



Leandris Argentel-Martínez
Ofelda Peñuelas-Rubio
Lorenzo Pérez-López
Francisco Cervantes-Ortiz

Indicadores de eficiencia del maíz

al aprovechamiento de microorganismos
promotores del desarrollo en regímenes
de riego deficitario controlado y
reducción de las dosis de fertilizante



Pantanal Editora

2026

Leandris Argentel-Martínez
Ofelda Peñuelas-Rubio
Lorenzo Pérez-López
Francisco Cervantes-Ortiz

**Indicadores de eficiencia del maíz al
aprovechamiento de
microorganismos promotores del
desarrollo en regímenes de riego
deficitario controlado y reducción de
las dosis de fertilizante**



Pantanal Editora

2026

Copyright© Pantanal Editora

Editor Jefe: Dr. Alan Mario Zuffo

Editores Ejecutivos: Dr. Jorge González Aguilera y Dr. Bruno Rodrigues de Oliveira

Diseño: El editor. **Diseño y arte:** el editor. Imágenes de portada y contraportada: Canva.com. **Reseña:** Autor(es), organizador(es) y editor.

Consejo editorial

Grado académico y nombre

Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos
Profa. MSc. Adriana Flávia Neu
Profa. Dra. Albys Ferrer Dubois
Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior
Profa. MSc. Aris Verdecia Peña
Profa. Arisleidis Chapman Verdecia
Prof. Dr. Arinaldo Pereira da Silva
Prof. Dr. Bruno Gomes de Araújo
Prof. Dr. Caio Cesar Enside de Abreu
Prof. Dr. Carlos Nick
Prof. Dr. Claudio Silveira Maia
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos
Prof. Dr. Cristiano Pereira da Silva
Profa. Ma. Dayse Rodrigues dos Santos
Prof. MSc. David Chacon Alvarez
Prof. Dr. Denis Silva Nogueira
Profa. Dra. Denise Silva Nogueira
Profa. Dra. Dennyura Oliveira Galvão
Prof. Dr. Elias Rocha Gonçalves
Prof. Me. Ernane Rosa Martins
Prof. Dr. Fábio Steiner
Prof. Dr. Fabiano dos Santos Souza
Prof. Dr. Gabriel Andres Tafur Gomez
Prof. Dr. Hebert Hernán Soto Gonzáles
Prof. Dr. Hudson do Vale de Oliveira
Prof. MSc. Javier Revilla Armesto
Prof. MSc. João Camilo Sevilla
Prof. Dr. José Luis Soto Gonzales
Prof. Dr. Julio Cezar Uzinski
Prof. MSc. Lucas R. Oliveira
Prof. Dr. Luciano Façanha Marques
Profa. Dra. Keyla Christina Almeida Portela
Prof. Dr. Leandro Argentel-Martínez
Profa. MSc. Lidiene Jaqueline de Souza Costa Marchesan
Prof. Dr. Marco Aurélio Kistemann
Prof. MSc. Marcos Pisarski Júnior
Prof. Dr. Marcos Pereira dos Santos
Prof. Dr. Mario Rodrigo Esparza Mantilla
Profa. MSc. Mary Jose Almeida Pereira
Profa. MSc. Núbia Flávia Oliveira Mendes
Profa. MSc. Nila Luciana Vilhena Madureira
Profa. Dra. Patrícia Maurer
Profa. Dra. Queila Pahim da Silva
Prof. Dr. Rafael Chapman Auty
Prof. Dr. Rafael Felipe Ratke
Prof. Dr. Raphael Reis da Silva
Prof. Dr. Renato Jaqueto Goes
Prof. Dr. Ricardo Alves de Araújo (*In Memoriam*)
Profa. Dra. Sylvana Karla da Silva de Lemos Santos
Prof. Dr. Tayronne de Almeida Rodrigues
Prof. Dr. Ugur Azizoglu
Prof. Dr. Wéverson Lima Fonseca
Prof. MSc. Wesclen Vilar Nogueira
Profa. Dra. Yilan Fung Boix
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme

Institución

OAB/PB
Mun. Faxinal Soturno e Tupanciretã
UO (Cuba)
UFJF
Facultad de Medicina (Cuba)
ISCM (Cuba)
UFESSPA
UEA
UNEMAT
UFV
AJES
UFGD
UEMS
IFPA
UNICENTRO
IFMT
UFMG
URCA
ISEPAM-FAETEC
IFG
UEMS
UFF
(Colômbia)
UNAM (Peru)
IFRR
UCG (México)
Rede Municipal de Niterói (RJ)
UNMSM (Peru)
UFMT
SED Mato Grosso do Sul
UEMA
IFPR
Tec-NM (México)
Consultório em Santa Maria
UFJF
UEG
FAQ
UNAM (Peru)
SEDUC/PA
IFB
IFPA
UNIPAMPA
IFB
UO (Cuba)
UFMS
UFPI
UFG
UEMA
IFB
Sec. Mun. de Educação, Cultura e Tecnologia de Araripe
Universidade Kayseri, Türkiye
UFPI
FURG
UO (Cuba)
UFT

Consejo Científico Técnico
- Esp. Joacir Mário Zuffo Júnior
- Esp. Maurício Amormino Júnior
- Lda. Rosalina Eufrausino Lustosa Zuffo

Hoja de catálogo

Catalogación en publicación
Elaborada por bibliotecaria Janaina Ramos – CRB-8/9166

I39

Indicadores de eficiencia del maíz al aprovechamiento de microorganismos promotores del desarrollo en regímenes de riego deficitario controlado y reducción de las dosis de fertilizante / Leandris Argentele-Martínez, Ofelda Peñuelas-Rubio, Lorenzo Pérez-López, et al. – Nova Xavantina-MT: Pantanal, 2026. 55p. ; il.

Otro autor: Francisco Cervantes-Ortiz

Libro en formato PDF

ISBN 978-65-85756-86-0

DOI <https://doi.org/10.46420/9786585756860>

1. Maíz - Cultivo. 2. Microorganismos del suelo. 3. Riego. 4. Fertilizantes. I. Argentele-Martínez, Leandris. II. Peñuelas-Rubio, Ofelda. III. Pérez-López, Lorenzo. IV. Título.

CDD 633.15

Índice del catálogo sistemático

I. Maíz - Cultivo



Nuestros libros electrónicos son gratuitos y se permite el acceso público, la descarga y el intercambio, pero solicitamos que se dé el debido crédito a Pantanal Editora y también a los organizadores y autores. Sin embargo, no se permite el uso de libros electrónicos con fines comerciales, salvo autorización expresa de los autores y acuerdo de Pantanal Editora.

Pantanal Editora

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000.
Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil.
Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp).
<https://www.editorapantanal.com.br>
contato@editorapantanal.com.br

Prólogo

Garantizar la seguridad alimentaria mundial y, al mismo tiempo, proteger las condiciones físicas, químicas y biológicas del suelo requiere innovaciones agrícolas sostenibles. Una de ellas es el uso de microorganismos promotores del crecimiento vegetal (PGPR) como las rizobacterias. Cultivos importantes como el maíz han tenido una especial atención en los últimos años tomando como base el aporte nutricional y económico que ofrece. Además, las condiciones ambientales adversas entre ellas la sequía, que afectan el desempeño fisiológico y productivo de esta especie vegetal en la mayoría de las ocasiones afectan su rendimiento, por lo que el auxilio microbiológico puede ser una opción ecológica y económica para reducir pérdidas en el rendimiento. En este sentido, el uso de sistemas de riego presurizados en forma de régimen de riego deficitario controlado puede impulsar el efecto de los microorganismos para que en simbiosis con las plantas de cultivo como el maíz hagan un uso más eficiente del agua y se mantenga el rendimiento en valores próximos al potencial genético productivo.

El presente libro, que versa sobre lo antes expuesto, está dedicado al proyecto “CONTINUACIÓN: Aprovechamiento de microorganismos promotores del desarrollo y su combinación con regímenes de riego deficitario controlado y dosis de fertilizantes para la producción sustentable de maíz en el Centro y Noroeste de México” con clave 24331.26-P, del Tecnológico Nacional de México. Los autores, profesores miembros del Sistema Nacional de Investigadoras e Investigadores de México (SNII), del Cuerpo Académico Consolidado ITVAYA CA-3 y de la Red de investigación internacional BioSecuraNet han aglutinado algunos de los resultados de investigaciones realizadas en condiciones de campo abierto durante tres ciclos de cultivo (2023–24, 2024-25 y 2025-26) usando el cultivo del maíz como modelo experimental.

Aquí se exponen algunos de los indicadores morfológicos, fisiológicos y agronómicos más importantes que confirman la eficiencia del maíz en el aprovechamiento de microorganismos promotores del desarrollo obtenidos del semidesierto de Sonora, con muy buenas características bioquímicas y de funcionalidad para la promoción del desarrollo del maíz bajo riego deficitario controlado. Se destaca la participación de estudiantes de los niveles licenciatura y posgrado del Tecnológico Nacional de México por su participación activa en el proceso experimental.

Leandris Argente-Martínez¹ 

Ofelda Peñuelas-Rubio¹ 

Lorenzo Pérez-López¹ 

Francisco Cervantes-Ortiz² 

¹ Tecnológico Nacional de México/Campus Valle del Yaqui, Bécum, Sonora, México.

² Tecnológico Nacional de México/Campus Roque, Celaya, Guanajuato, México.

Resumen

El suelo que rodea las raíces de las plantas constituye un reservorio de numerosos microorganismos beneficiosos capaces de incrementar la productividad vegetal y el rendimiento de los cultivos. Estos poseen un enorme potencial para su aplicación como biofertilizantes. Los microorganismos desempeñan un papel fundamental en diversos procesos ecológicos, tales como el reciclaje de nutrientes, la descomposición de materia orgánica y la mineralización. La actividad microbiológica resulta crucial en los sistemas de producción dado el origen orgánico de dichos microorganismos. Los PGPM pueden clasificarse en varios grupos principales según sus mecanismos de acción: biofertilizantes, bioestimulantes, agentes de biocontrol y agentes de biorremediación. Tomando como base la necesidad de elevar las producciones de maíz en regiones afectadas por la sequía a través del uso eficiente de los recursos naturales del entorno se realizó una investigación en condiciones experimentales de campo abierto en un sitio experimental del Instituto Tecnológico del Valle del Yaqui. En este sitio se evaluó durante tres ciclos de cultivo, el efecto de un consorcio microbiano seleccionado funcionalmente (*Priestia megaterium* y *Enterobacter cloacae*) aplicado a tres híbridos de maíz. La investigación se centró en el desempeño fisiológico, bioquímico y agronómico, así como en los flujos de CO₂ del suelo en terrenos agrícolas ricos en arcilla, típicos de los sistemas de producción semiáridos. Los resultados demuestran que el consorcio dual, con solo el 50 % de la dosis recomendada de fertilizante químico, logró tasas de crecimiento y rendimientos comparables a los obtenidos con una fertilización del 100 %. Entre los principales resultados destacan tasas fotosintéticas superiores a 45 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ y una mejora significativa en la asimilación de nitrógeno y la actividad enzimática. Todos los híbridos tratados mantuvieron un alto vigor, con valores de NDVI superiores a 0,83 y rendimientos de grano que superaron las 14 t ha⁻¹ en las variedades de mejor desempeño. Además, los consorcios aumentaron el intercambio de CO₂ en el suelo, observándose una influencia especialmente marcada de *P. megaterium* en la actividad microbiana. Este estudio de tres ciclos de cultivos demuestra que el manejo asistido por microorganismos puede mantener la productividad del maíz con un menor aporte de nitrógeno. El uso de estos consorcios permitió reducir el empleo de fertilizantes en un 50 % sin comprometer el rendimiento, lo que respalda su viabilidad económica y ambiental.

Palabras clave: aprovechamiento, PGPM, maíz, riego deficitario controlado, respiración de suelo

Tabla de contenido

Prólogo	4
Resumen.....	5
1. Introducción.....	7
2. Antecedentes sobre las formas de utilización y evaluación del aprovechamiento de los microorganismos para la agricultura	14
3. Avances biotecnológicos en microorganismos beneficiosos para las plantas. Tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS).....	19
4. Experimentación en condiciones de campo. Sitio experimental y características del suelo utilizado para la evaluación del desarrollo del maíz auxiliado con PGPM	24
5. Indicadores del efecto de microorganismos en el desempeño fisiológico, y agronómico del maíz	30
6. Principales resultados obtenidos	36
7. Consideraciones finales.....	43
Referencias bibliográficas	44
Índice	54
Autores	55

1. Introducción

La seguridad alimentaria mundial se ve significativamente afectada al intensificar la sequía, la salinización y el estrés térmico (Saccone y Vallino, 2025). En consecuencia, es necesario aumentar la producción de cultivos básicos como el maíz mediante prácticas biotecnológicas sostenibles para maximizar su potencial genético productivo (Argentel-Martínez et al., 2025).

El maíz (*Zea mays*) a nivel mundial es uno de los cultivos básicos de mayor importancia, ya que desempeña un rol fundamental en la seguridad alimentaria y la sostenibilidad agrícola. La diversidad genética del maíz contribuye a su adaptabilidad en diversas zonas agroecológicas (Hernández et al., 2025). La producción de maíz en regiones semiáridas suele verse limitada por la escasa disponibilidad de agua, lo que resulta en un rendimiento promedio nacional inferior a 3,9 t ha⁻¹ en México (Cruz-González, 2024).

Estudios regionales y mundiales indican que la productividad del maíz en condiciones de baja disponibilidad hídrica puede mejorarse mediante el uso de microorganismos promotores del crecimiento vegetal (PGPM, por su sigla en inglés que significa *Plant growth promotion microorganism*). Esta alternativa biotecnológica puede incrementar tanto la biomasa como el rendimiento de grano utilizando menos fertilizante en condiciones de riego, ofreciendo así una solución sostenible frente a los efectos adversos de los factores de estrés climático y edáfico en la producción de maíz (Escalante-Beltrán et al., 2025).

Evaluaciones experimentales realizadas en condiciones de campo sobre el cultivo de maíz bajo labranza de conservación en el noroeste de México han documentado los efectos actuales del cambio climático en el paisaje agrícola (López et al., 2025). El aumento de los niveles de estrés en las plantas debido al cambio climático se atribuye a las sequías agrícolas y al incremento de la salinidad del suelo, factores clave que afectan el crecimiento vegetal (Wilder, 2025). Por consiguiente, la productividad en estas zonas será significativamente menor que en el pasado, lo que acarreará graves consecuencias económicas para la región (Luque-Agraz et al., 2025).

La creciente gravedad de las condiciones de sequía en los estados del noroeste de México ha tenido un impacto negativo en la agricultura (Wilder, 2025). Para 2024, se preveía que el número de hectáreas abandonadas debido a la sequía y a la falta de suministro de agua aumentaría en 62.000 ha, lo que equivale a aproximadamente 120.000 ha de tierras afectadas y abandonadas para el año 2023. Las tendencias actuales sugieren que, para 2050, más del 50 % de las tierras agrícolas de esta región se verán afectadas negativamente por la sequía. A nivel mundial, se proyecta que la pérdida media de rendimiento del maíz alcance hasta un 40 % como consecuencia del estrés hídrico (Deribe, 2025).

Los agricultores de climas áridos no pueden depender únicamente de grandes aplicaciones de fertilizantes, ya que el uso excesivo de fertilizantes químicos provoca una mayor salinización de los suelos y la contaminación de las aguas subterráneas debido al nitrógeno procedente de la lixiviación de dichos

fertilizantes (Abubakar et al., 2022). Una alternativa al uso masivo de fertilizantes consiste en cultivar híbridos tolerantes a la sequía y al calor, así como aplicar riego deficitario controlado durante las etapas críticas del desarrollo de la planta (Allakonon y Akponikpè, 2022).

El estudio de las adaptaciones de especies semidesérticas —en términos de sequía, temperatura y salinidad del suelo— en la rizosfera vegetal abrirá nuevas oportunidades; por ejemplo, para comprender las propiedades químicas de estos organismos y su capacidad para reducir el estrés en las plantas y contribuir a su crecimiento.

En uno de los proyectos de investigación se analizó la rizosfera endofítica de una especie semidesértica conocida como palo verde (*Parkinsonia aculeata*) que se adapta perfectamente a las condiciones abióticas de salinidad, sequía, calor en el noroeste de México sin afectaciones en su desarrollo y productividad (Argentel-Martínez et al., 2024). Como hipótesis científica al respecto se tuvo que existía algún componente biótico del ecosistema que beneficiaba el desarrollo de esta especie aun cuando las condiciones abióticas fueran desfavorables.

Las bacterias aisladas de la rizosfera de árboles de palo verde fueron caracterizadas molecularmente (Figura 1) y tras las pruebas de compatibilidad, demostraron tener potencial para influir positivamente en el crecimiento vegetal (Peñuelas-Rubio et al., 2024; Argentel-Martínez et al., 2025).

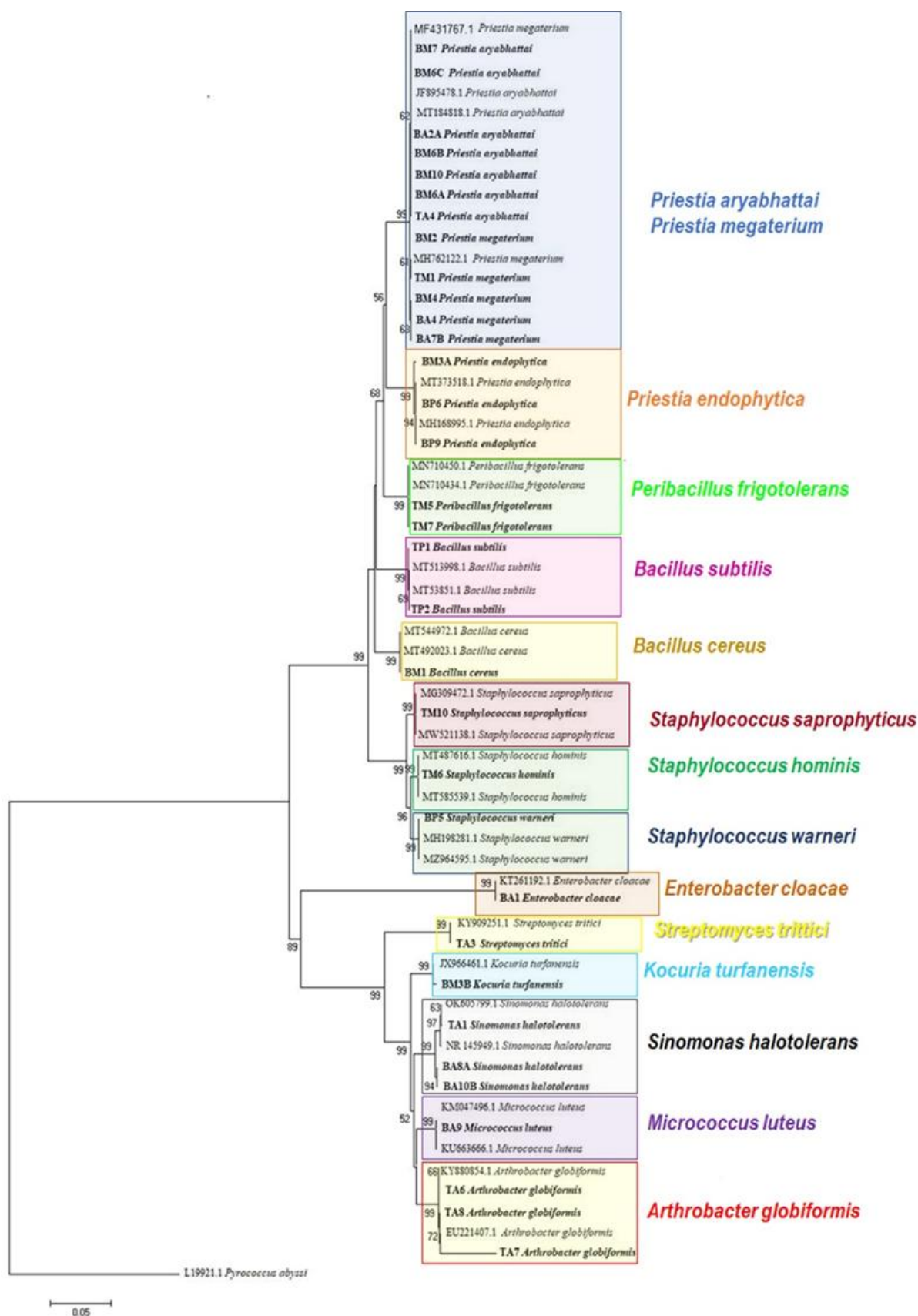


Figura 1. Árbol genealógico de las rizobacterias obtenidas del *P. aculeata* en el semidesierto de Sonora. Tomado de (Peñuelas-Rubio et al., 2024).

Una vez obtenidas y caracterizadas bioquímicamente, las PGPR (rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal) permiten reducir el uso de fertilizantes químicos para minimizar la contaminación del suelo y fomentar una agricultura autosostenible. Esto ayuda a los agricultores a aumentar la productividad de cultivos sensibles a la sequía en regiones áridas que enfrentan problemas crecientes de salinidad, sequía y cambio climático, al tiempo que mejoran la salud de sus suelos. Seleccionadas las bacterias con mejores características para la promoción del desarrollo se realizan experimentos en diferentes condiciones experimentales enfatizando en las condiciones de campo.

En este libro, se presentan los resultados de la evaluación de varios híbridos de maíz a lo largo de tres años de ensayos de campo (2022-2025) para analizar la contribución de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) —aisladas de la rizosfera del árbol Palo Verde (*P. aculeata*). La base científica del estudio fue describir parámetros biológicos que demuestren las capacidades reales de dos bacterias *P. megaterium* y *E. cloacae*— cuyas pruebas de compatibilidad mostraron posibilidades para la conformación de un consorcio (Figura 2) y evaluar su capacidad de promoción del desarrollo del maíz.

Funciones emergentes BA1-BA10B a las 48 horas de confrontación.



Figura 2. Pruebas de confrontación entre las bacterias. Funciones emergentes BA10B (*E. cloacae*)- BA7B (*P. megaterium*) a las 48 horas.

Estos trabajos constituyen el paso más importante de la experimentación del efecto promotor de los microorganismos ya que se enfrentan a la realidad de las condiciones edáficas y climáticas existentes en los sistemas de producción, lo que verifica los aportes realizados a otras especies demostrando que no existe interdependencia solo entre la planta de donde se encontraron (palo verde) y los microorganismos. Los resultados permitirán además diversificar las funciones biológicas de las bacterias en el crecimiento vegetal en otras especies, visto a través del incremento del crecimiento, la altura de la planta, la longitud y el volumen radicular, el estatus nutricional y el rendimiento de otros cultivos del Valle del Yaqui.

En la siguiente figura (Figura 3) se muestra uno de los ensayos en condiciones de campo para evaluar los efectos del consorcio bacteriano dual en el desarrollo y rendimiento del maíz en el Valle del Yaqui, Sonora, México.



Figura 3. Experimento del maíz en sistema de riego presurizado bajo régimen deficitario controlado.

Dicha evaluación se realizó mediante el análisis de respuestas fisiológicas y de crecimiento vegetal a lo largo de los procesos de desarrollo, incluyendo el intercambio gaseoso, el NDVI, el contenido de clorofila, la acumulación y asimilación de nitrógeno, la actividad del nitrato reductasa, los niveles hormonales (ácido indolacético (AIA), ácido abscísico (ABA) y ácido giberélico (GA)), la biomasa, el rendimiento de grano y los flujos de dióxido de carbono en el suelo. Estas hormonas son claves para el crecimiento vegetal y el incremento de la tolerancia a las condiciones de estrés en los cultivos.

Las auxinas son un grupo potente de hormonas vegetales que regulan procesos de crecimiento, desarrollo y comportamiento. La molécula con actividad auxínica contiene un anillo aromático de benceno y un grupo de ácido carboxílico, derivados principalmente del aminoácido triptófano. Las auxinas se producen sobre todo en el ápice del brote y en las hojas jóvenes, y controlan el desarrollo de las plantas, su inclinación hacia la fuente de luz y la formación de raíces. Existen cuatro auxinas endógenas naturales en las plantas. En las últimas décadas, los científicos han desarrollado auxinas sintéticas. Actualmente, hay más de siete auxinas sintéticas disponibles en el mercado, las cuales son ampliamente utilizadas en la agricultura para estimular el crecimiento, el desarrollo radicular y la floración.

En condiciones de estrés abiótico, las plantas regulan y coordinan procesos relacionados con el crecimiento y la tolerancia. Al activar la síntesis y movilización del ABA, evitan los efectos negativos del estrés. Esto se logra modificando la producción, distribución y transducción de señales del ácido abscísico

(ABA). Actualmente, esta fitohormona se reconoce como el principal modulador del estrés y una de las principales moléculas de señalización endógena.

El AIA (ácido indolacético) potencia y genera nuevas oportunidades para una agricultura sostenible gracias a sus complejas redes génicas de regulación natural, si bien los mecanismos subyacentes a estas redes aún no están claros para los investigadores. Por otro lado, algunas bacterias patógenas han desarrollado sus propios mecanismos robustos para alterar los niveles y la secreción de AIA. Esto podría modificar el curso de una enfermedad tras la infección de la planta, reduciendo la eficacia del AIA para protegerla frente al estrés abiótico.

En cualquier caso, el uso de AIA de origen bacteriano o de bacterias en la agricultura puede mejorar la eficiencia en el aprovechamiento de nutrientes y reducir la dependencia de los fertilizantes químicos. Este proceso constituye un paso importante para garantizar el crecimiento y desarrollo de las plantas, aumentando así el rendimiento de los cultivos (Etesami y Glick, 2024). En este contexto, el informe publicado sugiere que ciertos taxones bacterianos, como *Bacillus* spp., pueden colonizar la zona radicular de las plantas y producir fitohormonas beneficiosas para ellas. Los resultados de los cultivos *in vitro* indican que las plantas colonizadas recibieron un aporte de AIA secretado por *Bacillus* spp. (Shah et al., 2021).

La hormona vegetal ácido abscísico (ABA) se acumula en condiciones de estrés abiótico (Makris et al., 2026), contribuyendo al desarrollo del ajuste osmótico (Alabbosh y Alenazi, 2026). Estas condiciones de estrés incluyen la sequía y la salinidad. Estudios recientes también confirman su participación en la generación de componentes inmunitarios ante el ataque de patógenos (Amin et al., 2026). Bajo estrés, se activa la vía de señalización del ABA en las plantas, desempeñando un papel clave en la respuesta vegetal (Ma et al., 2026). Este mecanismo involucra a factores de unión a elementos de respuesta al ABA (ABF), cuya función es crucial. Los ABF son compuestos proteicos que contienen un dominio de cremallera de leucina básica (bZIP) y reconocen específicamente los elementos de respuesta al ABA. Debido a su acción similar en plantas bajo condiciones de estrés, se agrupan en la familia bZIP (Liu et al., 2026).

La ruta bioquímica para la síntesis de ABA comienza en el citosol a partir de un metabolito puente entre el ABA y el ácido giberélico, conocido como pirofosfato de isopentenilo (Maxton et al., 2024). La familia de receptores intracelulares de ABA —denominada PYR/PYL/RCAR (*pyrabactin resistance 1* / *pyrabactin-like* / *regulatory component of ABA receptor*)—, junto con la proteína fosfatasa PP2C y la quinasa SnRK2, se consideran componentes reguladores cruciales de las vías de señalización dependientes de ABA. En condiciones de estrés, el receptor PYL bloquea la actividad de la fosfatasa PP2C al formar un complejo ternario con el ABA, permitiendo así la fosforilación de la quinasa SnRK2 y, en consecuencia, la fosforilación de los factores de transcripción AREB/ABF (Gujjar et al., 2025).

El ABA se ha utilizado de forma exógena para mitigar el estrés abiótico en cultivos de importancia económica, y los resultados confirman la contribución de los microorganismos promotores del crecimiento vegetal (PGPM) a la mejora de la tolerancia al estrés salino (Nigam et al., 2026). Algunos hallazgos recientes confirman el aumento de su producción endógena mediante el uso de PGPM (Azizoglu et al., 2026). Dada la necesidad de lograr rendimientos mayores y estables en condiciones de estrés biótico y abiótico sin recurrir al uso excesivo de hormonas químicas sintéticas y fertilizantes, el empleo de PGPM constituye una alternativa viable (Yaish y Halo, 2026). Su contribución a la disponibilidad de precursores hormonales para mejorar la tolerancia resulta clave para mitigar el estrés sin comprometer el metabolismo de la planta, lo que a su vez favorecerá un mayor rendimiento (Gedam et al., 2026).

2. Antecedentes sobre las formas de utilización y evaluación del aprovechamiento de los microorganismos para la agricultura

La FAO define el desarrollo agrícola sostenible como una herramienta para gestionar y conservar los recursos naturales y orientar el cambio tecnológico hacia la satisfacción de las necesidades humanas en aras de un futuro mejor (FAO et al., 2022). La agricultura sostenible tiene el potencial de mitigar la contaminación y el cambio climático, así como de garantizar la seguridad alimentaria (Ahmed et al., 2023).

Dada la amplia gama de aplicaciones y posibilidades que ofrece la agricultura sostenible, los biofertilizantes microbianos han cobrado gran relevancia, convirtiéndose en un componente esencial de la producción agrícola. El uso de biofertilizantes microbianos en lugar de productos químicos en la agricultura moderna se considera un enfoque biotecnológico excelente y respetuoso con el medio ambiente (Azizoglu et al., 2021).

Los biofertilizantes microbianos pueden clasificarse en bacterias/rizobacterias beneficiosas y hongos, incluidos los hongos micorrícicos arbusculares. Estos microorganismos desempeñan un papel fundamental en la mejora de la fertilidad del suelo y la productividad de los cultivos. Los microorganismos asociados a las plantas favorecen el crecimiento vegetal y aumentan la resistencia de los cultivos frente a diversos tipos de estrés biótico y abiótico. Las interacciones planta-microorganismo constituyen un área de investigación significativa y apasionante desde el surgimiento de las técnicas de mejora de cultivos.

En el actual contexto de cambio ambiental y climático, los avances en los métodos biotecnológicos resultan muy prometedores, lo que ha impulsado el desarrollo de estudios sobre la diversidad del microbioma del suelo y las interacciones planta-microorganismo. Es posible potenciar la capacidad de los microorganismos del suelo y mitigar el estrés de las plantas (Bokhari et al., 2019).

Los microorganismos que favorecen el crecimiento vegetal —específicamente las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) abundan en las proximidades de las raíces, en una zona denominada rizosfera, y actúan como estimulantes de su desarrollo (Azizoglu et al., 2021). El mecanismo de acción de las PGPR sobre las plantas puede ser directo o indirecto (Figura 4). La acción directa comprende la fijación de N₂ (nitrógeno), la producción de hormonas vegetales (ácido indol-3-acético [AIA], 1-aminociclopropano-1-carboxilato [ACC], citoquininas [CK] y giberelinas [GA]) y la solubilización de fósforo (P) (mediante enzimas solubilizadoras de fosfato [PSE]). Los mecanismos indirectos implican la producción de compuestos antimicrobianos (sideróforos, bacteriocinas, zwittermicina, fengicina, quitinasas, proteasas, lipasas y enzimas líticas), el control del estrés vegetal (ISR —resistencia sistémica inducida— y SAR —resistencia sistémica adquirida—) y la síntesis de cianuro de hidrógeno (HCN) (Sumbul et al., 2020).

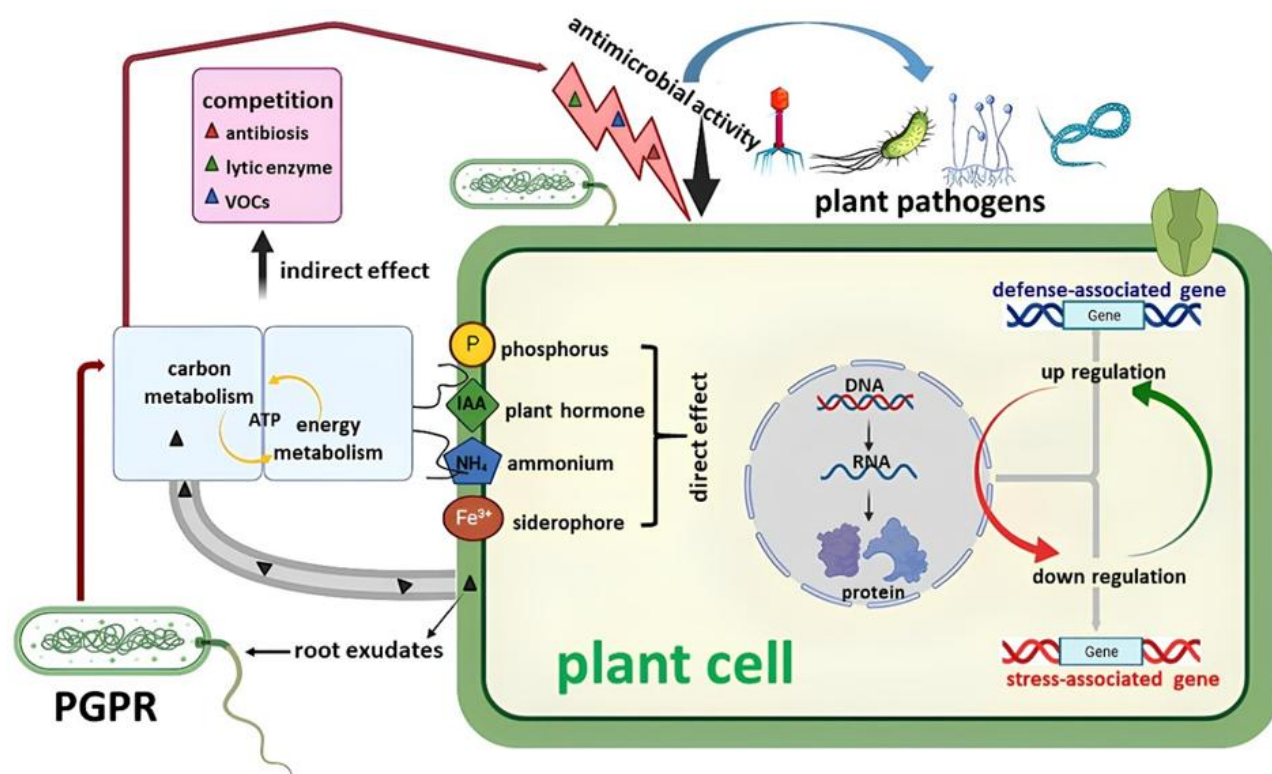


Figura 4. Mecanismo de acción de las PGPR: interacción entre la célula vegetal y las PGPR por vías directa e indirecta que promueve el crecimiento de la célula vegetal. Tomado de: Argenteal-Martínez et al., (2025).

La comprensión integral de los mecanismos subyacentes a las interacciones planta-microbio en la rizosfera sigue siendo limitada. El análisis *in silico* de cepas de PGPR (rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal) puede revelar los genes implicados en la promoción del crecimiento vegetal y en actividades de biocontrol (Esmacel et al., 2020). Sin embargo, los investigadores continúan desarrollando tecnologías novedosas para descubrir la «materia oscura microbiana» (rizobacterias no cultivadas) que ha resultado difícil de cultivar en el laboratorio.

Aunque aún no se ha descifrado por completo el conocimiento sobre la materia oscura microbiana, esta ha sacado a la luz la existencia de nuevos microorganismos en el suelo y su relación con el resto del mundo microbiano (Bernard et al., 2018). Se espera que en los próximos años se logren mayores avances en la identificación de diversas comunidades microbianas desconocidas y en la comprensión de su papel en los ecosistemas.

En esta revisión, nos centramos en los avances biotecnológicos relacionados con las PGPR, consideradas las heroínas ocultas de la agricultura sostenible. Mediante el examen de la literatura más reciente desde diversas perspectivas, nuestro objetivo fue generar un debate crítico sobre la comprensión del microbioma de la rizosfera, las comunidades microbianas sintéticas, la ingeniería del microbioma y las tendencias actuales en biofertilizantes microbianos y nanobiofertilizantes.

2.1 EL MICROBIOMA DE LA RIZOSFERA

La rizosfera es la estrecha zona del suelo que rodea directamente las raíces de las plantas y se reconoce como un punto crítico de gran diversidad microbiana. Las plantas influyen en el suelo circundante mediante la liberación o secreción de diversos compuestos, tales como carbohidratos, metabolitos secundarios, ácidos orgánicos y aminoácidos (Ahkami et al., 2017). Como resultado, la rizosfera favorece el crecimiento de poblaciones microbianas. Estos microorganismos pueden ejercer un efecto profundo en el crecimiento vegetal y ayudar a inducir tolerancia frente a estrés ambientales al mejorar la absorción de nutrientes y la disponibilidad de agua (Hakim et al., 2021).

El microbioma de la rizosfera abarca una diversa colección de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) y hongos micorrícicos arbusculares (HMA) con potencial para influir significativamente en el crecimiento de las plantas. Una estrategia para aumentar la producción de alimentos consiste en aprovechar las PGPR y los HMA beneficiosos (Kumar et al., 2022).

Estos organismos desempeñan papeles cruciales en la optimización del uso de recursos, facilitando la solubilización de minerales, produciendo reguladores del crecimiento y fijando nitrógeno. Además, contribuyen al reciclaje de materia orgánica, a la restauración de suelos degradados y a la producción de fitohormonas para potenciar el crecimiento vegetal (Figura 5). Por lo tanto, pueden considerarse una alternativa para evitar el uso de agroquímicos y mejorar la producción general de cultivos alimentarios esenciales (Kumar et al., 2022). Arora (2018) sugirió combinar métodos biológicos tradicionales e intervenciones agronómicas con técnicas innovadoras de biotecnología y bioingeniería para alcanzar los objetivos de seguridad alimentaria y sostenibilidad.

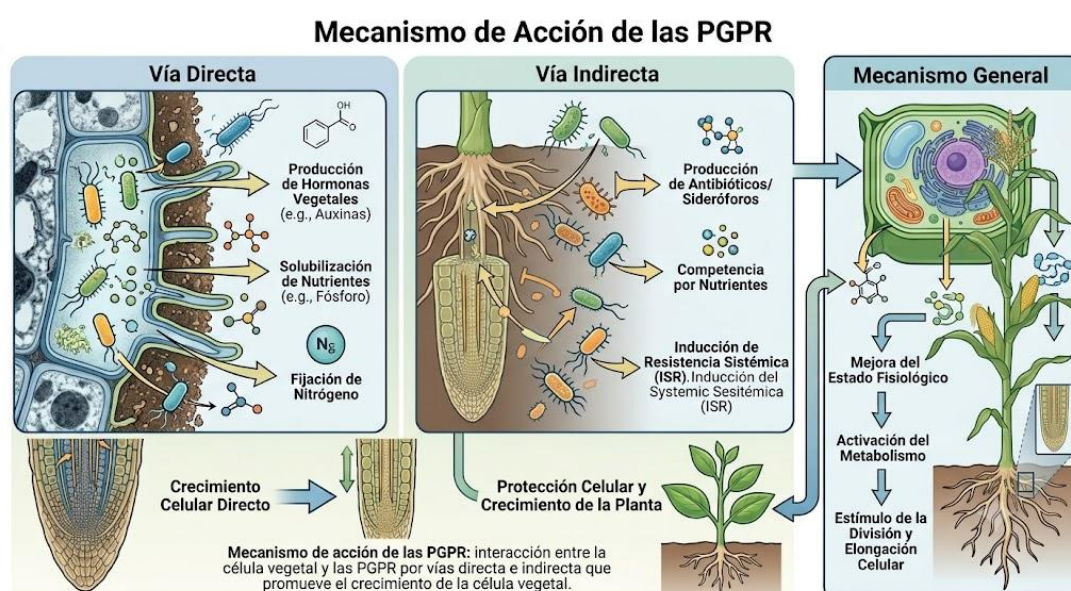


Figura 5. Mecanismo general de acción de los microorganismos promotores del desarrollo en las células vegetales.

Es posible manipular o modificar mediante ingeniería el microbioma de la rizosfera. Estos enfoques abarcan el diseño, la formulación y la aplicación de inóculos microbianos basados en PGPR exógenas o nativas, así como la creación o fabricación de microorganismos modificados genéticamente que porten rasgos funcionales deseados para la promoción del crecimiento vegetal (Parmar et al., 2023).

El aprovechamiento de las PGPR (rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal) como inoculantes microbianos podría impulsar la intensificación sostenible de la agricultura para alimentar a una población en rápido crecimiento. Sin embargo, tras su aplicación en campos agrícolas, los resultados observados han mostrado variabilidad en los beneficios obtenidos según las diferentes especies de cultivos y las condiciones de cultivo (Ke et al., 2021).

Estos resultados podrían deberse a: a) el tipo de fertilizante microbiano utilizado (cepa única o consorcio microbiano); b) la diversidad de formatos de aplicación (recubrimiento de semillas, aplicación al suelo, pulverización foliar, inoculación de plántulas o una combinación de estos); c) el momento y la frecuencia de la aplicación; d) la densidad celular; e) el tipo de especie de cultivo; f) las características específicas del suelo; g) la resiliencia de los microbiomas existentes; h) si los biofertilizantes se utilizan en combinación con fertilizantes químicos; y, finalmente, i) las condiciones climáticas.

2.2 COMUNIDADES MICROBIANAS SINTÉTICAS (SYNCOMS)

Muchas cepas de PGPR ya se han comercializado y pueden mejorar significativamente el rendimiento de los cultivos al estimular el crecimiento y mitigar el estrés abiótico y biótico en diversos cultivos (Hakim et al., 2021). No obstante, la eficacia de las cepas individuales como inoculantes microbianos varía según el clima, el tipo de suelo y otros factores ambientales, lo que resulta en una productividad agrícola inconsistente. Para superar estos desafíos, se recomienda el uso de consorcios microbianos.

Las prácticas actuales implican combinar diferentes cepas microbianas compatibles que exhiben diversas funciones relacionadas con la promoción del crecimiento vegetal (PGP) y rasgos de biocontrol. Sin embargo, el inconveniente de este enfoque es que los rasgos beneficiosos de las especies microbianas individuales se estiman de forma aislada y pueden variar cuando las cepas se aplican como parte de una comunidad o consorcio (Pradhan et al., 2022).

Para aumentar la estabilidad de las comunidades microbianas mediante interacciones sinérgicas entre sus miembros, ha surgido un enfoque novedoso: la técnica de comunidades microbianas sintéticas (SynComs). Esta técnica integra un enfoque de biología sintética con los conocimientos adquiridos mediante el análisis de comunidades microbianas, la metagenómica y la bioinformática (Shayanthan et al., 2022). Las SynComs implican el cocultivo de múltiples taxones en condiciones controladas para emular la estructura y función de un microbioma (Prigigallo et al., 2022; Shayanthan et al., 2022).

El objetivo principal es simplificar la complejidad de la comunidad microbiana original preservando, al mismo tiempo, las interacciones cruciales entre los microorganismos y sus hospedadores (de Souza et al., 2020). Cada especie aporta ventajas aditivas a la planta hospedadora, aumentando así las probabilidades de adaptación al entorno del suelo. Shayanthan et al. (2022) y Pradhan et al. (2022) revisaron la aplicación del enfoque de las SynComs, destacando su eficacia como herramienta para explorar las interacciones planta-microbio y microbio-microbio con el fin de mejorar la productividad de los cultivos y suprimir organismos patógenos. Si bien la mayoría de los experimentos con SynComs documentados por Shayanthan et al. (2022) y Pradhan et al. (2022) se realizaron en entornos controlados, De la Vega-Camarillo y sus colaboradores informaron de una promoción significativa del crecimiento vegetal y un aumento del rendimiento en el maíz híbrido CPL9105W bajo condiciones de campo abierto (De la Vega-Camarillo et al., 2023).

Por otro lado, se observó una disminución de las infecciones por hongos causantes de la roya en el tratamiento con SynComs formuladas a partir de *Achromobacter xylosoxidans** Z2K8, *Burkholderia** sp. Z1AL11, *Klebsiella variicola** R3J3HD7, *Pantoea ananatis** E2HD8, *Kosakonia pseudosacchari** Z2WD1, *Phytobacter diazotrophicus** Z2 WL2WL1, *Pseudomonas protegens** E1BL2, *P. protegens** E2HL9 y *Pantoea** sp. E2AD2 (De la Vega-Camarillo et al., 2023). Asimismo, Flores-Núñez y sus colaboradores señalaron que las SynComs promovieron la diversidad y funcionalidad microbianas, así como la complejidad e integración de las redes microbianas de la filosfera. Además, estas comunidades sintéticas (SynComs) pueden influir positivamente en la productividad vegetal y alterar significativamente el metaboloma foliar de las plantas hospedadoras (Flores-Núñez et al., 2022).

3. Avances biotecnológicos en microorganismos beneficiosos para las plantas. Tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS)

Los avances en las técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS) han permitido a los investigadores profundizar en la exploración y comprensión de microorganismos de todo el mundo desde diversas perspectivas (Cao et al., 2017). La minería genómica (Figura 6) —un proceso que permite analizar los datos de la secuencia genómica completa de una rizobacteria promotora del crecimiento vegetal (PGPR) para descubrir genes que codifican enzimas y metabolitos bacterianos de utilidad—ha facilitado la identificación y el aprovechamiento de microorganismos potencialmente beneficiosos (Azizoglu et al., 2021).

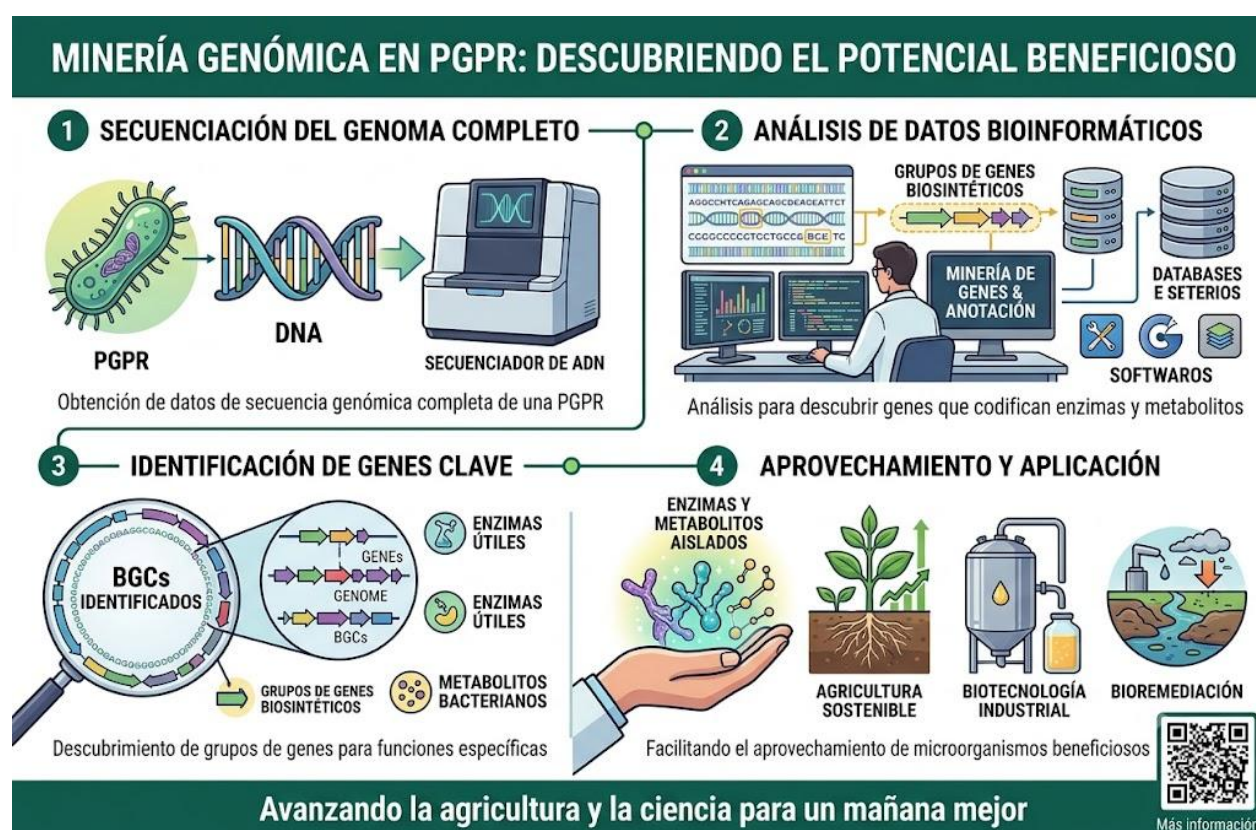


Figura 6. Minería genómica de los PGPR y sus potencialidades en la agricultura moderna.

Diversas investigaciones han empleado estrategias de minería genómica para identificar PGPR que albergan nuevos grupos de genes antimicrobianos, las cuales exhiben un potencial significativo de biocontrol y efectos estimulantes sobre el crecimiento vegetal (Lagzian et al., 2023). Además, la diferenciación precisa entre PGPR potencialmente patógenas y no patógenas representa un desafío en el diagnóstico bacteriano. No obstante, se ha reportado que la integración de la secuenciación del genoma con enfoques de aprendizaje automático (machine learning), tales como “*Pathogenicity Prediction for Bacterial*

Genomes (PaPrBaG)” y “*Deep Learning Approach to Pathogenicity Classification* (DeePaC)”, permite distinguir eficazmente las PGPR potencialmente patógenas de las cepas no patógenas (Bartoszewicz et al., 2020).

3.1 TRANSCRIPTÓMICA

Recientemente, otro avance biotecnológico en el uso de PGPR ha sido la implementación de estudios transcriptómicos. Conocer el transcriptoma es fundamental para inferir las características funcionales de un genoma y obtener información sobre la composición molecular de las células (Azizoglu et al., 2021).

Le Mire y colaboradores aplicaron este enfoque para comprender las respuestas de la lechuga tras el tratamiento con una cepa de **P. chlororaphis**. Reportaron que dicho tratamiento provocó la regulación al alza de genes asociados a la respuesta frente a patógenos y al estrés. Asimismo, los investigadores demostraron la expresión de la familia de las nodulinas, conocida por regular la fosforilación y la señalización, estimular la actividad de transporte y potenciar la resistencia al estrés osmótico y ambiental (Le Mire et al., 2016).

De manera similar, en un estudio realizado por Bharti et al. (2016), se empleó la transcriptómica para identificar genes relacionados con el estrés en trigo mediante la inoculación con la cepa STR1 de **Dietzia natronolimnaea**. Los autores verificaron la participación de la cascada de señalización del ABA (ácido abscísico); en las plantas inoculadas con PGPR, la regulación al alza de **TaABARE** y **TaOPR1** condujo a la inducción de la expresión de **TaMYB** y **TaWRKY**, lo que a su vez estimuló numerosos genes relacionados con el estrés.

Los resultados también indicaron una mayor expresión de **TaST**, un gen inducido por estrés salino asociado a una mejor tolerancia a la salinidad en las plantas inoculadas con PGPR. Gómez-Godínez et al. (2019) utilizaron la metatranscriptómica para investigar la fijación de nitrógeno en maíz inoculado con un consorcio de PGPR (**A. brasilense** Sp7, **B. amyloliquefaciens** CCGE2031, **M. extorquens** AM1, **S. americanum** CFNEI 156 y **R. phaseoli** Ch24-10).

Este estudio reveló la expresión de genes **nif** tras la aplicación de dichas PGPR. Yi et al. (2017) realizaron otro estudio empleando transcriptómica comparativa de cepas de **B. mycoides** en patatas. Esta investigación aportó información sobre los perfiles transcriptómicos y las estrategias de supervivencia de esta PGPR.

3.2 TECNOLOGÍA CRISPR-CAS

El sistema CRISPR (repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas)/Cas (proteína asociada a CRISPR) se descubrió inicialmente en el sistema inmunitario adaptativo de las bacterias. Desde entonces, ha sido el foco principal de investigaciones que condujeron a la creación de tecnologías de edición genómica. Estas incluyen la modificación de las relaciones dentro

de la microbiota, la inmunización de microorganismos industriales frente a elementos genéticos invasores y la tipificación de cepas bacterianas (Figura 7) (Nidhi et al., 2021). En 1987, se observó que las bacterias expuestas a ADN de fagos integraban una secuencia espaciadora de 32 nucleótidos en un patrón de repetición CRISPR de 29 nucleótidos. Esta observación condujo al descubrimiento del sistema CRISPR-Cas. Aunque inicialmente se desconocía la función de las secuencias CRISPR, investigaciones posteriores revelaron su presencia en el 90 % de los genomas de arqueas y en el 40 % de los genomas bacterianos (Westra et al., 2012).

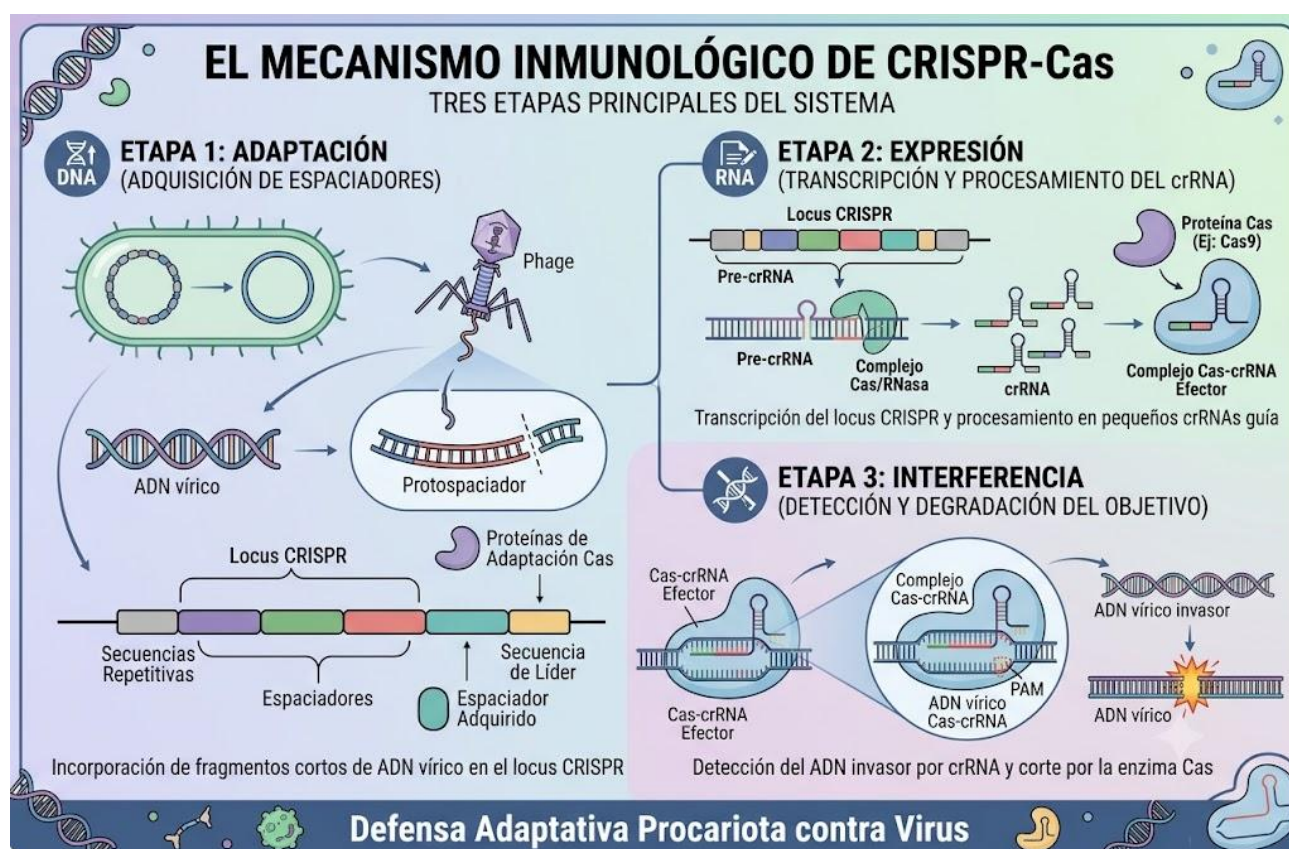


Figura 7. Esquema del mecanismo inmunológico de CRISPR-Cas

Tras este descubrimiento, se identificaron numerosos genes relacionados con CRISPR-Cas estrechamente vinculados a dichas secuencias repetitivas. Las tres etapas principales del mecanismo inmunológico del sistema CRISPR-Cas son la expresión, la interferencia y la adaptación. Durante la fase de adaptación, se incorporan fragmentos cortos de ADN (procedentes de plásmidos o fagos) a la matriz CRISPR como nuevos espaciadores (Hille y Charpentier, 2016).

La transcripción y la generación de crRNA se inician durante la fase de expresión (Phan et al., 2021). En última instancia, durante la fase de interferencia, las proteínas Cas son guiadas por los crRNA para modificar secuencias diana (Aman Mohammadi et al., 2023). En la última década, el sistema CRISPR/Cas se ha convertido en una herramienta muy potente para la edición génica dirigida en cultivos.

Este enfoque de edición génica se basa en nucleasas guiadas por ARN. CRISPR permite la sustitución exacta, la inserción (knock-in) y la inactivación (knockout) de secuencias génicas, así como la monitorización y el control de la expresión génica a nivel del epigenoma y del genoma (Tao et al., 2023).

Para que CRISPR funcione en la edición del genoma son necesarios tres componentes: el crRNA transactivador (tracrRNA), las enzimas asociadas a CRISPR (Cas) y el ARN CRISPR (crRNA). Al combinar estos elementos, se produce una única molécula de ARN sintético quimérico conocida como ARN de guía única (sgRNA), que puede utilizarse para diversos fines de edición genómica. Gracias a la adaptabilidad de CRISPR, resulta sencillo dirigir la acción hacia numerosos genes simultáneamente y realizar múltiples modificaciones (Zaman et al., 2023). En consecuencia, se ha utilizado ampliamente para la edición génica, el control y monitoreo tanto en bacterias como en animales y plantas.

Las nucleasas específicas de sitio provocan roturas de doble cadena en el ADN en sitios predeterminados para modificar el genoma. Esto activa procesos de reparación del ADN, tales como la reparación dirigida por homología (HDR) y la unión de extremos no homólogos (NHEJ). Sin necesidad de ADN homólogo, el mecanismo NHEJ repara los extremos dañados resultantes de las roturas de doble cadena (Ahmad et al., 2024). Esto da lugar a inserciones o deleciones (InDels) o a polimorfismos de nucleótido único (SNP) en el punto de corte, lo que puede provocar mutaciones de cambio de marco de lectura o mutaciones sin sentido (Wang et al., 2023; Ahmad et al., 2023). En el caso de la HDR, una plantilla homóloga facilita la sustitución génica en el punto de rotura. Los mecanismos NHEJ y HDR son esenciales para el funcionamiento de la edición génica basada en nucleasas; este método de mejora de cultivos genera variedades agrícolas libres de transgenes.

Se han descrito numerosas funciones y posibles aplicaciones de la interferencia de ARN (RNAi) y del sistema CRISPR/Cas9 guiado por ARN como herramientas poderosas para la mejora de cultivos de importancia agronómica (Saradadevi et al., 2021). Estas tecnologías han demostrado su capacidad para aumentar considerablemente el rendimiento agrícola y la resiliencia frente a una amplia gama de estreses ambientales, tanto de naturaleza biótica como abiótica (Erdoğan et al., 2023).

El sistema CRISPR-Cas se perfila como una tecnología de vanguardia para la edición del genoma y se ha utilizado con éxito en especies como **Streptococcus pneumoniae** y **E. coli** (Khambhati et al., 2023). El proceso implica la introducción de una construcción de direccionamiento que elimina las células de tipo silvestre y de un modelo de edición que induce los cambios deseados, al tiempo que suprime la interferencia CRISPR. Mediante el sistema CRISPR-Cas es posible iniciar sustituciones de nucleótido único, inserciones, deleciones y otras formas de mutaciones múltiples sin dejar «cicatrices» genéticas (Bollen et al., 2018). Asimismo, el sistema de edición genómica CRISPR-Cas se ha aplicado a especies bacterianas de importancia industrial y tecnológica, incluidas *Lactobacillus reuteri* (un probiótico), diversas especies de **Streptomyces** (productoras de antibióticos) y **Clostridium beijerinckii**, que actúa como huésped metabólico para la producción de acetona y alcohol (Javed et al., 2018).

La investigación sobre la capacidad del sistema CRISPR-Cas para dirigirse a secuencias de ADN específicas y sus aplicaciones en la edición genómica ha crecido exponencialmente, debido en gran medida a los orígenes del sistema en la microbiología alimentaria (Stout et al., 2017). De este modo, los avances en ingeniería genética —especialmente el uso de CRISPR-Cas— han mejorado significativamente el rendimiento del grano, el peso de la planta, la resistencia a insectos, la tolerancia del grano y las cualidades sensoriales y nutricionales de los cultivos (Tabla 1) (Eş et al., 2019).

En el futuro, el sistema CRISPR-Cas podría hacer posible la síntesis a gran escala de nuevos alimentos con características mejoradas (Cai et al., 2021). La gestión segura de los microorganismos relacionados con los alimentos ha sido durante mucho tiempo una preocupación para la industria alimentaria. Esto abarca el control del crecimiento de patógenos y bacterias causantes de deterioro, así como de microorganismos beneficiosos, como los cultivos iniciadores y los probióticos (Aman Mohammadi et al., 2023; Stout et al., 2017).

Es posible conferir resistencia frente a los virus de ARN vegetales mediante ingeniería genética utilizando el sistema CRISPR-Cas13a (Zhan et al., 2019). Este enfoque se dirige a múltiples genes, aumentando la eficiencia de la diana mediante el uso de varios ARN guía producidos bajo el control de la polimerasa II. Se trata de una herramienta útil para la identificación viral temprana gracias a su gran sensibilidad, su capacidad para distinguir entre cepas virales muy similares y sus posibilidades de intervención.

Al atacar directamente tanto virus de ARN como de ADN, la combinación de Cas13a y CRISPR-Cas9 proporciona una protección dual en pepinos no transgénicos (Wani et al., 2023). Estas aplicaciones ponen de relieve la versatilidad de la técnica CRISPR, ya que las plantas modificadas mejoradas representan tan solo una pequeña parte de sus enormes posibilidades. Por consiguiente, al adaptar las plantas para sobrevivir en entornos hostiles, la edición genómica mediante CRISPR-Cas9/Cas12a, en combinación con el fitomejoramiento, tiene el potencial de mitigar la escasez de alimentos para una población mundial en rápido crecimiento, lo que contribuirá a crear un futuro más sostenible (Nidhi et al., 2021).

4. Experimentación en condiciones de campo. Sitio experimental y características del suelo utilizado para la evaluación del desarrollo del maíz auxiliado con PGPM

Los experimentos de campo se realizaron durante tres ciclos agrícolas consecutivos de invierno-primavera (2023–24, 2024–25 y 2025–26) en la misma ubicación del Valle del Yaqui, Sonora, México (Figura 8). En estos experimentos el objetivo central fue evaluar el efecto de un consorcio bacteriano dual en el desarrollo y rendimiento del cultivo del maíz usando inicialmente seis híbridos. En el segundo año se utilizaron cuatro híbridos y en el tercer año solamente tres híbridos. Esta reducción de los materiales genéticos a evaluar fue debido a la variabilidad de respuesta encontrada en los caracteres fisiológicos, bioquímicos, moleculares y agronómicos.

El establecimiento en las tres parcelas se realizó en el mes de octubre para lograr una mayor precisión respecto a la incidencia de las variables climáticas. Los híbridos de maíz se establecieron sobre un Vertisol pélico, clasificado según la Base Referencial Mundial del Recurso Suelo (IUSS Working Group WRB, 2022; Schad, 2023) y los estudios edafológicos regionales de la zona agrícola del Valle del Yaqui. Esta clasificación es coherente tanto con la Taxonomía de Suelos del USDA (Martínez-Villegas, 2007) como con los sistemas de clasificación de suelos de la FAO-UNESCO (Regassa et al., 2023).



Figura 8. Imagen aérea del sitio experimental.

4.1 CÓMO SE COMPORTÓ EL CLIMA DURANTE LOS CICLOS EXPERIMENTALES 2023-2024, 2024-2025-2025-2026

Las variables climáticas y edáficas se monitorearon de forma continua a lo largo de los tres años experimentales. Se registraron las temperaturas mínimas y máximas diarias del aire, la temperatura del suelo, la humedad relativa y la precipitación. Las temperaturas mínimas del aire oscilaron entre 9 y 17 °C; febrero fue el mes más frío en los tres ciclos (Figura 9).

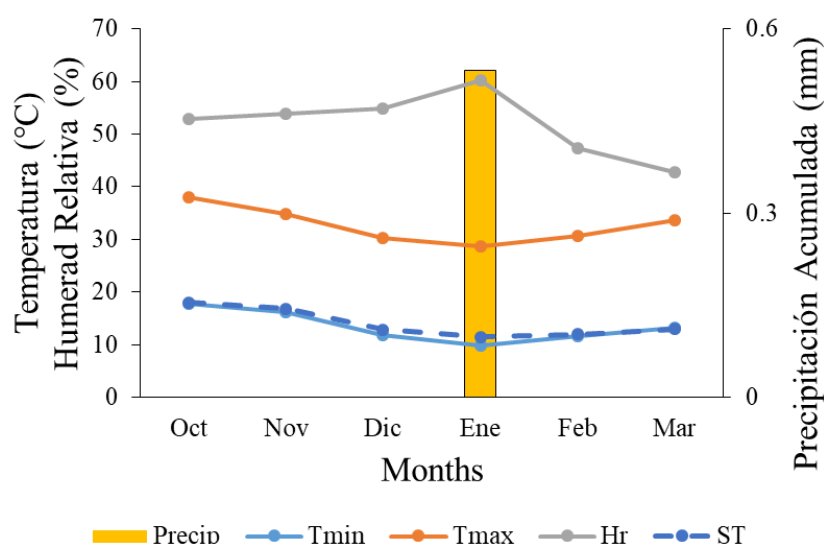


Figura 9. Temperaturas máxima y mínima, humedad relativa y precipitación acumulada promedio de los tres años de experimentación.

Las temperaturas máximas de octubre, durante las primeras etapas de desarrollo, alcanzaron los 38 °C, mientras que en noviembre descendieron a 28 °C. En ningún mes del periodo 2023-2025 se registraron temperaturas inferiores a 5 °C. Asimismo, la humedad relativa promedió entre el 42 % y el 53 % debido a las escasas precipitaciones en la región. La temperatura media del suelo durante este periodo se mantuvo constantemente por debajo de los 19 °C, excepto en el mes de octubre —momento de la siembra—, cuando las temperaturas del suelo se aproximaron a los 20 °C. En cada uno de los tres años evaluados, el coeficiente hidrotérmico (HTC) fue inferior a 0,1, lo que los clasifica como climas extremadamente secos según los cálculos de Evarte-Bundere y Evarts-Bunders (2012); esta condición justifica aún más la realización de la presente investigación basada en los tratamientos desarrollados.

4.2 PREPARACIÓN DEL CONSORCIO BACTERIANO

El estudio surgió a partir del aislamiento y selección de rizobacterias endófitas asociadas al palo verde (*Parkinsonia aculeata*) en la región semidesértica de Sonora, México (Peñuelas-Rubio et al., 2024). La identificación molecular y los porcentajes de similitud de secuencias de los aislados obtenidos han sido depositados y aceptados en la base de datos GenBank del NCBI (ON869243 y ON869275).

Las pruebas bioquímicas realizadas en las cepas seleccionadas revelaron características propias de las PGPR (bacterias promotoras del crecimiento vegetal), las cuales se resumen en la Tabla S2 (Argente-Martínez et al., 2025). A partir de estos resultados, se obtuvieron cepas compatibles para la elaboración de un consorcio bacteriano dual y la evaluación de su desempeño.

Durante los tres ciclos de cultivo experimentales, las cepas bacterianas criopreservadas se reactivaron inicialmente en medio agar LB durante 24 h. La compatibilidad entre cepas se confirmó mediante un ensayo de antagonismo cruzado en placa, en el cual ambos aislados se sembraron en líneas paralelas separadas por aproximadamente 2 cm. Una vez verificada la compatibilidad, se preparó un consorcio bacteriano dual siguiendo la metodología descrita por Khalil et al. (2022), con modificaciones menores.

Se inoculó una colonia única de cada cepa por separado en 15 mL de medio nutritivo (NM) y se incubó a 30 °C y 180 rpm durante 24 h hasta alcanzar una concentración aproximada de 1×10^7 UFC mL⁻¹. Las células se recolectaron mediante centrifugación a $3000 \times g$ durante 5 min a temperatura ambiente, se lavaron tres veces con PBS 1x y se resuspendieron en 10 mL de PBS 1x (10%) (v/v). Se mezclaron volúmenes iguales de las suspensiones de ambas cepas para preparar el consorcio dual. Finalmente, el precipitado celular se resuspendió en 10 mL para formular el consorcio bacteriano. Para ello, se preparó una solución al 10 % de cada bacteria y se creó el consorcio microbiano mezclando partes iguales de ambas bacterias. Se aplicó un volumen de 5 ml de esta suspensión a cada planta.

4.3 DISTRIBUCIÓN ADECUADA DE LOS TRATAMIENTOS Y ESTABLECIMIENTO DEL DISEÑO EXPERIMENTAL

Se llevaron a cabo dos experimentos para evaluar la contribución de los consorcios bacterianos a la promoción del crecimiento vegetal y al flujo de CO₂ del suelo como indicador de la salud del suelo. Para evaluar su efecto sobre el crecimiento de las plantas, se establecieron seis tratamientos (Figura 10) utilizando un consorcio bacteriano doble aplicado a tres híbridos de maíz. Cada híbrido incluyó un tratamiento control no inoculado (Tabla 1).

Tabla 1. Tratamientos establecidos con base en el material genético empleado y el consorcio bacteriano dual.

Tratamiento	Acrónimo	Material genético	Consorcio
1	H + Consorcio dual	Hipopótamo	<i>E. cloacae</i> + <i>P. megaterium</i>
2	H - Consorcio dual	Hipopótamo	distillated water
3	C3 + Consorcio dual	L7 (TNM-DCA-107) X L5 (TNM – 72-R)	<i>E. cloacae</i> + <i>P. megaterium</i>
4	C3 - Consorcio dual	L7 (TNM-DCA-107) X L5 (TNM – 72-R)	Distillated water

Tratamiento	Acrónimo	Material genético	Consocio
5	C4 + Consorcio dual	L3 (TNM-111-DES) X L6 (PROMON)	<i>E. cloacae</i> + <i>P. megaterium</i>
6	C4 - Consorcio dual	L3 (TNM-111-DES) X L6 (PROMON)	Destillated water



Figura 10. Distribución espacial de los tratamientos en parcelas de 4*10 m. Se visualizan las tres repeticiones de cada tratamiento. Además, la línea principal de riego y el tanque de preparación y distribución del fertilizante.

Inicialmente, las semillas de los tres híbridos de maíz se imbibieron durante 24 h en un consorcio bacteriano doble (*E. cloacae* + *P. megaterium*). Los tratamientos control sin el consorcio se pregerminaron durante 24 h en agua destilada. Todas las semillas se sembraron tras el proceso de pregerminación (Figura 11a). A los 15 días de la emergencia, se aplicó un volumen de 5 ml del consorcio doble a las plantas que recibieron el 50 % de la dosis recomendada de fertilizante químico, mientras que los tratamientos no inoculados se fertilizaron con la dosis completa del 100 % (Figura 11b).



a)



b)

Figura 11. a) Tratamiento de pregerminación de las semillas de los híbridos utilizados durante 24 h en un consorcio bacteriano doble (*E. cloacae* + *P. megaterium*); b). Aplicación de un volumen de 5 ml del consorcio doble a las plantas que recibieron el 50 % de la dosis recomendada de fertilizante químico, a los 15 días después de la emergencia.

4.5 ACTIVIDADES DE RIEGO DEFICITARIO CONTROLADO Y MANEJO DEL CULTIVO

El riego se realizó mediante un sistema de goteo utilizando cintas de 5/8 de pulgada con emisores espaciados a 0,3 m (Figura 12). El sistema de riego se estableció en forma de régimen deficitario controlado. Este suministraba una cantidad de 96 gotas por minuto, lo que correspondía a un volumen de riego parcial de 33 m³ por superficie establecida durante el ciclo de primavera. La frecuencia de riego se ajustó según los valores del coeficiente del cultivo y las lecturas de los sensores de humedad del suelo. Se realizaron solamente cinco eventos de riego hasta la fenofase de floración (VT), con volúmenes de 330, 345, 350, 400 y 400 m³ ha⁻¹, respectivamente.



Figura 12. Sistema de riego deficitario controlado por goteo utilizado en el cultivo del maíz.

La primera fertilización se efectuó durante el riego de presembrado, suministrando 60 kg ha⁻¹ de nitrógeno y 30 kg ha⁻¹ de fósforo mediante un fertilizante equilibrado N-P. La segunda fertilización se aplicó en la fenofase V4 (45 días después de la emergencia) y consistió en 32 kg ha⁻¹ de nitrógeno (como urea al 46 %) y 25 kg ha⁻¹ de potasio (como nitrato de potasio). Durante la etapa VT, se realizó una aplicación adicional de 10 kg ha⁻¹ de urea, 40 kg ha⁻¹ de nitrato de potasio y 15 kg ha⁻¹ de fertilizante Triple-18. En los tratamientos sin los consorcios promotores del crecimiento vegetal, las dosis de fertilizante se duplicaron en cada aplicación, excepto para el Triple-18, que se mantuvo en la misma cantidad.

El control de malezas se realizó con el herbicida ACRE a una dosis de 1,0 L ha⁻¹ durante la fenofase V3, una vez que las malezas habían emergido (Figura 13). La incidencia de *Spodoptera frugiperda* se manejó utilizando un extracto de palo verde a 2,5 L ha⁻¹, aplicado a los 12, 22 y 34 días después de la emergencia (Argentel-Martínez et al., 2024).



Figura 13. Aplicación de Extracto de palo verde en el cultivo del maíz.

5. Indicadores del efecto de microorganismos en el desempeño fisiológico, y agronómico del maíz

5.1 PORCENTAJE DE EMERGENCIA

El porcentaje de emergencia se calculó contando el número de plantas emergidas en 10 segmentos de un metro, bien distribuidos y seleccionados al azar, por cada tratamiento. El porcentaje se obtuvo con base en el número total de semillas sembradas. Los resultados se presentan como la media de las tres repeticiones experimentales.

5.2 ALTURA FINAL DE LA PLANTA, DIÁMETRO FINAL DEL TALLO Y TASA DE CRECIMIENTO RELATIVO VARIACIONES DE LA LONGITUD FINAL Y VOLUMEN DE LA RAÍZ

La altura final de la planta (FPH, cm) se midió utilizando una cinta métrica flexible (TRUPER) desde la fenofase de emergencia (VE) hasta la fenofase de floración (VT). La tasa de crecimiento relativo (RGR, cm día^{-1}) se calculó como la relación entre la altura final de la planta y el tiempo transcurrido hasta la floración, utilizando un tamaño de muestra de $n = 10$ plantas por tratamiento.

El diámetro final del tallo (FSD, mm) se midió en la fenofase de floración durante los tres ciclos de cultivo experimentales, utilizando un calibrador Vernier digital (TRUPER) en el segundo entrenudo del tallo ($n = 10$ plantas por tratamiento).

La longitud final de la raíz (FRL, cm) se determinó en la fenofase de floración (VT) mediante muestreo destructivo. Se excavaron cuidadosamente diez plantas por tratamiento e híbrido utilizando palas, y se lavaron las raíces antes de medir la longitud desde la base del tallo con una cinta métrica flexible (TRUPER). Se utilizaron las mismas muestras para evaluar el volumen radicular (RV, mL). Tras el lavado con agua destilada, las raíces extraídas se colocaron en una probeta graduada de 2000 mL que contenía un volumen constante de 900 mL de agua destilada. El volumen radicular se calculó basándose en el aumento del nivel del agua (Figura 14).

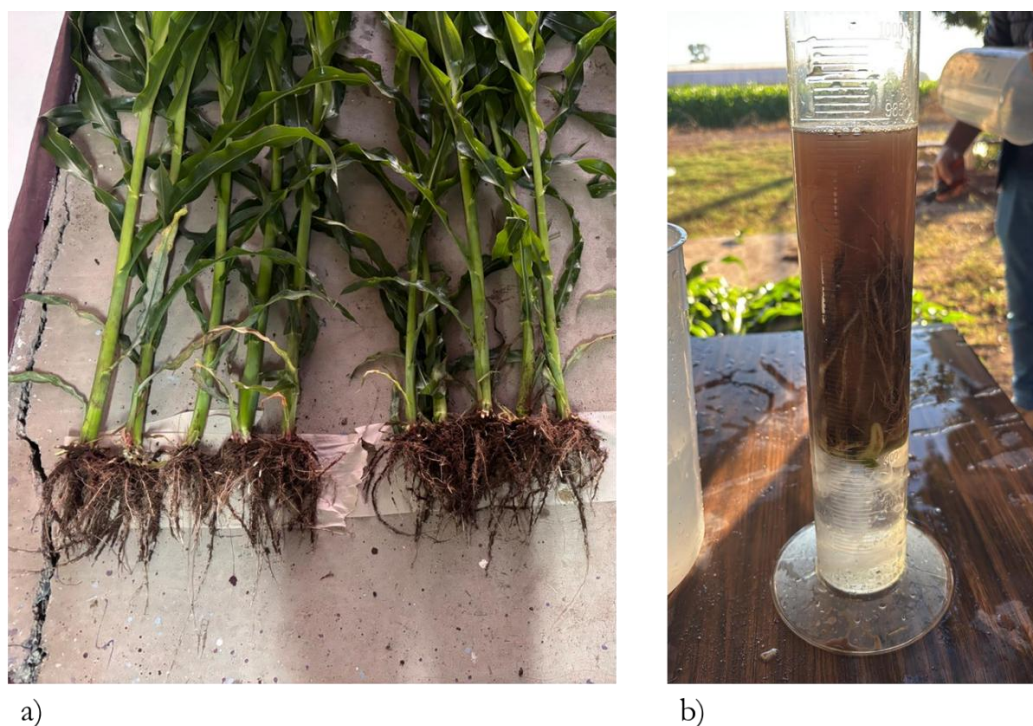


Figura 14. Plantas tomadas al azar en la superficie de cálculo de las parcelas para determinar el diámetro del tallo y el volumen final de raíces.

5.3 DINÁMICA CLOROFÍLICA Y EL NDVI DEL MAÍZ

El contenido de clorofila (unidades SPAD) se midió utilizando un medidor SPAD portátil en 10 hojas por tratamiento durante la fenofase de floración (Figura 15). Las mediciones se realizaron en la porción central de hojas totalmente expandidas y expuestas al sol, adyacentes a la nervadura central, entre las 12:00 y las 14:00 h (Li et al., 2024). En los resultados de esta variable solo se presentan los correspondientes a los materiales genéticos C3 y C4 con y sin consorcio dual.



Figura 15. Medición de la clorofila en el maíz usando dispositivo portátil SPAD.

5.4 ÍNDICE DE VEGETACIÓN DE DIFERENCIA NORMALIZADA (NDVI)

El índice de vegetación de diferencia normalizada (NDVI, $-1 < \text{NDVI} < 1$) se determinó en las fenofases V3, V7, VT y R1 utilizando un sensor portátil GreenSeeker (Trimble™) (Verhulst y Govaerts, 2010) (Figura 16). Todas las mediciones se realizaron a las 11:00 a. m., con el sensor situado a 0,6 m por encima del dosel vegetal (Scharf et al., 2010). Para la documentación de los resultados del NDVI se consideraron solamente los materiales genéticos C3 y C4 con y sin consorcio dual.



Figura 16. Medición del NDVI en el maíz usando dispositivo portátil Green Seecker.

5.5 CÓMO SE EVALÚAN LOS PARÁMETROS DE INTERCAMBIO GASEOSO EN EL MAÍZ

La tasa fotosintética máxima ($A_{\max}$, $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) y la tasa de transpiración (E , $\mu\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) se midieron en 10 plantas por híbrido y tratamiento en las fenofases V3, V7, V9 y VT. Las mediciones se llevaron a cabo entre las 11:00 a. m. y la 1:00 p. m. (Figura 17) utilizando un sistema portátil de fotosíntesis (PP-System) bajo una intensidad lumínica superior a $1500 \mu\text{mol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$, con una concentración de referencia de CO_2 de $400 \mu\text{mol mol}^{-1}$ y un caudal constante de $500 \mu\text{mol s}^{-1}$.



Figura 17. Medición del intercambio gaseoso utilizando un sistema portátil de fotosíntesis (PP-System).

La respiración del suelo se evaluó utilizando tres híbridos de maíz (Hipopótamo, C3 y C4) bajo dos tratamientos: semillas pregerminadas con consorcios bacterianos más 50% de NPK, y semillas pregerminadas en agua destilada más 100% de NPK. Adicionalmente, se evaluó el efecto de cepas bacterianas individuales en el híbrido Hipopótamo. Las mediciones se realizaron durante la fenofase VT en los ciclos otoño-invierno 2024-2025 utilizando una cámara LI-COR LI-7810 (Figura 18).

Se insertaron anillos (de 100 mm de diámetro) a 4 cm de profundidad en el suelo, en los surcos centrales. Se incluyeron las raíces de las plantas, por lo que el flujo medido representa la respiración total del suelo, incluyendo la respiración rizosférica y la microbiana. La humedad y la temperatura del suelo se registraron antes de la medición.

El flujo de CO₂ se midió entre las 10:00 y las 13:00 h, con una duración de 5 minutos por lectura. Un ensayo paralelo con tres repeticiones por híbrido cuantificó la contribución de las cepas individuales. Los valores de flujo de CO₂ ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) representan el promedio de ambos ciclos.



Figura 18. Medición del intercambio gaseoso del suelo utilizando la cámara de respiración de suelo.

5.6 FORMAS DE EVALUACIÓN DEL RENDIMIENTO DE BIOMASA Y EL RENDIMIENTO DE GRANO

El rendimiento de biomasa (BY; kg ha^{-1}) se determinó en la etapa R2 utilizando 10 plantas por repetición en cada tratamiento (Figura 19). Las plantas se cortaron en la base del tallo, se pesaron individualmente y se promediaron, extrapolando los valores a una base de hectárea. El rendimiento de grano (GY; kg ha^{-1}) se determinó ajustado al 14% de humedad, siguiendo a Inamullah et al. (2011). Se cosecharon diez repeticiones de 30 plantas por metro lineal por tratamiento, y se utilizó el peso de la mazorca para estimar el rendimiento. La variabilidad del rendimiento de biomasa y grano solo se analizó en los tratamientos conformados por los materiales genéticos C3 y C4 con y sin consorcio dual.



Figura 19. Evaluación del rendimiento de biomasa en el maíz.

5.7 ANÁLISIS ESTADÍSTICOS

Todas las variables se sometieron a pruebas de normalidad y homogeneidad de varianza (de Souza et al., 2024). Los datos utilizados para la comparación de cada variable corresponden al promedio de las tres temporadas de cultivo experimentales. Se utilizó un ANOVA de una vía basado en un modelo lineal de efectos fijos para evaluar las diferencias entre tratamientos (Fisher, 1935), seguido de la prueba de Tukey a niveles de significancia del 5% y 1% (Tukey, 1960). Se calcularon el coeficiente de variación (CV) y el coeficiente de determinación no ajustado (R^2) para todas las variables, obteniéndose el R^2 como la relación entre la suma de cuadrados explicada y la suma de cuadrados total.

Para el NDVI, se ajustaron curvas de regresión a lo largo de las fenofases, se determinó la bondad del ajuste (R^2) y se estimó el área bajo la curva mediante integración definida.

La respiración del suelo se analizó comparando las medias de los dos años para cada híbrido, con y sin consorcios, utilizando la prueba t de Student (Gosset, 1917). Se utilizó la distribución t teórica para comparar las medias obtenidas para cada bacteria. Los análisis se realizaron utilizando STATISTICA v10.0 (StatSoft, 2014).

6. Principales resultados obtenidos

6.1 EMERGENCIA DE LAS PLANTAS

La inoculación de semillas con el consorcio doble (*P. megaterium* + *E. cloacae*) no afectó la emergencia final en ninguno de los híbridos (Tabla 2), alcanzando todos los tratamientos un 100%. Se detectaron diferencias temporales entre los 7 y 10 días después de la siembra ($p < 0,001$), pero los niveles de emergencia convergieron hacia el décimo día, registrándose valores máximos ($>80\%$) en el noveno día. Estos datos confirman que los metabolitos bacterianos liberados durante el periodo de pregerminación de 24 horas no interfieren con los procesos metabólicos tempranos de la semilla.

Tabla 2. Porcentajes de emergencia a los 7, 8, 9 and 10 days after sowing (das) de tres híbridos de maíz ([H: (Hipopótamo), C3: (L7 (TNM-DCA-107) X L5 (TNM – 72-R)) and C4: (L3 (TNM-111-DES) X L6 (PROMON))] con (+) y sin (-) el Consorcio dual (*P. megaterium* and *E. cloacae*).

Tratamientos establecidos	Días después de la siembra			
	7	8	9	10
H + Consorcio dual	44c	109.33b	873c	65a
H - Consorcio dual	65a	108.66bc	884b	33b
C3 + Consorcio dual	54b	107c	905a	25c
C3 - Consorcio dual	54b	108c	905a	24c
C4 + Consorcio dual	66a	121a	872c	32b
C4 - Consorcio dual	54b	111b	904a	22d
F (5,12)	213.1	559.13	856.75	1595.92
p	0.0004	0.0007	0.0002	0.0003
CV	13.37	9.38	1.69	21.96

Esta estabilidad durante el establecimiento es crucial, ya que la falta de consistencia a nivel de campo sigue siendo una limitación importante para la aplicación de PGPR (Kumar et al., 2026). Es probable que la colonización temprana de la semilla favorezca un rápido establecimiento endofítico y la posterior funcionalidad radicular (Haldar y Sengupta, 2023), a pesar de las limitaciones conocidas en el desempeño de las PGPR fuera de entornos controlados.

6.2 DINÁMICA DE CRECIMIENTO VEGETAL Y DISTRIBUCIÓN DE BIOMASA

Se observaron diferencias en la altura de la planta a partir del estadio V7, sin efectos en V3. Los tratamientos inoculados superaron consistentemente a los controles no inoculados durante el periodo V7-VT, lo que indica que el efecto del consorcio se manifiesta tras el establecimiento. Los híbridos H y C4 mostraron la respuesta más marcada, alcanzando entre 242 y 244 cm en el estadio VT (Tabla 3), lo cual es coherente con un estado nutricional óptimo.

Tabla 3. Altura final de las plantas (AFP), tiempo a la floración (t) y tasa de crecimiento relativo (TCR) en los tratamientos.

Tratamientos	AFP (cm)	t (días)	TCR (cm día ⁻¹)
H + Consorcio dual	243.9a	72a	3.4a
H - Consorcio dual	236.6b	70.8b	3.3a
C3 + Consorcio dual	226.9c	72.6a	3.1a
C3 - Consorcio dual	216.1c	71.2b	3.0b
C4 + Consorcio dual	242.5a	72.9a	3.3a
C4 - Consorcio dual	211d	71c	3.0b

La tasa de crecimiento relativo (3.0–3.4 cm día⁻¹) no difirió entre las plantas inoculadas con un 50% de fertilización y las no inoculadas con un 100% de fertilización (Tabla 2), demostrando un desempeño de crecimiento equivalente. Por el contrario, el volumen radicular aumentó significativamente con la inoculación en todos los híbridos, a pesar de la reducción en el aporte de fertilizante. Esta respuesta sugiere una mayor capacidad de absorción de nutrientes, probablemente asociada a la solubilización de fosfatos y al desarrollo radicular mediado por auxinas.

La estabilidad de la relación parte aérea/raíz (0,29–0,32) indica una asignación coordinada de biomasa en lugar de un crecimiento desproporcionado. Los valores de tasa de crecimiento relativo (RGR) registrados superaron a los observados con regímenes de fertilización convencionales (Ahirwar et al., 2025), lo que respalda la capacidad de los consorcios de PGPR para mantener el crecimiento con un aporte reducido de nitrógeno. Estos hallazgos concuerdan con informes previos sobre la promoción del crecimiento mediada por *P. megaterium* (Escalante-Beltrán et al., 2025), ahora validados en condiciones de campo.

Estos resultados se alinean con informes anteriores sobre la estimulación del crecimiento mediada por *P. megaterium* en condiciones controladas (Escalante-Beltrán et al., 2025), pero amplían significativamente dicho conocimiento mediante su validación a escala de campo. Cabe destacar que los valores de RGR observados ($\approx 3,0$ – $3,4$ cm día⁻¹) superan a los reportados con regímenes de fertilización convencionales (Ahirwar et al., 2025), lo que refuerza la capacidad de los consorcios de PGPR para mantener la eficiencia del crecimiento ante un aporte reducido de nitrógeno. Los resultados demuestran que el consorcio dual sostiene el crecimiento de la parte aérea a la vez que potencia significativamente el desarrollo del sistema radicular, permitiendo así un rendimiento vegetal equivalente con una reducción del 50 % en la fertilización química.

6.3 FENOLOGÍA DEL CULTIVO

Los efectos del tratamiento fueron significativos en las distintas fenofases, excepto en R3. La mayor diferenciación se observó durante las etapas V7 y V9 (Figura 20). Las plantas inoculadas alcanzaron las

etapas vegetativas tempranas (VE–V12) antes que los testigos no inoculados, mientras que las etapas reproductivas (R1–R5) se retrasaron ligeramente. Las etapas VT y floración (FF) mostraron una variación mínima entre tratamientos (≈ 4 días), lo que indica que se mantuvo la sincronización fenológica.

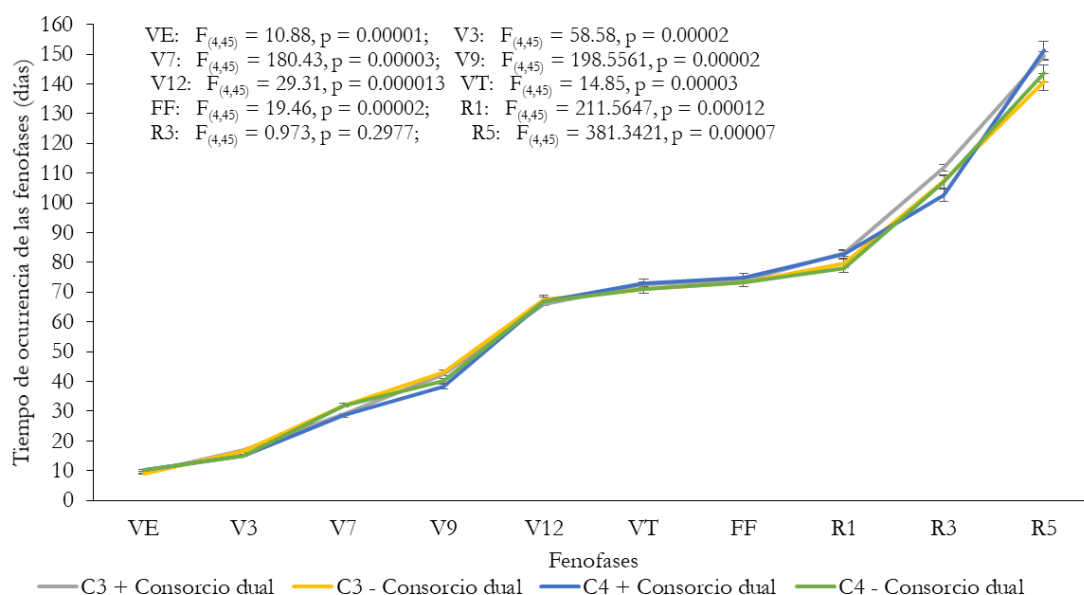


Figura 20. Tiempo de ocurrencia de las fenofases en los tratamientos establecidos. V: fenofases vegetativas desde la tercera hoja (V3) a V12: hoja 12 visible, hasta VT floración masculina, FF: Floración femenina; R: fenofases reproductivas R1: formación del grano, R2: inicio del llenado de los granos; R3 grano lleno y tierno para el consumo en forma de elote hasta R5 grano seco al 14% de humedad.

El tiempo para alcanzar R3 y R5 aumentó de manera constante con la inoculación en todos los híbridos, prolongando el periodo de llenado del grano. La finalización del ciclo (R5, con ~ 14 % de humedad en el grano) se mantuvo dentro de los estándares varietales con la inoculación, mientras que la fertilización completa aceleró la progresión fenológica.

La reducción de los ciclos bajo niveles elevados de nitrógeno suele asociarse a una aceleración inducida por estrés y a una menor acumulación de asimilados (Acharya et al., 2025). Se sabe que la limitación de nitrógeno comprime la fenología hasta en un 30 % (Jamsheed et al., 2023; Tadele et al., 2025), al tiempo que los cambios ambientales a largo plazo también modifican los tiempos de desarrollo (Cagnola et al., 2025; Argentel-Martínez et al., 2025).

Estos resultados indican que el consorcio doble no altera la coordinación fenológica, sino que prolonga las etapas finales del desarrollo, lo que probablemente mejora la remobilización de asimilados durante el llenado del grano.

6.4 DINÁMICA DEL NDVI Y VIGOR DEL DOSEL

El NDVI difirió significativamente entre tratamientos en las distintas fenofases, excepto en R5 (Figura 21). Las plantas inoculadas mantuvieron valores de NDVI más altos durante el periodo V12–FF, alcanzando valores máximos de ~ 0.84 , lo que indica un estado óptimo del dosel. El aumento del nitrógeno al 100 % no elevó el NDVI por encima de este umbral, lo que sugiere una saturación de la reflectancia del dosel en condiciones nutricionales adecuadas.

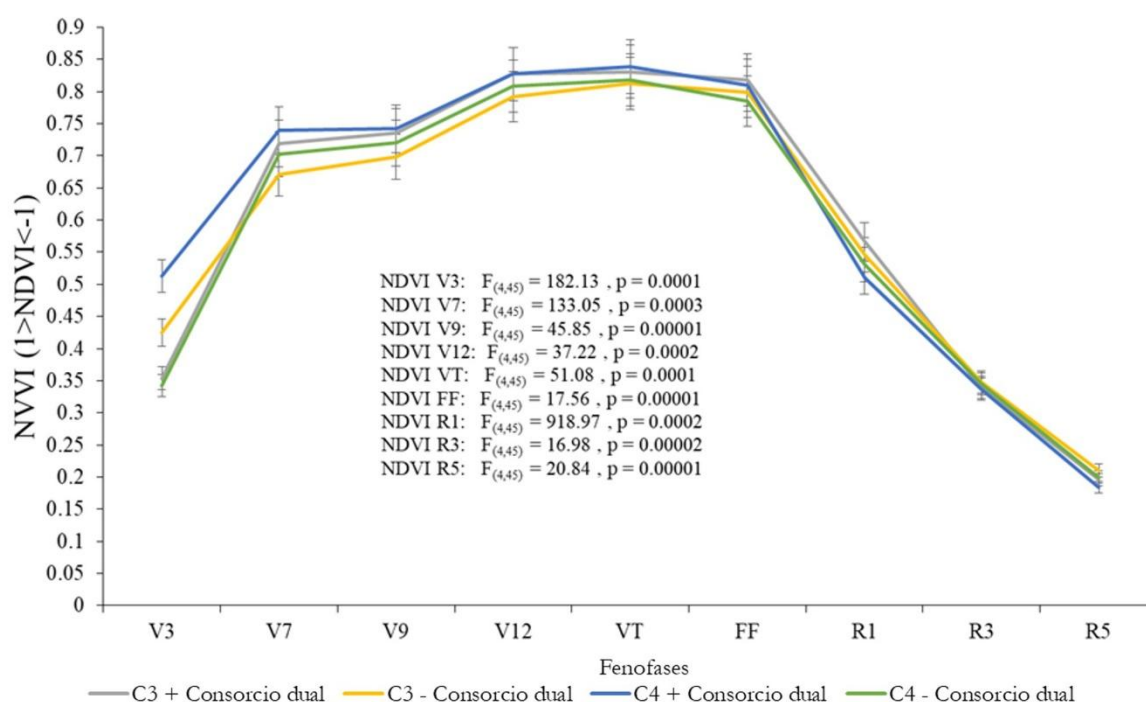


Figura 21. NDVI en las diferentes fenofases del cultivo en cuatro tratamientos. V: fenofases vegetativas desde la tercera hoja (V3) a V12: hoja 12 visible, hasta VT floración masculina, FF: Floración femenina; R: fenofases reproductivas R1: formación del grano, R2: inicio del llenado de los granos; R3 grano lleno y tierno para el consumo en forma de elote hasta R5 grano seco al 14% de humedad.

Desde VT hasta FF, el NDVI disminuyó más rápidamente en los tratamientos no inoculados, lo que indica una senescencia más temprana del dosel. A partir de R3, los materiales genéticos C3 y C4 mostraron un descenso más pronunciado, coherente con una remobilización acelerada de nitrógeno hacia el grano. Todos los tratamientos convergieron en R5 ($\text{NDVI} \approx 0.15\text{--}0.20$), reflejando la madurez fisiológica. Los valores de NDVI superiores a 0,83 sugieren un estado nutricional elevado. Los patrones temporales del NDVI siguieron una trayectoria cuadrática ($R^2 > 0.93$), y el área bajo la curva fue consistentemente mayor en los tratamientos inoculados, lo que indica una actividad sostenida del dosel y un mayor vigor acumulado. Esta respuesta es coherente con las contribuciones microbianas a la regulación hormonal y a la disponibilidad de nutrientes (Hernández-Tello et al., 2025).

Estudios previos reportan incrementos del NDVI de hasta el 35 % con la inoculación microbiana, incluso en condiciones de disponibilidad hídrica reducida (Ahirwar et al., 2025). También se han registrado valores máximos de NDVI durante la floración y valores de entre 0.7 y 0.8 bajo regímenes de nitrógeno similares (Venancio et al., 2020; Tamás et al., 2023). Los valores de NDVI más elevados observados en este estudio, mantenidos con un suministro de nitrógeno del 50 %, indican una mayor eficiencia en el uso del nitrógeno y una capacidad fotosintética sostenida.

6.5 VARIACIONES DEL INTERCAMBIO DE GASES EN LOS HÍBRIDOS EN LOS TRATAMIENTOS ESTABLECIDOS

La tasa fotosintética difirió significativamente entre las fenofases (Figura 19), superando los 33 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ desde V3 hasta FF y alcanzando un máximo superior a 43 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ en V12 (Figura 22), lo que indica una elevada capacidad de asimilación de carbono. En la etapa VT, los tratamientos H y C3 mantuvieron tasas más altas que el C4, el cual mostró una reducción de $\sim 8 \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$.

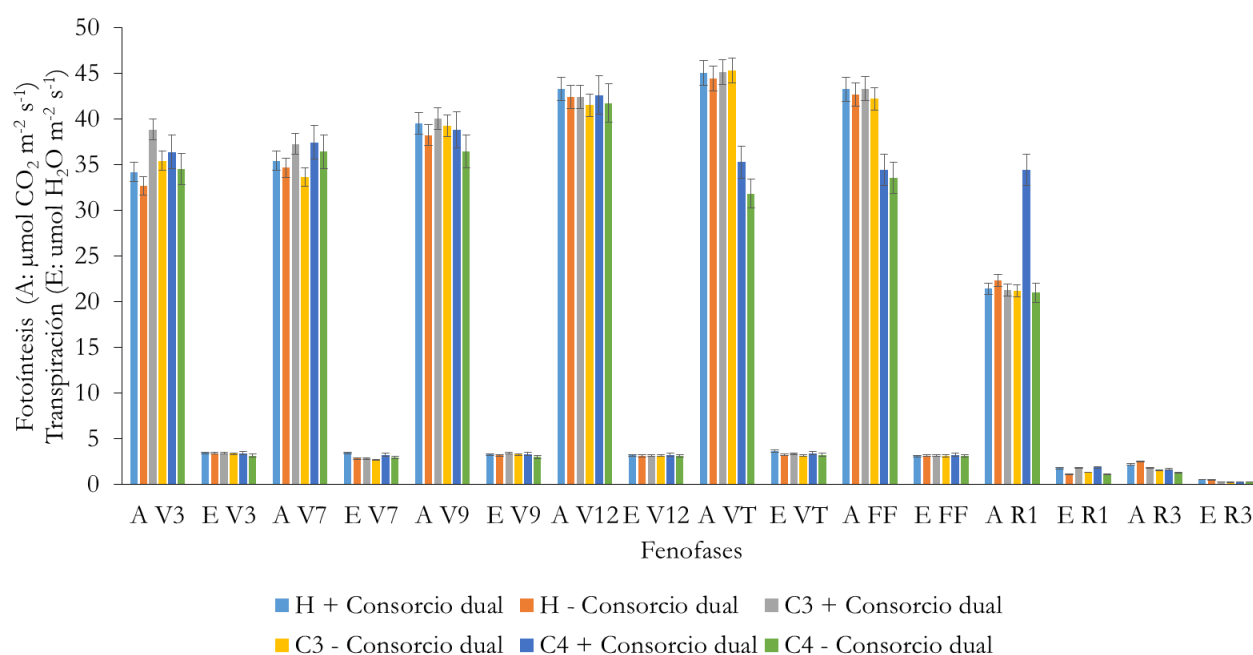


Figura 22. Variaciones del intercambio de gases (fotosíntesis a) y transpiración a) en maíz. V: fenofases vegetativas desde la tercera hoja (V3) a V12: hoja 12 visible, hasta VT floración masculina, FF: Floración femenina; R: fenofases reproductivas R1: formación del grano, R2: inicio del llenado de los granos; R3 grano lleno y tierno para el consumo en forma de elote.

La transpiración siguió un patrón similar, con valores más elevados en los tratamientos inoculados durante la mayor parte de las fenofases (Figura 16). Las tasas superaron los 2,5 $\mu\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ durante el crecimiento activo y disminuyeron drásticamente después de R1, situándose por debajo de 0,5 μmol

H₂O m⁻² s⁻¹ en R3. La transpiración sostenida bajo inoculación sugiere una mejora en el estado hídrico de la planta, lo cual es coherente con una mayor funcionalidad radicular y actividad endofítica.

6.6 RENDIMIENTOS DE BIOMASA Y DE GRANO

La biomasa y el rendimiento de grano difirieron significativamente entre todos los tratamientos (Tabla 4). Los tratamientos inoculados superaron consistentemente a los controles, con una biomasa total superior a 50,0 t ha⁻¹. El mayor rendimiento de grano se obtuvo con C4 + consorcios duales (61,5 t ha⁻¹), mientras que C3 mostró la respuesta más baja (45,1 t ha⁻¹).

Tabla 4. Rendimiento de Biomasa y de grano del maíz en los diferentes tratamientos establecidos. CV: coeficiente de variación.

Tratamientos	Rendimiento (t ha ⁻¹)	
	Biomasa	Grano
C3 + Consorcio dual	51.5c	13.54b
C3 – Consorcio dual	45.1d	13.37b
C4 + Consorcio dual	61.5a	14.35ab
C4 – Consorcio dual	50.7b	14.24ab
CV (%)	14.34	3.55

Medias con letras diferentes muestran diferencias significativas por Tukey para p<0.05.

Los resultados aquí mostrados evidencian una mejora del rendimiento con la aplicación de consorcios duales en condiciones de fertilización reducida. Sin embargo, fue más dependiente del consorcio del híbrido C3 con una diferencia de 0.17 t ha⁻¹ entre el tratamiento con el consorcio dual respecto a la no aplicación. Por su parte la diferencia de C4 entre aplicación o no del consorcio fue solo de 0.11 t ha⁻¹.

Estudios previos reportan una disminución en la eficiencia del uso de nitrógeno e inestabilidad en el rendimiento bajo fertilización excesiva (Alonso-Sánchez et al., 2022; Valencia, 2023; Pandit et al., 2025). Los rangos óptimos de nitrógeno (120–180 kg ha⁻¹) maximizan el rendimiento, mientras que dosis más altas reducen la productividad (Pandit et al., 2025). En este estudio, la reducción del aporte de fertilizante resultó en una pérdida mínima de rendimiento (~5%), lo que indica una compensación efectiva mediante la actividad microbiana.

6.7 RESPIRACIÓN DEL SUELO Y ACTIVIDAD MICROBIANA

El flujo de CO₂ del suelo aumentó con la inoculación, superando los 2.5 ± 0.01 μmol CO₂ m⁻² s⁻¹ frente a los ~2 μmol de los controles (Figura 9). Los tratamientos C3 y C4 presentaron los flujos más elevados. Ensayos independientes confirmaron que *P. megaterium* contribuía en mayor medida que *E. cloacae* a la respiración (Figura 23), lo que indica un metabolismo microbiano activo.

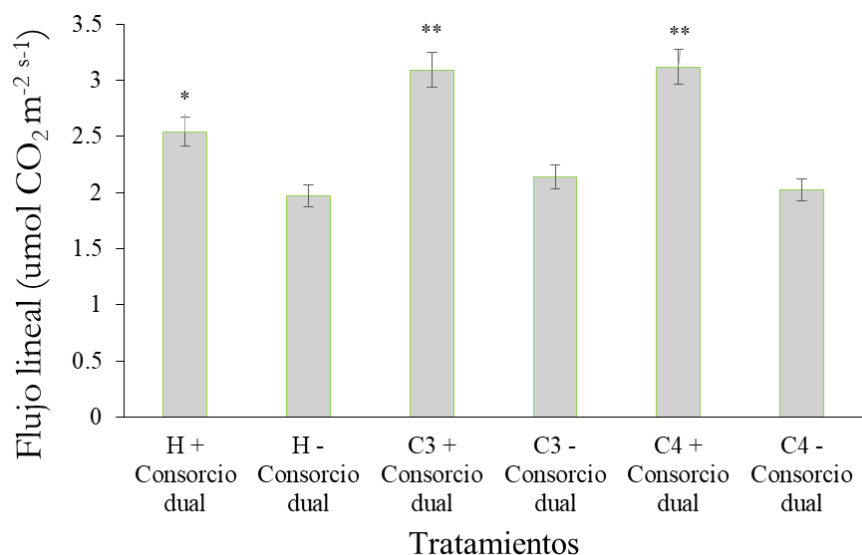


Figura 23. Flujos lineales de CO₂ en los tratamientos establecidos en el maíz.

El flujo promedio ($\sim 3,06 \mu\text{mol}$) coincidió con las observaciones de campo, confirmando el establecimiento y la actividad microbiana. El incremento en la respiración del suelo refleja una intensificación de los procesos microbianos y una mejora en la dinámica del carbono del suelo. Se han reportado tendencias comparables anteriormente bajo condiciones similares (Argentel-Martínez et al., 2025).

7. Consideraciones finales

El uso de microorganismos promotores del desarrollo, aplicados de forma correcta permite incrementar el desempeño y rendimiento del cultivo del maíz. Esto se demuestra con los hallazgos encontrados en el estudio realizado durante tres ciclos de cultivo donde el consorcio bacteriano dual (*P. megaterium* + *E. cloacae*) mantuvo una emergencia completa y modificaron el desempeño de las plantas tras el establecimiento, con efectos que se hicieron evidentes a partir del estadio V7. Su aplicación, mejoró la estabilidad temporal: la fotosíntesis, el contenido de clorofila y el NDVI se mantuvieron constantes desde V12 hasta el llenado de grano (FF), lo que retrasó la senescencia y prolongó eficazmente el periodo de llenado del grano.

La estabilidad fenológica sostenida refleja una mayor adquisición de nutrientes mediada por las raíces y una acelerada dinámica del nitrógeno, respaldadas por un mayor volumen radicular. Como resultado, las plantas mantuvieron su crecimiento y rendimiento con un aporte de nitrógeno reducido al 50 %.

Por tanto, los incrementos en el rendimiento no fueron consecuencia de un vigor inicial, sino de una funcionalidad prolongada del dosel durante las etapas reproductivas; así, la estabilidad del NDVI, la retención de clorofila y la capacidad fotosintética sostenida se identificaron como los principales factores funcionales de la productividad bajo un suministro reducido de nitrógeno. La respiración del suelo confirmó además una integración microbiana activa en la rizosfera, reforzando un sistema planta-microorganismo-suelo estrechamente acoplado que sustenta las mejoras observadas en el desempeño.

Las conclusiones aquí presentadas, sin embargo, se basan en un marco experimental integrado de tres años, lo que confiere al conjunto de datos una gran solidez temporal y reduce la probabilidad de sesgos específicos de un año concreto. Esta duración permitió identificar patrones consistentes en la respuesta de la planta, el desempeño microbiano y la actividad del suelo frente a la variabilidad ambiental, fortaleciendo así la fiabilidad de los resultados experimentales. Estos estudios continuarán en el ciclo de cultivo otoño-invierno de 2026-2027 para mayor precisión experimental.

Con vistas a poder describir con más verosimilitud la eficiencia en el uso del nitrógeno y la asignación de carbono será necesario el uso de técnicas de isótopos estables. Además será determinante determinar las dinámicas de colonización microbiana a lo largo de las distintas fenofases y evaluar la estabilidad de los consorcios en entornos y genotipos hospedadores contrastantes.

La implementación a mayor escala de estos sistemas de fertilización y riego deficitario controlado requerirá integrar estrategias de inoculación microbiana con una gestión precisa de nutrientes, a fin de compensar de manera fiable una fracción sustancial de los aportes de nitrógeno sintético en condiciones de campo.

Referencias bibliográficas

- Abubakar, S.A., Hamani, A.K.M., Chen, J., Traore, A., Abubakar, N.A., Usman Ibrahim, A., Duan, A., 2022. Optimized drip fertigation scheduling improves nitrogen productivity of winter wheat in the North China Plain. *J. Soil Sci. Plant Nutr.* <https://doi.org/10.1007/s42729-022-00859-z>
- Acharya, M., Chhetri, S., Acharya, P., Adhikari, R.K., 2025. Growth and yield response of spring maize to zinc and boron combined with NPK in Banke District, Nepal. *Agric. Dev. J.* <https://doi.org/10.3126/adj.v18i1.82088>
- Ahirwar, H., Kulhare, P., Mahajan, G., Prajapati, S.S., Singh, V., 2025. Effect of different organic and inorganic fertilizers on growth and yield parameters of maize (*Zea mays* L.). *J. Sci. Res. Rep.* 31(1), 362-371. <https://doi.org/10.9734/jsrr/2025/v31i12777>
- Ahkami, A.H., Allen White, R., Handakumbura, P.P., Jansson, C., 2017. Rhizosphere engineering: Enhancing sustainable plant ecosystem productivity. *Rhizosphere* 3, 233–243. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2017.04.012>
- Ahmad, A., Munir, A., Zafar, H., Zahoor, M.K., Hassan, S., Khan, S.H., 2024. Tracking footprints of CRISPR-based genome editing. In: *Global Regulatory Outlook for CRISPRized Plants*. Elsevier, pp 113-145. <https://doi.org/10.1016/B978-0-443-18444-4.00018-1>
- Ahmed, M., Ahmad, S., Kheir, A.M.S., 2023. Climate Change: An Overview. *Global Agricultural Production: Resilience to Climate Change*, Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-031-14973-3_9
- Ahmed, M., Ahmad, S., Kheir, A.M.S., 2023. Climate Change: An Overview. *Global Agricultural Production: Resilience to Climate Change*, Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-031-14973-3_9
- Ahmed, M., Ahmad, S., Kheir, A.M.S., 2023. Climate Change: An Overview. *Global Agricultural Production: Resilience to Climate Change*, Springer.
- Alabbosh, K. F., & Alenazi, R., 2026. Exogenous Abscissic Acid (ABA) Enhanced Drought Tolerance by Regulating Morpho-Physiological Attributes, Osmotic Adjustments, Antioxidants, and ABA-Related Genes in Tomato. *Journal of Plant Growth Regulation*, 45(1), 741-751. <https://doi.org/10.1007/s00344-025-11902-5>
- Allakonon, M.G.B., Akponikpè, P.I., 2022. Relationship of maize yield to climatic and environmental factors under deficit irrigation: a quantitative review. *Int. J. Agron.* <https://doi.org/10.1155/2022/2408439>
- Alonso-Sánchez, H., Tadeo-Robledo, M., Espinosa-Calderón, A., Zamudio-González, B., Zaragoza-Esparza, J., López-López, C., 2022. Water and agronomic evaluation of maize hybrids in response

to different environments and nitrogen doses. Agrociencia.
<https://doi.org/10.47163/agrociencia.v56i1.2698>

- Aman Mohammadi, M., Maximiano, M.R., Hosseini, S.M., Franco, O.L., 2023. CRISPR-Cas engineering in food science and sustainable agriculture: recent advancements and applications. *Bioprocess Biosyst. Eng.* 46, 483–497. <https://doi.org/10.1007/s00449-022-02842-5>
- Amin, M., Zamani, A. J., Salari, H., Rashidi, M. K., & Faizi, Z., 2026. Impact of Absciscic Acid on Horticultural Crops Senescence: A Review. *International Journal of Agronomy*, 2026(1), 6020263. <https://doi.org/10.1155/ioa/6020263>
- Argentel-Martínez, L., Peñuelas-Rubio, O., González-Hernández, J. A., Arias-Moscoso, J. L., Leyva-Ponce, J. A., Pérez-López, L., & García-Uriás, J. C., 2024. Uso de extractos hidroalcohólicos de palo verde para el biocontrol del gusano cogollero en el cultivo de maíz. *Temas de Ciencia y Tecnología*, 28(82), 45-52.
- Argentel-Martínez, L., Peñuelas-Rubio, O., López, L.P., et al., 2025. Enhancement of growth and physiological performance in maize hybrids through a dual consortia of native rhizobacterial strains. *Plant Growth Regul.* <https://doi.org/10.1007/s10725-025-01354-y>
- Argentel-Martínez, L., Peñuelas-Rubio, O., Pérez-López, L., Aguilera, J.G., Steiner, F., Zuffo, A.M., Ratke, R.F., 2024. Assessing salinity, drought and high temperature stress in maize and wheat varieties: theoretical combination as multifactorial stress. *J. Agron. Crop Sci.* 210(2), e70001. <https://doi.org/10.1111/jac.70001>
- Argentel-Martínez, L., Peñuelas-Rubio, O., Aguilera, J. G., & Garatuza-Payán, J., 2023. Dinámica del desarrollo foliar de *Parkinsonia aculeata* L., Sp. Pl. ante altas temperaturas, la sequía y la salinidad del semidesierto de Sonora. *Ciência Florestal*, 33(3), e70584. <https://doi.org/10.5902/1980509870584>
- Arora, NK, 2018. Agricultural sustainability and food security. *Environ Sustain* 1(3):217–219. <https://doi.org/10.1007/s42398-018-00032-2>
- Azizoglu, U., Martínez, L. A., Peñuelas-Rubio, O., López, L. P., Aguilera, J. G., Steiner, F., ... & Shin, J. H. (2026). Native Plant Growth-Promoting Microorganisms (PGPMs) Inoculation Improves Phenological Stability and Productivity in Maize Hybrids. *Journal of Plant Growth Regulation*, 45(3), 1949-1961. <https://doi.org/10.1007/s00344-025-11985-0>
- Azizoglu, U., Yilmaz, N., Simsek, O., Ibal, J.C., Tagele, S.B., Shin, J.H., 2021. The fate of plant growth-promoting rhizobacteria in soilless agriculture: future perspectives. *3 Biotech* 11, 1–13. <https://doi.org/10.1007/s13205-021-02941-2>
- Bartoszewicz, J.M., Seidel, A., Rentzsch, R., Renard, B.Y., 2020. DeePaC: Predicting pathogenic potential of novel DNA with reverse-complement neural networks. *Bioinformatics* 36, 81–89. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz541>

- Bernard, G., Pathmanathan, J.S., Lannes, R., Lopez, P., Bapteste, E., 2018. Microbial darkmatter investigations: How microbial studies transform biological knowledge and empirically sketch a logic of scientific discovery. *Genome Biol. Evol.* 10, 707–715. <https://doi.org/10.1093/gbe/evy031>
- Bharti N, Pandey SS, Barnawal D et al., 2016. Plant growth promoting rhizobacteria *Dietzia natronolimnaea* modulates the expression of stress responsive genes providing protection of wheat from salinity stress. *Sci Rep* 6:1–16. <https://doi.org/10.1038/srep34768>
- Bokhari, A., Essack, M., Lafi, F.F., Andres-Barrao, C., Jalal, R., Alamoudi, S., Razali, R., Alzubaidy, H., Shah, K.H., Siddique, S., Bajic, V.B., Hirt, H., Saad, M.M., 2019. Bioprospecting desert plant *Bacillus* endophytic strains for their potential to enhance plant stress tolerance. *Sci. Rep.* 9, 1–13. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54685-y>
- Bollen, Y., Post, J., Koo, B.K., Snippert, H.J.G., 2018. How to create state-of-the-art genetic model systems: Strategies for optimal CRISPR-mediated genome editing. *Nucleic Acids Res.* 46, 6435–6454. <https://doi.org/10.1093/nar/gky571>
- Cagnola, J.I., Rotili, D.H., Otegui, M.E., Casal, J.J., 2025. Fifty years of breeding to improve yield: how maize stands up to climate change. *Philos. Trans. R. Soc. B.* 380, 20240250. <https://doi.org/10.1098/rstb.2024.0250>
- Cai, C., Xiao, J., Ci, X., Conran, J.G., Li, J., 2021. Genetic diversity of *Horsfieldia tetratepala* (Myristicaceae), an endangered Plant Species with Extremely Small Populations to China: implications for its conservation. *Plant Syst. Evol.* 307, 1–12. <https://doi.org/10.1007/s00606-021-01774-z>
- Cao, Y., Fanning, S., Proos, S., Jordan, K., Shabarinath, S., 2017. A review on the applications of next generation sequencing technologies as applied to food-related microbiome studies. *Front. Microbiol.* 8, 1829. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01829>
- Cruz-González, A., Arteaga-Ramírez, R., Sánchez-Cohen, I., Soria-Ruiz, J., Monterroso-Rivas, A.I., 2024. Impactos del cambio climático en la producción de maíz en México. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 15(1), 45–58. <https://doi.org/10.29312/remexca.v15i1.3327>
- De la Vega-Camarillo, E., Sotelo-Aguilar, J., Rios-Galicia, B., Mercado-Flores, Y., Arteaga-Garibay, R., Villa-Tanaca, L., Hernández-Rodríguez, C., 2023. Promotion of the growth and yield of *Zea mays* by synthetic microbial communities from Jala maize. *Front. Microbiol.* 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1167839>
- de Souza, R.S.C., Armanhi, J.S.L., Arruda, P., 2020. From Microbiome to Traits: Designing Synthetic Microbial Communities for Improved Crop Resiliency. *Front. Plant Sci.* 11, 1–7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01179>
- Deribe, H., 2025. Review on effects of drought stress on maize growth, yield and its management strategies. *Commun. Soil Sci. Plant Anal.* 56(1), 123–143. <https://doi.org/10.1080/00103624.2024.2404663>

- Erdoğan, İ., Cevher-Keskin, B., Bilir, Ö., Hong, Y., Tör, M., 2023. Recent Developments in CRISPR/Cas9 Genome-Editing Technology Related to Plant Disease Resistance and Abiotic Stress Tolerance. *Biology (Basel)*. 12. <https://doi.org/10.3390/biology12071037>
- Eş, I., Gavahian, M., Marti-Quijal, F.J., Lorenzo, J.M., Mousavi Khaneghah, A., Tsatsanis, C., Kampranis, S.C., Barba, F.J., 2019. The application of the CRISPR-Cas9 genome editing machinery in food and agricultural science: Current status, future perspectives, and associated challenges. *Biotechnol. Adv.* 37, 410–421. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2019.02.006>
- Escalante-Beltrán, A., Morales-Sandoval, P.H., González-Astorga, C.B., et al., 2025. Genomic insights and plant growth-promoting characterization of *Priestia megaterium* strain 53B2. *Plants*. 14(13), 2081. <https://doi.org/10.3390/plants14132081>
- Escalante-Beltrán, A., Morales-Sandoval, P.H., González-Astorga, C.B., et al., 2025. Genomic insights and plant growth-promoting characterization of *Priestia megaterium* strain 53B2. *Plants*. 14(13), 2081. <https://doi.org/10.3390/plants14132081>
- Esmael, Q., Jacquard, C., Sanchez, L., Clément, C., Ait Barka, E., 2020. The mode of action of plant associated Burkholderia against grey mould disease in grapevine revealed through traits and genomic analyses. *Sci. Rep.* 10, 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76483-7>
- Etesami, H., & Glick, B. R., 2024. Bacterial indole-3-acetic acid: A key regulator for plant growth, plant-microbe interactions, and agricultural adaptive resilience. *Microbiological Research*, 281, 127602. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127602>
- Evarte-Bundere, G., Evarts-Bunders, P., 2012. Using the hydrothermal coefficient (HTC) for interpretation of distribution of non-native tree species in Latvia. *Acta Biol. Univ. Daugavp.* 12(2), 125-134.
- FAO, IFAD, UNICEF, WFP, WHO, 2022. The State of Food Security and Nutrition in the World 2022. Repurposing food and agricultural policies to make healthy diets more affordable., Rome, FAO. <https://doi.org/https://doi.org/10.4060/cc0639en>
- Fisher, R.A., 1935. The Design of Experiments. Oliver and Boyd, Edinburgh.
- Flores-Núñez, V., Camarena-Pozos, D., Chávez-González, D., Hernández-Melgar, A., Moreno-Ulloa, A., Partida-Martínez, L., 2022. Microbiome-inspired phyllospheric synthetic communities increase microbial diversity and productivity of eld-grown plants of *Agave tequilana*.
- Flynn, N.E., Comas, L.H., Stewart, C.E., Fonte, S.J., 2023. High N availability decreases N uptake and yield under limited water availability in maize. *Sci Rep* 13, 14269. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-40459-0>
- Gedam, P. A., Bhandari, S. G., Bhagat, K. P., Wayal, S. M., Landage, K., Salunkhe, V. N., ... & Gawande, S. J., 2026. Alleviating Drought Stress in *Allium cepa* Using Beneficial Microbes: A Physiological

- and Biochemical Perspective. *Journal of Experimental Horticulture*, 100007. <https://doi.org/10.1016/j.jxh.2026.100007>
- Gómez-Godínez, L.J., Aguirre-Noyola, J.L., Martínez-Romero, E., Arteaga-Garibay, R.I., Ireta-Moreno, J., Ruvalcaba-Gómez, J.M., 2023. A Look at Plant-Growth-Promoting Bacteria. *Plants* 12. <https://doi.org/10.3390/plants12081668>
- Gosset, E. 1917. Another differences calculus based on standard deviation and confidence interval. *Stat. Ref.* 26, 66-72.
- Gujjar, R. S., Worakan, P., Chuekong, W., Sankhuan, D., Chanapanchai, S., Roytrakul, S., & Supaibulwatana, K., 2025. Rice proteome revealed antagonistic interactions between signaling components of cytokinin and ABA phytohormones during drought stress. *Journal of Proteomics*, 320, 105489. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2025.105489>
- Hakim, S., Naqqash, T., Nawaz, M.S., Laraib, I., Siddique, M.J., Zia, R., Mirza, M.S., Imran, A., 2021. Rhizosphere Engineering With Plant Growth-Promoting Microorganisms for Agriculture and Ecological Sustainability. *Front. Sustain. Food Syst.* 5, 1–23. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.617157>
- Hakim, S., Naqqash, T., Nawaz, M.S., Laraib, I., Siddique, M.J., Zia, R., Mirza, M.S., Imran, A., 2021. Rhizosphere Engineering With Plant Growth-Promoting Microorganisms for Agriculture and Ecological Sustainability. *Front. Sustain. Food Syst.* 5, 1–23. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.617157>
- Haldar, S., Sengupta, S., 2023. An Overview of the Multifaceted Role of Plant Growth-Promoting Microorganisms and Endophytes in Sustainable Agriculture: Developments and Prospects. In: Mathur, P., Kapoor, R., Roy, S. (eds) *Microbial Symbionts and Plant Health: Trends and Applications for Changing Climate. Rhizosphere Biology*. Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-99-0030-5_8
- Hernández, E. d. l. C., Andueza-Noh, R. H., Latournerie-Moreno, L., Ruiz-Sanchez, E., Gordillo Ruiz, M. C., Pérez, G. R. 2025. Diversity and genetic structure of maize landraces cultivated in the zoque region from Chiapas, Mexico. *Diversity*, 17(3), 159. <https://doi.org/10.3390/d17030159>
- Hernández-Tello, J., Pontoni, A.C., Arteaga-Martínez, B., 2025. La integral definida desde el conocimiento especializado del docente de matemáticas. *Rev. Chil. Educ. Matem.* 17(2), 175-189. <https://doi.org/10.46219/rechiem.v17i2.175>
- Hille, F., Charpentier, E., 2016. CRISPR-cas: Biology, mechanisms and relevance. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 371. <https://doi.org/10.1098/rstb.2015.0496>
- <https://doi.org/10.1080/00103624.2024.2404663>
- Inamullah, N.R., Shah, N.H., Arif, M., Siddiq, M., Mian, I.A., 2011. Correlations among grain yield and yield attributes in maize hybrids at various nitrogen levels. *Sarhad J. Agric.* 27(4), 531-538.

- Jamsheed, B., Bhat, T.A., Saad, A.A., et al., 2023. Estimation of yield, phenology and agro-meteorological indices of quality protein maize under nutrient omissions. *J. King Saud Univ. Sci.* 35, 102808. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2023.102808>
- Javed, M.R., Sadaf, M., Ahmed, T., Jamil, A., Nawaz, M., Abbas, H., Ijaz, A., 2018. CRISPR-Cas System: History and Prospects as a Genome Editing Tool in Microorganisms. *Curr. Microbiol.* 75, 1675–1683. <https://doi.org/10.1007/s00284-018-1547-4>
- Ke, J., Wang, B., Yoshikuni, Y., 2021. Microbiome Engineering: Synthetic Biology of Plant-Associated Microbiomes in Sustainable Agriculture. *Trends Biotechnol.* 39, 244–261. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2020.07.008>
- Khalil, M.M.R., Félix-Gastélum, R., Peñuelas-Rubio, O., Argente-Martínez, L., Maldonado-Mendoza, I.E., 2022. Rhizospheric bacteria preventing Fusarium wilt. *Can. J. Plant Pathol.* 44(6), 836–848. <https://doi.org/10.1080/07060661.2022.2087104>
- Kumar, D., Suhag, M., Malik, D., 2026. From soil stress to sustainable solutions: A bibliometric and systematic review of plant growth promoting rhizobacteria in climate-resilient agriculture. *Eur. J. Agron.* 172, 127972. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2025.127972>
- Kumar, S., Diksha, Sindhu, S.S., Kumar, R., 2022. Biofertilizers: An ecofriendly technology for nutrient recycling and environmental sustainability. *Curr. Res. Microb. Sci.* 3, 100094. <https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2021.100094>
- Lagzian, A., Riseh, R.S., Sarikhan, S., Ghorbani, A., Khodaygan, P., Borriss, R., Guzzi, P.H., Veltri, P., 2023. Genome mining conformance to metabolite profile of *Bacillus* strains to control potato pathogens. *Sci. Rep.* 13, 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-46672-1>
- Le Mire, G., Nguyen, M.L., Fassotte, B., Jardin, P. du, Verheggen, F., Delaplace, P., Jijakli, M.H., 2016. Review: implementing plant biostimulants and biocontrol strategies in the agroecological management of cultivated ecosystems. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 20, 299–313. <https://doi.org/10.25518/1780-4507.12717>
- Liu, Y., Li, H., Zhang, Z., Li, W., & Zhao, Y., 2026. The ABF-MAX3/4 regulatory nodes repress Arabidopsis shoot branching under drought. *The Plant Journal*, 126(4), e70935. <https://doi.org/10.1111/tpj.70935>
- López H, N. A., Martínez, A. R., Halecki, W., Trucíos C, R., & Rodríguez, V. M. 2025. An assessment of the impact of climate change on maize production in northern Mexico. *Atmosphere*, 16(4), 455. <https://doi.org/10.3390/atmos16040455>
- Luque-Agraz, D., Flores-Cuamea, M.A., Kachadourian-Marras, A., et al., 2025. Water as central theme in Sonora biocultural corridor. *Water*. 17(15), 2227. <https://doi.org/10.3390/w17152227>

- Ma, S., Li, D., Yang, Z., Tang, T., Zhang, Z., Chen, D., & Du, C. (2026). Regulation of alternative splicing in the ABA signaling pathway of plants. *New Phytologist*, 250(1), 115-124. <https://doi.org/10.1111/nph.70846>
- Makris A, Daloglu B, Gutjahr C, Ried-Lasi MK, 2026. Absciscic acid at the crossroad of abiotic stress responses and plant-microbe interactions. *PLoS Pathog* 22(1): e1013872. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1013872>
- Martínez-Villegas, N., 2007. Soil classification systems in Mexico. *Terra Latinoamericana*. 25 (4): 357-362.
- Nidhi, S., Anand, U., Oleksak, P., Tripathi, P., Lal, J.A., Thomas, G., Kuca, K., Tripathi, V., 2021. Novel crispr-cas systems: An updated review of the current achievements, applications, and future research perspectives. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 1–42.
- Nidhi, S., Anand, U., Oleksak, P., Tripathi, P., Lal, J.A., Thomas, G., Kuca, K., Tripathi, V., 2021. Novel crispr-cas systems: An updated review of the current achievements, applications, and future research perspectives. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 1–42.
- Nigam, B., Rathore, D., & Chaudhary, I. J., 2026. Protective role of PGPB, SA, and ABA on progeny of soybean (*Glycine max* L.) cultivars obtained from parental experiment under salinity stress. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 1-26. <https://doi.org/10.1007/s12892-026-00372-0>
- Pandit, N. R., Adhikari, S., Vista, S. P., Choudhary, D. 2025. Nitrogen management utilizing 4R nutrient stewardship: A sustainable strategy for enhancing NUE, reducing maize yield gap and increasing farm profitability. *Nitrogen*, 6(1), 7. <https://doi.org/10.3390/nitrogen6010007>
- Parmar, V., Datt, N., Katoch, R., 2023. Chapter-7 Rhizosphere: Role and Importance for Soil Health Management, in: *Recent Trends in Agriculture* (Volume - 8). p. 105. <https://doi.org/10.22271/int.book.302>
- Peñuelas-Rubio, O., Argenteal-Martínez, L., Herrera-Sepúlveda, A. et al. 2024. Rhizobacteria associated with *Parkinsonia aculeata* L. under semi desertic drought and saline conditions. *Biologia* 79, 2591–2603 <https://doi.org/10.1007/s11756-024-01731-4>
- Phan, T., Fay, E.J., Lee, Z., Aron, S., Hu, W., Langlois, R.A., 2021. Segment-specific kinetics of mRNA, cRNA, and vRNA accumulation during influenza virus infection. *J. Virol.* 95, 1–14.
- Pradhan, S., Tyagi, R., Sharma, S., 2022. Combating biotic stresses in plants by synthetic microbial communities: Principles, applications and challenges. *J. Appl. Microbiol.* 133, 2742–2759. <https://doi.org/10.1111/jam.15799>
- Prigigallo, M.I., Gómez-Lama Cabanás, C., Mercado-Blanco, J., Bubici, G., 2022. Designing a synthetic microbial community devoted to biological control: The case study of Fusarium wilt of banana. *Front. Microbiol.* 13, 1–22. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.967885>

- Regassa, A., Ali, A., Taye, G. 2023. Soil Classification. In: Beyene, S., Regassa, A., Mishra, B.B., Haile, M. (eds) The Soils of Ethiopia. World Soils Book Series. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-031-17012-6_5
- Saccone, D., Vallino, E. 2025. Global food security in a turbulent world: reviewing the impacts of the pandemic, the war and climate change. *Agric Econ* 13, 47 <https://doi.org/10.1186/s40100-025-00388-0>
- Saradadevi, G.P., Das, D., Mangrauthia, S.K., Mohapatra, S., Chikkaputtaiah, C., Roorkiwal, M., Solanki, M., Sundaram, R.M., Chirravuri, N.N., Sakhare, A.S., Kota, S., Varshney, R.K., Mohannath, G., 2021. Genetic, epigenetic, genomic and microbial approaches to enhance salt tolerance of plants: A comprehensive review. *Biology (Basel)*. 10. <https://doi.org/10.3390/biology10121255>
- Schad, P., 2023. Schad, P., 2023. World Reference Base for Soil Resources—Its fourth edition and its history. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* 186, 151–163. <https://doi.org/10.1002/jpln.202200417>
- Scharf, P.C., Kitchen, N.R., Sudduth, K.A., Lory, J.A., Stevens, W.G., Oliveira, L.F., Shannon, D.K., Palm, H.L., Davis, J.G., Vories, E., Dunn, D.J., Jones, A.P., Gilkes, R.J., Prakongkep, N. 2010. Precision nitrogen fertilizer management of maize and cotton using crop sensors. 19th World Congress of Soil Science, Soil Solutions for a Changing World 1–6 August 2010, Brisbane, Australia. Published on DVD
- Shah, S., Chand, K., Rekadwad, B., Shouche, Y. S., Sharma, J., & Pant, B., 2021. A prospectus of plant growth promoting endophytic bacterium from orchid (*Vanda cristata*). *BMC Biotechnology*, 21(1), 16. <https://doi.org/10.1186/s12896-021-00676-9>
- Shayanthan, A., Ordoñez, P.A.C., Oresnik, I.J., 2022. The Role of Synthetic Microbial Communities (SynCom) in Sustainable Agriculture. *Front. Agron.* 4, 1–13. <https://doi.org/10.3389/fagro.2022.896307>
- Srikanth, P., Maxton, A., Masih, S. A., Sofo, A., & Khan, N. A., 2024. Isoprene: an antioxidant to guard plants against stress. *International Journal of Plant Biology*, 15(1), 161-174. <https://doi.org/10.3390/ijpb15010013>
- Stout, E., Klaenhammer, T., Barrangou, R., 2017. CRISPR-Cas Technologies and Applications in Food Bacteria. *Annu. Rev. Food Sci. Technol.* 8, 413–437. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-072816-024723>
- Sumbul, A., Ansari, R.A., Rizvi, R., Mahmood, I., 2020. Azotobacter: A potential bio-fertilizer for soil and plant health management. *Saudi J. Biol. Sci.* 27, 3634–3640. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.08.004>
- Tadele, H., Feyisa, T., Tsegaye, L., Musie, S. 2025. Integrated nutrient management for maize phenology and growth performance: Biochar, vermicompost, and N-P nutrients in northwestern Ethiopia. *Agrosyst. Geosci. Environ.* 8, e70158. <https://doi.org/10.1002/agg2.70158>

- Tamás A, Kovács E, Horváth É, Juhász C, Radócz L, Rátónyi T, Ragán P. 2023. Assessment of NDVI dynamics of maize (*Zea mays* L.) and its relation to grain yield in a polyfactorial experiment based on remote sensing. *Agriculture*, 13(3):689. <https://doi.org/10.3390/agriculture13030689>
- Tao, J., Bauer, D.E., Chiarle, R., 2023. Assessing and advancing the safety of CRISPR-Cas tools: from DNA to RNA editing. *Nat. Commun.* 14. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-35886-6>
- Tukey, J.W. 1960. A Survey of Sampling from Contaminated Distributions. In: Oklin, I., Ed., *Contributions to Probability and Statistics*, Stanford University Press, Redwood City, CA.
- Valencia, P.F., 2023. Efficiency of drip irrigation in maize under low temperature conditions. *J. Agric. Sci. Res.* 3(1), 1-12.
- Venancio, L. P., Filgueiras, R., Cunha, F. F. da, Silva, F. C. dos S., Santos, R. A. dos, Mantovani, E. C. 2020. Mapping of corn phenological stages using NDVI from OLI and MODIS sensors. *Semina: Ciências Agrárias*, 41(5), 1517–1534. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2020v41n5p1517>
- Verhulst, N., Govaerts, B. 2010. The normalized difference vegetation index (NDVI) GreenSeeker™ handheld sensor: Toward the integrated evaluation of crop management. Part A: Concepts and case studies. Mexico, D.F.; CIMMYT.
- Wang, Q., Liu, J., Janssen, J.M., Gonçalves, M.A.F.V., 2023. Precise homology-directed installation of large genomic edits in human cells with cleaving and nicking high-specificity Cas9 variants. *Nucleic Acids Res.* 51, 3465–3484. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad165>
- Westra, E.R., Swarts, D.C., Staals, R.H.J., Jore, M.M., Brouns, S.J.J., Van Der Oost, J., 2012. The CRISPRs, they are A-Changin': How prokaryotes generate adaptive immunity. *Annu. Rev. Genet.* 46, 311–339. <https://doi.org/10.1146/annurev-genet-110711-155447>
- Wilder, B.T., Hultine, K.R., Dorshow, W.B., Vanderplank, S.E., López, B.R., Medel-Narváez, A., Marvan, M., Kindl, K., Musgrave, A., Macfarlan, S. and Ezcurra, E. 2025. Plant Responses to Anomalous Heat and Drought Events in the Sonoran Desert. *Glob Change Biol*, 31: e70217. <https://doi.org/10.1111/gcb.70217>
- Yaish, M. W., & Halo, B. A., 2026. Plant growth-promoting microbes as effective agents in promoting abiotic stress tolerance of crops. In *Soil Microorganisms for Plant Growth Promotion and Soil Health* (pp. 557-584). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/C2024-0-01097-1>
- Yi, Y, de Jong, A, Frenzel, E, Kuipers, OP, 2017. Comparative transcriptomics of *Bacillus mycoides* root exudates reveals different genetic adaptation of endophytic and soil isolates. *Front Microbiol* 8:1–14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01487>
- Zaman, Q.U., Raza, A., Lozano-Juste, J., Chao, L., Jones, M.G.K., Wang, H.F., Varshney, R.K., 2023. Engineering plants using diverse CRISPR-associated proteins and deregulation of genome-edited crops. *Trends Biotechnol.* 1–15. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2023.10.007>

- Zhan, X., Zhang, F., Zhong, Z., Chen, R., Wang, Y., Chang, L., Bock, R., Nie, B., Zhang, J., 2019. Generation of virus-resistant potato plants by RNA genome targeting. *Plant Biotechnol. J.* 17, 1814–1822. <https://doi.org/10.1111/pbi.13102>
- Zhang, J., Zhang, P., Dodds, P., Lagudah, E., 2020. How Target-Sequence Enrichment and Sequencing (TESeq) Pipelines Have Catalyzed Resistance Gene Cloning in the Wheat-Rust Pathosystem. *Front. Plant Sci.* 11, 1–13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00678>
- Zhang, Liu, H., Wu, X., Wang, W., 2020. Identification of drought tolerant mechanisms in a drought-tolerant maize mutant based on physiological, biochemical and transcriptomic analyses. *BMC Plant Biol.* 20, 1–14. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02526-w>

Índice

	A		H
Aprovechamiento, 4		Hipopótamo, 26, 33, 35, 36	
Avances, 19			N
	B		NDVI, 5, 11, 31, 32, 34, 39, 40
Biomasa, 41			P
	C		P. aculeata, 9, 10
Consorcio dual, 26, 27, 36, 37, 41			P. megaterium, 5, 10, 26, 27, 36, 37, 41
	E		PGPR, 4, 10, 14, 15, 16, 17, 19, 20, 26, 36, 37
E.cloacae, 10			R
	F		Rendimiento, 41
Fenología, 37			Respiración, 41

Autores



ID Dr. Leandris ArgenteL-Martínez

Profesor Titular “C” del Tecnológico Nacional de México, Campus Valle del Yaqui (ITVY). Miembro del Sistema Nacional de investigadoras e Investigadores del SECIHTI, Nivel II. Profesor Perfil Deseable (PRODEP) de la Secretaría de Educación Pública de México, Líder del Cuerpo Académico consolidado ITVAYA-CA-3. Y de la Red Internacional BioSecuraNet. Líneas de investigación: Fisiología Vegetal, Bioquímica, Biología Celular y Molecular en plantas y microorganismos. Email: oleinismora@gmail.com



ID Dra. Ofelda Peñuelas-Rubio

Profesora Titular “C” del Tecnológico Nacional de México, Campus Valle del Yaqui (ITVY). Miembro del Sistema Nacional de investigadoras e Investigadores del SECIHTI, Nivel I. Profesora con Perfil Deseable (PRODEP) de la Secretaría de Educación Pública de México, miembro del Cuerpo Académico consolidado ITVAYA-CA-3. México. Miembro de la Red internacional BioSecuraNet. Realizó dos estancias posdoctorales (Enero 2016 - Diciembre 2017) en el Instituto Politécnico Nacional en el área de Ecología Molecular de la Rizósfera. Email para contacto: openuelas.rubio@itvy.edu.mx



ID Dr. Lorenzo Pérez-López

Profesor Titular “C” del Tecnológico Nacional de México, Campus Valle del Yaqui (ITVY). Miembro del Sistema Nacional de investigadoras e Investigadores del SECIHTI, Nivel Candidato. Profesor con Perfil Deseable (PRODEP) de la Secretaría de Educación Pública de México. Colaborador del Cuerpo Académico Consolidado ITVAYA-CA-3. México. Miembro de la Red internacional BioSecuraNet. Email para contacto: lperez.lopez@itvy.edu.mx



ID Dr. Francisco Cervantes-Ortiz

Profesor Titular “C” del Tecnológico Nacional de México, Campus Roque, Celaya Guanajuato (ITROQUE). Miembro del Sistema Nacional de investigadoras e Investigadores del SECIHTI, Nivel I. Profesor con Perfil Deseable (PRODEP) de la Secretaría de Educación Pública de México. Colaborador del Cuerpo Académico Consolidado ITVAYA-CA-3. México. Miembro de la Red internacional BioSecuraNet. Experto en mejoramiento genético del maíz. Email para contacto: francisco.co@roque.tecnm.mx



9786585756860

Pantanal Editora

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000

Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil

Telefone (66) 9608-6133 (Whatsapp)

<https://www.editorapantanal.com.br>

contato@editorapantanal.com.br