular de *Trichoderma* es TEF-1 α ya que permite evaluar la precisión y robustez de los marcadores génicos empleados en hongos y así identificar especies no descritas anteriormente. Se ha reportado que el gen TEF-1 α tiene alta eficacia filogenética debido a su mayor relación con la identificación de especies desconocidas y su alienabilidad entre las especies de *Trichoderma* (Hewedy *et al.*, 2020). De acuerdo con García-Nuñez *et al.* (2017) el porcentaje de identidad para la identificación molecular de *T. asperellum* utilizando la región TEF-1 α fue del 99 %, además sugieren que el análisis filogenético es más preciso si se utiliza la región ITS y el gen TEF-1 α . Este análisis se debe complementar con la caracterización morfológica para una identificación confiable. La identificación molecular de *Trichoderma* requiere del uso de uno o más de

marcadores: ITS, TEF1, ACT, CAL, ACL1, CHI18-5 y RPB2, así como el análisis filogenético. Basado en este análisis el género que se agrupa en 24 clados (Samuels y Hebbar, 2015), donde destacan los clados Harzianum, Viride, Virens y Longibrachiatum (Rodríguez *et al.*, 2021).

El clado Viride agrupa el mayor número de especies (54 especies), las cuales son similares en morfología como *T. asperellum*, *T. asperelloides* y *T. viride* (Samuels y Hebbar, 2015; Allende-Molar *et al.*, 2022). El árbol filogenético basado en los marcadores ITS y TEF-1 α confirma que *T. asperellum* aislado del biofertilizante Biohumisol® producido por la empresa Humisol Orgánico S.A de C.V. pertenece al clado Viride, especie que se ha reportado dentro de este clado (Samuels y Hebbar, 2015). Los aislamientos obtenidos en la presente investigación están genéticamente relacionados con otras especies de *T. asperellum* en comparación con otras especies agrupadas dentro del mismo clado (*T. atroviride* y *T. composticola*). De acuerdo con Sánchez-Miranda *et al.* (2021) el análisis filogenético permite relacionar diversas especies nativas de *Trichoderma* incluyendo a *T. asperellum* aisladas de diferentes cultivos y procedentes de diferentes localidades. La cercanía genética entre secuencias de *Trichoderma* aisladas de diferentes localidades geográficas puede deberse a las regiones genéticas empleadas ya que son altamente conservadas entre especies, lo que genera alta homología incluso en aislamientos geográficamente distantes, además este género es cosmopolita y tiene alta adaptabilidad ecológica, lo que facilita su dispersión a nivel global.

CONCLUSIONES

La caracterización cultural, morfológica, morfométrica (cuyas mediciones en promedio de fialides fue de $4.1-6.2 \times 9.7-15.3 \mu\text{m}$, conidios fue de $3.6-5.09 \times 3.27-6.41 \mu\text{m}$ y clamidosporas fue de $21.41 \times 21.72 \mu\text{m}$) y molecular de cepas de *Trichoderma* aisladas del biofertilizante líquido Biohumisol® de uso agrícola en Culiacán y Navolato, Sinaloa, México permitió identificar a *Trichoderma asperellum*. La importancia de esta especie a nivel biotecnológico respalda la eficiencia del biofertilizante líquido Biohumisol® en la agricultura regional. Además, la integración de métodos morfológicos y moleculares garantiza una identificación precisa, lo que es fundamental para el desarrollo de estrategias sostenibles de manejo agrícola basadas en microorganismos nativos con alta capacidad adaptativa.

Agradecimientos

Al Programa de Fomento y Apoyo a Proyectos de Investigación (PROFAPI 2022) por el financiamiento económico al proyecto con clave PRO_A7_078, con lo que se contribuyó a la colaboración de los sectores científico y privado. Así como la ayuda técnica de los tesisistas de Licenciatura Arlen Yadira Partida Durán y Diego López Silvas, Biol. Victor Manuel Angulo Medina y Biol. Nahomy Monserrat Escalera Mares.

REFERENCIAS

- Allende-Molar R, Báez-Parra K, Salazar-Villa E y Rojo-Báez I. 2022. Biodiversidad de *Trichoderma* spp. en México y su uso potencial en la agricultura. Agroecosistemas tropicales y subtropicales 25 (3). <http://dx.doi.org/10.56369/tsaes.4297>
- Andrade-hoyos P, Rivera-Jiménez MN, Landero-Valenzuela N, Silva-Rojas HV, Martínez-Salgad, *et al.* 2023. Beneficios ecológicos y biológicos del hongo cosmopolita *Trichoderma* spp. en la agricultura: una perspectiva en el campo mexicano. Revista Argentina de Microbiología 55 (4): 366-377. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2023.06.005>

- Barnett HL and Hunter BB. 1998. Illustrated genera of imperfect fungi. EE. UU. Burgess Publishing Company. 241pp. <http://dx.doi.org/10.2307/3757954>
- Biohumisol 2025. Humisol orgánico, S. A de C. V. <https://www.humisolorganico.com.mx/> (Consulta, junio 2025).
- Calle-Cheje YH, Aguilar-Ancota R, Rafael-Rutte R y Morales-Pizarro A. 2023. Formulación y conservación del hongo antagonista *Trichoderma asperellum* como polvo mojable y emulsionable. Idesia (Arica) 41(4):43-53. <https://doi.org/10.4067/S0718-34292023000400043>
- Contreras-Cornejo HA, Schmoll M, Esquivel-Ayala BA, González-Esquivel CE, et al. 2024. Mechanisms for plant growth promotion activated by *Trichoderma* in natural and managed terrestrial ecosystems. Microbiological Research 281: 127621. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127621>
- Cuervo-Parra JA, Romero-Cortes T, Román AR, Valle HJ y Aparicio-Burgos HE. 2024. Identificación morfológica de hongos aislados de plantas de *Garcinia mangostana*. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 15(5): e3575. <https://doi.org/10.29312/remexca.v15i5.3575>
- Debnath S, Chakraborty G, Dutta SS, Chaudhry SR, Das P and Saha AK. 2020. Potential of *Trichoderma* species as biofertilizer and biological control on *Oryza sativa* L. cultivation. Biotecnología vegetal 20(1):1-16. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2074-86472020000100001&lng=es&tlng=en.
- Fernández-Andreu CM, Díaz-Suárez LA, Illnait-Zaragozí MT, Aragonés-López C, Martínez-Machín G, et al. 2013. Conservación de cultivos de hongos de importancia médica en agua destilada. Revista Cubana de Medicina Tropical 65(3): 361-369. Recuperado en 09 de julio de 2024, de http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S037507602013000300009&lng=es&tlng=es
- Foyate MS. 2023. Morphological Variations Observed in *Trichoderma asperellum* Isolated from Commercial Products. International Multidisciplinary Research Journal 13: 6-9. <https://doi.org/10.25081/imrj.2023.v13.8230>
- García-Núñez HG, Martínez-Campos AR, Hermosa- Prieto MR, Monte-Vázquez E, Aguilar-Ortigoza CJ, et al. 2017. Morphological and molecular characterization of native isolates of *Trichoderma* and its potential biocontrol against *Phytophthora infestans*. Revista Mexicana de Fitopatología 35: 58-79. <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.1605-4>
- Hernández-Melchor DJ, Ferrera-Cerrato R y Alarcón A. 2019. *Trichoderma*: Importancia agrícola, biotecnológica y sistemas de fermentación para producir biomasa y enzimas de interés industrial. Chilean Journal of Agricultural & Animal Science 35(1):98-112. <https://dx.doi.org/10.4067/S0719-38902019005000205>
- Hewedy OA, Abdel-Lateif KS, Seleiman MF, Shami A, Albarakaty FM, et al. 2020. Phylogenetic diversity of *Trichoderma* strains and their antagonistic potential against soil-borne pathogens under stress conditions. Biology 9(8): 189. <https://dx.doi.org/10.3390/biology9080189>.
- Lee SH, Jung HJ, Hong SB, Choi JI and Ryu JS. 2020. Molecular markers for detecting a wide range of *Trichoderma* spp. That might potentially cause green mold in *Pleurotus eryngii*. Microbiology 7;48 (4): 313-320. <https://doi.org/10.1080/12298093>
- Ma J, Tsegaye E, Li M, Wu B and Jiang X. 2020. Biodiversity of *Trichoderma* from grassland and forest ecosystems in Northern Xinjiang, China. 3 Biotech, 10(8): 362. <https://doi.org/10.1007/s13205-020-02301-6>
- Maldonado-Bonilla LD, Sánchez-Espinosa AC y Villarruel-Ordaz JL. 2024. Identificación de hongos mediante códigos de barras de ADN. Ciencia ergo sum 31, e249. Epub 04 de febrero de 2025. <https://doi.org/10.30878/ces.v31n0a33>
- Manfredini A, Pugliese M, Valfre P and Canfora L. 2025. Advancing strain-specific TaqMan assay for *Trichoderma asperellum* detection in commercial agricultural settings. Biological Control 202: 105723. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2025.105723>
- Matas-Baca MÁ, Urías-García C, Pérez-Álvarez S, Flores-Córdova MA, Escobedo-Bonilla CM, et al. 2022. Morphological and molecular characterization of a new autochthonous *Trichoderma* sp. isolate and its biocontrol efficacy against *Alternaria* sp. Saudi Journal of Biological Sciences 29(4):2620–2625. <http://dx.doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.12.052>
- National Center for Biotechnology Information (NCBI)[Internet]. 2024. Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information; [1988]. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. (Consulta, junio 2024)
- Ríos VC, Caro CJM, Berlanga RDI, Ruiz CME, Ornelas PJJ, et al. 2016. Identificación y actividad antagónica *in vitro* de aislados de *Bacillus* spp. y *Trichoderma* spp. contra hongos fitopatógenos comunes. Revista Mexicana de Fitopatología 34(1): 85-99. <http://dx.doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.1507-1>
- Rodríguez-García D y Vargas-Rojas J. 2022. Efecto de la inoculación con *Trichoderma* sobre el crecimiento vegetativo del tomate (*Solanum lycopersicum*). Agronomía Costarricense 46(2): 47-60. <http://dx.doi.org/10.15517/rac.v46i2.52045>
- Rodríguez MC, Evans HC, Abreu LM, Macedo DM, Ndacnou MK, et al. 2021. New species and records of *Trichoderma* isolated as mycoparasites and endophytes from cultivated and wild coffee in Africa. Scientific reports 11:5671. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84111-1>.

- SAGARPA, Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 2025. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. www.siap.gob.mx/index. (Consulta, junio, 2025).
- Shahwar D, Mushtaq Z, Mushtaq H, Alqarawi AA, Park Y, *et al.* 2023. Role of microbial inoculants as biofertilizers for improving crop productivity: A review. *Heliyon* 9(6): e16134. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e16134>.
- Samaniego-Fernández LM, Harouna M, Corbea O, Rondón-Castillo AJ y Placeres-Espinosa I. 2018. Aislamiento, identificación y evaluación de cepas autóctonas de *Trichoderma* spp. antagonistas de patógenos del suelo. *Revista de Protección Vegetal* 33(3), Recuperado el 09 de julio de 2024, de http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1010-27522018000300003&lng=pt&tlng=es
- Samuels GJ, Dodd SL, Gams W, Castlebury LA and Petrini O. 2002. *Trichoderma* species associated with the green mold epidemic of commercially grown *Agaricus bisporus*. *Mycologia* 2002 Jan-Feb;94(1):146-70. <https://doi.org/10.1080/15572536.2003.11833257>
- Samuels GJ and Hebbard PK. 2015. *Trichoderma*: Identification and agricultural applications. St. Paul, Minnesota. APS Press: The American Phytopathological Society. <https://my.apsnet.org/APSSStore/Product-Detail.aspx?WebsiteKey=2661527A-8D44-496C-A730-8CFEB6239BE7&iProductCode=44846>
- Sánchez-Hernández L, Arias-Mota RM, Rosique-Gil JE y Pacheco-Figueroa CJ. 2018. Diversidad del género *Trichoderma* (Hypocreaeae) en un Área Natural Protegida en Tabasco, México. *Acta Botánica Mexicana* (123): 167-182. <https://doi.org/10.21829/abm123.2018.1269>
- Sánchez-Miranda MD, Moreno-Mayorga LF y Páramo-Aguilera LA. 2021. Identificación morfológica y molecular de especies autóctonas *Trichoderma* spp. aisladas de suelos de importancia agrícola. *Revista Científica de Ciencia y Tecnología El Higo* 11(1): 26-42. <https://doi.org/10.5377/elhigo.v11i1.11715>
- Sánchez-Rivera G, Flores-Moctezuma HE, Castrejón-Ayala F, Gutiérrez-Rojas M y Ruiz-Juárez D. 2025. Análisis de estudios de *Trichoderma* spp. como agente de control de fitopatógenos del suelo. *Tropical and Subtropical Agroecosystems* 28-061. <http://doi.org/10.56369/tsaes.5914>
- Savín-Molina J, Hernández-Montiel LG, Ceiro-Catasú W, Ávila-Quezada GD, Palacios-Espinosa A, *et al.* 2021. Caracterización morfológica y potencial de biocontrol de especies de *Trichoderma* aisladas de suelos del semiárido. *Revista Mexicana de Fitopatología* 39(3): 435-451. <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2106-7>
- Sebumpan R, Guiritan KR, Suan M, *et al.* 2022. Morphological and molecular identification of *Trichoderma asperellum* isolated from a dragon fruit farm in the southern Philippines and its pathogenicity against the larvae of the super worm, *Zophobas morio* (Fabricius, 1776) (Coleoptera: Tenebrionidae). *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 32, 47. <https://doi.org/10.1186/s41938-022-00548-0>
- Sehim AE, Hewedy OA, Altammar KA, Alhumaidi MS and Abd ERY. 2023. *Trichoderma asperellum* empowers tomato plants and suppresses *Fusarium oxysporum* through priming responses. *Frontiers of Microbiology* 14: 14:1140378. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1140378>
- Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA) 2025. Catálogo de laboratorios reproductores y comercializadores de agentes de control biológico en México. <https://www.gob.mx/senasica/documentos/directorio-de-laboratorios-reproductores-y-comercializadores-de-agentes-de-control-biologico> (Consulta, junio 2025).
- Suárez-Palacios C, Remache-Sánchez N, Pico-Rosado J, Paredes-Puga E, Jiménez-Cumbicus J, *et al.* 2023. Aislamiento y evaluación de cepas nativas de *Trichoderma* spp., como promotor de desarrollo radicular. *Revista Ciencia UNEMI* 16 (42): 45-54. <https://doi.org/10.29076/issn.2528-7737vol16iss42.2023pp45-54p>
- Vences M, Patmanidis S, Kharchev V and Renner SS. 2022. Concatenator, a user-friendly program to concatenate DNA sequences, implementing graphical user interfaces for MAFFT and FastTree. *Bioinformatics advances* 2(1): vbac050. <https://doi.org/10.1093/bioadv/vbac050>
- Yao X, Guo H, Zhang K, Zhao M, Ruan J and Chen J. 2023. *Trichoderma* and its role in biological control of plant fungal and nematode disease. *Frontiers Microbiology* 3; 14:1160551. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1160551>
- Ynfante-Martínez D, Martínez-Coca B, Peteira-Delgado B, Reyes-Duque Y, Gil K, *et al.* 2023. Caracterización morfo-cultural y variabilidad genética y molecular de aislamientos de *Trichoderma*. *Revista de Ciencias Biológicas y de la Salud XXV* (1):194-203. <https://doi.org/10.18633/biotecnia.v25i2.1890>
- Zainudin NAIM, Azhar N, Rosli MNH and Nordin NAM. 2023. Identification and characterization of fungi associated with leaf spot disease of rubber trees (*Hevea brasiliensis*) in Pahang, Malaysia. *Journal Proteksi Tanaman (Journal of Plant Protection)* 7(2): 89–102. <https://doi.org/10.25077/jpt.7.2.89-102.2023>
- Zhao R, Chen KY, Mao LJ and Zhang CL. 2024. Eleven new species of *Trichoderma* (Hypocreaeae, Hypocreales) from China. *Mycology* 16(1), 180-209. <https://doi.org/10.1080/21501203.2024.2330400>