



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO EN LA RIZOSFERA E INTERRIZOSFERA DEL NODRIZAJE ENTRE *Prosopis laevigata* Y *Mammillaria compressa*

ORLANDO PUEBLA HERNÁNDEZ

T E S I S
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

2015

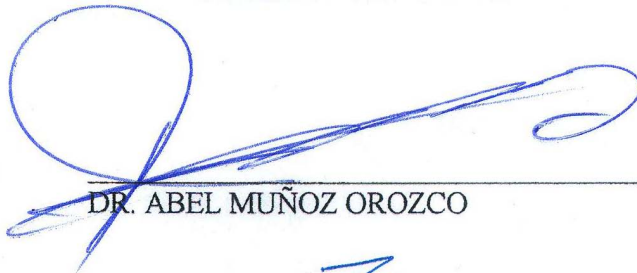
La presente tesis titulada: **Estudio microbiológico en la rizosfera e interrzosfera del nodrizaje entre *Prosopis laevigata* Y *Mammillaria compressa***, realizada por el alumno: **Orlando Puebla Hernández**, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS

RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GENÉTICA

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO



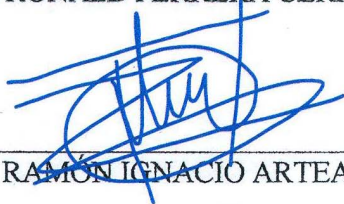
DR. ABEL MUÑOZ OROZCO

DIRECTOR



DR. RONALD FERRERA CERRATO

ASESOR



DR. RAMON IGNACIO ARTEAGA GARIBAY

ASESOR



DR. ALEJANDRO ALARCÓN

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Septiembre de 2015

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO EN LA RIZOSFERA E INTERRIZOSFERA DEL NODRIZAJE ENTRE *Prosopis laevigata* Y *Mammillaria compressa*

Orlando Puebla Hernández, M.C.
Colegio de Postgraduados, 2015

RESUMEN

El nodrizaje es una estrategia adaptativa de algunas plantas en zonas áridas y semiáridas, como sucede entre *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*. Bajo el dosel de la planta nodriza se crean islas de fertilidad que albergan microorganismos benéficos en la rizosfera y en la interrzosfera (nodrizaje) de ambas plantas, sin embargo, poco se sabe acerca de las comunidades microbianas en el fenómeno del nodrizaje. Por ello se evaluaron tres grupos bacterianos; bacterias totales cultivables, bacterias potenciales de vida libre fijadoras de nitrógeno y actinobacterias, así como la colonización y número de esporas de hongos micorrízicos arbusculares (HMA), presentes en la rizosfera de *P. laevigata* y *M. compressa*, y en su interrzosfera, en comparación con el suelo a distancia. Los grupos bacterianos fueron cuantificados, aislados e identificados molecularmente usando el 16S rDNA. *Mammillaria compressa* mostró mayor relación de nodricismo con *P. laevigata*, y además con *Jatropha dioica* y *Larrea tridentata*. La comunidad de bacterias fue mayor en la rizosfera e interrzosfera de ambas plantas en comparación con el suelo a distancia. El análisis molecular reveló mayor abundancia y diversidad de bacterias en la rizosfera de las plantas con respecto al suelo a distancia; *Bacillus atrophaeus* fue más abundante, mientras que el género *Streptomyces* mostró mayor diversidad de especies. La colonización por HMA fue mayor en *Prosopis* (58.7%) y en *Mammillaria* (52.5%) en comparación con las raíces de la interrzosfera, pero el mayor número de esporas se cuantificó en la interrzosfera.

Palabras clave: Nodrizaje, islas de fertilidad, *Bacillus*, *Streptomyces*

RHIZOSPHERE MICROORGANISMS IN *Prosopis laevigata* AND *Mammillaria compressa* AND IN THEIR NURSE RELATIONSHIP AT AN ARID ZONE OF MEXICO

Orlando Puebla Hernández, M.C.
Colegio de Postgraduados, 2015

ABSTRACT

Plant nursering is an adaptive strategy of certain plants species at arid or semiarid regions, as account between *Prosopis laevigata* and *Mammillaria compressa*. Under the canopy of nurse plants, fertility islands are created in which beneficial microorganisms inhabit the rhizosphere and the inter-rhizosphere (nurse phenomenon) of both plants; however, little is known about the microbial communities in this phenomenon. Thus, this study evaluated the population of culturable nitrogen fixing free-living bacteria, total heterotrophic bacteria, and actinobacteria, as well as the colonization and the number of spores of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF), present in the rhizosphere and in the inter-rhizosphere of *P. laevigata* and *M. compressa*, and compared to distant soil. Bacterial strains were quantified, isolated, and molecularly identified (16S rDNA gen). *Mammillaria compressa* showed high nurse relationship not only with *P. laevigata* but also with *Jatropha dioica* and *Larrea tridentata*. Bacterial community was higher in the rhizosphere and in the inter-rhizosphere when compared to distant soil. The molecular analysis indicated greater abundance and diversity in the plant rhizospheres than in distant soil. *Bacillus atrophaeus* was the most abundant species, but the genus *Streptomyces* showed high species diversity. Root AMF-colonization was high in both *Prosopis* (58.7%) and *Mammillaria* (52.5%) when compared to the inter-rhizosphere, but the highest number of AMF spores was found in the inter-rhizosphere.

Keywords: Plant nurse relationship, fertiliy islands, *Bacillus*, *Streptomyces*

DEDICATORIA

A mis padres: **Humberto Puebla Silva** y **María Mercedes Hernández García**.

Por haberme inculcado el amor y la pasión por la vida y la naturaleza, motivo que me ha inspirado a realizar esta investigación, mil palabras no bastarían para agradecer toda la fe que han depositado en mí, todo su amor, comprensión y apoyo incondicional para realizar este gran sueño.

A mi hermana **Fabiola**, y **Alejandro**.

Espero verlos siempre felices, ustedes han sido alegría
en mi vida.

A mis princesitas más amadas en la vida.

Mi hija **Constanza** y mi sobrina **Grecia**,

Las quiero mucho!!

A ti con amor...

AGRADECIMIENTOS

A los millones de mexicanos que a través del consejo de ciencia y tecnología (CONACYT) me otorgaron el financiamiento que hicieron posible mis estudios de postgrado.

A todos los miembros de mi Consejo Particular, por su disposición, apoyo y sugerencias a lo largo de mi investigación.

A todo el personal del laboratorio de Fijación de Nitrógeno, en especial a la maestra Cristina Heredia por sus consejos, paciencia y amistad a lo largo de esta investigación.

A la Dra. Hilda Victoria Silva Rojas por su valioso apoyo brindado para continuar con mis estudios de postgrado y por su colaboración en la realización de los análisis moleculares del presente trabajo.

CONTENIDO

	Página
1. INTRODUCCIÓN	1
2. REVISIÓN DE LITERATURA	4
2.1. Distribución global y clasificación de los desiertos	4
2.2. Causas y orígenes de la aridez	4
2.3. Suelo y flora de las zonas áridas y semiáridas de México	5
2.4. Desierto Chihuahuense	6
2.5. Desierto Chihuahuense: Vegetación de San Luis Potosí	8
2.6. Las leguminosas en las zonas áridas y semiáridas	11
2.7 Nodrizaje	14
2.8 Plantas nodrizas y su impacto como islas de fertilidad	15
2.9 La diversidad microbiana en las islas de fertilidad	16
2.1.2 Los HMA y su función en zonas áridas y semiáridas	19
3. DISCUSIÓN GENERAL DE REVISIÓN DE LITERATURA	22
4. JUSTIFICACION	23
5. OBJETIVOS	24
5.1 Objetivo general	24
5.2 Objetivos específicos	24
6. HIPÓTESIS	25
6.1 Hipótesis general	
6.2 Hipótesis específicas	25
7. MATERIALES Y MÉTODOS	26
7.1 Descripción del área de estudio	26
7.2 Metodología	28
7.3 Determinación del nodrizaje	28
7.4 Colecta de muestras de suelo de la rizosfera e interrzosfera de <i>P. laevigata</i> y <i>M. compressa</i> .	28
7.5 Análisis físicos y químicos del suelo	29
7.6 Cuantificación de bacterias cultivables	29
7.7 Análisis estadístico	30
7.8 Caracterización morfológica de las bacterias	31
7.9 Identificación de cepas bacterianas mediante técnicas moleculares	31
7.9.1 Extracción de DNA mediante el método CTAB 2%	31
7.9.2 Amplificación por PCR del 16S rDNA	32
7.9.3 Análisis filogenético mediante el 16 rDNA	33
7.9.4 Colonización micorrízica y número de esporas de HMA	33

8. RESULTADOS	34
8.1 Frecuencia de especies vegetales	34
8.2 Características físicas y químicas del suelo en el nodrizaje de <i>Prosopis laevigata</i> y <i>Mammillaria compesa</i>	37
8.3 Conteo de unidades formadoras de colonia (UFC)	38
8.4 Caracterización filogenética de bacterias aisladas	40
8.5 Colonización micorrizica y número de esporas de HMA	40
9. DISCUSIÓN	42
9.1 Sistema nodriza	42
9.2 Análisis físicos y químicos del suelo	45
9.3 Conteo e identificación UFC de bacterias y actinobacterias	48
9.4 Colonización micorrízica y número de esporas	52
10. CONCLUSIONES	57
11. LITERATURA CITADA	58
12. ANEXOS	72

ÍNDICE DE CUADROS

	Página
Cuadro 1. Diversidad de cactus en el continente americano	7
Cuadro 2. Géneros y especies vegetales en zonas áridas y semiáridas del estado de San Luis Potosí	9
Cuadro 3. Número y porcentaje de especies de cactáceas en los estados de la República Mexicana	10
Cuadro 4. Clasificación del Phylum Glomeromycota	18
Cuadro 5. Frecuencia de especies vegetales bajo el dosel de la planta nodriza, <i>P.laevigata</i>	35
Cuadro 6. Número de individuos de <i>Mammillaria compressa</i> bajo el dosel de otras plantas nodrizas identificadas en los sitios de muestreo (del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí	36
Cuadro 7. Características físicas del suelo en el nodrizaje de <i>P. laevigata</i> y <i>M. compressa</i> , recolectadas de los sitios de muestreo 1-4, predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí	38
Cuadro 8. Características químicas del suelo en el nodrizaje de <i>P. laevigata</i> y <i>M. compressa</i> , recolectadas de los sitios de muestreo 1-4, predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí	38
Cuadro 9. Porcentajes de colonización micorrizica, hongos endófitos septados oscuros (DSE), y número de esporas de hongos micorrízicos arbusculares.	41

ÍNDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Distribución geográfica de <i>Prosopis laevigata</i> y <i>P. juliflora</i>	13
Figura 2. Distribución geográfica de <i>Prosopis glandulosa</i> y <i>P.glandulosa</i> var. <i>torreyana</i>	13
Figura 3. Ubicación geográfica del municipio de Mexquitic de Carmona, y ubicación de los sitios muestreo (Números del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí.	27
Figura 4. Número de especies vegetales encontradas bajo el dosel de <i>Prosopis laevigata</i> en de los sitios de muestreo (del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí. Prueba de $X^2= 737.15$, $P=0.00$	36
Figura 5. Número de individuos de <i>Mammillaria compressa</i> bajo el dosel de plantas nodrizas encontradas en de los sitios de muestreo (del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí. Prueba de $X^2= 473.38$, $P=0.00$	37
Figura 6. Conteo de bacterias totales cultivables (Btot), bacterias potenciales de vida libre fijadoras de nitrógeno (BP-FN) y actinobacterias (ACMY). Prueba LSD $\alpha = 0.05$ Los resultados con la misma letra no presentan diferencias significativas.	39

1. INTRODUCCIÓN

Durante la época geológica del Eoceno prevaleció una intensa actividad orogénica, así como un constante aumento en la temperatura y bajas precipitaciones que trajo consigo un rápido calentamiento global, modificando así, la flora y fauna de la Tierra. La interacción de estos factores climáticos, tectónicos y bióticos dio origen a espacios abiertos conocidos como desiertos (Bobe, 2006).

Los desiertos están ampliamente distribuidos y ocupan casi dos cuartas partes del total de la superficie terrestre (Urbano, 2011). Estos ecosistemas están en constante crecimiento por procesos de desertificación como consecuencia de diversas actividades humanas; así más de 70% de los territorios continentales de Norteamérica presentan algún grado de desertificación (Reynolds *et al.*, 2003). De acuerdo a los índices de evapotranspiración, temperatura y radiación, los desiertos se han clasificado como hiperáridos o extremadamente áridos, áridos y semiáridos (Parsons & Abrahams, 2009).

En México, más de la mitad de su superficie está constituida por zonas áridas y semiáridas (González, 2012). Estos ambientes se caracterizan por presentar condiciones ambientales extremas, suelos desnudos y condiciones edáficas pobres en nutrientes y susceptibles a constantes cambios en sus propiedades físicas, químicas y biológicas (Drenovsky & Richards, 2005). Sin embargo, estos ecosistemas albergan una gran riqueza biológica que ha generado diversidad de formas de vida vegetal que se establece en poblaciones discontinuas alternado con parches vegetales que han desarrollado estrategias adaptativas únicas para sobrevivir, mediante procesos de facilitación a la presiones de selección de un ambiente extremo (Vega *et al.*, 2010). Una de estas estrategias adaptativas, se refiere al fenómeno de **nodrizaje** como consecuencia de la asociación mutualista entre

plantas arbustivas y arbóreas (principalmente leguminosas) llamadas plantas nodrizas, cuyo dosel crea condiciones bióticas y abióticas favorables para la sobrevivencia de otras especies vegetales (Padilla & Pugnaire, 2006).

Las plantas nodrizas juegan un papel primordial en zonas áridas y semiáridas al ser parte fundamental en la dinámica en la estructura de comunidades vegetales de estos ecosistemas, así como en la diversificación y conservación de las mismas (Pugnaire *et al.*, 1996). La familia de las cactáceas es la que con mayor frecuencia se ve asociada a este fenómeno de nodrizaje en estos ecosistemas (Flores & Jurado, 2003). El género *Mammillaria* es el más representativo de esta familia botánica, al incluir más de 350 especies, todas ellas con características ornamentales (Hunt, 2006).

Las **islas de fertilidad** representan micrositios que se crean bajo el dosel de las plantas nodrizas las cuales depositan altos contenidos de materia orgánica y mejoran las condiciones del suelo en el que se alberga una gran diversidad microbiana (Hernán & Castellanos, 2011). La cual tiene el potencial de establecer asociaciones mutualistas en la rizosfera de las plantas nodrizas (Oluranti, 2010). Por otra parte, los exudados de las raíces incrementan la actividad microbiana, misma que puede promover el crecimiento vegetal, proteger a la planta contra patógenos, e inducir tolerancia ante el estrés abiótico (Compant *et al.*, 2010). Los microorganismos con mayor diversidad en la rizosfera son procariontes, destacando las bacterias fijadoras de nitrógeno atmosférico (diazotróficas), que favorecen la entrada de este elemento en las zonas áridas. Estas bacterias diazotróficas pueden estar viviendo en vida libre o en simbiosis con las plantas (Bachar *et al.*, 2012; Strauss *et al.*, 2012).

Las leguminosas arbóreas y arbustivas establecen la simbiosis mutualista con bacterias fijadoras de nitrógeno, formando nódulos en el sistema radical, aminorando así, la

escasez de este elemento en las zonas áridas, aunado a esto, las características fisiológicas y la presencia de sistema radical profundo y abundante que poseen las leguminosas les ha permitido ser tolerantes al estrés hídrico (Acosta *et al.*, 1994; Bashan & de Bashan, 2010).

Otro importante componente biológico en la rizosfera lo constituyen los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) que tienen una alta dependencia biotrófica hacia la planta que le proporciona fuentes de carbono requeridos (González *et al.*, 2005; Morrell *et al.*, 2009). A la asociación de HMA con la planta se le conoce como micorriza arbuscular (Martínez & Pugnaire 2009). En esta simbiosis, las plantas son beneficiadas ya que el micelio de los HMA favorece la absorción de agua y nutrientes, principalmente fósforo (P) y nitrógeno (N), así como otros micronutrientes; además, confiere protección contra patógenos del suelo, y tolerancia a la presencia de metales tóxicos (Morrell *et al.*, 2009).

Las interacciones de las comunidades de flora y fauna en las zonas desérticas han sido relativamente bien estudiadas; sin embargo, se tiene escasa y fragmentada información del papel que desempeñan las comunidades microbianas en estos ecosistemas (Bashan & de Bashan, 2010). La amplia gama de interacciones ecológicas provee servicios ambientales, además, constituyen una vasta fuente de recursos genéticos potenciales útiles para el hombre, mediante su aplicación biotecnológica (Alfaro *et al.*, 2014)

El estudio de las comunidades microbianas que interactúan con la biota de los desiertos dará la pauta para conocer su potencialidad en la restauración y conservación de sitios en proceso de desertificación, así como del aprovechamiento sustentable de los recursos que proveen estos ecosistemas. Por ello, se resalta la importancia de conocer a mayor detalle las interacciones microbianas en la rizosfera de plantas involucradas en una relación de nodrizaje entre dos especies vegetales en zonas áridas.

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Distribución global y clasificación de los desiertos

La distribución geográfica de los desiertos está limitada principalmente por factores latitudinales, pues las zonas desérticas se establecen cerca del al trópico de Cáncer y el trópico de capricornio (Salas, 2000). Estos biomas están presentes en todos los continentes y en más de 110 países, ocupando 47.2% de la superficie de la Tierra (Urbano, 2011). En el caso de México más del 50% de su territorio está constituido por zonas secas, representados por el desierto Chihuahuense, Sonorense y Poblano-Oaxaqueño (González-Medrano, 2012).

Las regiones desérticas de la Tierra se caracterizan por tener una tasa de evaporación superior a la tasa de precipitación (Gálvez *et al.*, 2006). Los desiertos se han clasificado de acuerdo precipitación anual, temperatura y humedad (Ezcurra, 2006). La precipitación anual es el parámetro que más se ha considerado para catalogar los desiertos en tres zonas. Las zonas hiperáridas o extremadamente áridas presentan precipitaciones anuales menores a los 200 mm, en las zonas áridas de 200 a los 400 mm. y en las zonas semiáridas entre los 250 y 500 mm. Así mismo, las zonas hiperáridas ocupan 7.5% de la superficie del planeta, las áridas 12.1%, y las zonas semiáridas 17.7 % (Parsons & Abrahams, 2009).

2.2. Causas y orígenes de la aridez

Las causas de la aridez están ligadas principalmente a factores biogeográficos, que interactúan entre ellos o actúan de forma individual (Meave *et al.*, 2002). En general, existen cuatro factores que contribuyen a que ciertas áreas del globo terrestre no tengan la cantidad suficiente de humedad: a) Factores atmosféricos, que están relacionados con las masas de aire caliente del cinturón ecuatorial, las cuales fluyen y pierden calor por la

radiación a través de la atmósfera hasta descender sobre los polos, y a su vez las masas de aire retornan hacia el Ecuador; b) Corrientes oceánicas, existen ciertas áreas costeras que presentan corrientes de agua fría y que a su vez fluyen masas de aire frío, esto impide la evaporación en estos sitios y al no poder ascender no producen precipitación; c) Topografía, cuando el aire húmedo pasa por las barreras montañosas se enfría y desciende en forma de lluvia o nieve, y el aire más seco desciende por las laderas desecando el suelo creando cambios en la estructura vegetal entre ambos sitios, fenómeno que se conoce como efecto Foehn; y d) Continentalidad, la distancia de fuentes de humedad como son los océanos afecta el flujo de las corrientes húmedas hasta las partes adentradas de grandes continentes, formando así grandes zonas áridas y semiáridas (Salas, 2000; Granados *et al.*, 2012).

2.3. Suelo y flora de las zonas áridas y semiáridas de México

Las tierras áridas se caracterizan por la poca humedad que tienen a consecuencia de las bajas precipitaciones y por el bajo contenido de materia orgánica, por lo que son suelos deficientes en nutrientes, particularmente el nitrógeno (Skujins, 1991; Bachar *et al.*, 2012). Los suelos en los desiertos presentan capas finas por el constante proceso de erosión tanto hídrica y eólica que se da en las pendientes que generan depósitos sedimentarios en forma de cono o abanico llamados conos de deyección (Li *et al.*, 2007). Este constante proceso de erosión trae consigo grandes extensiones de suelo desnudo, lo que genera la presencia de escasa y espaciada vegetación representada por parches vegetales (Li *et al.*, 2008). El agua del suelo tiende a convertirse en salina, consecuencia del lavado de las sales formadas por el intemperismo de la roca madre y las partículas del suelo (Lambert & Shiati, 2002). Los suelos en los desiertos tienden a ser muy variados, sin embargo, los suelos típicos y más ampliamente distribuidos en estos sitios suelen ser los aridosoles, con cerca de 2 120

millones de ha, y los entisoles con 2 330 millones de ha (Dregne, 1976). Los suelos aridosoles se caracterizan por ser poco lixiviados, lo que los convierte en suelos salinos y con acumulaciones de carbonato de calcio por iluviación, lo que crea que sean suelos de colores claros, blancos, grises hasta castaños; además, se caracterizan por su poca fertilidad debido a la escasa presencia de materia orgánica que contienen, y porque el agua es retenida a gran tensión (Lebgue *et al.*, 2014). Estas características hacen que en estos sitios se desarrolle vegetación de tipo matorral xerófilo, donde abunda flora de familias y géneros muy bien adaptados a la sequia como leguminosas, cactus, agaves, euforbiáceas y pastos (Camargo *et al.*, 2002). Las cactáceas son endémicas del continente Americano, se distribuyen desde Canadá hasta Argentina, sus principales centros de diversificación son México y el sur de los Estados Unidos, así como los países andinos (Perú, Bolivia, Ecuador, Chile y Argentina); sin embargo, México es el país con más riqueza y endemismo de cactáceas al contar con 660 especies, siendo más del 70% de ellas endémicas (Cuadro 1) (Ortega & Godínez, 2006).

2.4. Desierto Chihuahuense

El desierto Chihuahuense tiene una superficie de 453 000 km², constituye el 36 % de la superficie del país y es el más extenso del continente americano; más del 85% de su área está ubicada en México, correspondiente a los estados de Chihuahua, Coahuila, Durango, Guanajuato, Hidalgo, Nuevo León, Querétaro, San Luis Potosí, Tamaulipas y Zacatecas, y de igual modo en los estados de Arizona, Nuevo México y Texas de los Estados Unidos de América (Granados *et al.*, 2011).

Este desierto constituye una de las zonas desérticas que conserva una de las mayores riquezas biológica en el mundo (De la Maza-Benignos *et al.*, 2009). Una característica distintiva de este desierto en comparación con otros, es su estructura florística constituida

Cuadro 1. Diversidad de cactus en el continente Americano (Modificado de Ortega & Godínez, 2006).

	Total de Géneros	Total de géneros endémicos (%)	Total de especies	Especies endémicas (%)
México	46	13 (30)	660	517 (78)
Argentina	26	3 (12)	258	158 (61)
Bolivia	30	4 (13)	240	153 (64)
Brasil	35	14 (40)	237	176 (74)
Perú	33	6 (18)	223	170 (76)
EUA	26	1 (4)	202	86 (43)
Chile	13	1 (8)	104	83 (80)
Paraguay	19	0	81	25 (31)
Uruguay	11	0	51	14 (27)
Cuba	15	0	48	25 (25)
Ecuador	18	2 (11)	43	15 (35)
Guatemala	18	0	42	3 (10)
Costa Rica	13	0	40	12 (30)
Venezuela	16	0	39	6 (15)
Colombia	17	0	35	6 (17)
Honduras	16	0	30	2 (7)
Rep. Dominicana	11	0	27	3 (11)
Haití	12	0	23	5 (22)
Panamá	10	0	22	1 (5)
Nicaragua	13	0	20	0
Puerto Rico	10	0	18	5 (28)
Antillas menores	9	0	18	1 (6)
Jamaica	10	0	15	4 (27)
Antillas Holandesas	10	0	15	1 (7)
Trinidad y Tobago	11	0	13	
El Salvador	9	0	11	1 (9)
Islas Vírgenes	7	0	10	0
Belice	6	0	10	0
Bahamas	5	0	9	2 (22)
Guayana	8	0	9	0
Surinam	7	0	9	0
Islas Caimán	5	0	7	0
Guayana Francesa	6	0	6	0
Canadá	2	0	3	0

Por pastos, que incluyen géneros como *Bouteloa*, *Leptochloa*, *Digitaria*, *Muhlenbergia* y *Scleropogon* (Meyer & Garcia-Moya, 1989; Jurado *et al.*, 2013). Además presenta 329 especies de cactus que representan una quinta parte del total de las especies de esta familia (Goettsch & Hernández, 2006). Aunado a esto, se encuentran regiones donde predomina la vegetación de tipo matorral xerófilo, donde abundan géneros y especies de la familias Leguminosae, Cactaceae y Asteraceae, así mismo, se encuentran especies de géneros tales como *Quercus*, *Acacia*, *Agave*, *Echinocereus*, *Yucca*, *Opuntia*, *Croton*, *Mammillaria* y *Dalea* (Estrada *et al.*, 2012). Este tipo de vegetación cubre cerca del 30% de la superficie del país con 70.5 millones de hectáreas que están distribuidas ampliamente por la parte norte y centro de la República, hasta los estados de Oaxaca y Puebla, en el Valle de Tehuacán-Cuicatlán (Challenger & Soberón, 2008).

2.5. Desierto Chihuahuense: Vegetación de San Luis Potosí

El desierto Chihuahuense abarca gran parte del estado de San Luis Potosí comprendiendo zonas del Altiplano y la zona centro (Balleza & Villaseñor, 2011). El área se compone de serranías alargadas que forman parte fisiográfica de la sierra Madre Oriental, y que a su vez está separada por cuencas y valles, haciendo de esta región una zona semiárida con presencia de precipitaciones durante el verano (González *et al.*, 2007). La zona montañosa presenta pendientes resultado de una constante actividad geomorfológica, que además presenta una variabilidad litológica, representada por calizas, areniscas, lutitas, basaltos y conglomerados. Por otro lado, los valles están cubiertos por capas de aluvi3n, compuesto principalmente por gravas, arenas y arcillas (González *et al.*, 2007; Granados *et al.*, 2012). El suelo y la vegetaci3n est3n estrechamente correlacionados, ya que afectan el ciclo de nutrimentos y la adecuaci3n de los organismos (Miranda *et al.*, 2004). Estas variaciones climáticas y geomorfológicas originan la integraci3n de la

comunidad vegetal del ecosistema conocida como fitocenosis del estado de San Luis Potosí (Cuadro 2) (Rzedowski, 1961).

La flora de San Luis Potosí se caracteriza por la presencia de cactáceas, pues este estado representa el mayor reservorio de cactus en México y el mundo (Cuadro 3). Más del 70% son consideradas como endémicas, y casi la mitad de las especies de cactáceas en el estado está en peligro de extinción (Godínez & Ortega, 2007).

Cuadro 2. Géneros y especies vegetales en zonas áridas y semiáridas del estado de San Luis Potosí (Rzedowski, 1961; Estrada *et al.*, 2012; Jurado *et al.*, 2013).

Bosque de Pino y Encino	Matorral Submontano	Matorral desértico rosetófilo	Matorral desértico microfilo	Matorral crasicaule	Pastizales
<i>Pinus cembroides</i>	<i>Helietta</i>	<i>Agave striata</i>	<i>Larrea tridentata</i>	<i>Opuntia</i>	<i>Muhlenbergia</i>
<i>Juniperus erythrocarpa</i>	<i>Gochnatia</i>	<i>Agave lechuguilla</i>	<i>Parthenium incanum</i>	<i>Dalea tuberculada</i>	<i>Lycurus</i>
<i>Quercus potosina</i>	<i>Karwinskia</i>	<i>Dasyllirion</i>	<i>Zinnia acerosa</i>	<i>Prosopis laevigata</i>	<i>Stipa</i>
	<i>Opuntia spenotepala</i>	<i>Hechthia</i>	<i>Flourensia cernua</i>	<i>Forestiera angustiflora</i>	<i>Bouteloua</i>
	<i>Fraxinus</i>	<i>Fraxinius</i>	<i>Opuntia leptocaulis</i>	<i>Celtis pallida</i>	<i>Flaveria</i>
	<i>Gochnatia</i>	<i>Gochmatia</i>	<i>Opuntia imbricata</i>	<i>Mimosa aculeaticarpa</i>	
	<i>Karwinskia</i>	<i>Karwinskia</i>	<i>Prosopis laevigata</i>	<i>Yucca carnerosana</i>	
		<i>Yucca filifera</i>	<i>Fouquieria splendens</i>	<i>Mammillaria</i>	
			<i>Yucca filifera</i>		
			<i>Yuccadecipiens</i>		

El género *Mammillaria* es el más representativo de la familia de las cactáceas, cuenta con más de 350 especies distribuidas principalmente en México y Estados Unidos de América, y menor proporción en las Antillas, Centroamérica y el Norte de Sudamérica

(Bravo & Sánchez, 1991). *Mammillaria compressa* DC. se distribuye en los estados de San Luis Potosí, Tamaulipas, Nuevo León y Querétaro (Guzmán *et al.*, 2003).

Cuadro 3. Número y porcentaje de especies de cactáceas en los estados de la República Mexicana (Tomado de Godínez & Ortega, 2007).

Estado	Géneros	Especies	Especies endémicas (%)	Especies en peligro de extinción (%)
San Luis Potosí	33	151	115 (76)	69 (46)
Coahuila	24	126	71 (56)	53 (46)
Nuevo León	30	119	71 (56)	61 (51)
Oaxaca	32	118	97 (60)	29 (25)
Zacatecas	26	112	86 (82)	37 (33)
Tamaulipas	31	105	57 (54)	47 (45)
Sonora	21	100	42 (42)	24 (24)
Durango	22	97	65 (67)	29 (30)
Querétaro	29	96	82 (85)	31 (32)
Jalisco	25	93	81 (87)	20 (22)
Guanajuato	21	88	76 (86)	29 (33)
Chihuahua	21	85	30 (35)	25 (29)
Hidalgo	23	82	72 (88)	26 (32)
Puebla	25	80	71 (89)	22 (28)
Michoacán	20	62	57 (92)	14 (23)
Guerrero	21	61	53 (87)	15 (25)
Sinaloa	15	60	46 (77)	12 (20)
Baja California Sur	13	57	47 (82)	20 (35)
Baja California	13	56	31 (55)	16 (29)
Chiapas	19	49	18 (37)	9 (18)
Veracruz	21	49	31 (63)	13 (27)
México	18	45	40 (89)	10 (22)
Aguascalientes	14	37	31 (84)	9 (18)
Morelos	12	28	23 (82)	6 (27)
Nayarit	11	26	23 (88)	(28)
Colima	14	24	21 (88)	6 (25)
Tlaxcala	6	18	17 (94)	2 (11)
Distrito Federal	7	15	12 (80)	4 (27)
Yucatán	9	14	4 (29)	5 (36)
Tabasco	7	13	5 (38)	3 (23)
Quintana Roo	6	8	4 (50)	3 (38)
Campeche	5	7	1 (14)	1 (14)

Esta especie corresponde a un cactus de color gris verdoso con cuerpo globoso que forma familias y cada individuo alcanza tamaños de 10 cm o más de altura, de 7-8 cm de ancho, presenta areolas revestidas de pelusa blanca con espinas cortas y otra central de mayor tamaño, con floraciones de color púrpura, rosa o roja, que eventualmente no abren. Fenotípicamente es muy similar a *M. magnimamma* Haw., la diferencia es que esta cactácea tiene tonalidades verde azuladas y las flores presentan coloración rosa o roja (Hunt, 2006).

2.6. Las leguminosas en las zonas áridas y semiáridas

El nitrógeno es el elemento más limitante en el suelo de las zonas áridas y semiáridas (Celaya & Castellanos, 2011), y el proceso de fijación de nitrógeno atmosférico (N₂) involucra diversos microorganismos (Taulé *et al.*, 2011). Las leguminosas arbóreas y arbustivas abundan en los ecosistemas áridos, y aportan nitrógeno al llevar a cabo la simbiosis con bacterias diazotróficas de los géneros *Rhizobium* o *Bradyrhizobium* (Whitford, 2002). Los principales géneros de leguminosas arbóreas y arbustivas que crecen en los desiertos están presentes en tres subfamilias, Caesalpinioideae, Mimosoideae, Papilionoideae. Sin embargo, las especies de mayor distribución en zonas desérticas a nivel mundial pertenecen a la subfamilia Mimosoideae, que engloba los géneros *Prosopis*, *Acacia* y *Mimosa* (Sprent, 2005).

El género *Prosopis* cuenta con 44 especies; todas de crecimiento arbóreo o arbustivo y están presentes en regiones áridas y semiáridas del Norte de África (*P. africana*, *P. farcta*), hasta el Cáucaso y la India (*P. cineraria*). La mayor distribución de este género está dada en el continente americano. En Norteamérica se localizan 10 especies; sin embargo, su centro de diversificación se localiza en Argentina ya que ahí se

localizan 29 especies y 14 de ellas son endémicas. El género *Prosopis* también presenta poblaciones disyuntas en Islas Galápagos (Rzedowski, 1988; Paciecznik *et al.*, 2003).

El género *Prosopis* incluye a las leguminosas más representativas en las zonas áridas y semiáridas de nuestro país, con mayor distribución geográfica y cuyas poblaciones abarcan una superficie de 1.9 % del territorio nacional, y comprenden un total de 3 555 000 ha (Villanueva *et al.*, 2004). En México, se encuentran 11 de las 42 especies: *P. palmeri*, *P. reptans* var. *cineroscens*, *P. pubescens*, *P. articulata*, *P. laevigata*, *P. tamaulipana*, *P. velutina*, *P. juliflora*, *P. glandulosa* var. *tipica*, *P. glandulosa* var. *torreyana* y *P. mexicanum* (De la Torre *et al.*, 2009). De éstas, solo tres especies son formadoras de nódulos, *P. laevigata*, *P. juliflora*, *P. glandulosa*, y son las especies que representan la mayor distribución en el país (Figura 1 y 2) (Rzedowski, 1988; Jenkins, 2003; Rai *et al.*, 2004; Ruiz *et al.* 2008; Salas, 2013). En México, *P. laevigata* sobresale por su distribución y la diversidad de rizobios con los cuales puede asociarse. Esta leguminosa la podemos encontrar en la zona norte y en la zona centro del país, las poblaciones más densas están presentes en San Luis Potosí y en el sur de Tamaulipas y es capaz de nodular con al menos tres especies de rizobios: *Rhizobium yanglingense*, *Sinorhizobium americanum* y *Mesorhizobium* sp. *S2342* (Salas, 2013).

Por otro lado, *P. glandulosa* predomina en las zonas más secas del norte de México y nodula con los géneros *Rhizobium* y *Bradyrhizobium* (Jenkins, 2003). *Rhizobium yanglingense* tiene capacidad de colonizar a *P. laevigata*, *P. juliflora* y *P. glandulosa* (Benata *et al.*, 2008). La facultad de nodulación de estas leguminosas puede deberse a que las bacterias con las que nodulan no son selectivas por factores Nod, esto posiblemente como respuesta adaptativa ante las condiciones desfavorables de las zonas áridas y semiáridas (Jenkins, 2003; Salas, 2013).

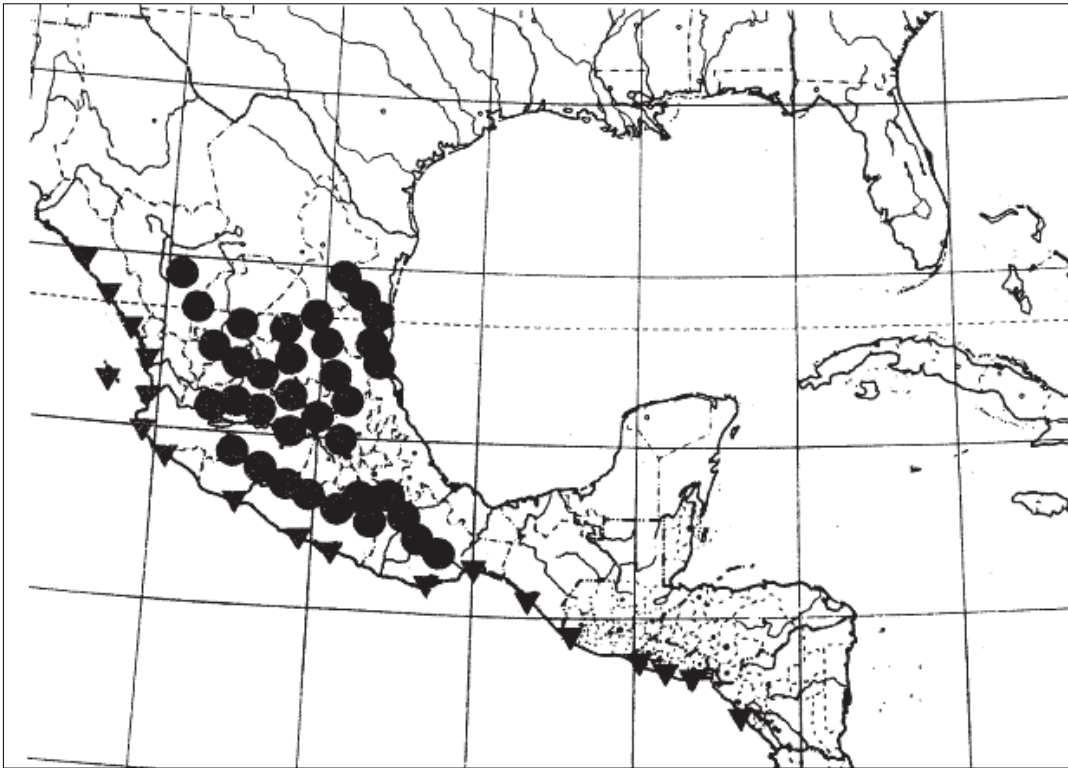


Figura 1. Distribución geográfica de *Prosopis laevigata* (círculos) y *P. juliflora* (triángulos) (Tomado de Rzedowski, 1988).

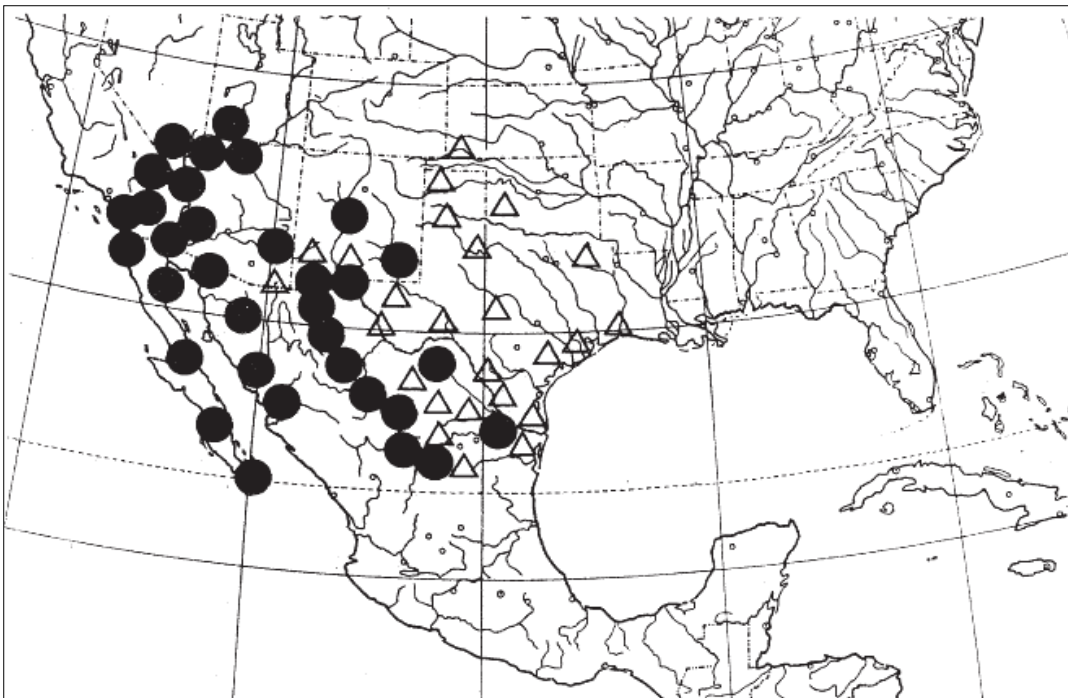


Figura 2. Distribución geográfica de *Prosopis glandulosa* (triángulos) y *P. glandulosa* var. *torreyana* (círculos) (Tomado de Rzedowski, 1988).

2.7. Nodrizaje

El fenómeno de nodrizaje hace referencia a la asociación de una o varias plantas con sistemas bióticos (planta nodriza) o abióticos (rocas) que favorecen condiciones microambientales y edáficas bajo su dosel (Peters *et al.*, 2008). Esta asociación propicia a estas especies una mejor adaptación para su sobrevivencia, crecimiento, y propagación por parte de la planta nodriza (Bronstein, 2009). El nodrizaje es un fenómeno que puede ser observado en distintos ambientes desde los tropicales hasta las zonas templadas; sin embargo, en las zonas áridas y semiáridas se encuentra con mayor frecuencia (Flores & Jurado, 2003).

El nodrizaje pudiera parecer que actúa de manera negativa, pues es de esperarse que las plantas involucradas compitan entre ellas por agua, luz y nutrientes (Bronstein, 2009). Sin embargo, los efectos positivos que ejerce la especie vecina son mayores, algunas de las ventajas que provee esta interacción son la protección contra herbívoros por parte de la planta nodriza, mayor polinización por vectores bióticos, mayor disponibilidad de nitrógeno en el suelo por procesos de mineralización de residuos orgánicos de las plantas arbustivas, así como las interacciones microbianas que permiten el intercambio de nutrientes con las plantas (Padilla & Pugnaire, 2006). No obstante, la ventaja más notoria del nodrizaje en las zonas áridas y semiáridas son las condiciones favorables que se establecen para la dispersión y germinación de las semillas de plantas xerofitas haciendo de estos sitios un lugar importante para su conservación y propagación (García *et al.*, 2010).

La vegetación que se encuentra en las zonas áridas y semiáridas ha desarrollado diversas adaptaciones tanto morfológicas como fisiológicas para sobrevivir en estos ambientes adversos. La familia de las cactáceas destaca por su capacidad para tolerar el estrés; sin embargo, en las zonas donde se establecen se presenta una limitada y espaciada

precipitación, lo que dificulta la germinación de sus semillas y su desarrollo, por lo cual han ocurrido interacciones con plantas nodrizas (Martínez & Valverde, 2008). Existen cactáceas de crecimiento columnar y de elipse (*Carnigea*, *Neobuxbaumia* y *Opuntias*) que comienzan con la asociación del nodrizaje, no obstante, en otros ciclos de vida desplazan a su planta nodriza, pero al pasar el tiempo las cactáceas sirven como nodrizas de la que fue su planta nodriza, repitiéndose así este ciclo indeterminadamente originando una dinámica sucesional cíclica pero positiva para ambas especies (Flores & Yeaton, 2000; Cody, 2003). Por otro lado, algunos cactus con crecimiento globular y de barril (*Ferocactus* y *Echinocactus*) tienen gran capacidad de almacenar agua lo que les permite mayor tolerancia al calor y a la sequía, por tal motivo su distribución se puede localizar en espacios abiertos ajenos al nodrizaje (López & Valdivia, 2007).

Para estudiar el fenómeno del nodrizaje es necesario considerar los factores ecosfisiológicos donde se estudian parámetros de temperatura, radiación, luminosidad y nutrientes en el suelo, así como las interacciones multitróficas, que abarcan el estudio de los microorganismos del suelo, herbívoros o carnívoros cuya presencia o ausencia en algunas ocasiones pueden traer consigo efectos en el proceso de facilitación, comensalismo, o de competencia entre las especies (De la Peña, 2009).

2.8. Plantas nodrizas y su impacto como islas de fertilidad

Alrededor de 147 especies vegetales actúan como plantas nodrizas de otras 429 especies; a su vez, 46 especies de estas plantas nodrizas han necesitado otro tipo de nodrizaje para su establecimiento (Flores & Jurado 2003). Generalmente, las plantas que actúan como nodrizas son de la familia Fabaceae, y Mimosaceae, mientras que las familias con mayor número de especies que requieren nodrizaje son Cactaceae, Poaceae y Asteraceae (Flores & Jurado 2003; García *et al.*, 2012). La interacción de nodrizaje es

importante para la propagación vegetal, fundamentalmente porque una planta puede actuar como nodriza de una o varias especies, o bien, especies nodrizadas pueden depender de diversos tipos de plantas, y en algunos casos convertirse en plantas nodrizas (Drezner, 2006). De esta manera se conserva y propaga una alta diversidad biológica, representando el mantenimiento de la riqueza y abundancia biológica (Tirado & Pugnaire, 2005).

Bajo el dosel de las leguminosas se modifica la estructura del suelo gracias a la capacidad que éstas tienen para acumular materia orgánica que se genera al caer sus hojas. Lo anterior mejora las características físicas y químicas del suelo, creando con ello un microhábitat favorable para la flora microbiana nativa; a estos sitios se les conoce como Islas de fertilidad (Bashan & de Bashan, 2010). Los beneficios que generan las islas de fertilidad, en comparación con los espacios adyacentes, se relacionan con la reducción de la erosión, la formación de suelos con mejor aeración y con una estructura estable, el aporte de nutrientes (tales como N, P, K y S), así como mayor capacidad de retención de agua y un mejor aprovechamiento de ésta por las plántulas (Cadwell *et al.*, 1988; Padilla & Pugnaire, 2006; Bashan & de Bashan, 2010).

2.9. La diversidad microbiana en las islas de fertilidad

Las comunidades microbianas en las islas de fertilidad son abundantes, diversas, y contribuyen en el reciclaje de nutrientes de manera más eficiente en comparación con los microorganismos de los espacios abiertos (Herran *et al.*, 2007). Sin embargo, la actividad de estas comunidades microbianas suele ser efímera e irregular, pues está sujeta a factores como temperatura y humedad. La disponibilidad de recursos y protección que tienen las islas de fertilidad, promueven la actividad y el establecimiento de microorganismos rizoféricos (bacterias fijadoras de N₂ de vida libre, hongos filamentosos, actinomicetos, hongos micorrízicos arbusculares (HMA), así como bacterias simbióticas fijadoras de N₂ en

leguminosas), y de las plantas que participan en el nodricismo (Herran *et al.*, 2007; Ruiz *et al.*, 2008).

Los hongos son el mayor componente de la biomasa microbiana en estos sitios, lo que está relacionado con la cantidad y la calidad de la materia orgánica aportada (Morell *et al.*, 2009). Dentro de esta diversidad de eucariotas, están presentes de manera cosmopolita los HMA (Thognon *et al.*, 2004). Los HMA son habitantes del suelo, pertenecen al Phylum Glomeromycota el cual está integrado por tres clases Glomeromycetes, Archaeosporomycetes y Paraglomeromycetes (Cuadro 4) (Oehl *et al.*, 2011). Tradicionalmente la clasificación de las familias, géneros y especies del phylum Glomeromycota se ha basado en características morfológicas de las esporas (tamaño, color, pared de las esporas, número de capas de pared, ornamentación, forma de la hifa de sostén), por lo que se han clasificado hasta el momento 241 morfoespecies de HMA (Öpik *et al.*, 2013). Las especies clasificadas dentro de los Glomeromycetes, son catalogadas como hongos biotróficos al establecer una simbiosis obligada con el sistema radical del 70 y 90% de las plantas vasculares (Krüger *et al.*, 2009; Espinoza *et al.*, 2012).

Los parámetros que condicionan la actividad microbiana en los desiertos afectan la tasa de mineralización y descomposición de la materia orgánica por parte de las bacterias y hongos (Agustin *et al.*, 2004). La cantidad total de nitrógeno liberada de la materia orgánica es llamada mineralización gruesa o bruta, mientras que la cantidad resultante después de eliminar la inmovilización microbiana se denomina mineralización neta. La relación que existe entre estos dos parámetros en los ecosistemas áridos es un indicador de la fertilidad del suelo (Gallardo *et al.*, 2009).

Cuadro 4. Clasificación del Phylum Glomeromycota (Tomado de Oehl *et al.*, 2011).

Clase	Orden	Familia	Género	
Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> <i>Funneliformis</i> <i>Simiglomus</i> <i>Septoglomus</i>	
		Claroideoglomeraceae	<i>Claroideoglomus</i> <i>Viscospora</i>	
	Diversisporales	Diversisporaceae	<i>Diversispora</i> <i>Redeckera</i> <i>Otophora</i>	
			Entrophosporaceae Acaulosporaceae	<i>Entrophospora</i> <i>Acaulospora</i> <i>Kuklospora</i>
		Gigasporales	Pacisporaceae	<i>Pacispora</i>
			Gigasporaceae	<i>Gigaspora</i>
			Scutellosporaceae	<i>Scutellospora</i> <i>Orbispora</i>
		Racocetraceae	<i>Racocetra</i> <i>Cetraspora</i>	
		Dentiscutataceae	<i>Dentiscutata</i> <i>Fuscutata</i> <i>Quatunica</i>	
		Archaeosporomycetes	Archaeosporales	Archaeosporaceae
	Ambisporaceae			<i>Ambispora</i>
			Geosiphonaceae	<i>Geosiphon</i>
	Paraglomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus</i>

El desarrollo y la adaptación de las leguminosas en zonas desérticas dependen básicamente de las interacciones con los microorganismos que habitan en la rizosfera de estas plantas. Ejemplo de ello es, la mineralización de nitrógeno llevada a cabo por bacterias de vida libre, la simbiosis con bacterias fijadoras de nitrógeno, la simbiosis con HMA y el desarrollo de un sistema radical profundo que le permite el acceso a mantos freáticos. Lo anterior explica la respetable producción de biomasa aérea de 13,000 kg por

hectárea con una productividad anual de 3,700 kg por hectárea, reportada en mezquiales de Sonora, a pesar de tener condiciones de aridez extrema (Celaya & Castellanos, 2011).

Por otro lado, López *et al.* (2011) hacen mención que la copa de las leguminosas capta partículas de polvo acarreadas por el viento, las cuales se depositan bajo su dosel. Esto trae consigo la deposición de minerales esenciales para las plantas y que son solubilizados por diversas bacterias por medio de la producción de ácidos orgánicos; algunas de estas bacterias de vida libre producen fitohormonas y pertenecen a los géneros *Azospirillum* y *Azotobacter*, otras bacterias son solubilizadoras de fósforo, tales como *Pseudomonas*, *Enterobacter* y *Bacillus*, a su vez, también podemos encontrar actinobacterias que están involucradas en los procesos de degradación de la materia orgánica y producción de metabolitos bioactivos; todas ellas, están en interacción con las plantas nodrizadas (González *et al.*, 2009; Bashan *et al.*, 2013).

2.1.2. Los HMA y su función en zonas áridas y semiáridas

La ecología evolutiva de la micorriza arbuscular se remonta al Devónico Temprano, hace aproximadamente 400 millones de años, cuando emergió el linaje de los Glomeromycota (Dotzler *et al.*, 2009). Esta simbiosis mutualista es el resultado de una estrategia exitosa para mejorar la nutrición entre los HMA y su planta hospedera, esto contribuyó a la diversificación vegetal del planeta (Miransari, 2010). Los HMA pueden presentar infección primaria y secundaria, la primera hace referencia a la colonización de los propágulos que hay en el suelo, y la segunda a la infección a partir de hifas que ya se encuentran colonizando a una raíz (Garg & Chandel, 2010). El proceso de colonización comienza al germinar un grupo de esporas y que forman una estructura llamada apresorio, sobre la superficie de la raíz del hospedero antes de penetrarla; tras la formación del apresorio el hongo se extiende sobre la epidermis o exodermis o a través de espacios

intracelulares (Requena *et al.*, 2007). Al llegar a la corteza, las hifas se diferencian para formar lo que se le llama arbusculo, que asemeja a una estructura arbórea, donde se lleva el intercambio bidireccional de nutrientes entre fitobionte-micobionte. Así mismo, esta simbiosis permite que el hongo forme estructuras globosas intrarradicalmente, que le sirven de reserva de nutrientes y de resistencia, llamadas vesículas (Aguilera *et al.*, 2007).

La principal limitante para la sobrevivencia de los seres vivos en los ecosistemas áridos y semiáridos es la escasa precipitación, lo que provoca estrés hídrico en las plantas; sin embargo, la simbiosis micorrízica ayuda a mejorar el crecimiento y las relaciones hídricas de las plantas a través de incrementos en el contenido de la clorofila y mayor habilidad fotosintética (Liu *et al.*, 2015). Esta simbiosis ayuda a la sobrevivencia y al desarrollo de la planta bajo condiciones de sequía, por ello se le considera de alta importancia ecológica en estos ecosistemas (Rilling & Mummey, 2006). En los desiertos existen plantas micotróficas obligadas y facultativas, así como plantas que no dependen de la simbiosis con HMA, lo que depende en gran medida de la arquitectura de las raíces que presenta cada planta, siendo las plantas arbóreas y las arbustivas altamente micotróficas (Ochoa *et al.*, 2009). Por otro lado, Collier *et al.* (2003) señala que las plantas del desierto chihuahuense han desarrollado dos grandes estrategias adaptativas, propias de su ciclo de vida. Por un lado, están las plantas perennes que presentan una fuerte dependencia hacia la simbiosis micorrízica; sin embargo, algunas plantas anuales que habitan en este desierto no dependen de esta simbiosis debido a su efímero ciclo de vida, por lo cual resulta inviable para la planta el establecimiento de la simbiosis, y en su lugar generan abundantes raicillas. Bashan *et al.* (2010) mencionan que la mayoría de las plántulas de cactus establecidas en nodrizaje no gozan de los beneficios de la micorrización, y su sobrevivencia depende de factores edáficos y climáticos que la planta nodriza le provee; pero, una vez que los cactus

llegan a una edad adulta (algunas veces desplazando a la planta nodriza y convirtiéndose en nodrizas) establecen simbiosis con HMA para contribuir a su crecimiento y supervivencia.

Por otro lado, la agregación del suelo está relacionada con la simbiosis micorrízica debido a la unión de las partículas del suelo debido a la proliferación de las hifas de los HMA; estos hongos representan la mayor cantidad de biomasa microbiana en el suelo (Miller & Jastrow, 2000). Así mismo, las hifas producen glomalina, una glicoproteína que actúa como agente cementante uniendo las partículas del suelo entre sí, y de este modo se incrementa la estabilización de los microagregados (Morell *et al.*, 2009).

3. DISCUSIÓN GENERAL DE REVISIÓN DE LITERATURA

La cubierta vegetal en las zonas áridas y semiáridas es escasa, sin embargo, en estos entornos existe una gran riqueza de especies vegetales que se han adaptado a las condiciones adversas que presentan estos ambientes mediante adaptaciones morfológicas y mecanismos fisiológicos. Las leguminosas tienen un papel muy importante en estos entornos al interactuar como planta nodriza de otras plantas, tales como cactáceas, asteráceas y poaceas, y a su vez, algunas de estas plantas nodrizadas pueden servir como plantas nodrizas cuando alcanzan su madurez. Bajo el dosel de estas plantas nodrizas existe lo que se conoce como islas de fertilidad, que se caracterizan por la presencia de materia orgánica, mayor humedad y temperaturas favorables en comparación a espacios abiertos, esto trae consigo mayor actividad y diversidad de microorganismos rizosféricos (bacterias, hongos filamentosos, HMA, actinobacterias, mesofauna). Muchos de estos microorganismos son benéficos para las plantas involucradas en el fenómeno de nodrizaje, las cuales son altamente biotróficas y dependen de estos organismos para la aportación de elementos esenciales como nitrógeno, fósforo y micronutrientes, así como mayor absorción de agua. No obstante, la actividad de estos microorganismos está sujeta a los constantes cambios climatológicos que las zonas áridas y semiáridas presentan, pues los índices de precipitación son raquíuticos y dispersos, así como la presencia de elevadas temperaturas. Las plantas nodrizas ayudan a amortiguar estas adversidades abióticas al crearse bajo su dosel las islas de fertilidad que promueven la conservación y dispersión de las plantas nodrizadas, así como su protección contra depredadores. De este modo, la sobrevivencia de los seres vivos en las zonas áridas y semiáridas es posible gracias a las interacciones multidireccionales que éstos presentan.

4. JUSTIFICACIÓN

La importancia de las zonas áridas y semiáridas de México ha sido poco valorada, de este modo se ha dejado a un lado estudios sobre la ecología y funcionalidad de la biota de estos ecosistemas, lo que ha generado la falta de conocimiento sobre la conservación y aprovechamiento sustentable de estos entornos que cada vez presentan pérdida de especies por prácticas de saqueo, así como por procesos de desertificación, entre otros.

Las leguminosas arbóreas, aportan beneficios para el establecimiento y crecimiento de las cactáceas, entre ellas *Mammillaria compressa*. Aunque el aprovechamiento de *M. compressa* se limita a la localidad de Mexquitic de Carmona, S.L.P. estas especies tienen importancia ecológica, económica y alimenticia para la población local. La presencia de microorganismos benéficos interviene en procesos fisiológicos que se relacionan con ambas plantas, así como en cada una de ellas. Esta diversidad de microorganismos incluye diferentes grupos microbianos; bacterias, actinoacterias, HMA, hongos filamentosos, protozoarios, nematodos y mesofauna, que en su conjunto hacen posible la asimilación de nutrientes y el buen desarrollo de las plantas mediante múltiples interacciones microorganismo-planta.

Por lo anterior, es importante el conocer la microbiota asociada en la sobrevivencia a estas especies vegetales (*P. laevigata* y *M. compressa*), lo cual daría pauta al entendimiento de la dinámica de estas interacciones que derivarían en futuras aplicaciones biotecnológicas, con la finalidad de restaurar y conservar estas áreas perturbadas por causa del mal uso del suelo u otra actividad humana en estos climas extremos.

5. OBJETIVOS

5.1. Objetivo General

- Caracterizar microbiológicamente la rizosfera e interrzosfera de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*, para determinar sus posibles interacciones durante el nodrizaje.

5.2. Objetivos Específicos

1. Determinar la frecuencia de individuos de *Mammillaria compressa* que se establece en nodrizaje con *Prosopis laevigata*, y registrar la riqueza de especies vegetales que se encuentran bajo el dosel de la planta nodriza.
2. Cuantificar, aislar e identificar las poblaciones de bacterias totales cultivables, bacterias potenciales de vida libre fijadoras de nitrógeno y actinobacterias, de la rizosfera e interrzosfera de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*.
3. Determinar el porcentaje de colonización y cuantificación de esporas de HMA en la rizosfera e interrzosfera de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*.

6. HIPÓTESIS

6.1. Hipótesis General

- Las poblaciones de los microorganismos rizosféricos de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*, están interactuando entre sí de manera específica en el fenómeno de nodrizaje.

6.2. Hipótesis Específicas

1. Existe mayor abundancia de *Mammillaria compressa* en comparación con otras cactáceas bajo el dosel de la planta nodriza *Prosopis laevigata*.
2. Existe variabilidad poblacional de las bacterias potenciales de vida libre fijadoras de nitrógeno, actinobacterias, y bacterias totales cultivables de la rizosfera e interrizosfera de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*.
3. El porcentaje de colonización, así como la abundancia de esporas de HMA es mayor en la rizosfera e interrizosfera de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*.

7. MATERIALES Y MÉTODOS

7.1. Descripción del área de estudio

Se realizó la toma de cuatro muestras de suelo en época de lluvias en el predio 'La Palma' ubicado en la comunidad Rincón del Porvenir, municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí. El municipio cuenta con una extensión de 882.36 km² a una altitud que va de 1700 y 2600 m, y se localiza entre los paralelos 22° 27' y 22° 04' de latitud norte; los meridianos 100° 57' y 101° 23' de longitud oeste y 101° 10' 17.5" W, 22° 19' 26.14" N (Figura 3). Esta comunidad colinda al norte con el municipio de Ahualulco; al este con el municipio de San Luis Potosí; al sur con los municipios de San Luis Potosí y Villa de Arriaga, y al oeste con el municipio de Villa de Arriaga, el estado de Zacatecas y el municipio de Ahualulco (INEGI, 2009).

La temperatura anual del sitio es 17.2°C, la temperatura mínima promedio es de 8.5 °C, con una precipitación pluvial registrada de 360.6 mm, el clima es seco estepario, con precipitaciones y temperaturas elevadas en verano e inviernos muy fríos y, los suelos son derivados de rocas ígneas y en menor grado de rocas sedimentarias, su formación es aluvial con suelos poco profundos caracterizados por presentar siete grupos dominantes: Leptosol (56.1%), Cambisol (13.6%), Phaeozem (12.2%), Durisol (8.9%), Regosol (6%), Luvisol (2.7%) y Vertisol (0.1%) (INEGI, 2009). El área se caracteriza por tener vegetación propia de zonas templadas a áridas, que van de matorral desértico micrófilo, matorral desértico rosetófilo, matorral espinoso, nopalera, izotal, cardonal y pastizal (González *et al.*, 2007). En el matorral desértico rosetófilo se concentra la mayoría de las especies (42%), le siguen el matorral desértico micrófilo (33%), el zacatal (20%), y el matorral crasicaule (5%) (Salas de León *et al.*, 1999).

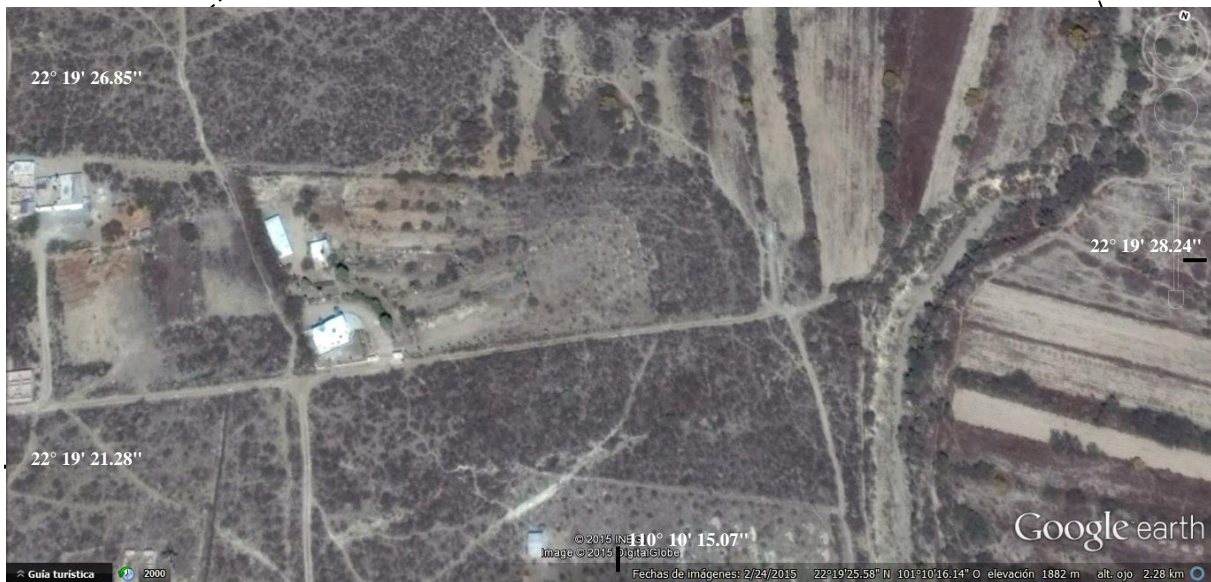
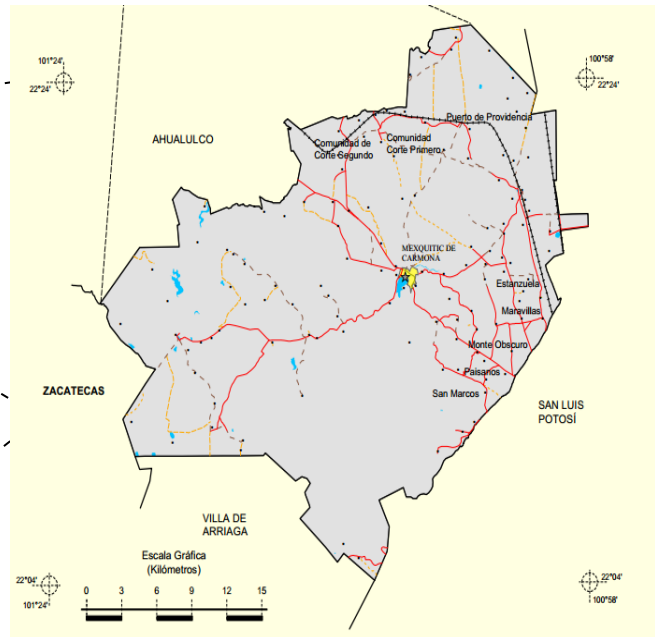
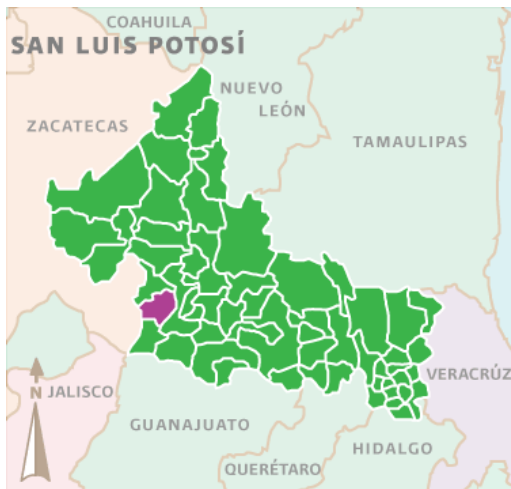


Figura 3. Ubicación geográfica del municipio de Mexquitic de Carmona, y ubicación de los sitios de muestreo (Números del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí.

7.2. Metodología

7.3. Determinación del nodrizaje

Se determinó el efecto del nodrizaje entre *Prosopis laevigata* HB y *Mammillaria compressa* DC. mediante el método propuesto por De Viana *et al.* (2001). Se establecieron cuatro parcelas de 10x20m y se realizó un conteo del número de *P. laevigata* dentro de estos sitios así como el número de especies vegetales presentes bajo su dosel. En segundo lugar se contabilizó el número de plantas de *M. compressa* encontradas bajo el dosel de otras plantas nodrizas. La identificación de las especies vegetales se realizó mediante las claves taxonómicas de Hunt (2006).

Estos datos fueron analizados mediante una prueba de bondad de ajuste de X^2 utilizando el paquete estadístico Minitab 15 Statistical Software. De este modo se determinó la frecuencia de las especies esperadas y las especies observadas.

7.4. Colecta de muestras de suelo de la rizosfera e interrzosfera de *P. laevigata* y *M. compressa*

Por otra parte, se procedió con muestreos de suelo en los cuadrantes establecidos previamente, y que concuerdan con la metodología basada en el proyecto internacional *“Global sampling of plant roots expands the described molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi”* (Öpik *et al.*, 2013). Se recolectaron 300 g de suelo de la rizosfera e interrzosfera de *P. laevigata* y *M. compressa*, así como suelo a distancia ajeno al nodrizaje, mediante un barreno tubular a una profundidad de 10 cm, con cinco repeticiones en cada cuadrante, separado a una distancia mínima de ocho metros. Posteriormente, las muestras recolectadas fueron guardadas en bolsas de polietileno para su transporte y posterior procesamiento de suelo y raíz en el laboratorio.

7.5. Análisis físicos y químicos del suelo

Las muestras de suelo de cada sitio muestreado fueron secadas y tamizadas (<2 mm) para determinar: pH (1: 2 H₂O) y conductividad eléctrica (CE) (puente de conductividad en el extracto de pasta) (APHA, 1998), la materia orgánica (OM) y el carbono orgánico (CO) (Walkley y Black, 1934). También se determinó el contenido total de nitrógeno (N), fósforo (P), potasio (K), sodio (Na) y calcio (Ca) (APHA, 1998; Allison y Moodie, 1965; Olsen y Dean, 1965), así como la textura del suelo (Bouyoucos, 1962).

7.6. Cuantificación de bacterias cultivables

Se cuantificaron las poblaciones de bacterias totales cultivables (B_{tot}), bacterias potenciales fijadoras de nitrógeno de vida libre (BP-FN) y actinobacterias (ACMY) de acuerdo con Quisehuatl *et al.* (2014), mediante el método de dilución y rastrilleo en placa. Para lo anterior, primero se mezclaron las 5 muestras de cada suelo semejante (rizosfera de *M. compressa*, rizosfera de *P. laevigata*, e interrzosfera, así como muestras de suelo a distancia) de cada planta de los cuatro cuadrantes. A partir de estas mezclas, se pesaron 10 g de cada tipo de suelo y se depositaron en botellas de dilución con 90 mL de agua destilada estéril, las cuales se agitaron durante 30 minutos a 180 rpm en agitadora (Thermo Scientific Maxq 2000). Después de este procedimiento se agitaron una vez más con vortex (MSI minishaker IKA) durante 30 s, y en condiciones de campana de flujo laminar se tomó 1 mL de la solución de cada botella con la ayuda de una micropipeta, y se transfirió a tubos de dilución bajo diferentes diluciones desde 10⁻² hasta 10⁻⁵. Posteriormente, se inoculó 0.1 mL de la dilución 10⁻³ hasta 10⁻⁵ con cuatro repeticiones en cajas de petri con diferentes medios. Para la cuantificación de las bacterias de vida libre potenciales fijadoras de nitrógeno de vida libre se utilizó Medio Lipman (pH 6.3), las bacterias totales se

cuantificaron en Medio Agar Nutritivo (pH 7.2), y las actinobacterias en un Medio Czapek (pH 8.5). Las diluciones expuestas sobre las placas se distribuyeron homogéneamente con la ayuda de una varilla de vidrio con un ángulo de 90°; el extremo de la varilla se flameó con alcohol al 70% antes de homogenizar las diluciones sobre la superficie del agar. Las placas se mantuvieron en incubación a 28 °C durante cinco días, con excepción de las placas de Medio Czapek para actinomicetos que se incubaron por 10 días. Una vez que se obtuvo el crecimiento bacteriano se contabilizaron las unidades formadoras de colonias (UFC), y las poblaciones microbianas fueron determinadas con base en gramos de suelo seco, para lo cual se determinó el porcentaje de humedad de las muestras. De cada muestra, se pesaron 10 g de suelo en una caja de Petri de vidrio y se introdujeron en una estufa a 110 °C por 72 horas. Posteriormente se transformaron los datos por la siguiente fórmula: $(n \text{ UFC} \times 10^n) / n \text{ g de suelo seco} = n \text{ UFCg}^{-1} \text{ suelo seco}$.

n= número que puede variar según la cantidad de la muestra

$\times 10^n$ = número exponencial que puede variar según la muestra a utilizar

UFC= unidad formadora de colonia

UFCg^{-1} = unidad formadora de colonia en gramo de suelo seco

7.7. Análisis estadístico

Los datos de las UFC cuantificadas fueron normalizados al estimar sus correspondientes valores logarítmicos, y los datos se sometieron a un análisis de varianza (ANOVA) y a una prueba de comparación de medias (LSD $\alpha = 0.05$) utilizando el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System) para Windows v9.00.

7.8. Caracterización morfológica de las bacterias

Las diferentes colonias de bacterias se aislaron mediante sus características morfológicas (forma de crecimiento, elevación, borde, color), y Considerando sus respectivos medios de origen hasta obtener cepas puras. A los cultivos se les realizaron tinciones de Gram, y se caracterizó su morfología celular (**Anexo 1**).

7.9. Identificación de cepas bacterianas mediante técnicas moleculares

7.9.1 Extracción de DNA mediante el método CTAB 2%.

Una vez que se obtuvo la purificación de las cepas bacterianas se procedió a la extracción de DNA. De acuerdo con Alberts *et al.* (2004) se debe utilizar la abreviatura DNA para hacer referencia a la molécula de ácido desoxirribonucleico, esto con la finalidad de unificar la terminología de quienes trabajan en el ámbito de la biología molecular. La extracción de DNA se realizó mediante el método CTAB 2% (Doyle & Doyle, 1990) con modificaciones del método original. Primero se precalentó el CTBA 2% (Tris- HCl 10 mM; Na₂ EDTA 2 H₂O mM, pH 8.0 CTAB 2%; NaCl 1.4 M) a 60 °C en baño de María, y se agregó 1 mL de CTAB 2% a tubos eppendorf de 2 mL previamente etiquetados. Posteriormente, se tomaron muestras de las colonias bacterianas purificadas con una punta estéril, y se incubaron los tubos a 80°C por 60 minutos, agitándolos con vortex a intervalos de 10 minutos. Posteriormente, los tubos se centrifugaron por 5 minutos a 11500 rpm, y el sobrenadante se transfirió a otros tubos eppendorf de 2 mL, a los cuales se les agregó 0.5 mL de la solución cloroformo-alcohol isoamilico (24:1), y se agitaron de manera manual durante 10 minutos para centrifugarlos nuevamente a 11500 rpm durante 10 minutos. Al término de la centrifugación, se extrajo la parte acuosa y se colocó en otros nuevos tubos eppendorf de 2 mL a los cuales se les agregó 0.7 mL de cloroformo-alcohol isoamilico

(24:1), y se agitaron nuevamente de manera manual, durante 10 minutos y se centrifugaron a 11500 rpm por 10 minutos. La fase acuosa se transfirió a otro tubo eppendorf de 1.5 mL con 0.950 mL de etanol al 100% y se mezcló suavemente por inversión 10 veces para luego ser incubados por 2 horas a -20 °C. Una vez concluido ese tiempo, los tubos se volvieron a centrifugar a 11500 rpm durante 30 minutos y se decantaron sin perder la pastilla que se forma, las cuales fueron resuspendidos en 0.4 mL de agua HPLC, y se incubaron a 55 °C por 15 minutos. Posteriormente, se añadió 34 mL de NaOAc 3M y 1 mL de etanol 95% y se incubaron a -20 °C por una hora. Dependiendo del color y cantidad de la pastilla obtenida, se hizo un lavado con isopropanol al 70% una o más veces, y se centrifugaron a 10,000 rpm durante 10 min; el sobrenadante se eliminó y se dejó secar por al menos 30 minutos. Las pastillas de cada muestra se volvieron a resuspender en HPLC a una temperatura de 80 °C por 10 minutos. Posteriormente, se cuantificó el DNA de las muestras mediante un espectrofotómetro NanoDrop (Thermo scientific, USDA).

7.9.2 Amplificación por PCR del 16S rDNA

El gen 16S rDNA se amplificó con los iniciadores fd1 (5'-CCGAATTCGTCGACAACAGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') y rD1 (5'-CCCGGGATCCAAGCTTAAGGAGGTGATCCAGCC-3') por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés). Las amplificaciones se realizaron en un Thermal Cycler DNA Engine (BioRad, México), con un ciclo inicial de desnaturalización a 95°C por 2 minutos, después una extensión a 72°C por 1.5 min y una extensión final a 72°C por 5 minutos. Para verificar la calidad de la ampliación, los productos de amplificación se sometieron a una electroforesis a 111 volts en gel de agarosa al 1.5% preparado con 1x TAE (Tris Acetate-EDTA), durante una hora. Una vez hecha la

electroforesis los geles se visualizaron con ayuda de un transiluminator Infinity-3026WL/LC/26MX (Vilver Lourmat, Alemania).

Posteriormente, los productos de PCR del gen 16S rDNA se secuenciaron en un secuenciador modelo 3130 Genetic Analyser (Applied Biosystem, USA), en los dos sentidos 5' a 3' y 3' a 5', y las secuencias se ensamblaron utilizando el programa BioEdit Sequence Alignment Editor versión 7.1.3.0. con el cual se creó una secuencia consenso, La secuencia ensamblada se comparó con las secuencias depositadas en el GenBank del National Center for Biotechnology Information (NCBI), utilizando la herramienta BLAST 2.2.1.9. (**Anexo 2**).

7.9.3. Análisis filogenético mediante el 16S rDNA

Para el análisis filogenético, las secuencias consenso se copilaron en un archivo fasta y se alinearon con el Clustal W 1.8.1 en “modo perfil” incluido en el programa MEGA 6.0 (Tamura *et al.*, 2013) y analizada con el método de Máxima Parsimonia. Se asigno *Desulfurococcus fermentans* número de acceso NR 042810 como fuera del grupo para la construcción del árbol filogenético (**Anexo 3**).

7.9.4. Colonización micorrizica y número de esporas de HMA

El número de esporas fue determinado mediante el método de tamizado húmedo (Brundrett *et al.*, 1994). Cada muestra de suelo se analizó por triplicado a partir de muestras de suelo de 50 g. Debido al contenido de materia orgánica, cada muestra se le adicionaron 1.7 L de agua y se agitó vigorosamente, tras 30 segundos de reposo la mezcla se vertió sobre una serie de tamices de 850, 500, 150 y 45 mm. Esta operación se repitió 3 veces más para extraer el mayor número de esporas de la muestra. La fracción de suelo obtenida de los

tamices de 150 y 45 mm fueron transferidas a una caja de petri donde se examinaron con un microscopio a 40X para la contabilización de esporas. El número de esporas cuantificadas de cada sitio se sometió a un análisis de varianza (ANOVA) y a una prueba de comparación de medias (LSD $\alpha = 0.05$) utilizando el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System) para Windows v9.00.

Al mismo tiempo de recolectar suelo rizoférico, se tomaron muestras de raíz de la rizosfera e interrizosfera de *P.laevigata* y *M. compressa* para estimar colonización por HMA, Las raíces se limpiaron y posteriormente se aclararon en una solución al 5% para *M. compressa* y 10% para *Prosopis* (100 °C/ 10 min), se lavaron por 10 minutos con agua peróxido de hidrógeno (H₂O₂), se acidificaron (HCl, 10 min), y tiñeron con azul de tripano (0,05%, 100°C/5 min), después de la tinción se decoloraron con lactoglicerol. La colonización micorrizica se estimo mediante el método de intersección en gradilla descrito por Giovannetti y Mosse (1980). Veinte segmentos de raíces se examinaron con un microscopio a 40X, La frecuencia de infección por HMA (F%) se calculó mediante la ecuación (IR X 100)/TR, donde IR corresponde a las raíces infectadas, y TR se refiere al total de segmentos de la muestra.

8. RESULTADOS

8.1. Frecuencia de especies vegetales

Se encontró una gran riqueza y abundancia de especies de cactáceas bajo el dosel de *P. laevigata*, así como de especies de la familia Asteraceae, Poaceae y Euphorbiaceae (Cuadro 5). La cactácea con mayor abundancia debajo del dosel de *P. laevigata* fue *M. compressa* con 111 individuos y contribución de $X^2= 464.45$ (P= 0.00), seguida de

Opuntia rastrera con 41 individuos. La cactácea con menor frecuencia relacionada con el nodrizaje fue *Opuntia imbricata* con solo un individuo, ($X^2=16.49$, $P= 0.00$); sin embargo, el número de especies de Asteraceae y Poaceae fue superior al número de muchas especies de cactáceas (Figura 4). En el cuadro 6 se observa el número de individuos de *Mammillaria compressa* debajo del dosel de otras plantas nodrizas.

En cuestión de nodrizaje, *Prosopis laevigata* resulta ser la planta nodriza con mayor número de *Mammillaria compressa* bajo se dosel, con un total de 111 individuos (Figura 4)

Cuadro 5. Frecuencia de especies vegetales bajo el dosel de la planta nodriza *Prosopis laevigata*

Especies	Número de individuos	Esperado	Contribución a X^2
Cactaceae			
<i>Mammillaria compressa</i>	111	18.44	464.45
<i>Opuntia rastrera</i>	41	18.44	27.58
<i>Opuntia microdasys</i>	13	18.44	1.6
<i>Ferocactus latispinus</i>	9	18.44	4.83
<i>Opuntia microdasys</i> , var. Roja	5	18.44	9.8
<i>Echinocereus pectinatus</i>	5	18.44	9.8
<i>Myrtillocactus geometrizans</i>	4	18.44	11.31
<i>Coryphantha posegeriana</i>	3	18.44	12.93
<i>Echinocereus pentalophus</i>	3	18.44	12.93
<i>Coryphantha radians</i> , amarilla	3	18.44	12.93
<i>Coryphantha radians</i> , roja	3	18.44	12.93
<i>Opuntia imbricata</i>	1	18.44	16.49
Euphorbiaceae			
<i>Jatropha dioica</i>	31	18.44	8.54
<i>Euphorbia antisiphilitica</i>	1	18.44	16.49
Asteraceae	52	18.44	61.04
Poaceae	41	18.44	27.58
Asparagaceae			
<i>Agave salmiana</i>	3	18.44	12.93
Helecho	3	18.44	12.93

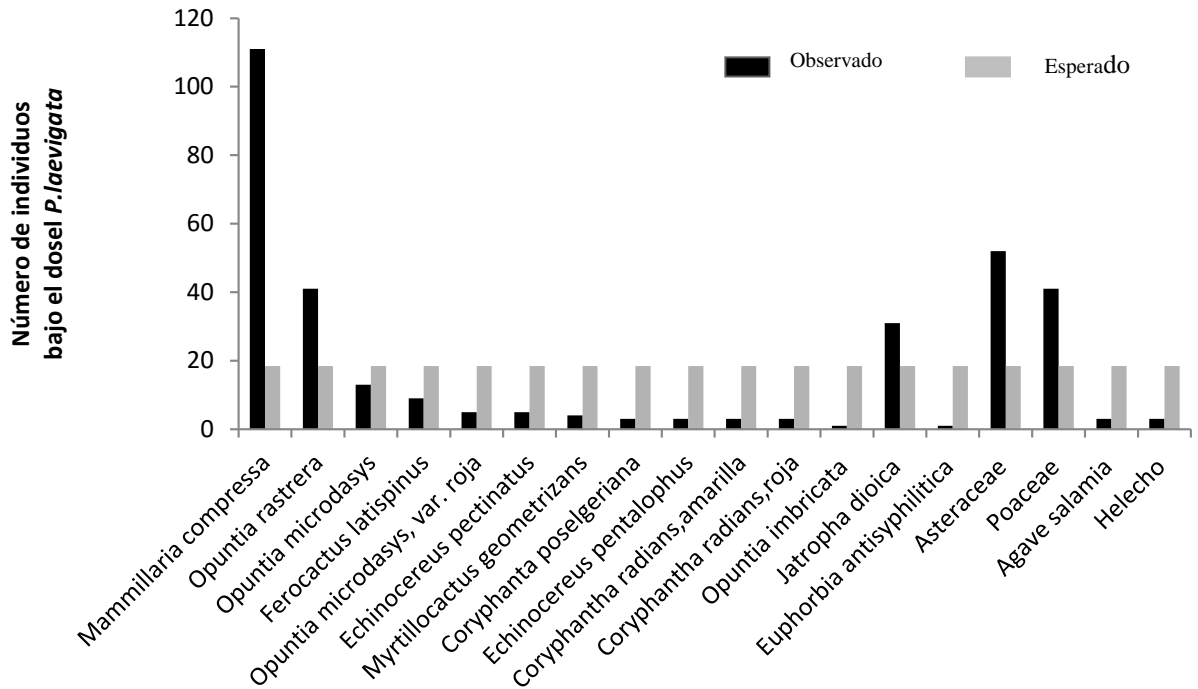


Figura 4. Número de especies vegetales encontradas bajo el dosel de *Prosopis laevigata* en de los sitios de muestreo (del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí. Prueba de $X^2= 737.15$, $P=0.00$

Cuadro 6. Número de individuos de *Mammillaria compressa* bajo el dosel de otras plantas nodrizas identificadas en los sitios de muestreo (del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí

Planta nodriza	Número de individuos de <i>Mammillaria compressa</i>	Esperado	Contribución a X^2
<i>Prosopis laevigata</i>	111	20.41	401.89
<i>Jatropha dioica</i>	26	20.41	1.52
<i>Larrea tridentata</i>	21	20.41	0.017
Sin nodriza	19	20.41	0.098
<i>Mimosa sp.</i>	17	20.41	0.57
Poaceae	16	20.41	0.95
<i>Opuntia microdasys</i>	12	20.41	3.47
<i>Opuntia rastrera</i>	12	20.41	3.47
Asteracea	4	20.41	13.2
<i>Opuntia imbricata</i>	3	20.41	14.85
<i>Jatropha dioica/ O. microdasys</i>	3	20.41	14.85
<i>Jatropha dioica/ Larrea tridentata</i>	1	20.41	18.46

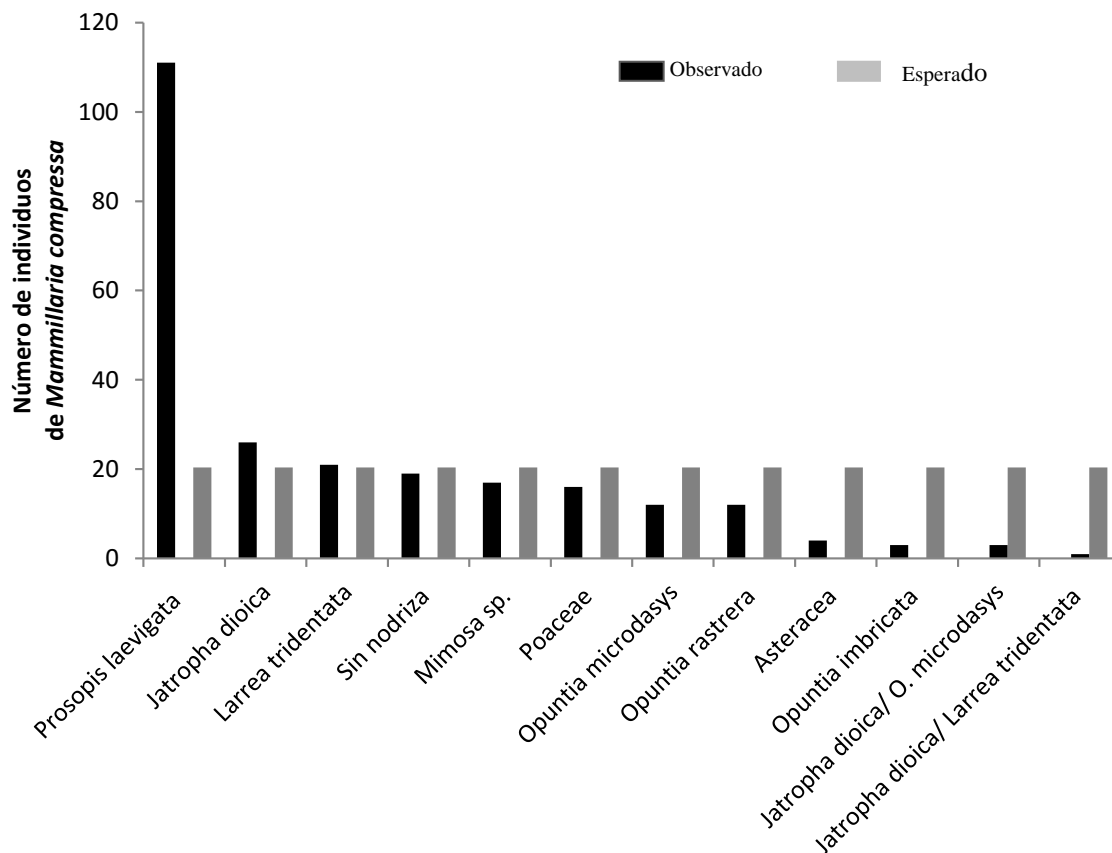


Figura 5. Número de individuos de *Mammillaria compressa* bajo el dosel de plantas nodrizas encontradas en de los sitios de muestreo (del 1 al 4) en predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí. Prueba de $X^2= 473.38$, $P=0.00$

8.2. Características físicas y químicas del suelo en el nodrizaje de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa*

Las características físicas del suelo de la rizosfera de *P. laevigata* y de la interrizarosfera son similares, en cuanto a textura franco_arenosos (Cuadro 7); en el caso de la rizosfera de *M. compressa* la textura del suelo fue franca, al igual que el suelo a distancia. (Cuadro 7). En el cuadro 8 se muestran las características químicas del suelo; el pH en todos los sitios tiende a ser alcalino, sin embargo, hay una tendencia del suelo a ser más alcalino conforme se aleja de la planta nodriza. El contenido de materia orgánica

tiende a ser mayor en la rizosfera de *P. laevigata*, mientras que el contenido de nitrógeno fue mayor en la rizosfera de *M. compressa* en comparación con *P. laevigata*. (Cuadro 8).

Cuadro 7. Características físicas del suelo en el nodrizaje de *P. laevigata* y *M. compressa*, recolectadas de los sitios de muestreo 1-4, predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí

Sitio	Arena	Limo %	Arcilla	Textura
<i>Prosopis</i>	57.6	27.3	15.1	Franco-Arenoso
Interrizosfera (M+ P)	57.6	29.3	13.1	Franco-Arenoso
<i>Mammillaria</i>	59.6	17.3	23.1	Franco-Arcilloso- Arenoso
Suelo a distancia	51.6	31.3	17.1	Franco

Cuadro 8. Características químicas del suelo en el nodrizaje de *P. laevigata* y *M. compressa*, recolectadas de los sitios de muestreo 1-4, predio ‘La Palma’, Municipio de Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí

Sitio	pH	CE dSm ⁻¹	C.O. %	MO %	N mgkg ⁻¹	P	K	Ca
<i>Prosopis</i>	7.92	0.43	3.04	5.24	14.4	1.70	554	8032
Interrizosfera M+P	8.08	0.46	3.04	5.24	12.2	1.24	536	8212
<i>Mammillaria</i>	8.16	0.37	2.65	4.57	16.2	2.57	440	8059
Suelo distancia	8.22	0.31	2.34	4.03	11.4	2.04	340	7921

8.3. Conteo de unidades formadoras de colonia (UFC)

Las UFC de bacterias totales cultivables, bacterias potenciales fijadoras de nitrógeno de vida libre, y actinobacterias fue superior en la rizosfera de *Prosopis*, Sin

embargo, no hubo diferencias de estos grupos microbianos comparado con la rizosfera de *Mammillaria* (Figura 6).

La población de actinomicetos en la rizosfera de *Prosopis* y *Mammillaria* así como en la interrzosfera de ambas plantas es estadísticamente igual, sin embargo, hubo diferencias de UFC de actinomicetos en el suelo a distancia encontrado fuera del dosel de la planta nodriza.

Las UFC del número de bacterias potenciales fijadoras de nitrógeno son estadísticamente igual en la interrzosfera de *Prosopis* y *Mammillaria* al encontrado en el suelo a distancia. Se puede observar en la figura 6, que el número de colonias de todos los microorganismos desciende en el suelo a distancia.

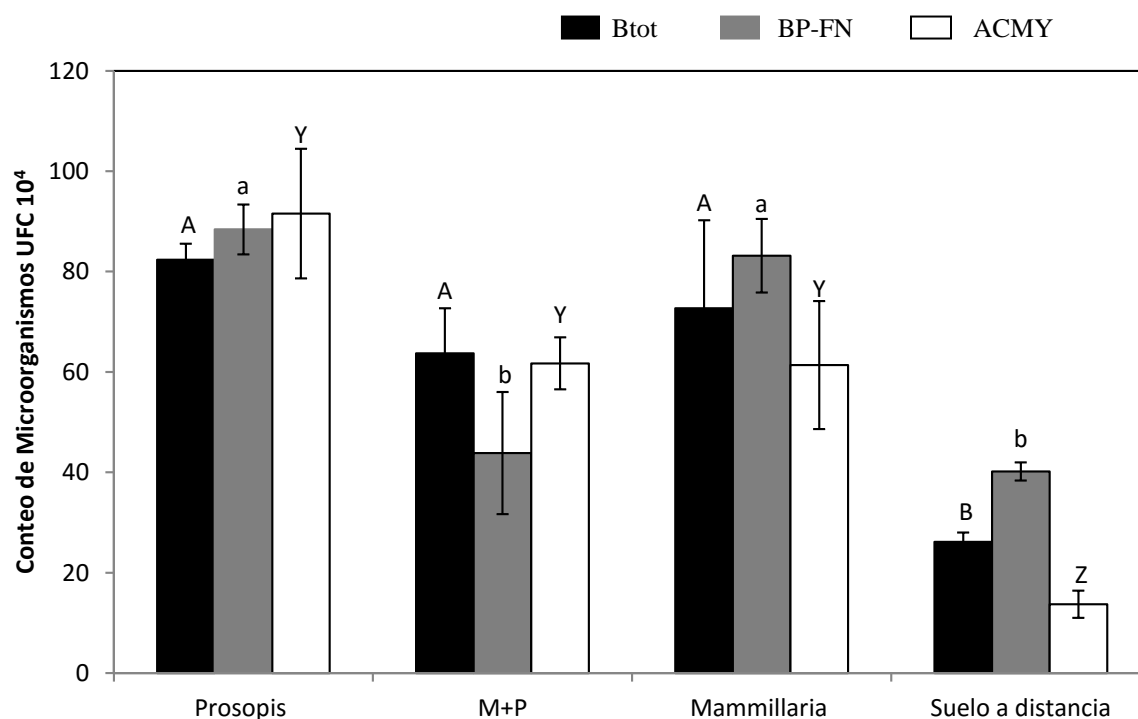


Figura 6. Conteo de bacterias totales cultivables (Btot), bacterias potenciales de vida libre fijadoras de nitrógeno (BP-FN) y actinobacterias (ACMY). Prueba LSD $\alpha = 0.05$ Los resultados con la misma letra no presentan diferencias significativas.

8.4. Caracterización filogenética de bacterias aisladas

Los análisis moleculares permitieron la construcción de un árbol filogenético de las especies de bacterias de la interrizosfera y rizosfera de *Mammillaria compressa* y *Prosopis laevigata*, lo que nos permite observar la afinidad que éstas tienen.

En el Anexo 3, se puede observar un clado dominante formado por el género *Bacillus*, donde se aprecian las especies *Bacillus atrophaeus* y *Bacillus endophyticus*. Además, se detectaron clados menores formados por *Pseudomonas* y *Variovorax*. Las bacterias diazotróficas formaron un clado formado por dos grupos; el género *Sinorhizobium* y el género *Rhizobium*. Por otro lado, se aprecia un segundo clado dominante formado por actinobacterias del género *Streptomyces* y *Arthrobacter*.

8.5. Colonización micorrízica y número de esporas de HMA

El mayor porcentaje de colonización micorrízica total fue encontrado en la rizosfera de *Prosopis*, seguido de la rizosfera de *Mammillaria*, sin embargo, este porcentaje de colonización disminuyó en las raíces de la interrizosfera de ambas plantas (Cuadro 9).

No se encontró la presencia de arbusculos, sin embargo, el mayor porcentaje de colonización de vesículas se observó en la cactácea con respecto a las demás condiciones de la rizosfera (Cuadro 9). Además, se observó la presencia de hongos endófitos septados oscuros (DSE, por sus siglas en inglés), la cual fue superior en las raíces de la interrizosfera de *Mammillaria* en comparación con las raíces de la interrizosfera de *Prosopis*. Sin embargo, la colonización de estos hongos fue similar en la rizosfera de ambas plantas (Cuadro 9).

El número de esporas de HMA de la rizosfera de *Prosopis* y en el suelo a distancia no mostraron diferencia significativa; Sin embargo, el número de esporas aumenta en el suelo de la interrizosfera.

Cuadro 9. Porcentajes de colonización micorrizica, hongos endófitos septados oscuros (DSE), y número de esporas de hongos micorrízicos arbusculares.

Sitio	Colonización Total %	Vesículas %	DSE %	Número de esporas en 100 g de suelo seco
<i>Prosopis</i>	58.7	19.6	24.4	30 b
Interrizosfera (<i>Prosopis</i>)	33.2	18.3	16.1	84 a
Interrizosfera (<i>Mammillaria</i>)	38.3	14.4	35.5	
<i>Mammillaria</i>	52.5	22.1	24.9	32 ab
Suelo a distancia	Nd	Nd	Nd	22 b

Prueba LSD $\alpha=0.005$ Los resultados con las misma letra no son significativamente diferentes. Nd= No detectado.

9. DISCUSIÓN

9.1 Sistema nodriza

Los resultados muestran que la mayor cantidad de especies vegetales en nodrizaje se localizan bajo el dosel de *Prosopis laevigata*. Flores & Jurado (2003) reportan que en los ambientes áridos, las leguminosas frecuentemente actúan como plantas nodrizas, particularmente de especies de las familias cactaceae, poaceae y asteráceae. *Prosopis laevigata* y otras leguminosas favorecen la propagación y dispersión de las cactáceas, debido a la protección que proveen contra altas temperaturas, radiación ya que favorecen el enriquecimiento nutrimental del suelo (Padilla & Pugnaire, 2006). La abundancia de especies de cactáceas encontradas bajo el dosel de leguminosas como *P. laevigata*, se podría explicar porque estas plantas promueven de manera indirecta, la propagación de semillas de cactus y otras especies vegetales al ser nicho ecológico de animales frugívoros los cuales al consumir los frutos de las cactáceas, excretan diseminan estas semillas bajo el dosel de las leguminosas donde viven (Arizmendi *et al.*, 2008). Por otro lado, la cobertura vegetal de *P. laevigata* ayuda a la captura y deposición de semillas o de otros propágulos vegetales (Bashan & de Bashan, 2010).

Ruedas *et al.* (2000) mencionan que las semillas de *Mammillaria* y de muchas cactáceas presentan fotoblastismo positivo que disminuye al aumentar la edad de las mismas, y aunque las leguminosas arbóreas proveen de sombra bajo su dosel, estas plantas poseen hojas caducifolias capaces de proporcionar la cantidad de luz necesaria para la germinación en cualquier estadio de las semillas de las cactáceas. Aunado a esto, elementos como P y K actúan como elementos esenciales en la relación de la abundancia y riqueza de las cactáceas (Teixeira *et al.*, 2004). Con base en las características químicas del suelo

(Cuadro 8), *M. compressa*, presenta concentraciones de fósforo y potasio dentro de los rangos óptimos para el crecimiento de la mayoría de los cactus (P 2-3.5 mg kg⁻¹ y K 350-450 mg kg⁻¹) Estas condiciones permiten entender la diversidad de las especies vegetales que se encuentran bajo el nodrizaje de *P. laevigata*. García *et al.* (2012) reportan en el Valle del Mezquital, que la presencia de *P. laevigata* y *Mimosa biuncifera*, pueden incrementar la diversidad vegetal, debido al arribo de semillas de cactáceas en el sitio donde están establecidas, y donde encuentran un lugar idóneo para su germinación, establecimiento y supervivencia.

Además de las cactáceas, bajo el dosel de *P. laevigata* se encontraron varias especies vegetales de otras familias, presumiblemente a causa de la acumulación de la hojarasca y nutrimentos del suelo, lo anterior genera microambientes benéficos para la adaptación de mayor número de especies que forman parte la estructura de comunidades en estos sitios (Tilman 2004; Cortina & Maestre 2005). El beneficio de *P. laevigata* en la riqueza de especies bajo su dosel se ha reportado en zonas semiáridas del norte de Guanajuato (Cruz *et al.*, 1997), y en el Valle de Tehuacán-Cuicatlán, Puebla, México (Perroni *et al.*, 2006).

Este efecto benéfico es similar al reportado para *Jatropha dioica* la cual actúa también como planta nodriza, esta planta tiene una gran capacidad de propagación vegetativa mediante rizomas que les permite captar nutrimentos rápidamente y sobrevivir en lugares pobres en nutrientes y pedregosos (Manzanero *et al.*, 2009).

Lo anterior sugiere que *P. laevigata* sea más exitosa que otros matorrales para colonizar espacios abiertos (Rzedowski & de Rzedowski, 2001) sin embargo, esta especie se encuentra en menor frecuencia como planta nodriza, posiblemente por sus efectos alelopáticos al producir metabolitos secundarios (esteroides, saponinas, alcaloides y

glucósidos) que inhiben el establecimiento de otras plantas bajo su dosel (Márquez, 2007; Olapeju *et al.*, 2008).

Las especies vegetales de la familia de las asteráceae y poaceae también actúan como plantas nodrizas pero en menor grado, esto por sus efectos alelopáticos y a su ciclo de vida efímero de muchas de ellas, siendo nodrizas solo de algunas plantas que también presentan crecimiento rápido en su estado de plántula (Cazón *et al.*, 2000).

Hay cactáceas con crecimiento globular y de barril tales como *Ferocactus* y *Echinocactus* que frecuentemente no se encuentran asociados al nodrizaje, ya que su forma de crecimiento les confiere mayor tolerancia al calor y a la sequía, por tal motivo su distribución se localiza en espacios abiertos (López & Valdivia, 2007). Sin embargo, *M. compressa* a pesar de ser una cactácea de forma globular, es pequeña, y no toleraría la radiación y las altas temperaturas fuera del nodrizaje (Martinez & Valverde, 2008). Además su rápido crecimiento y sus múltiples formas de propagación vegetal en lugares idóneos como lo es bajo el dosel de *P. laevigata*, hacen de esta cactácea la más frecuentemente asociada a esta planta nodriza (Kelly, 2009). Mandujano *et al.* (2002) reporta mayor abundancia de cactáceas del género *Mammillaria* (*M. carnea* y *M. haageana*) y *Coryphantha pallida* bajo el dosel de *P. laevigata*, en comparación con otras leguminosas como *Mimosa luisana*, en el Valle de Tehuacán, Puebla.

No obstante, en el presente estudio también se encontraron algunos individuos de *M. compressa* sin nodriza, esto es porque las rocas también pueden proporcionar el mismo tipo de protección que una planta nodriza y éstas por efectos de erosión o actividades humanas fueron removidas a otros sitios dejando expuestas a estas cactáceas a los efectos de la exposición solar y depredación (Martorell & Peters, 2005).

En los cuadros 5 y 6 se muestra que hay algunas especies del género *Opuntia*, bajo el efecto del nodrizaje; sin embargo, también se encuentran actuando como plantas nodrizas. Nobel (1988) menciona que este tipo de cactáceas son facultativas del nodrizaje, y pueden estar bajo el dosel de alguna planta nodriza o bien, actuar como plantas nodrizas de otros individuos de su misma especie así como de otras especies vegetales, ya que su forma de elipse le permite el almacenamiento de agua ante condiciones de sequía extrema. Delgado *et al.* (2011) Delgado *et al.* (2013) reportan que las semillas de *Opuntia streptacantha*, en el desierto de Chihuahua, presentan estado de latencia, la cual puede romperse por la presencia de hongos (*Penicillium chrysogenum*, *Phoma* sp. y *Trichoderma koningii*) encontrados en la rizosfera de plantas leguminosas nodrizas, y a su vez, el dosel de éstas propician condiciones de luz favorables para la germinación de las semillas.

En el presente estudio se encontraron algunos individuos pequeños de *Myrtillocactus geometrizans* bajo el dosel de *P. laevigata*, estas cactáceas columnares dependen del nodrizaje durante su estado de plántula (Flores *et al.*, 1988). El crecimiento de estas cactáceas columnares alcanzan alturas muy elevadas, tal es el caso de *Carnegiea gigantea* en Sonora la cual crece asociada a *Cercidium microphyllum*, así como *Neobuxbaumia tetetzo* y *Mimosa luisiana* en el Valle de Zapotitlan, Puebla, una vez que este tipo de cactáceas alcanza su madurez, su crecimiento es muy robusto y llegan a desplazar a sus plantas nodrizas convirtiéndose de plantas nodrizadas a plantas nodrizas (McAuliffe, 1984; Flores *et al.*, 1988).

9.2 Análisis físicos y químicos del suelo

La distribución de las especies vegetales en las zonas semiáridas está sujeta a la relación que hay entre las características físicas y químicas del suelo (Lebgue *et al.*, 2014).

En el cuadro 7 se observa que la textura del suelo distanciado de la nodriza es franca, sin embargo, conforme se acerca a la planta nodriza esta característica física se va modificando hasta presentar texturas franco-arenosas. Bashan & de Bashan (2010) hacen mención que bajo el dosel de las leguminosas se modifica la estructura del suelo gracias a la capacidad que tienen éstas para capturar partículas de polvo acarreadas por el viento, así como acumular materia orgánica al caer sus hojas. Estas modificaciones del suelo que se generan bajo las leguminosas son aprovechadas por plantas freatófitas facultativas como las del género *Prosopis* las cuales en este tipo de suelo (franco-arenoso) tienen la capacidad de desarrollar un sistema radical profundo que le permite explorar mantos freáticos (Villagra *et al.*, 2011; Antezana, 2000). En el Valle de Tehuacán, Lopez *et al.* (2003) indican que *P. laevigata*, *Mimosa* sp. y *Cercidium praecox*, están presentes en suelos jóvenes, sin horizontes maduros, poco profundos, de colores claros, y con textura franco-arenosa.

Por otro lado, el valor de pH (7.9) encontrado en el suelo rizoférico de *P. laevigata* indica que se trata de un suelo ligeramente alcalino de acuerdo con la NOM-021-SEMARNAT (2000), el cual es similar a los rangos de pH de 7 a 8.6 reportados en la zona semiárida de Zapotitlán Salinas, Puebla (Lopez *et al.*, 2003). Así mismo, el pH mostró valores menos alcalinos conforme estos suelos se adentran a la protección del dosel de *P. laevigata*. Muñoz *et al.* (2009) hacen mención que los cambios de pH están relacionados con la cantidad de sales encontradas en la rizosfera de la planta nodriza (554 mg k⁻¹ K y 8032 mg k⁻¹ Ca) ya que en estos sitios hay menor evaporación y mayor entrada de agua, lo cual provoca un lavado más eficiente de las sales, así como un efecto acidificante causado por las concentraciones de materia orgánica bajo el dosel de *P. laevigata*.

El contenido de N en la rizosfera de *M.compressa* (16.2 mg kg⁻¹) es mayor al estimado en el suelo de *P. laevigata* (14.4 mg kg⁻¹); sin embargo, ambos valores

corresponden a un valor moderadamente bajo, según los criterios de NOM-021-SEMARNAT (2002). Esta baja cantidad de nitrógeno está relacionada con la sequía que se presentó durante el periodo de muestreo (enero-septiembre, 2014) en el estado de San Luis Potosí, siendo éste un año anormalmente seco con periodo largo de acuerdo con la CONAGUA (2014). La escasez de agua provoca alteraciones en los ciclos biogeoquímicos, tal es el caso del N y C; cuando aumentan los índices de aridez se reduce la cantidad de carbono y nitrógeno disponibles en el suelo, lo cual está relacionado con la poca actividad de las bacterias fijadoras de nitrógeno y que a su vez, estas bacterias están relacionadas con el contenido de nitrógeno orgánico de la hojarasca de la leguminosa que forma parte de la materia orgánica del suelo (González *et al.*, 2008; Wardle, 2014).

En los análisis de suelo, la cantidad de fósforo en todos los sitios es baja, dependiendo de la procedencia de la muestra con rangos que van de 1.24 a 2.04 mg kg⁻¹ (NOM-021-SEMARNAT, 2002). Sin embargo, hay una tendencia de aumento en las concentraciones de P conforme las muestras del suelo se alejan de *P. laevigata*, encontrando así mayores concentraciones (2.04 mg kg⁻¹) en el suelo a distancia. Lo anterior se atribuye a la intensificación de los procesos abióticos que mejoran la disponibilidad del fósforo, ejemplo de ello, es la intemperización de las rocas que contienen este elemento localizadas en espacios abiertos ajenos al nodrizaje aunado a una menor absorción de este nutriente por las plantas (Wardle, 2014).

En la interrizosfera (*Mimosa+Prosopis*) aparentemente la concentración de P disponible disminuye debido a que las plantas que interactúan en este sitio utilizan el P para suplir sus demandas nutricionales; sin embargo, esta disponibilidad de P está ligada a la presencia de HMA (Tarafdar & Panwar, 2008).

9.3 Cuento e identificación de UFC de bacterias y actinobacterias

La rizosfera de *Prosopis* y *Mammillaria* mostró mayor población de bacterias totales cultivables, bacterias potenciales fijadoras de nitrógeno de vida libre, y actinomicetos. Esto puede atribuirse a que en estos sitios hay menor pérdida de humedad como consecuencia de la presencia de vegetación y de la acumulación de materia orgánica, lo cual crea condiciones favorables para el desarrollo de comunidades microbianas con diversa actividad fisiológica (Agustin *et al.*, 2004).

El contenido de materia orgánica acumulado en la isla de fertilidad fue similar en la rizosfera de *P. laevigata* y *M.compressa* así como de la interrizosfera, lo cual permite lenta infiltración de humedad (Mudarra *et al.*, 2011); Además, este contenido de materia orgánica contribuye a una mejor disponibilidad de exudados radicales para los microorganismos, (Rubio *et al.*, 2012).

Sin embargo, en la interrizosfera se obtuvo menor cantidad de poblaciones de bacterias totales cultivables (63.7×10^4) y bacterias potenciales fijadoras de nitrógeno de vida libre (43.85×10^4). Lo anterior puede estar relacionado a la interacción que existe entre distintas raíces de diferentes especies vegetales en este sitio. Los tipos de exudados que producen las raíces tienen un papel clave en la comunicación entre las plantas y microorganismos de la rizosfera lo cual puede estar beneficiando en mayor grado a cierto tipo de bacterias que a otras (Hao *et al.*, 2010).

Otro factor que puede influir en la disminución de las poblaciones bacterianas está relacionado con el porcentaje de colonización micorrízica, el cual fue mayor colonización en las raíces de *P. laevigata* y *M. compressa* de manera independiente en comparación con las raíces que interactúan en la interrizosfera. Lo anterior se explica porque los HMA benefician a ciertas poblaciones bacterianas ya que la micorriza promueve la agregación y

estabilidad del suelo así como la formación de poros en el suelo que suelen ser habitados por bacterias (Miransari, 2011). La relación entre las poblaciones bacterianas y el porcentaje de colonización micorrizica es estrecha, por un lado, las bacterias mejoran la nutrición de los hongos mediante el suministro de nitrógeno en el caso de diazótrofos, y mejoran la extensión del micelio por la producción de factores de crecimiento, y por otro lado los exudados fúngicos sirven como nutrientes para las bacterias (Klett *et al.*, 2007).

Por otra parte, la cantidad de bacterias potenciales fijadoras de nitrógeno de vida libre en la rizosfera de *P. laevigata* (82.37×10^4) es superior al resto de los demás sitios; sin embargo, no presento diferencias estadísticas como la población estimada en *M. compressa* (72.66×10^4). Esta alta cantidad de bacterias diazotróficas en la leguminosa se debe a que algunas de éstas establecen simbiosis de tipo asociativa o no estricta, y además de fijar nitrógeno también aumentan el número de pelos radicales, en respuesta a las sustancias promotoras de crecimiento secretadas por las bacterias colonizadoras de la raíz o por exudados radicales como reacción a la colonización (Sugiyama & Yakazy, 2012).

Bashan *et al.* (2013) hacen mención que las plantas nodrizadas como *M. compressa* pueden tener altas poblaciones de bacterias fijadoras de nitrógeno de vida libre debido a que éstas promueven el desarrollo de “raíces de lluvia”. Puente *et al.* (2009), mencionan que la abundancia y riqueza de las bacterias fijadoras de nitrógeno de vida libre están relacionadas con el crecimiento del cactus cardón (*Pachycereus pringlei*) y varias otras especies de cactus en la península de Baja California, México, lo que también permite la estabilización de los suelos en los desiertos.

Por otra parte, las comunidades de actinobacterias obtenidas en el suelo a distancia y de microorganismos en general, de este sitio, es menor a las encontradas bajo la planta

nodriza. Esto es porque la cubierta vegetal produce gradientes ambientales que muestran una correlación positiva con la abundancia y la diversidad microbiana (Bachar *et al.*, 2012).

El estudio de los microorganismos en los desiertos es escaso y más aun refiriéndose al grupo de los actinomicetos, reportándose estudios de su diversidad solo en el desierto de Sonora, Atacama y el desierto del Sahara (Okoro *et al.*, 2009).

A pesar de que la mayoría de los actinomicetos crecen preferentemente en suelos alcalinos como el encontrado en el suelo a distancia (pH 8.22), hay factores que afectan el crecimiento de los actinobacterias como la temperatura y la textura del suelo, los cuales disminuyen sus poblaciones (Goodfellow & Williams, 1983). En el desierto de Atacama, Okoro *et al.* (2009) reportan poblaciones de actinobacterias de $(1-5 \times 10^2)$ que presenta condiciones de extrema aridez con suelos compactos y salinos. Sin embargo, estas poblaciones aumentan en la isla de fertilidad producida por *P. laevigata* (Figura 4) posiblemente por mayor acumulación de materia orgánica que se da en este sitio, lo que incrementa las UFC de los actinomicetos al ser estos degradadores de materia orgánica y por lo tanto en el reciclaje de carbono y nitrógeno (Taechowisan *et al.*, 2003).

El género *Bacillus* fue el más numeroso dentro del grupo de bacterias totales cultivables en todos los sitios muestreados. Los miembros de este género son gram positivos, aerobios estrictos o facultativos y se encuentran en diversos ambientes como el suelo, polvo, rocas, ambientes acuáticos y vegetación entre otros (Abrieouel *et al.*, 2011) Se caracterizan por formar endosporas ante condiciones estresantes de sequía y calor como las presentes en el área de estudio, además de presentar gran diversidad de propiedades fisiológicas y distintos requisitos de crecimiento que les han permitido su desarrollo en diversos sitios (Brian & McSpadden, 2004). Otra característica de las bacterias de este género es su capacidad de producir sustancias antimicrobianas (péptidos, lipopéptidos

antibióticos y bacteriocinas) que les confieren ventaja de sobrevivencia en comparación con otras cepas bacterianas (Stein, 2005).

La especie más sobresaliente de este género fue *Bacillus atrophaeus*, originalmente se aisló como *Bacillus globigii* y posteriormente clasificada como *Bacillus subtilis*, al ser estas cepas son fenotípicamente iguales excepto por la producción de ciertos pigmentos en determinados medios de cultivo, sin embargo los análisis moleculares las han clasificado como distintas especies (Burke *et al.*, 2004).

Bacillus atrophaeus presenta una elevada tasa de esporulación ante condiciones extremas que limitan su desarrollo, este proceso una vez que inicia excluye la posibilidad de crecimiento hasta la germinación, por lo tanto, es probable que las condiciones de activación de esporulación estén sujetas a una restricción evolutiva en los ambientes áridos (Zhelev *et al.*, 2012), lo cual explicaría su presencia en el sitio de suelo a distancia.

Por otro lado *Bacillus atrophaeus* también se encontró abundantemente en la interrizosfera y rizosfera de *M. compressa* y *P. laevigata*, esto porque esta especie presenta una eficiente actividad en la colonización de raíces que a su vez proveen de protección a las plantas al producir lipopéptidos y policetidos antimicrobianos que la protegen contra patógenos (Yin *et al.*, 2013). Las cactáceas son plantas suculentas y están bien adaptadas ante condiciones de estrés biótico y abiótico, sin embargo son susceptibles a pudriciones causadas por hongos (*Fusarium*, *Colletotrichum*, *Verticillium*, *Alternaria*) y bacterias fitopatógenos (Moreal *et al.*, 2014) sin embargo en la rizosfera de *M.compressa* se encontró la cepa *Bacillus atrophaeus* UCMB-5137 la cual tiene propiedades de inhibir el crecimiento de hongos y bacterias fitopatógenas en plántulas y frutos de cuerpo blando (Lapa & Reva, 2005; Yin *et al.*, 2013). *Bacillus endophyticus* es una rizobacteria promotora del crecimiento vegetal y a su vez también produce sustancias antibióticas (Yong *et al.*,

2012). *Bacillus thuringiensis* es una bacteria que habita en el suelo y durante la esporulación produce cristales proteicos δ -endotoxinas que poseen propiedades insecticidas (Roh *et al.*, 2007). Asimismo se encontraron bacterias solubilizadoras de micronutrientes en la isla de fertilidad, tal es el caso de *Bacillus aryabhatai* que mejora la movilización y solubilización de zinc en las leguminosas, lo cual es relevante al ser este elemento escaso en las zonas áridas (Ramesh *et al.*, 2014).

El dendograma (**Anexo 3**), ordena las secuencias de bacterias diazotróficas en dos grupos. En el primer grupo encontramos secuencias pertenecientes al género *Sinorhizobium* y en el segundo encontramos las secuencias del género *Rhizobium*. Estos microorganismos son capaces de invadir los pelos radicales de leguminosas de zonas templadas y tropicales y formar nódulos en las raíces, no obstante, todas las cepas son afines a determinada planta hospedera (Holt *et al.*, 1994). Sin embargo, *P. laevigata* es capaz de nodular con al menos tres especies de rizobios: *R. yanglingense*, *Sinorhizobium americanum* y *Mesorhizobium* sp. S2342 (Salas, 2013). Esta facultad de nodulación puede deberse a que las bacterias con las que nodulan no son selectivas por factores Nod, esto posiblemente como respuesta adaptativa ante las condiciones desfavorables de las zonas áridas y semiáridas (Jenkins, 2003; Salas, 2013).

9.4. Colonización micorrízica y número de esporas

El porcentaje de colonización de las raíces de *Prosopis* es ligeramente mayor en comparación a los porcentajes de colonización de las raíces de otros sitios. Esto es porque las plantas con sistemas de raíces gruesas y poco ramificadas son más favorecidas por los HMA, en comparación con las plantas que tienen sistemas radicales muy ramificados con abundantes raíces finas (Ochoa *et al.*, 2009).

Las leguminosas del género *Prosopis* tienen raíces con mayor diámetro y pocos pelos radicales, y experimentan a lo largo de su vida largos periodos de sequia; durante estos lapsos la simbiosis micorrízica ayuda a mejorar las relaciones hídricas y nutrimentales de la planta (Rilling & Mummey, 2006). Por lo anterior este tipo de plantas perenes son micotróficas obligadas y se ha reportado hasta un 90% de colonización micorrízica en *Prosopis glandulose* en el desierto chihuahuense (Collier *et al.*, 2003).

Carrillo *et al.* (1999) y Martínez (2011) mencionan que los porcentajes de colonización micorrízica y el número de propágulos de HMA, así como el establecimiento de especies vegetales, están relacionados con la arquitectura del dosel de las plantas nodrizas. De este modo, una nodriza con dosel más abierto tendrá plantas bajo su dosel con porcentajes de colonización micorrízica mayores, y asociaciones vegetales más específicas; a su vez, una planta nodriza con dosel más cerrado (leguminosas arbóreas y arbustos) tendrán plantas nodrizadas con porcentajes menores de colonización micorrízica ($\pm 40\%$) en comparación con las plantas que viven en espacios abiertos.

El porcentaje de colonización micorrízica en *M. compressa* (52.5%), es ligeramente menor al de *P. laevigata* (54.77%); sin embargo, ambos son superiores a los encontrados en cactáceas como *Mammillaria mathildae* (34.1%) y *M. repens* (45.4%) en zonas semiáridas del estado de Querétaro, México (García & Malda, 2009). La colonización de HMA en *M. compressa* se atribuye a que este tipo de simbiosis incrementa la biomasa radical con la finalidad de aumentar el potencial de exploración de los recursos del suelo. Es conocido que la micorriza arbuscular estimula el crecimiento, desarrollo y nutrición de las plantas especialmente en los suelos con baja fertilidad al mejorar la absorción de nutrimentos y agua, donde el principal requerimiento nutricional para las cactáceas es el fósforo y potasio (Ruedas *et al.*, 2000; Álvarez *et al.*, 2013).

Las raíces en la interrizarosfera de *M. compressa* presentan mayor porcentaje de micorrización que las raíces de la interrizarosfera de *P. laevigata* como consecuencia de la poca luminosidad que se da en ocasiones, debajo del dosel de la planta nodriza. Lo anterior afectaría la actividad fotosintética de la cactácea y por tanto sus fuentes de carbono podrían estar siendo proporcionadas por el micelio de diversos HMA que se extienden entre las raíces de las plantas adyacentes (Bethlenfalvay *et al.*, 1991; Simard & Molina, 1997; Haskins *et al.*, 2004).

Por otro lado, el porcentaje de colonización por vesículas fue ligeramente mayor en las raíces de *M. compressa* (22.10%). Estas estructuras están presentes ante condiciones de estrés hídrico y constituyen un sitio de almacenamiento de sustancias de reservas y polifosfatos (Nardini *et al.*, 2011).

En general, la colonización por vesículas en la interrizarosfera de *Prosopis* (18.34%) y de *M. compressa* (14.44%) fue menor en comparación con las raíces de ambas plantas establecidas independientemente. Este puede deberse a los tipos de exudados de la interrizarosfera y a las condiciones abióticas favorables que se dan bajo el dosel de las leguminosas, lo cual favorece la disponibilidad de nutrimentos (Smith & Smith, 1997).

El mayor número de esporas fue encontrado en la interrizarosfera de ambas plantas, esto porque el sitio está bien protegido y posiblemente porque conserva mejores condiciones de humedad, lo cual afecta de manera positiva la riqueza y abundancia de hongos micorrizicos (Barea *et al.*, 2002). El número de propágulos está relacionado con el porcentaje de colonización micorrizica, por lo tanto entre mayor sea la cantidad de esporas en el suelo, mayor será la probabilidad de que una planta recién establecida sea colonizada por HMA (Lovera & Cuenca, 2007). Sin embargo, esta relación del número de esporas y el porcentaje de colonización no se reflejó en las raíces de la interrizarosfera. Bashan *et al.*

(2010) mencionan que la abundancia de esporas de HMA en las islas de fertilidad no es el principal factor de la colonización micorrízica, y puede darse en las capas superiores del suelo por fragmentos de hifas en vez de esporas. No obstante, el establecimiento de cactus dependen más de los factores edafoclimáticos que la planta nodriza provee, incluyendo la simbiosis micorrízica. Puente *et al.* (2009) mencionan que las plántulas de *Pachocereus pringlei* (Cactaceae) tiene mayor crecimiento al ser inoculadas con bacterias promotoras de crecimiento, incluyendo bacterias solubilizadoras de fósforo y bacterias fijadoras de nitrógeno. Además, López *et al.* (2012) mencionan que existen cactáceas que viven sobre las rocas o lomeríos, por ejemplo *Mammillaria fraileana*, cuya sobrevivencia depende más de bacterias endófitas de la raíz del género *Azotobacter* y *Pseudomonas*, las cuales incrementan la movilización de nutrimentos a partir de la roca, lo que puede conducir a mayor actividad fotosintética y acumulación de biomasa.

Por otra parte, se encontró una colonización de hongos endófitos septados oscuros (DSE) similar a la de HMA. Esta relación parece aparecer simultáneamente en muchas plantas que presentan colonización micorrízica (Dickson, 2004). Se ha relacionado a los DSE en plantas que viven en zonas áridas y semiáridas, los cuales colonizan intra e intercelularmente los tejidos de las raíces formando asociaciones que van desde el mutualismo al parasitismo (Jumpponen, 2001). Las características morfo-anatómicas de los DSE oscuros sugieren que su colonización está relacionada con las estructuras funcionales la simbiosis micorrízica (Smith & Read, 2008). Las hifas de los DSE son delgadas con cuerpos lipídicos las cuales representan zonas potenciales de transferencia de carbono semejante a la función de los arbusculos (intercambio de nutrientes), y por otro lado, la colonización por microesclerocios puede tener una función análoga a las vesículas (de almacenamiento y de estructuras de reposo) (Lugo *et al.*, 2011). Esto explica la relación tan

estrecha entre porcentaje de colonización de vesículas de HMA y las hifas de los DSE (Cuadro 9).

10. CONCLUSIONES

- *Prosopis laevigata* es la planta con mayor efecto de nodrizaje para *Mammillria compressa* aunque esta cactácea mostró nodricismo con *Jatropha dioica* y *Larrea tridentata*.
- *Prosopis laevigata* y *M. compressa* ejercen efecto rizosférico sobre las comunidades bacterianas asociadas a su rizosfera o en su interrzosfera en el fenómeno del nodrizaje; estas comunidades fueron mayores a las cuantificadas en el suelo a distancia.
- El análisis molecular mostró mayor abundancia y diversidad de bacterias en la rizosfera con respecto al suelo a distancia, siendo *Bacillus atrophaeus* la especie más abundante, y el género *Streptomyces* el que tuvo mayor diversidad de especies.
- La colonización micorrízica fue mayor en la rizosfera de *P. laevigata* y *M. compressa* en comparación con la interacción de ambas raíces (interrzosfera) en el nodricismo, en donde el número de esporas fue mayor.

11. LITERATURA CITADA

- Abriouel H., Franz C., Ben N O., Gálvez A. 2011. Diversity and applications of *Bacillus* bacteriocins. *Microbiology Reviews*. 35; 201–232.
- Acosta M, Oliva L, Abril A. 1994. Colección de Rhizobios de *Prosopis* arbóreos en la zona semiárida de la provincia de Córdoba (Argentina). *Ciencia del suelo*.12: 38-40.
- Austin, A T., L. Yahdjian, J M. Stark, J. Belnap, A. Porporato U., Norton, D. A. Ravetta, & S. M. Schaeffer. 2004. Water pulses and biogeochemical cycles in arid and semiarid ecosystems. *Oecologia* 141: 221-235.
- Alberts B., Bray D., Lewis J., Raff M., Roberts K. & Watson D J. *Biología Molecular de la Celula*. 5° ed. Editorial Omega. Barcelona, España. p.27
- Alfaro R I., Fandy B., Giovanni G V., Dawson I K., Fleming R A., Sáenz R C., Linding C R., Murdock T., Vincenti B., Navarro C M., Skroppa T., Baldinelli G, El-Kassaby Y & Loo J. 2014. The role of forest genetic resources in responding to biotic and abiotic factors in the context of anthropogenic climate change. *Forest Ecology and Management* 333:76–87.
- Allison, L.E., Moodie, C.D., 1965. Carbonate. In: Black, C.A., Evans, D.D., White, J.J., Ensminger, I.E., Clark, F.E. (Eds.), *Methods of Soil Analysis, Part 2, Agronomy* 9. American Society of Agronomy, Madison, WI, USA, pp. 1379–1396.
- Alvarez S M., Hernandez A E., Maldonado T R & Rivera G M. 2013. Encalado y micorriza para corregir deficiencia de fósforo en un Andisol cultivado con *Pinus halepensis*. *Madera y Bosques* 19:7-16.
- Antezana C., Atahuachi M., Arrazola S., Fernandez E & Navarro G. 2000. Ecology and biogeography of the genus *prosopis* (mimosaceae) in Bolivia. *Revista boliviana de ecología y conservación ambiental* 8:25-36.
- APHA (American Public Health Association), 1998. In: Franson, M.A.H., Clesceri, L.S., Greenberg, A., Eaton, A.D. (Eds.), *Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater*. , 20th ed. APHA, Washington, DC, USA.

- Arizmendi M C., Davila P., Estrada A., Figueroa E., Márquez V L., Oliveros G O. & Valiente B A. 2008. Riparian mesquite bushes are important for bird conservation in tropical arid Mexico. *Journal of Arid Environments* 72:1146-1163.
- Bachar A., Soares M I M., Gillor O. 2012. The effect of resource islands on abundance and diversity of bacteria in arid soils. *Microbial Ecology*. 63:694–700.
- Balleza J J & Villaseñor J L. 2011. Contribución del estado de Zacatecas (México) a la conservación de la riqueza florística del Desierto Chihuahuense. *Acta Botanica Mexicana* 94: 61-89.
- Barea J M., Azcon R & Azcon A C. 2002. Mycorrhizosphere interactions to improve plant fitness and soil quality. *Antonie van Leeuwenhoek*. 81: 343–351.
- Bashan Y., Davis A E., Carillo G A. & Linderman R G. 2010. Assessment of VA mycorrhizal inoculum potential in relation to the establishment of cactus seedlings under mesquite nurse-trees in the Sonoran Desert. *Applied Soil Ecology* 14:165–175.
- Bashan & de Bashan LE. 2010. Microbial populations of arid lands and their potential for restoration of deserts. P. Dion (ed.). *Soil biology and agriculture in the tropics*. Soil Biology.
- Benata H., Mohammeda O., Noureddine B., Abdelbasset B., Abdelmoumenn H., Muresu R., Squartini A. & El Idrissi M. 2008. Diversity of bacteria that nodulate *Prosopis juliflora* in the eastern area of Morocco. *Systematic and Applied Microbiology*. 31: 378-386.
- Bethlenfalvay G J., Reyes S M G., Camel S B. & Ferrera C R. 1991. Nutrient transfer between the root zones of soybean and maize plants connected by a common mycorrhizal inoculums. *Plant Physiology*.82: 423-432.
- Bohe R. 2006. The evolution of arid ecosystems in eastern Africa. *Journal of Arid Environments* 66:564–584.
- Bouyoucos, G.J., 1962. Hydrometer method improved for making particle size analysis of soil. *Agronomy. J.* 54, 464–465.
- Bravo H H & Sánchez M H. 1991. Las cactáceas de México. Vol III. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F. pp.1-3.

- Brian B. & McSpadden G. 2004. Ecology of *Bacillus* and *Paenibacillus ssp.* in agricultural system. The American Phytopathological Society. 94; 1252-1258.
- Brooker, R.W., Maestre, F.T., Callaway, R.M., Lortie, Ch. L., Cavieres, L.A., Kunstler, G., Liancourt, P., Tielbörger, K., Travis, J.M.J., Anthelme, F., Armas, C., Coll, L., Corcket, E., Delzon, S., Forey, E., Kikvidze, Z., Olofsson, J., Pugnaire, F., Quiroz, C.L., Saccone, P., Schiffers, K., Seifan, M., Touzard, B. y Michalet, R. 2008. Facilitation in plant communities: the past, the present, and the future. *Journal of Ecology* 96: 18–34.
- Bronstein, J.L. 2009. The evolution of facilitation and mutualism. *Journal of Ecology* 97: 1160-1170.
- Brundrett M., Bougher N., Dell B., Grove T. & Malajczuk. 1996. Working with mycorrhizas in forest and agriculture. Australian Center for International Agriculture Research. p. 374.
- Burke S A., Wright J D., Robinson M K., Bronk B. V & Warren R L. 2004. Detection of molecular diversity in *Bacillus atrophaeus* by amplified fragment length polymorphism analysis. *Applied and Environmental Microbiology*.70 (5): 2786–2790.
- Caldwell, M.M., Dawson, T.E. y Richards, J.H. (1998). Hydraulic lift: consequences of water efflux from the roots of plants. *Oecologia* 131: 151-161.
- Camargo R S L., Dhillion S S. & Grether. 2002. Community structure of endemic Mimosa species and environmental heterogeneity in a semi-arid Mexican valley. *Journal of Vegetacion Science* 13:697-704.
- Carrillo G A., Leon de la Luz J L Bashan Y & Bethlenfalvay G J. 2006. Nurse plants, mycorrhizae, and plant establishment in a disturbed area of the Sonoran desert. *Restoration Ecology* 7: 321-33.
- Carrillo G A., León de la Luz J L., Bashan Y. & Bethlenfalvay G J. 1999. Nurse plants mycorrhize, and plant establishment in a disturbed area of the Sonora Desert. *Restoration Ecology*.4: 321-335.
- Cazon A., Viana M. & Gianello J C. 2000. Identificación de un compuesto alelopático de *Baccharis boliviensis* (Asteraceae) y su efecto en la germinación de *Trichocereus pasacana* (Cactaceae). *Revista de Biología Tropical*. 48(1): 47-51.

- Challenger, A., & J. Soberón. 2008. Los ecosistemas terrestres, en Capital natural de México, vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad. Conabio, México, pp. 87-108.
- Cody M L. 1993. Do Cholla Cacti (*Opuntia* spp., Subgenus *Cylindropuntia*) use or need nurse plants in the Mojave Desert? *Journal of Arid Environment* 24: 139-154.
- Collier C S., Yarnes C. & Herman P R. 2003. Mycorrhizal dependency of Chihuahua Desert plants is influenced by life history strategy and root morphology. *Journal Arid Environments*. 55: 223-229.
- Compant S., Clément C., Sessitsch. 2010. Plant growth-promoting bacteria in the rhizo- and endosphere of plants: Their role, colonization, mechanisms involved and prospects for utilization.
- CONAGUA. 2014. Estadísticas del agua en México. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Mexico D.F.
- Cortina J & Maestre T F. 2005. Plants effect on soil in dry lands implications for community dynamics and ecosystems restoration. In Binkley D, Menyailo O (eds). *Tree species effects on soils, Implications for Global Change NATO Science series*. Kluwer Academic Publisher, Dordrecht.
- Cruz R J.A., García-Moya E., Frías H., Montesinos G & Flores J L. 1997. Influencia de los mezquites en la composición y cobertura de la vegetación herbácea de un agostadero semiárido del Norte de Guanajuato. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*. 61: 21-30.
- De La Maza-Benignos M, Vela-Valladares L. 2009. *Cyprinodon julimes* sp. nov. Los peces del Río Conchos (editor: De la Maza Benignos, M.). Alianza WWF-FGRA y Gobierno del Estado de Chihuahua. 185-189.
- De la Peña. 2009. Efectos de la biota edáfica en las interacciones planta-insecto a nivel foliar. *Ecosistemas* 18: 64-78.
- Delgado S P., Ortega Amaro M A., Jiménez B J. & Flores J. (2011). Are fungi important for breaking seed dormancy in desert species? Experimental evidence in *Opuntia streptacantha* (Cactaceae). *Plant Biology* 13 :154–159.
- Delgado S P., Jiménez B J., de la Luz Guerrero G M. & Flores J. (2013) Effect of fungi and light on seed germination of three *Opuntia* species from semiarid lands of central Mexico. *Journal Plant Restoration*. 126:643–649.

- De Viana M L., Sühring S. & Manly B F J. 2001. Application of randomization methods to study the association of *Trichocereus pascanus* (Cactaceae) with potential nurse plants. *Plant Ecology* 156: 193-997.
- Dickson S. 2004. The Arum-Paris continuum of mycorrhizal symbioses. *New Phytology*. 163: 187-200.
- Dregne H E. 1976. *Soils of arid regions*. Elsevier Scientific. Amsterdam. pp. 8-11
- Drenovsky R E & Richards J H. 2005. Nitrogen addition increases fecundity in the desert shrub *Sarcobatus vermiculatus*. *Oecologia*. 143:349-356.
- Drezner, T.D. 2006. Plant facilitation in extreme environments: The non-random distribution of saguaro cacti (*Carnegiea gigantea*) under their nurse associates and the relationship to nurse architecture. *Journal of Arid Environments* 65: 46-61.
- Doyle J J. & Doyle J L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12:13–15.
- Dotzler N C., Walker M., Krings H., Hass H & Kerp T N. Taylor & R. Agerer. 2009. Acaulosporoid glomeromycotan spores with a germination shield form the 400-million-year-old Rhyne chert. *Mycological Progress* 8:9-18.
- Estrada C E., Villarreal Q J., Jurado Y E., Cantú A C., García A M A., Sanchez S J., Jimenez P J. & Pando M M. 2013. Clasificación, estructura y diversidad del matorral submontano adyacente a la planicie costera del Golfo Norte en el Noreste de México. *Botanical Sciences* 90 (1): 37-52.
- Ezcurra E. 2006. *Global desert Outlook*. United Nations Environment Programme. pp 164.
- Finzi A C., Canham C D. & Breemen NV. 1988. Canopy tree-soil interactions within temperate forest: species effects on pH and cations. *Ecology Applied* 8: 447-454.
- Flores J & Jurado E. 2003. Are nurse-protégé interactions more common among plants from arid environments? *Journal of Vegetation Science*. 14: 911-916.
- Flores M. A., Ezcurra E. & Sánchez C S. 1998. Water availability and the competitive of a columnar cactus on its nurse plant. *Acta Oecologica* 1-8.
- Flores J & Yeaton R I. 2000. La importancia de la competencia en la organización de las comunidades vegetales en el altiplano mexicano. *Interciencia* 25(8): 365-371.

- Gallardo A., Covelo F., Morillas L., Delgado M. 2009. Ciclos de nutrientes y procesos edáficos en los ecosistemas terrestres: especificidades del caso mediterráneo y sus implicaciones para las relaciones suelo-planta. *Ecosistemas* 18 (2): 4-19.
- García C J., Sosa V J., Montaña C. 2010. Variation in post-dispersal predation of cactus seeds under nurse plant canopies in three plant associations of a semiarid scrubland in central Mexico. *Journal of Arid Environments* 74: 54–62.
- García S R., Camargo R S L., García M E., Luna M C., Romero M A & Montaña M N. 2012. *Prosopis laevigata* and *Mimosa biuncifera* (Leguminosae), jointly influence plant diversity and soil fertility of a Mexican semiarid ecosystem. *Revista Biología Tropical*. 60 (1): 87-103.
- Garg N & Chandel S. 2010. Arbuscular mycorrhizal networks: process and functions. A review. *Agronomy for Sustainable Development*. 30: 581–599.
- Godínez A H & Ortega B P. 2007. Mexican cactus diversity: environmental correlates and conservation priorities. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*. 81: 81–87.
- Goettsch B & Hernández H M. 2006. Beta diversity and similarity among cactus assemblages in the Chihuahuan Desert. *Journal of Arid Environments* 65: 513–528.
- González C O., Giménez A J., García P J & Aguirre R J R. 2007. Flora vascular de la sierra de catorce y territorios adyacentes, San Luis Potosí, México. *Acta Botánica Mexicana*. 78: 1-38.
- Gonzalez F A., Robles H L., Nuñez B A., Strap J L & Crawford D L. 2009. Molecular and cultural analysis of seasonal actinomycetes in soils from *Artemisia tridentata* habitat. *Phyton* 78: 83-90.
- González M C F., Monroy A A., García A E & Orozco A M S. 2005. Influencia de hongos micorrizógenos arbusculares (HMA) en el desarrollo de plántulas de *Opuntia streptacantha* Lem. sometidas a sequía, en condiciones de invernadero. *Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*. 8:5-10.
- González M F. 2012. Las zonas áridas y semiáridas de México y su vegetación. Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales, Instituto de Ecología.
- Goodfellow M. & Williams S T. 1983. Ecology of actinomycetes. *Annual Review of Microbiology*. 37:189-216.

- Granados S D., Hernández G M A., López R F. 2012. Ecología de los desiertos del mundo. Universidad Autónoma de Chapingo. Edo de México. pp. 22-33.
- Granados S D., Sanchez G A., Granados VR., Borja de la Rosa A. 2011. Ecología de la vegetación del desierto Chihuahuense. Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y del Ambiente, 37: 111-130.
- Guzmán U., Arias S & Dávila P. 2003. Catalogo de Cactáceas mexicanas. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F.
- Hao W Y., Ren L X & Ran W. 2010. Allelopathic effects of root exudates from watermelon and rice plants on *Fusarium oxysporum* f.sp. *niveum*. Plant Soil. 336:485–497.
- Hernán C M & Castellanos V A. 2011. Mineralización del nitrógeno en el suelo de zonas áridas y semiáridas. Terra Latinoamericana. 29: 343-356.
- Hernández H & Barcenás R. 1996. Endangered cacti in Chihuahua Desert: Biogeography and conservation union). Gland, Suiza y Cambridge XIII pp 61.
- Holt J G., Krieg N R., Sneath P H A., Staley J T. & Williams S T. 1994. Bergey's manual of determinative bacteriology. Ninth edition. Editorial Sans Tache. Maryland USA. P 94-97.
- Hunt D R. 2006. The new cactus lexicon (2 Vol.) Editorial Remous Ltd Milborne Port. Inglaterra.
- Jenkins M B. 2003. Rhizobial and bradyrhizobial symbionts of mesquite from Sonora desert, salt tolerance, facultative halophily and nitrate respiration. Soil Biology and Biochemistry. 35: 1675-1682.
- Jumpponen A. 2001. Dark septate endophytes-are they mycorrhizal? Mycorrhiza 11:207-211.
- Jurado G P., Sierra T J S., Lara M C., Saucedo T R & Morales C N. 2013. Establishment of native grasses with biosolids on abandoned croplands in Chihuahua, Mexico. Applied and Environmental Soil Science. 13: 1-7.
- Kelly J. 2009. How to propagate agaves and cacti from cuttings and seed. The University of Arizona Cooperative Extension. 1-4.

- Klett P F., Garbaye J & Tarkka M. 2007. The mycorrhiza helper bacteria revisited. *New Phytologist*. 176:22-36.
- Lapa S V, Reva O M. 2005. Some properties of *Bacillus subtilis* strains active against rotting agents on strawberries and fruit. *Mikrobiol. Z.* 67:22–31.
- Li J., Okin G S., Alvarez L., Epstein H. 2007. Quantitative effects of vegetation cover on wind erosion and soil nutrient loss in a desert grassland of southern New Mexico, USA. *Biogeochemistry*. 85:317–332
- Li J., Okin G S., Alvarez L., Epstein H. 2008. Effects of wind erosion on the spatial heterogeneity of soil nutrients in two desert grassland communities. *Biogeochemistry*. 88:73–88.
- Liu T., Sheng M., Wang C Y., Chen H., Li Z & Tang M. 2015. Impact of arbuscular mycorrhizal fungi in the growth, water status, and photosynthesis of hybrid poplar under drought stress and recovery. *Photosynthetica*. 53:250–258.
- López BR., Bashan Y., Bacilo M. 2012. Endophytic bacteria of *Mammillaria fraileana*, and endemic rock-colonizing cactus of the southern Sonora Desert. *Arch Microbiol*. 193: 527-541
- Lopez G F., Muñoz I D., Hernández M M., Soler A A., Castillo M & Hernández A I. 2011. Análisis integral de la toposecuencia y su influencia en la distribución de la vegetación y la degradación del suelo en la Subcuenca de Zapotitlán Salinas, Puebla. *Boletín de la Sociedad Geológica Mexicana* 4:19-41.
- Lovera M & Cuenca G. 2007. Diversidad de hongos micorrizicos arbusculares (HMA) y potencial micorrizico del suelo de una sabana natural y una sabana perturbada de la gran sabana, Venezuela. *Interciencia*. 32: 109-114.
- Lugo A M. Giordano P G. Urcelay C & Crespo E M. 2011. Colonización radical por endófitos fúngicos en *Trithrinax campestris* (Arecaceae) de ecosistemas semiáridos del centro de Argentina. *Boletín Sociedad Argentina Botánica* 46: 213-222.
- Manzanero M G I., Flores M A., Sandoval Z E & Bye B R. 2009. Etnobotánica de siete raíces medicinales en el mercado de Sonora de la Ciudad de Mexico. *Polibotánica* 27: 191–228.

- Márquez B E. 2007. La sangre de grado (*Jatropha dioica*). Boletín 36 CECADER (Centro de Calidad para el Desarrollo Rural) SAGARPA (Secretaria de Agricultura y Ganaderia) México.
- Martínez B A. & Valverde T. 2008. Growth response of three globose cacti to radiation and soil moisture: An experimental test of the mechanism behind the nurse effect. *Journal of Arid Environments*. 72:1766-1774.
- Martínez L B & Pugnaire F I. 2009. Interacciones entre los hongos formadores de micorrizas arbusculares y de plantas. Algunos ejemplos en los ecosistemas semiáridos. *Ecosistemas*. 18:44-54.
- Martínez BA., &Valverde T. 2008. Growth response of three globose cacti to radiation and soil moisture: An experimental test of the mechanism behind the nurse effect. *Journal of Arid Environments*. 72: 1766– 1774.
- Martínez G L B. 2011. Micorrizas arbusculares en ecosistemas semiáridos. Respuesta a factores de estrés ambiental. *Ecosistemas* 20(2-3):117-120.
- Martorell C. & Peters E. 2005. The measurement of chronic disturbance and its effects on the threatened cactus *Mammillaria pectinifera*. *Conservation Biology*. 124 (22): 199–207.
- McAuliffe J R. 1984. Saguaro-nurse tree associations in the Sonoran Desert cacti: competitive effects of saguaros. *Oecologia* 64: 319-321.
- Meave J., Martínez A L. 2002. La biogeografía, una disciplina integradora de las ciencias biológicas. *Revista Universidad de Mexico*. 66-7.
- Meyer S E & García M E. 1989. Plant community patterns and soil moisture regime in gypsum grasslands of north central Mexico. *Journal Arid Environment*. 16:147-155
- Miranda J D., Padilla F M & Pugnaire F I. 2004. Sucesión y restauración de ambientes semiáridos. *Ecosistemas*. 13: 55-58.
- Miransari M. 2010. Contribution of arbuscular mycorrhizal symbiosis to plant growth under different types of soil stress. *Plant Biology* 12:563–569.
- Miransari M. 2011. Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and soil bacteria. *Appl Microbiol Biotechnology*. 89:917–930.

- Monreal V C T., Espitia M E. & Escandón Q O. 2014. Hongos patógenos del garambullo *Myrtillocactus geometrizan* (Mart. ex. Pfeiff.) console en Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí, México. *Revista Iberoamericana de Ciencias*. 1; 45-59.
- Morrell F., Hernandez A., Borges Y & Marentes F. 2009. La actividad de los hongos micorrízicos arbusculares en la estructura del suelo. *Cultivos Tropicales* 30:25-31.
- Mudarra M., Andreo B & Baker A. 2011. Characterisation of dissolved organic matter in karst spring waters using intrinsic fluorescence: Relationship with infiltration processes. *Science of the Total Environment* 409:3448-3462.
- Muñoz A., Huerta M.F & Uribe M.C., 2012. Nodrizaje. p. 23-35. *In* Huerta MF & Castro FL. (ed.) *Interacciones ecológicas*. Zapopan, Jalisco.
- Nardini B C., Di Salvo P L & Garcia S I E. 2011. Micorrizas arbusculares: asociaciones simbióticas e indicadores de calidad ambiental en sistemas de cultivos extensivos. *Revista Argentina de Microbiología*. 4.
- Nobel P S. 1988. *Environmental Biology of Agaves and Cacti*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Norma Oficial Mexicana NOM-021-SEMARNAT-2000 que establece las especificaciones de fertilidad, salinidad y clasificación de los suelos. Estudio, muestreo y análisis.
- Ochoa M A., Esqueda M., Fernández V R.. & Herrera P R.2009. Variación estacional de hongos micorrízicos arbusculares asociados con *Agave angustifolia*, en la sierra sonorense, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 32: 189– 199.
- Oehl F., Alves D G., Tomio G B. & Sieverding E. 2011. *Glomeromycota*: three new genera and glomoid species reorganized. *Mycotaxon*. 116: 75–120.
- Olapeju O A., Bola J O., Babatunde D A & Bola A A. 2008. The antimicrobial activity of *Jatropha multifida* extracts and chromatographic fractions against sexually transmitted infections. *Journal of Medical Sciences*. 8:143-147.
- Olsen, S.R., Dean, L.A., 1965. Phosphorus. In: Black, C.A., Evans, D.D., White, J.J., Ensminger, I.E., Clark, F.E. (Eds.), *Methods of Soil Analysis, Part 2, Agronomy* 9. American Society of Agronomy, Madison, WI, USA, pp. 1035–1049.
- Oluranti O B. 2010. Beneficial bacterial of agricultural importance. *Biotechnology Letters*. 32:1559-1570

- Ortega B P. & Godínez A H. 2006. Global diversity and conservation priorities in the Cactaceae. *Biodiversity and Conservation*. 15: 817–827.
- Paciecznik NM., Harris P JC & Smith S J. 2003. Identificación de especies tropicales de *Prosopis*: guía de campo. HDRA, Coventry, UK.
- Padilla FM & Pugnaire FI. 2006. The role of nurse plants en the restoration of degraded environments. *The Ecological Society of America*. 4: 196–202.
- Parsons A J. & Abrahams A D. 2009. *Geomorphology of Desert Environment*. Springer. 2nd ed. Springer. NY.USA. pp.4-6.
- Perroni V Y., Montaña C & García O F. 2006. Relationship between soil nutrient availability and plant species richness in a tropical semi-arid environment. *Journal of Vegetation*. 17: 719-728.
- Peters E M., Martorell C & Ezcurra E. 2008. Nurse rocks are more important than nurse plants in determining the distribution and establishment of globose cacti (*Mammillaria*) in the Tehuacán Valley, Mexico. *Journal of Arid Environments*. 5: 583–601.
- Puente E M., Li C Y. & Bashan Y. 2009. Endophytic bacteria in cacti seeds can improve the development of cactus seedlings. *Environmental and Experimental Botany*. 66:402–408.
- Pugnaire FI, Haase P, Puigdefábregas J. 1996. Facilitation between higher plant species in a semiarid environment. *Ecology* 77 (5): 1420-1426.
- Quisehuatl-Tepexicuapan E, Ferrera-Cerrato R, Silva-Rojas HV, Rodriguez-Zaragoza, Alarcon A, Almaraz-Suárez JJ. Free-living culturable bacteria and protozoa from the rhizoplanes of three floating aquatic plant species. *Plant Biosystems*, 2014; DOI:10.1080/11263504.2014.989282
- Ramesh A., Sharma S K., Sharma M P., Yadav O P. 2014. Inoculation of zinc solubilizing *Bacillus aryabhatai* strains for improved growth, mobilization and biofortification of zinc in soybean and wheat cultivated in vertisols of central India. *Applied Soil Ecology*. 73; 87-96.
- Rai U N., Pandey K., Sinha S., Singh A., Saxena R & Gupta D K. 2004. Revegetating fly ash lendfills with *Prosopis juliflora*, impacte of different amendmets and *Rhizobium* inoculation. *Environment International*30: 293–300.

- Requena N., Serrano E., Ocón A & Breuninger M. 2007. Plant signals and fungal perception during arbuscular mycorrhizal establishment, *Phytochemistry* 68, 33–40.
- Rilling M C., & D L. Mummey. 2006. Mycorrhizas and soil structure. *New Phytologist* 171: 41-53.
- Reynolds J F., Stanfford SM. & Lambin E. 2003. Global desertification. do humans cause deserts? *American Geographical Society*. 93:413-415.
- Rilling M C., & Mummey D L. 2006. Mycorrhizas and soil structure. *New Phytologist* 171: 41-53.
- Roh C., Li J. & Je. 2007. *Bacillus thuringiensis* as a specific, safe, and effective tool for insect pest control. *Journal of Microbiology and Biotechnology*. 417: 547–559.
- Rubio G., Mosca C., Varela M F., Scianca C. & Taboada M A. 2012. INBA. Estructura de suelos arenosos bajo cultivos de cobertura. 44:43-47.
- Ruedas M., Valverde T & Castillo A S. 2000. Respuesta germinativa y crecimiento de plántulas de *Mammillaria magnimamma* (Cactacea) bajo diferentes condiciones ambientales. *Sociedad Botánica de México*. 66:25–35.
- Ruiz G T., Zaragoza R S., Ferrera C R. 2008. Fertility islands around *Prosopis laevigata* and *Pachycereus hollianus* in the drylands of Zapotitlán Salinas, México. *Journal of Arid Environments* 72:1202–1212.
- Rzedowski J & de Rzedowski C G. 2001. Flora fanerogámica del Valle de México, CONABIO, Instituto de Ecología A.C. Centro Regional del Bajío, Michoacán, México.
- Rzedowski J. 1961. La vegetación del estado de San Luis Potosí. Tesis de doctorado. Facultad de ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. D.F.228.
- Rzedowski J. 1988. Análisis de la distribución geográfica del complejo *Prosopis* (Leguminosae, Mimosoideae) en Norteamérica. *Acta Botánica Mexicana*. 3:7-19.
- Salas J D. 2000. Hidrología de zonas áridas y semiáridas. *Ingeniería del Agua*. 7:409-429.
- Salas O J. 2013. Flavonoides de *Prosopis laevigata* (mezquite) inductores de genes *nod* de rizobios. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de estudios superiores Iztacala. México D.F.

- Simard S W & Molina R. 1997. Net transfer of carbon between ectomycorrhizal tree species in the field. *Nature*. 388;579:582.
- Skujins J. 1991. Soil microbiology in reclamation of arid and semiarid lands. Marcel Dekker. New York. pp.111
- Smith F A & Smith S E. 1997. Structural diversity in (vesicular)- arbuscular mycorrhizal symbioses. *New Phytology*. 137:373-388.
- Smith S E & Read D J. 2008. *Mycorrhizal Symbiosis*. Academic Press, San Diego.
- Sprent J I. 2005. Nitrogen Fixation in Agriculture, Forestry, Ecology, and the Environment: Nodulated legume trees. Werner D & Newton W E. Springer. Netherlands. pp. 113-142.
- Strauss S L., Day T A., Garcia P F. 2012. Nitrogen cycling in desert biological soil crusts across biogeographic regions in the Southwestern United States. *Biogeochemistry* 108:171–182.
- Stein T. 2005. *Bacillus subtilis* antibiotics: structures, syntheses and specific functions. *Molecular Microbiology*. 56: 845–857.
- Sugiyama A & Yazaki K. 2012. Root Exudates of legume plants and their involvement in interactions with soil microbes. *Signaling and Communication in Plants* 12:1227-48.
- Taechowisan T., Peberdy F J. & Lumyong S. 2003. Isolation of endophytic actinomycetes from selected plants and their antifungal activity. *World Journal of Microbiology & Biotechnology* 19: 381–385.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., & Kumar S. 2013. Mega &: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- Tarafdar JC & Panwar J. 2008. Role arbuscular mycorrhizae in P nutrition of plants under arid and semiarid environment. En: Montañó NM, Camargo-Ricalde SL., García Sánchez, R & Monroy Ata A (eds) *Arbuscular mycorrhizae in arid and semiarid ecosystems*. Mundi Prensa, INE-SEMARNAT, UAM-Iztapalapa, FES-Zaragoza UNAM, Mexico.
- Taulé C., Mareque C., Barlocco C., Hackembruch F., Reis V M., Sicardi M. & Battistoni F. 2012. The contribution of nitrogen fixation to sugarcane (*Saccharum officinarum* L.),

- and the identification and characterization of part of the associated diazotrophic bacterial community. *Plant Soil* 356:35–49.
- Teixeira V R , Castro C C , Ceroni S C & Eyzaguirre P R. 2004. Diversidad y densidad de la comunidad de cactáceas en el cerro Umarcata y Quebrada Orobel en el Valle del Río Chillón (Lima) y su relación con los factores edáficos. *Ecología Aplicada*. 3: 1– 8.
- Thougnon I A., Eyherabide M., Echeverria H E., Sainz R H & Covacevich F. 2014. Capacidad micotrófica y eficiencia de consorcios con hongos micorrícicos nativos de suelos de la provincia de Buenos Aires con manejo contrastante. *Revista Argentina de Microbiología*. 42: 133– 143.
- Tilman D. 2004. Niches tradeoffs, neutrality, and community structure: A stochastic theory of resource competition, invasion, and community assembly. *PNAS*. 30: 10854– 10861.
- Tirado R. & Pugnaire F. I. 2005. Community structure and positive interactions in constraining environments. *OIKOS*. 111: 437– 444
- Urbano L. 2011. Global atmospheric circulation and biomes. *Montessori Muddle*. 4
- Vega A A., Toro M., Baigori M., Fernández L., Vázquez F. 2010. Influencia de la vegetación en la variación espacial de la abundancia de microorganismos en el desierto del Monte, San Juan, Argentina. *Ecología Austral*. 20:247-256.
- Villagra P E., Giordano C., Álvarez J A., Cavagnaro J B., Guevara A., Sartor C., Passera C B & Silvina G. 2011. Ser planta en el desierto: estrategias de uso de agua y resistencia al estrés hídrico en el Monte Central de Argentina. *Ecología Austral*. 21:29-42.
- Walkley, A., Black, I.A. An examination method of Degtjareff, method for determining soil organic matter and a proposed modification of the chromic acid titration method. *Soil Science*. 1934; 37, 29–38.
- Wardle D A. 2014. Las zonas aridas: Cada vez menos fértiles. *Investigación y Ciencia*. 453:27-36.
- Whitford, W. G. 2002. *Ecology of desert systems*. Academic Press. Jamestown Road, London, UK.
- Yin C W., Dietel K., Lapa S V., Avdeena L V., Borris R. & Reva O N. 2013. Draft genome sequence of *Bacillus atrophaeus* UCMB-5137, a plant growth-promoting Rhizobacterium. *Genome Announc*. 1: 1-2.

Yong J L., Sang J L., Sun H K., Sang J L., Byoung C K., Han S L., Haeyoung J & Dong W L. 2012. Draft Genome Sequence of *Bacillus endophyticus* 2102. 194; 5705–5706.

Zhelev D V., Hunt M., Le A., Dupuis C., Ren S., & Gibbons H S. 2012. Effect of the *Bacillus atrophaeus* subsp. *globigii* Spo0F H101R Mutation on strain fitness. Applied and Environmental Microbiology. 78; 8601– 8610.

12. ANEXOS

Anexo 1. Morfología de las bacterias aisladas de medio Agar Nutritivo (Bacterias Totales cultivables, 1-55) y bacterias aisladas de medio Lipman (Bacterias Potenciales Fijadoras de Nitrógeno, 56-78).

S=Suelo a distancia; M+P= Interrizosfera; M= rizosfera de *M.compressa*; P= rizosfera de *P.laevigata*

Clave	Forma	Elevación	Borde	Color	Morfología celular	Tinción de Gram
1S	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilococos	negativos
2S	Circular	Plana	Entero	marrón	bacilococos	negativos
3S	Circular	Plana	Entero	Blanco	bacilococos	Negativos
4S	Circular	Convexa	Entero	Blanco	Bacilus	Positivos
5S	Circular	Convexa	Entero	Amarilla	Bacilos	Positivos
6S	Irregular	Plana	Undulado	Crema	Bacilos	Positivos
7S	-	-	-	-	cocobacilos	Negativos
8S	irregular	Plana	undulado	crema	bacilos	Positivos
9S	irregular	Plana	undulado	Marron	Bacilo	Positivos
10S	irregular	Plana	undulado	Marron	bacilos	Positivos
11S	circular	Plana	entero	hialino	bacilos	Positivos
12S	irregular	Plana	entero	crema	Bacilos	Positivos
13S	circular	Plana	entero	crema	Bacilos	Positivos
14S	circular	Plana	erose	Crema	Bacilos	Positivos
15M+P	circular	Plana	entero	crema	bacilos	Positivos
16M+P	circular	convexa	entero	blanco	cocos	Negativos
17M+P	circular	convexa	entero	Blanco	bacilos	Positivos
18M+P	circular	Plana	entero	blanco	bacilos	Negativo
19M+P	circular	Plana	erose	Blanco	bacilos	Positivos
20M+P	circular	convexa	entero	blanco	bacilos	Positivos
21M+P	irregular	Plana	undulado	Marron	Bacilos	Positivos

22M+P	irregular	Plana	erose	marron	Bacilos	Positivos
23M+P	circular	raised	undulado	blanco	Bacilos	Positivos
24M+P	circular	raised	entero	amarillo	cocos	Positivos
25M+P	circular	convexa	erose	blanco	Bacilos	Negativos
26M+P	circular	convexa	entero	blanca	bacilococos	Negativos
27M+P	Irregular	plana	entero	crema	bacilos	Positivos
28M+P	Irregular	plana	undulado	cafe	bacilos	Positivos
29M+P	Circular	convexa	entero	blanca	bacilos	Positivos
30M+P	Circular	convexa	entero	salmón	bacilos	Positivos
31M+P	Circular	convexa	entero	Amarilla	cocos	Positivos
Clave	Forma	Borde	Elevación	Color	Morfología celular	Tinción de Gram
32M	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilos	positivos
33M	Irregular	Irregular	Undulado	Crema	bacilos	positivas
34M	Circular	Convexa	Entero	Crema	bacilos	positivas
35M	Circular	Convexa	Entero	Crema	bacilos	positivas
36M	Circular	Pilvinada	Entero	Blanco	bacilos	positivas
37M	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilos	positivas
38M	Circular	Convexa	Entero	Salmon	bacilos	positivas
39M	Circular	Pulvinada	Entero	Blanco	bacilos	positivas
40M	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilos	positivas
41M	Circular	Convexa	Entero	Salmon	cocos	positivas
42M	Circular	Raised	Entero	Blanco	bacilos	positivas
43M	Circular	Convexa	Erose	Blanco	bacilos	positivas
44P	Irregular	Plana	Entero	Blanco	bacilos	positivas
45P	Irregular	Plana	Undulado	Blanco	bacilos	positivas
46P	Irregular	Plana	Erose	Blanco	bacilos	positivas
47P	Circular	Plana	Entero	Crema	bacilos	positivas
48P	Circular	Plano	Entero	Blanco	bacilos	positivas
49P	Filamentosa	Plana	Filamentosa	Blanco	bacilos	negativa
50P	Circular	Convexa	Entero	Marron	bacilos	positivas
51P	Circular	Raised	Undulado	Marron	bacilos	positivas
52P	-	-	-	-	bacilos	positivas
53P	Irregular	Plana	Erose	Blanco	bacilos	positivas
54P	Circular	Plana	Entero	Blanco	bacilos	positivas
55P	Circular	Convexa	Entero	Crema	bacilos	positivas
56s	Circular	Pulvinado	Entero	Hialino	bacilos	negativa
57s	Circular	Convexa	Entero	Amarillo	bacilos	positivas
58s	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilos	positivas
60M+P	Circular	Pulvinada	Entero	Hialino	bacilos	negativas
61M+P	Elíptica	Convexa	Entero	Hialina	bacilos	negativas
62M+P	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilos	negativas

63M+P	Circular	Plana	Entero	Hialino	bacilos	negativas
64M+P	Circular	Convexa	Entero	Amarillo	bacilos	negativas
65M+P	Circular	Plana	Entero	Blanca	bacilo	negativas
66M+P	Circular	Plana	Entero	Crema	estreptobacilos	positivos
67P	Irregular	Convexa	Entero	Blanca	cocos	positivas
68P	Circular	Pulvinada	Entero	Blanca	bacilos	negativas
69P	Circular	Plana	Entero	Blanca	bacilos	negativas
70P	Circular	Convexa	Entero	Hialina	bacilos	negativas
71P	Circular	Pulvinada	Entero	Amarillo	bacilos	negativas
72P	Circular	Convexa	Entero	Hialino	bacilos	negativas
73P	Circular	Convexa	Entero	Blanco	bacilos	negativas
74M	Circular	Convexa	Entero	Hialino	bacilos	negativas
75M	Irregular	Plana	Entero	Hialino	bacilos	negativas
76M	Circular	Convexa	Entero	Amarillo	cocos	negativas
77M	Circular	Pulvinada	Entero	Hialina	bacilos	negativas
78M	Circular	Plana	Entero	Blanco	bacilos	negativas

Anexo 2. Secuencias de 16S rDNA correspondientes a bacterias aisladas de medio Agar Nutritivo (Bacterias Totales cultivables)

S=Suelo a distancia; M+P= Interrizosfera; M= rizosfera de *M.compressa*; P= rizosfera de *P.laevigata*

>1 S, *Pseudomonas azotoformans*. 16S rDNA, IHBB 9881, 1275 pb

```

CTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGTAGAGAGAAGCTTGCTTCTCTT
GAGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCTGCCTGGTAGTGGGGGATAACGTTCCGAAACGG
ACGCTAATACCGCATACGTCCTACGGGAGAAAGCAGGGACCTTCGGGCCTTGCGCTATCAGATGAGCC
TAGGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATCCGTAAGTGGTCTGAGAGGAT
GATCAGTCACACTGGAAGTGGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACA
ATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGTCTTCGGATTGTAAGCACTTTAAGT
TGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAATACTCTGCAATTTTGACGTTACCGACAGAATAAGCACCGGCTAACTCT
GTGCCAGCAGCCGCGGTAATACAGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTA
GGTGGTTTGTAAAGTTGGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAACTGCATTCAAAACTGACTGACTA
GAGTATGGTAGAGGGTGGTGGAAATTCCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACACCCAGT
GGCGAAGGCGACCACCTGGACTAATACTGACACTGAGGTGCCAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCAACTAGCCGTTGGAAGCCTTGAGCTTTTAGTGCCGCAGC
TAACGCATTAAGTTGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAACTCAAATGAATTGACGGGGGCC
CGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGCCTTGACATCCNA
TGAACCTTTCTAGAGATAGATTGGTGCCTTCGGGAACATTGAGACAGGNGCTGNATGGCTGTCGTCAGCTC
GTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGTCTTAGTTACCAGCACGTAATGG
TGGCACTCTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCC
CTTACGGCCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGGTCCGTACAGAGGGTTGCCAAGCCGCGAGGTGGAG
CTAATCCATAAAACCGATCGTAGT

```

>2 S, *Pseudomonas fluorescens*.16SrDNA, S1 (7), 1355 pb

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGTAGAGAG
AAGCTTGCTTCTCTTGAGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCTGCCTGGTAGTGGGGGATA
ACGTTTCGAAAACGAGCCTAATACCGCATACGTCCTACGGGAGAAAAGCAGGGGACCTTCGGGCCTTGCG
CTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATCCGTAAC
TGGTCTGAGAGGATGATCAGTCACACTGGAAGTGAACACGCTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGTCTTCGGATTG
TAAAGCACTTTAAGTTGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAATACTCTGCAATTTTGACGTTACCGACAGAATAA
GCACCGGCTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACAGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGG
CGTAAAGCGCGTAGGTGGTTTGTAAAGTTGGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATTC
AAAATGACTGACTAGAGTATGGTAGAGGGTGGTGAATTTCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATA
GGAAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACCACCTGGACTAATACTGACACTGAGGTGCGAAAGCGTGGGG
AGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCAACTAGCCGTTGGAAGCCTTGAG
CTTTTGTGGCGCAGCTAACGCATTAAGTTGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCTCAAAT
GAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACC
AGGCCTTGACATCCAATGAACTTTCTAGAGATAGATTGGTGCCTTCGGGAACATTGAGACAGGTGCTGCA
TGGCTGTCGTAGCTCGTGTGCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCTTAC
TACCAGCACGTAATGGTGGGCACCTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGAC
GTCAAGTCATCATGGCCCTTACGGCCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGTCCGGTACAGAGGGTTGCCA
AGCCGCGAGGTGGAGCTAATCCATAAAACCGATCGTAGTCCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGT
GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGAATCAGAATGTC

>3 S, *Pseudomonas fluorescens*. 16S rDNA, S1(7),1269

TGATCCTGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGTAGAGAGAAGCTT
GCTTCTCTTGAGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCTAGGAATCTGCCTGGTAGTGGGGGATAACGTTT
GGAAACGGACGCTAATACCGCATACGTCCTACGGGAGAAAAGCAGGGGACCTTCGGGCCTTGCGCTATCA
GATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATCCGTAACCTGGTCT
GAGAGGATGATCAGTCACACTGGAAGTGAACACGCTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAAT
ATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGTCTTCGGATTGTAAGCA
CTTTAAGTTGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAATACTCTGCAATTTTGACGTTACCGACAGAATAAGCACCGG
CTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACAGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAG
CGCGCTAGGTGGTTTGTAAAGTTGGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATTCAAAACCTG
ACTGACTAGAGTATGGTAGAGGGTGGTGAATTTCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGA
ACACCAGTGGCGAAGGCGACCACCTGGACTAATACTGACACTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACA
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCAACTAGCCGTTGGAAGCCTTGAGCTTTTGTAGT
GGCGCAGCTAACGCATTAAGTTGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGAC
GGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGCCTTG
ACATCCAATGAACTTTCTAGAGATAGATTGGTGCCTTCGGGAACATTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTC
GTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCTTGTAGTTACCAGCA
CGTAATGTGGGACTGCTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTTCAAAGTCA
TCATGGCCCTTACGGCCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGTCCGGTACAGAGGGTTGCCAAGCCGCGAG
GTGGAGCTAATCCATA

4 S, *Bacillus atrophaeus*. IHBB 9871,16S rDNA,1394 pb

AACCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTG
CTCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCC
GGGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTA
CCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAANGGCTCACCAAGGCNACGATGCG
TAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTAGGGAATCTTCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAGTATGAAGTTTTTCG
GATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAA
CCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAAT
TATTGGCGTAAAGGGCTCGCAGGGGTTTTCTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAG
GGTCAATTGAAAACCTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAAATTCACGTTAGCGGTGAAATGC
GTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAA
GCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGTAAAGTGTAGG
GGTTTTCCGCCCTTGTAGTGTGCTGACGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGTCCGCAAGACT
GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGCGA
AGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCTTCGGGGGACAGAGTGA

CAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACC
CTTGATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTG
GGGATGACGTCAAATCATCATGCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGG
GCAGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGA
CTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGT
ACACACCGC

>6 S, *Bacillus sp.* 16S rDNA, IHB B 3458,1385 pb

AGAGTTTGCATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATG
GGAGCTTGCTCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGG
ATAACTCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTNTTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGC
TTCGGCTACCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCA
ACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGTGCGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACG
GGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAA
GGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAAAGTACCGTTCGAATAGGGCCGGTACCTTGACG
GTACCTAACAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTG
TCCGGAATTATTGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAAC
CGGGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCACCTGATGCGGT
GAAATGGGTAGAGATGTGGAGGAACACAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGG
AGCGAAAGCGTGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAAG
TGTTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCG
CAAGACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGC
AACCGGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACAATCNTAGAGATAGGACGTCCCCTTCGGGGGG
AGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAACGAG
CGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAG
GAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATGCCCCCTTAGTACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGA
ACAAAGGGCAGCGAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGC
AACTCGACTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCG

>8 S, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, IHBB 9871,1284 pb

GCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGGAAACCGGGG
CTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTACCACTTACAGATG
GACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTAGCCGACCTGAG
AGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCT
TCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTC
TGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACAGAAAGCCACG
GCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAA
GGGCTCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGTCATTGGAAAC
TGGGTAACCTTGAGTGAGAGGAGAGTGAATTCACCGTGTAGCGGTGAAATCGCTAGAGATGTGGA
GGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCG
AACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGGTTTCCGCCCC
TTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCGAAGACTGAAACTCAAAGGAA
TTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACCGGAAGAACCTTACCAGG
TCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGGCAGAGTGACAGGTGGTGCATG
GTTGTCGTCAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAGTTG
CCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGTGGGGATGACGTCAA
ATCATCATGCCCCCTTAGTACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGGCAGCGAGACCG
CGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGCT
GGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGA

>9 S, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, IHBB 9871, 1344 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCTC
CCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGG
AAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTACCA
CTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGTGCGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTTCGGAT
CGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACCA
GAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT

TGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGT
CATTGGAAGTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTA
GAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCG
TGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGGTAAAGTGTAGGGGG
TTTTCCGCCCTTAGTCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGAGTACGGTTCGCAAGACTGAAA
CTCAAAGGAATTGNCGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAA
CCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGACAG
GTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCT
GATCTTAGTTGCCAGCNTTCAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACNGGGAGGAAGGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGGAACTCGA
CTGCGTGAAGCTGGGAATCGCTAGTAATC

>10 S, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, UCMB-5137, 1340 pb

TCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGC
TCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCG
GGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTAC
CACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGT
AGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCGG
ATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAAC
CAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGG
GTCATTGGAAGTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAG
CGTGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGG
GGTTTTCCGCCCTTAGTCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGAGTACGGTTCGCAAGACTG
AAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAA
GAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACATCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCC
TTGATCTTAGTTGCCAGCATTACAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCGTGAAGCTGGA

>11 S, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, IHBB 9871, 1400 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCTC
CCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGG
AAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTACCA
CTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCGGAT
CGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACCA
GAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT
TGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGT
CATTGGAAGTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTA
GAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCG
TGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGG
TTTTCCGCCCTTAGTCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGAGTACGGTTCGCAAGACTGAAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAA
CCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACATCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGACAGG
TGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTA
TCTTAGTTGCCAGCATTACAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGA
TGAGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGGCGA
CGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGC
GTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCAGGCTTGTACAC
ACCGCCCGTACAC

>12 S, *Bacillus mojavensis*. 16S rDNA, IARI-NIAW2-23, 1419 pb

CCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCT
CCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGG
GAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTACC
ACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTACCAAGGCAACGATGCGTA
GCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTCCGA
TCGTAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTTCGAATAGGGCGGTACCTTGACGGTACCTAACC
AGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTA
TTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGG
GTCATTGAAACTGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGCCGAAGCGACTCTGGTCTGTAAGTACGTGACGCTGAGGAGCAAAAG
CGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGG
GGTTTCCGCCCTTAGTGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGTTCGCAAGACTG
AAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAA
GAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACAATCCTAGAGATAGGACGTCCCCTTCGGGGGAGAGTGAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCC
TTGATCTTAGTTGCCAGCATTNAGTTGGCAGCTAAGGTGACTGCCGTTGACAAACCGGAGGAAAGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGAGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAAACAAGGG
NAGCGAAACCGGAGGTTAAGCCAATCCACAAATCTGTTCTCAGTTCCGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTA
CACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAAAC

>13 S, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, UCMB-5137, 1403 pb

TGAGAGTTTTGAATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACA
GATGGGAGCTTGCTCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGAC
TGGGATAACTCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAG
TGGCTTCGGCTACCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACAA
GGCAACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGA
TGAAGTTTTCCGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTCCCGTTCAAATAGGGCGGACCTT
GACGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAAGTACCTGACGAGCCGCGGTAATACGTAGTTGGCGAAAG
GTTGTCCGGAATTAATGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCGGCT
CAACCGGGGAGGGTCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAG
CGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGCCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCT
GAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGC
TAAGTGTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACG
GTCGCAAGACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCG
AAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGG
GGCAGAGTGACAGTGGTGGTGCATGTTGCTGCAGTCTGCTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAA
CGAGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACC
GGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGG
ACAGAACAAAGGGCAGCGAGACCGGAGGTTAAGCCAATCCACAAATCTGTTCTCAGTTCCGATCGCA
GTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTT
CCCGGGCCTTGACACAC

>15 M+P, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA. IHBB 9871, 1367 pb

GGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCTCC
CTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGGA
AACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTACCAC
TTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTAGC
CGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
AGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTCCGATC
GTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTCCCGTTCAAATAGGGCGGACCTTGACGGTACCTAACCAG
AAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT
GGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGT
CATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTA
GAGATGTGGAGGAACACCAGTGCCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCG
TGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGG

TTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTGAAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAA
CCTTACCAGGCTTGACATCCTCTGACACCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGACAG
GTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTT
GATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGG
GATGACGTCAAATCATCATGCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGGC
AGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACT
CGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGT

>19 M+P, *Bacillus endophyticus*. 16S rDNA, CM2E2,1238 pb

TGCTTTTCAAATTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGACGGGGATAACT
CCGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTGGCTTTTAG
CTACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGAT
GCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTT
TCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCTGTTGAATAAGCAGGTACCTTGACGGTACC
TAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGG
AATTATTGGGCTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCGCTCAACCGTG
GAGGGTCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAA
TGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGCGC
GAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGT
TAGAGGGTTTCCGCCCTTATGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAA
GACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAAC
GCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGGACAGA
GTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGC
AACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAA
GGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACA
AAGGGCTGCAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGTAG

>20 M+P, *Bacillus atrophaeus*, 16S rDNA, UCMB-5137,1373 pb

TCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGC
TCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCG
GGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTAC
CACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGT
AGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCGG
ATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTCCGCTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAAC
CAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGCTCAACCGGGGAGG
GTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAG
CGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGG
GGTTTCCGCCCTTATGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTG
AAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAA
GAACCTTACCAGTCTTGACATCCTCTGACACCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGAC
AGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCC
TTGATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTT

>21 M+P, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, NRS 1221A, 1372 pb

TGAGAGTTTGAACCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGA
TGGGAGCTTGCTCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTG
GGATAACTCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTG
GCTTCGGCTACCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGG
CAACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTAC
GGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATG
AAGGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTCCGCTTCAAATAGGGCGGCACCTTGA

CGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGT
TGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCGGCTCA
ACCGGGGAGGGTATTGGAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCG
GTGAAATCGGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAACGTACGCTGA
GGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGAGTGCTA
AGTGTTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGT
CGCAAGACTGAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTTCGAA
GCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACACCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGG
GCAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCACTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACG
AGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGG
AGGAAGTGGGGATGACGTCAAATCATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACA
GAACAAAGGGCAGCGACCGCGAGGTTAAGCCAAATCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCT
GCAACTCGACTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCG

>22 M+P, *Bacillus endophyticus*. 16S rDNA, IHBB 9943, 1367 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTGAAAAGCTTGCT
TTTTAAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGACGGGGATAACTCCG
GGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTGGCTTTTAGCTAC
CACTCAAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGT
AGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCG
ATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCTGTTNAATAAGCAGGTACCTTGACGGTACCTAACC
AGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTA
TTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGG
TCATTGAAAACCTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGT
AGAGATGTGGAGAACACCACTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAACGTACGCTGAGGCGCGAAAG
CGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTAGAG
GGTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTTCGCAAGACTG
AAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAA
GAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGGACAGAGTGAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCTGCTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCC
TTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAGGGG
GGATGACGTCAAATCATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGG
CTGCAAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAACCATCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCC
TACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAA

>23 M +P, *Bacillus endophyticus*, 16S rDNA, IHBB 9943, 1325 pb

CCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTGAAAAGCTTGCT
TTTTAAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGANGGGGATAACTCC
GGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTGGCTTTTAGCT
ACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGC
GTAGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTC
GGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCTGTTGAATAAGCAGGTACCTTGACGGTACCTA
ACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAA
TTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAA
GGGTCAATTGAAAACCTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATCCACGTGTAGCGGTGAAATG
CGTAGAGATGTGGAGGAACACCACTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAACGTACGCTGAGGCGCGAA
AGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTAG
AGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTTCGCAAGAC
TGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG
AAGAACCTTACCAGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGGACAGAGTG
ACAGGTGTTGATGGTTGTCTGCTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAAC
CCTTGTAGTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAAGT
GGGGATGACGTCAAATCATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAG
GGCTGCAAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAACCATCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCG
CCTACATGA

>24 M+P, *Kocuria palustris*, 16S rDNA, IHBB 11063,1380 pb

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCACCAGCTTGCTGGTG
TGGATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAATACGTGAGTAACCTGCCCTTGACTCTGGGATAAGCCCGGAAA
CTGGGTCTAATACTGGATGCTACATGTCACCGCATGGTGGTGTGTGGAAAGGGTTTACTGGTCTTGGATG
GGCTCACGGCCTATCAGCTTGTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAG
AGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTC
TTTCAGCAGGGAAGAAGCCACAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGT
CGCTCTGCTGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTGTGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGCAG
TAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGATTGGCGAAG
GCAGGTCTCTGGGCTTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTG
GTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGACATTCCACGTTTTCCGCGCCGTAGCTAAC
GCATTAAGTGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC
ACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGG
ATCGTTCCAGAGATGGTTCTTCCCTTTGGGGTCCGTATACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTACGCTCGTG
TCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGTTGCCAGCACGTGATGGTG
GGACTCATGGGAGACTCCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTT
TATGTCTTGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCGTTACAAAGGTTGCGATACTGTAGGTGGAGCTAAT
CCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGAGGTCTGCAACTCGACCTCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAAT
CGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCAAGTCACGAA

>25 M+P, *Lysinibacillus parviboronicapiens*, 16S rDNA, IHB B 7112,1371 pb

TGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGAATGATGAGGAAGC
TTGCTTCTCTGATTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTACCTTATAGTTTNGGATAAC
TCCGGGAAACCGGGGCTAATACCAATAATCTCTTTTACTTTCATGGTAAAAGACTAAAAGACGGTTTCCGGC
TGTCGCTATAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAACGGCTCACCAAGGCAACGATG
CGTAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTAGGGAATCTTCCACAATGGGCGAAAGCCTGATGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAAGAAGGATTT
CGGTTTCGTAAACTCTGTTGTAAGGGAAGAACAAGTACAGTAGTAACCTGGCTGTACCTTGACGGTACCTTA
TTAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAAACGTTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAAT
TATTGGCGTAAAGCGCGCAGGTGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGAGG
GGTCAATTGAAAACCTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGATAGTGGAAATCCAAGTGTAGCGGTGAAATGC
GTAGAGATTTGGAGGAACACCAGTGCCGAAGGCGACTATCTGGTCTGTAAGTACACTGAGGCGCGAAA
GCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGG
GGTTTTCCGCCCTTATGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCGAAGACT
GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGA
AGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCCATTGACCACTGTAGAGATACAGTTTTCCCTTCGGGGACAACGGT
GACAGTGGTGCATGGTTGTGCTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAA
CCCTTGATCTTAGTTCATCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGG
TGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACGATAAAA
CGGTTGCCAACTCGCGAGAGGGAGCTAATCCGATAAAGTCGTTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTC
GCCTACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGA

>27 M+P, *Bacillus* sp. 16S rDNA, 4014, 1413 pb

ATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGAATCGATGGGAGCTTG
CTCCCTGAGATTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTATAAGACTGGGATAACTTC
GGGAAACCGGAGCTAATACCGGATACGTTCTTTTCTCGCATGAGAGAAGATGGAAAGACGGTTTACGCTG
TCACTTATAGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATGCG
TAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGAGCAACGCCGCGTGAACGAAGAAGGCCTTCG
GGTCGTAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCAGAGTAACCTGCTGGTACCTTGACGGTACCTAAC
CAGAAAGCCACGGCTAAGTACGTGCCAGCAGCCGCTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGG
GTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGGAAATCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGT
AGAGATTTGGAGGAACACCAGTGCCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACACTGAGGCGCGAAAGC
GTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGAGG
GTTTTCCGCCCTTATGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGA
AACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAG

AACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACAACCCTAGAGATAGGGCTTTCCCCTTCGGGGGACAGAGTGA
CAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACC
CTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGG
GCTGCAAACCTGCGAAGGTAAGCGAATCCCATAAAGCCATTCTCAGTTCCGATTGCAAGGCTGCAACTCGC
CTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCAGGCTTGT
ACACACCGCCCGTACACCACGAGAGT

>29 M+P, *Bacillus atrophaeus*, 16S rDNA, IHB 9871,1409 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCTC
CCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGG
AAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGCTACCA
CTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAANGGCTACCAAGGCNACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCGGAT
CGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACCA
GAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT
TGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGT
CATTGGAAACTGGGAACTTGAAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTA
GAGATGTGGAGGAACACAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAGCG
TGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGG
TTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGAGTACGGTTCGCAAGACTGAAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAA
CCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACACCCCTAGAGATAGGGCTTTCCCCTTCGGGGGACAGAGTGACAG
GTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTT
GATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGG
GATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGGC
AGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACT
GCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCAGGCTTGTAC
ACACCGCCCGTACACCACGAGAGT

>32 M, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, UCMB-5137,1349 pb

TGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCT
TGCTCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACT
CCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGGTGGCTTCGGC
TACCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATG
CGTAGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTT
CGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCT
AACCAGAAAGCCAGCCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGA
ATTATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGG
AGGGTCATTGAAACTGGGGAACCTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAAT
GCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGA
AAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTTA
GGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGTTCGCAAGA
CTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGC
GAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACATCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGACAGAT
GACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAA
CCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGG
TGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAA
GGGACGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCCGGATCGCAGTCTGCAACTC
GACTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCG

>33 M, *Bacillus simplex*. 16S rDNA, IHB B 17010,1360 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGAATCGATGGGAGCTTGCTC
CCTGAGATTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTATAAGACTGGGATAACTTCGGG
AAACCGGAGCTAATACCGGATACGTTCTTTTCTCGCATGAGAGAAGATGGAAAGACGGTTTACGCTGTCA
CTTATAGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG

TAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAACGAAGAAGGCCTTCGGGT
CGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCAGAGTAACTGCTGGTACCTTGACGGTACCTAACCAG
AAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT
GGCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTG
ATTGAAAACCTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGAATTCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGA
GATTTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACACTGAGGCGCGAAAGCGTG
GGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTAGAGGGTTT
CCGCCCTTATGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACT
CAAAGGAATTGACGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAACC
TTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACAACCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGGACAGAGTGACAGG
TGGTCATGGTTGCTGTCAGTCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTG
TCTTAGTTGCCAGCATTCAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGTGGGGA
TGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCTG
CAAACCTGCGAAGGTAAGCGAATCCATAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGC
ATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCG

>34 M, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, NRS 1221A,1384

TAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCTCCCTGATGTTAGCGGGCGGACGGGTGAGTAAC
ACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGA
ACNGCATGGTTCAAACATAAAAGGTGGCTTCGGCTACCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAG
TTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG
GACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAACTTCCGCAATGGACGAAAGTCTG
ACGGAGCAACGCCGCTGAGTGATGAAGTTTTCCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTG
CCGTTCAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCC
GCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGTTTCTTA
AGTCTGATGTGAAAGCCCCCGCTCAACCGGGGAGGGTCAATTGGAAACTGGGGAACCTGAGTGCAGAAG
AGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCG
ACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTA
GTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATT
AAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTGCGAAGACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAG
GGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACACCCC
TAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGCAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTTCGCT
AGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTACAGTTGGGCACTCT
AAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCT
GGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGGCAGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAA
ATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGAT
CAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGT

>35 M, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, NRS 1221A, 1415 pb

TCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGC
TCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCG
GGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAGGTGGCTTCGGCTAC
CACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCAACGATGCGT
AGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACCGCGGTGAGTGATGAAGTTTTCCG
ATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAAC
CAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGG
GTCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAG
CGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGG
GGTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTTCGCAAGACTG
AAACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGTTAATTCGAAGCAACGCGGAA
GAACCTTACCAGGCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGCAGAGTGAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCC
TTGATCTTAGTTGCCAGCATTACGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGT
CACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGT

>37 M, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, UCMB-5137,1364 pb

CCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCT
CCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGG
GAAACCGGGGCTAATAACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGTGGCTTCGGCTACC
ACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTA
GCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTCCGA
TCGTAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACC
AGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTA
TTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGG
TCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGT
AGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAGC
GTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGG
GTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTGA
AACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAG
AACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACACCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGACA
GGTGGTGCATGGTTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCT
TGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCAAAATCTGTTCTCAGTTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGA

>38 M, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, UCMB-5137, 1406 pb

CCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCT
CCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGG
GAAACCGGGGCTAATAACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGTGGCTTCGGCTACC
ACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTA
GCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTCCGA
TCGTAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACC
AGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTA
TTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGG
TCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGT
AGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAGC
GTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGG
GTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTGA
AACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAG
AACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGACA
GGTGGTGCATGGTTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACCGGAGGAAGGTGG
TGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGG
GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCAAAATCTGTTCTCAGTTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCAGGCGCTTGTA
CACACCGCCCGTACACCACGA

>40 M, *Bacillus atrophaeus*. 16S rDNA, IHB B 4053,1394 pb

AACCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTG
CTCCCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCC
GGGAAACCGGGGCTAATAACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAAGTGGCTTCGGCTA
CCACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAANGGCTCACCAAGGCNACGATGCG
TAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTCCG
GATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAA
CCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAAT
TATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAG
GGTATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGC
GTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAA
GCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGG
GGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACT

GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGA
AGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCTTCGGGGGCAGAGTGA
CAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACC
CTTGATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTTAAGTGTACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTG
GGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGG
GCAGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGA
CTGCGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGT
ACACACCGC

>41 M, *Arthrobacter* sp. 16S rDNA, M2012083,1334 pb

CTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAACACATGCAAGTCAACGATGATCCAGCTTGTCTGGG
GGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAAC
TGGGTCTAATACCGGATACGACCATCTGGCGCATGTCATGGTGGTGAAAGCTTTTGTGGTTTTGGATGG
ACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGA
GGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCT
TTCAGTAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCC
CGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCG
CGTCTGCTGTGAAAGACCGGGGCTCAACTCCGGTTCTGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGCAGTAG
GGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCA
GGTCTCTGGGCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTA
GTCCATGCCGTAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGGACATTCACGTTTTCCGCGCCGTAGCTAACGCA
TTAAGTGCCTCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAA
GCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGAACCGGAAA
GACCTGGAACAGGTGCCCGCTTGGCGTGGTTACAGGTGGTGCATGGTTGTGCTCAGCTCGTGTGCG
TGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCTATGTTGCCAGCGCGTTATGGCGGGG
ACTCATAGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTAT
GTCTTGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCGGTACAAAGGGTTGCGATACTGTGAGGTGGAGCTAATCCC
AAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGC
AGATCAGCAACGCTGCGGTGA

>42 M, *Bacillus aryabhatai*. 16S rDNA, IHBB 11068,1362 pb

CTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCAAGCGAAGTGAAGCTTGCTT
CTATGACGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTTCGG
GAAACCGAAGCTAATACCGGATAGGATCTTCTCCTTCATGGGAGATGATTGAAAGATGGTTTTCGGCTATCA
CTTACAGATGGGCCCGCGGTGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAAACGGCTCACCAAGGCAACGATGCATAG
CCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACCCGCGTGAGTGATGAAGGCTTTCGGGT
CGTAAAACCTGTTGTAGGGAAGAACAAGTACGAGAGTAACCTGCTNGTACCTTGACGGTACCTAACCA
AAAGCCACGGCTAAGTACTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAATTATTG
GGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCA
TTGGAAACTGGGGAACCTTGAAGTGCAGAAGAGAAAAGCGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGA
GATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTTTTTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGCGCGAAAGCGTG
GGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAAGTGTAGAGGGTTT
CCGCCCTTATGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTGCAGAACTGAAACT
CAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGGAAGCAACGCGAAGAACC
TTACCAGTCTTGACATCCTCTGACAACCTTAGAGATAGAGCGTTCCCTTCGGGGGACAGAGTGACAGG
TGGTGCATGGTTGTGCTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGA
TCTTAGTTGCCAGCATNAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGA
TGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCTG
CAAGACCGCGAGGTCAAGCCAATCCATAAAACCACTTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCTAC
ATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCG

>43 M, *Bacillus simplex*. 16S rDNA, IHB B 17010,1374 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCAAGCGAATCGATGGGAGCTTGCTC
CCTGAGATTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTATAAGACTGGGATAACTTCGGG
AAACCGGAGCTAATACCGGATACGTTCTTTCTCGCATGAGAGAAGATGGAAAGACGGTTTTACGCTGTCA
CTTATAGATGGGCCCGCGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAAAGGCTACCAAGGCGACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG

TAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAACGAAGAAGGCCTTCGGGT
CGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCAGAGTAACTGCTGGTACCTTGACGGTACCTAACCAG
AAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT
GGGCGTAAAGCGCGCAGGTGGTTCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTC
ATTGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGGAAATTCAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGA
GATTTGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACACTGAGGCGCGAAAGCGTG
GGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTAGAGGGTTT
CCGCCCTTGTAGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACT
CAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAACC
TTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACAACCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGG
TGGTCATGGTTGTCGTGTCAGTCTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGCGCAACCCCTTGA
TCTTAGTTGCCAGCATTCAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGTGGGGA
TGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCTG
CAAACCTGCGAAGGTAAGCGAATCCATAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGC
ATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCC

>45 P, *Bacillus thuringiensis*. 16S rDNA, HS18-1,1413 pb

TCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGAATGGATTGAGAGCTTG
CTCTCAAGAAGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCATAAGACTGGGATAACTC
CGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATAACATTTGAACTGCATGGTTGAAATTGAAAGGCGGCTTCGGCT
GTCACTTATGGATGGACCCGCGTCGATTAGCTAGTTGGTGAAGTAAACGGCTCACCAAGGCAACGATGC
GTAGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGCTTTC
GGTCTGTAAGTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGTAGTTGAATAAGCTGGCACCTGACGGTACCTA
ACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAA
TTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGA
GGTTCATTGAAACTGGGAGACTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGAATTCCATGTGTAGCGGTGAAATG
CGTAGAGATATGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACACTGAGGCGCGAA
AGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTAG
GGTTTTCCGCCCTTGTAGTGTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGAGTACGGCCGCAAGGCT
GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGA
AGAACCTTACCAGTCTTGACATCCTCTGAAAACCTAGAGATAGGGCTTCTCCTTCGGGAGCAGAGTGA
CAGTGGTGCATGGTTGTCGTGACGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGCGAACC
CTTGATCTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTG
GGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACGGTACAAAGA
GCTGCAAGACCGCGAGGTGGAGCTAATCTCATAAACCCTTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGC
CTACATGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCAGGCTTGT
CACACCGCCCGTACACCACGAGAGT

>47 P, *Bacillus atrophaeus*.16S rDNA, NRS 1221A,1359 pb

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGCTC
CCTGATGTNAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCGGG
AAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAGGTGGCTTCGGCTACCA
CTTACAGATGGACCCGCGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAAACGGCTCACCAAGGCAACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGACAGCAG
TAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTCCGAT
CGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAACCA
GAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT
TGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGT
CATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTA
GAGATGTGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCG
TGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGGGG
TTTCCGCCCTTGTAGTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGAGTACGGTTCGCAAGACTGAAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGGCTGGAGCATGTGGTTAATTGCAAGCAACGCGAAGAA
CCTTACCAGTCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGACAGAGTGACAG
GTGGTGCATGGTTGTCGTGACGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCT
GATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGG
GATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGGC
AGCGAGACCGCGAGGTTAAGCCAATCCACAAAATCTGTTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACT
CGGTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCG

>48 P, *Bacillus sp.* 16S rDNA, VITABR6,1372 pb

GAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTGA
AAAGCTTGCTTTTCAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGACGGG
GATAACTCCGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGTGG
CTTTTAGCTACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTACCAAGG
CGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAT
GAAGGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCTGTTNAATAAGCAGGTACCTTGA
CGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGT
TGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCACGGCTC
AACCGTGGAGGGTCATTGAAACTGGGAACTTGTAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATCCACGTGTAGC
GGTGAATGCGTAGAGATGTGGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAACGATGAGCTG
AGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCT
AAGTGTTAGAGGGTTTTCCGCCCTTATGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGT
CGCAAGACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCCGAA
GCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGG
ACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACG
AGCGCAACCCCTTATGTTAGTCCAGCATTGATGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGCACAAACCGG
AGGAAGGTGCGTAGCTCAAATCATGCCCTTATGACTGGGCTACACACGCTGACAACGATGAGCTG
GTACAAAGGGCTGCAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCATAAAACCAATTCTCAGTTCGGATTGTAGGCT
GCAACTCGCCTACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCG

>49 P, *Sinorhizobium sp.* 16S rDNA, S009,1331 pb

TCAGAACGAACGCTGGCGGACAGGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGCCCCGCAAGGGGAGCGGCAGACG
GGTGAAGTAACGCGTGGGAATCTACCCATCCCTACGGAACAACCTCCGGGAAACTGGAGCTAATACCGTATA
CGCCCTTCGGGGGAAAGATTTATCGGGGATGGATGAGCCCGCGTTGGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAAA
GGCCTACCAAGGCGACGATCCATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATTGGGACTGAGACACGGC
CCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCCATGCCG
CGTGAGTGATGAAGGCCCTTAGGGTTGTAAGCTCTTTCACCGGAGAAGATAATGACGGTATCCGGAGAAG
AAGCCCCGGCTAACTTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTGTTCCGGAATTACTG
GGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATATTTAAGTCAGGGGTGAAATCCCAGAGCTCAACTCTGGAATGCC
TTTGATACTGGGTATCTTGTAGTATGGAAGAGGTAAGTGAATTCGAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATA
TTCGCAAGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTTACTGGTCCATTACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGG
GAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAATGTTAGCCGTCGGCAAGTTTAC
TTGTCCGGTGGCGCAGCTAACGCATTAACATTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCGAAGATTAACACTCAAAG
GAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGCAGAACCTTACC
AGCCCTTGACATGCCCGGCCAGCTACAGAGATGTAGTGTCCCTTCGGGGACCGGGACACAGGTGCTGC
ATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCCTCGCCCTTA
GTTGCCAGCATTAGTGGGCACTTAAGGGGACTGCCGGTGATAAGCCGAGAGGAAGGTGGGGATGAC
GTCAAAGCTTACGGCCTTACGGCTGGGCTACACACGCTGCTACAATGGTGGTGCAGCTGACAACGCGA
AGGAGCGATCCCGAGCTAATCTCCAAAAGCCATCTCAGTTCGGATTGCACTCTGCAACTCGAGTGCATGA
AGTTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCG
CCGTCACACCATG

>50 P, *Bacillus atrophaeus.* 16S rDNA, IHB B 4053,1346 pb

ACCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGACAGATGGGAGCTTGC
TCCCTGATGTNAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCTGTAAGACTGGGATAACTCCG
GGAAACCGGGGCTAATACCGGATGCTTGTGTTGAACCGCATGGTTCAAACATAAAAGGTGGCTTCGGCTAC
CACTTACAGATGGACCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAACGGCTCACCAAGGCAACGATGCGT
AGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCG
ATCGTAAAGCTGTTTGTAGGGAAGAACAAGTCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTAAAC
CAGAAAGCCACGCTAATACCTAGCTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGGGCTCGCAGGCGGTTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGG
GTCATTGAAACTGGGAACTTGTAGTGCAGAAGAGGAGAGTGAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAG
CGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTAGGG
GGTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCGAAGACTG

AAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAA
GAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACANCCCTAGAGATAGGGCTTCCCCTTCGGGGGCAGAGTGAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTACGCTCGTGTCTGAGATGTTGGTTAAGTCCCCGCAACGAGCGCAACCC
TTGATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAGGG
GGATGACGTCAAATCATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACAGAACAAGGG
CAGCGAGACCGGAGGTTAAGCCAATCCCACAAATCTGTTCTCAGTTCCGGATCGCAGTCTGCAACTCGAC
TGCCTGAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCG

>51 P, *Bacillus endophyticus*. 16S rDNA, IHBB 9943,1397 pb

ATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTGAAAAGCTT
GCTTTTTCAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGACGGGGATAACT
CCGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTGGCTTTAG
CTACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGAT
GCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGCTGAGTGATGAAGGTTT
TCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCTGTTGAATAAGCAGGTACCTTGACGGTACC
TAACCGAAAAGCCACGGCTAAGTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGG
AATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAAGCCACGGCTCAACCGTG
GAGGGTCAATTGAAAACCTGGGGAACCTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAA
TGCGTAGAGATGTGGAGGAACACAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGCGC
GAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGT
TAGAGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGTCGCAA
GACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAAC
GCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGGACAGA
GTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTACGCTCGTGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCACGACGAGCGC
AACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTNAGTTGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAA
GGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACA
AAGGGCTGCAAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAAACCTTCTCAGTTCCGATTGTAGGCTGCAAC
TCGCCTACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCAGGTC
TTGTACACACCGC

>53 P, *Bacillus endophyticus*. 16S rDNA, S160(2),1339 pb

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTG
AAAAGCTTGCTTTTTCAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGACGG
GGATAACTCCGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTG
GCTTTTAGCTACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAG
GCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAT
GAAGGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCTGTTGAATAAGCAGGTACCTTGA
CGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAAGTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGT
TGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAAGCCACGGCTC
AACCCTGGAGGGTCATTGGAACTGGGGAACCTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATTCCACGTGTAGC
GGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTG
AGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCT
AAGTGTAGAGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGT
CGCAAGACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAA
GCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGG
ACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTACGCTCGTGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCACGACG
AGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTNAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGG
AGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATG
GTACAAAAGGGCTGCAAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAAACCTTCTCAGTTCCGATTGTAGGCT
GCAACTCGCCTACATGAAGCC

>54 P, *Bacillus endophyticus*. 16 rDNA, KR085883.1_1375 pb

ACCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTGAAAAGCTTG
CTTTTTCAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCCTTGAGACNNGGATAACTC
CGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTGGCTTTTAGC
TACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATG
CGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGC

AGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTT
CGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGGAAGAACAAGTACCTGTTGAATAAGCAGGTACCTTGACGGTACCT
AACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGA
ATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGG
AGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAAT
GCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAACGACGCTGAGGCGCG
AAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTA
GAGGGTTTTCCGCCCTTTAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGA
CTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGC
GAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGGACAGAGT
GACAGTGGTGATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGATGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAA
CCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTNAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAG
TGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAA
GGGCTGCAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTC
GCCTACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTT

>55 P, *Bacillus endophyticus*, 16S rDNA, IHBB 9943,1366 pb

TCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGAGTTTTGAAAAGCTTG
CTTTTCAAACCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGCAACCTGCCCTTGAGACGGGGATAACTC
CGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATAACACATATCTTCGCATGAGGATATGTTAGAAGGTGGCTTTTAGC
TACCACTCAAGGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTACCAAGGCGACGATG
CGTAGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTT
CGGATCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGGAAGAACAAGTACCTGTTGAATAAGCAGGTACCTTGACGGTACCT
AACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGA
ATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGG
AGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGCGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAAT
GCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAACGACGCTGAGGCGCG
AAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTA
GAGGGTTTTCCGCCCTTTAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGA
CTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGC
GAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTACTTCTAGAGATAGAAGGTTCCCTTCGGGGACAGAGT
GACAGTGGTGATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGATGAGATGTTGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAA
CCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAG
TGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAA
GGGCTGCAAAACCGCGAGGTTAAGCCAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTC
GCCTACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGT

**Secuencias de 16S rDNA correspondientes a bacterias aisladas de medio Lipman.
(Bacterias Potencialmente Fijadoras de Nitrógeno)**

S=Suelo a distancia; M+P= Interrizosfera; M= rizosfera de *M.compressa*; P= rizosfera de *P.laevigata*

>56 S, *Rhizobium gallicum*. 16S rDNA, R602, 876 pb

GTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGT
GTCCCGGTCCCCGAAGGGAACCCTACATCTCTGTAGGTAGCCGGGCATGTCAAGGGCTGGTAAGGTTCT
GCGCGTTGCTTCAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAA
TCTTGCGACCGTACTCCCAGGCGGAATGTTAATGCGTTAGCTGCGCCACCGACAAGTAAACTTGCCGA
CGGCTAACATTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCACGCTTTCGCA
CCTCAGCGTCAGTAATGGACCAGTGAGCCGCTTCGCCACTGGTGTTCCTCCGAATATCTACGAATTTCA
CCTCTACTACTCGGAATTCACCTCACCTCTTCCATACTCCAGACACCCAGTATCAAAGGCGAGTTCCAGAGTT
GAGCTATGGGATTTACCCCTGACTTAAATGTCCGCTACGTGCGCTTTACGCCAGTAATTCGAACAA
CGCTAGCCCCCTTCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGGGCTTCTTCTCCGGATACCGT
CATTATCTTCTCCGGTGAAGAGCTTTACAACCCTAGGGCTTCATCACTCACGCGGCATGGCTGGATCA

GGCTTGCGCCCATTGTCCAATATTCCTCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCCA
ATGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTATGGATCGTCGCCTTGGTAGGCCTTTACCCACCAACTAGC
TAATCCAACGCGGGCCGATCCCTTACCGATAAATCT

>57 S, *Arthrobacter* sp. 16S rDNA, PD1.5, 1098 pb

AAAGAGTTTGATTATCTGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGATC
CGGTGCTTGCACCGGGGATTAGTGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTTACTCTGGGA
TAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATATGACTCCTCATCGCATGGTGGGGGGTGGAAAGCTTTTG
TGGTTTTGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGAGTAATGGCTCACCAAGGCGACGACGGGT
AGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCG
GGTTGTAAACCTCTTTCAGTAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTA
CGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGT
AGGCGTTTTGTGCGTCTGCCGTGAAAGTCCGGGGCTCAACTCCGGATCTGCGGTGGGTACGGGCAGA
CTAGAGTGATGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACAC
CGATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCATTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAAATGGGGAGCGAACAGGAT
TAGATACCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGGACATTCCAGTTTTCCGCGC
CGTAGCTAACGCATTAAGTGCCTCGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTAAAGGAATTGACG
GGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGA
CATGGACCGGATCGCCGAGAAATGTGGTTTTCTCTTTGGGGCCGGTTCACAGGTGGTGCATGGTTGTC
GTCAGCTCGTGTGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGT

>58 S, *Microbacteriaceae bacterium*. 16S rDNA, SAP142.1,919 pb

GGTTGGAGTTGGAAAGAATTTGGTCAAGGATGGACTCGCGCCTTTCAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCT
CACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCA
GACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCAACGCCGCG
TGAGGGACGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTAGTAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCA
GAAAAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGTCTGCTGTGAAATCTGGGGGCTCAACCCCCAGCC
TGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGCGGTAGGGGAGATTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGC
GCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGCGAGATCTCTGGCCGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAA
GTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGTTGGGAAGTATGTTGGGG
ACCATTCCACGGTCTCCGTGTGCGAGCTAACGCATTAAGTCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGC
TAAAACCTAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCG
AAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAACGGCCAGAGATGGTCGCCCCGCAAGGTCGGTATAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCC
TCGTTCTATGTTGCCAGCACGTTA

>60 M+P, *Variovorax* sp. 16S rDNA, RC3.3,1035 pb

AACGCAGCGAAAGCTGTGCTAATACCGCATACGATCTACGGATGAAAGCAGGGGATCGCAAGACCTTGC
GCGAATGGAGCGGCCGATGGCAGATTAGGTAGTTGGTGGAGGTAAGGCTCACCAAGCCTTCGATCTGTA
GCTGGTCTGAGAGGACGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATTTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGCAAGGATGAAGGCCTTCGGG
TTGTAACCTGCTTTTGTACGGAACGAAACGGCCTTTTCTAATAAAGAGGGCTAATGACGGTACCGTAAGAA
TAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTAAGT
GGCGTAAAGCGTGCGCAGGCGGTAATGTAAGACAGTTGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGA
TCTGTGACTGCATTGCTGGAGTACGGCAGAGGGGGATGGAATTCGCGGTGTAGCAGTAAATGCGTAGA
TATGCGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAATCCCCGCGCTGACTGACGCTCATGCACGAAAGCGTG
GGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGTCAACTGGTTGTTGGGTCTTCA
CTGACTCAGTAACGAAGCTAACGCGTGAAGTTGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTGAAACTCA
AAGGAATTGACGGGACCCGCACAAGCGGTGGATGTTGTTAATTCGATGCAACGCGAAAAACCTTCA
CCCACCTTTGACTGTACGGAATTCGCCAGGATGGCTTAGTGCTCGAAAAGAGAGCCGTAACACAGGTGC
TGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTGAT
TAGTTGCTACATTTAGTTGGGCACTCTAATGAGACTGCCCGGTGACAAACCGGGAGGACGTGG

>62 M+P, *Rhizobium mongolense*, 16S rDNA, CCBAU 85033, 1013 pb

GAGCGGCAGACGGGTGAGTAACGCGTGGGAAACGTACCCTTTACTACGGAATAACGCAGGGAAACTTGT
GCTAATACCGTATGTGCCCTTTGGGAAAGATTTATCGGTAAGGGATCGGCCCGCGTTGGATTAGCTAG
TTGGTGGGGTAAAGGCCCTACCAAGGCCAGCATCCATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATTGGG
ACTGAGACACGGCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGA
TCCAGCCATGCCGCGTGAGTGATGAAGGCCCTAGGGTTGTAAAGCTCTTTCACCGGAGAAGATAATGACG
GTATCCGGAGAAGAAGCCCCGGCTAATTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTG
TTCGGAATTAAGTGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGACATTTAAGTCAGGGGTGAAATCCAGAGCTCAAC
TCTGGAAGTGCCTTTGATACTGGATGTCTGGAGTATGGAAGAGGTGAGTGGAATTCGAGTGTAGAGGTG
AAATTCGTAGATATTCGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCGCTCACTGGTCCATTACTGACGCTGAGGT
GCGAAAGCGTGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAATGTTAGCCG
TCGGCAAGTTTACTGTCGGTGGCGCAGCTAACGCCTAAACATTCCGCCTGGGGAGTACGGCGAAGCA
TTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGC
GCAGAACCTTACCAGCCCTTACATGCCCGGCCAGCTGCAGAGATGCAGTGTTCCTTCGGGGACCGGG
ACACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
ACCTCGCCCTTAGTTGCCAGCATTTAGTTGGGCACTCTAAG

>63 M+P, *Sinorhizobium meliloti*. 16S rDNA, NHBTR72, 838 pb

AGGATGAGCCCGCGTTGGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAAAGGCCTACCAAGGCCAGCATCCATAGCTGG
TCTGAGAGGATGATCAGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGAGTGATGAAGGCCCTAGGGTTGTAA
AGCTCTTTCACCGGTGAAGATAATGACGGTAACCGGAGAAGAAGCCCCGGCTAACTTCGTGCCAGCAGC
CGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTGTTCCGAATTAAGTGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATTGTT
AAGTGAGGGGTGAAATCCCAGGGCTCAACCCTGGAAGTGCCTTTCATACTGGCAATCTAGAGTCCAGAAG
AGTGAGTGGAAATTCGAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTCGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCG
GCTCACTGGTCTGGAAGTACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTA
GTCCACGCCGTAACGATGAATGTTAGCCGTCCGGCAGTTTACTGTTCCGGTGGCGCAGCTAACGCATTA
CATTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCGAAGATTAAGTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGT
GGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGCAGAACCTTACCAGCCCTTGACATCCCGATCGCGGATACG
AGAGATCGTATCCTTCAGTTCGGCTGGATCGGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGTGCT
GAGATGT

>64 M+P, *Arthrobacter* sp. 16S rDNA, PD1.5,1098 pb

AAAGAGTTTGATTATCTGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCAACGATGATC
CGGTGCTTGACCCGGGATTAGTGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTTACTCTGGGA
TAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATATGACTCCTCATCGCATGGTGGGGGGTGGAAAGCTTTTG
TGTTTTGGATGGACTCGCGGCCATCAGCTTGTGGTGGGTAATGGCTCACCAAGGCCAGCAGCGGT
AGCCGGCTGAGAGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCCAGC
AGTGGGAATATTGCACAATGGCGCAAGCCTGATGCAGCAGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCG
GGTTGTAAACCTCTTTCAGTAGGGAAGAAGCGAAAAGTACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTA
CGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGT
AGGCGTTTTGTGCGCTGCTGCCGTGAAAGTCCGGGGCTCAACTCCGGATCTGCGGTGGGTACGGGCAGA
CTAGAGTGATGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACAC
CGATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCATTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAAATGGGGAGCGAACAGGAT
TAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGGACATTCCACGTTTTCCGCGC
CGTAGCTAACGCATTAAGTGCCTCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACTCAAAGGAATTGACG
GGGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGA
CATGGACCGGATCGCCGAGAAATGTGGTTTCTCTTTGGGGCCGGTTCACAGGTGGTGCATGGTTGTC
GTCAGCTCGTGTGATGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGT

>65 M+P, *Microbacteriaceae bacterium*. 16S rDNA, SAP142.1 919 pb

GGTTGGAGTTGGAAAGAATTTGGTCAAGGATGGACTCGCGCCCTTTCAGCTAGTTGGTGGGTAATGGCT
CACCAAGGCCAGCAGCGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCA
GACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCAACGCCGCG
TGAGGGACGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTTAGTAGGGAAGAAGCGAAAAGTACGGTACCTGCA
GAAAAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGCTGCTGTGAAATCTGGGGGCTCAACCCCCAGCC

TGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGCGGTAGGGGAGATTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGC
GCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGATCTCTGGGCCGTAACGACGCTGAGGAGCGAAA
GCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGTTGGGAACCTAGATGTGGGG
ACCATTCCACGGTCTCCGTGTCGCAGCTAACGCATTAAGTTCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGCG
TAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCG
AAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAACGGCCAGAGATGGTCGCCCCGCAAGGTCGGTATAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCCGCAACGAGCGCAACCC
TCGTTCTATGTTGCCAGCACGTTA

>68 P, *Microbacteriaceae bacterium*. 16S rDNA, SAP142.1,919 pb

GGTTGGAGTTGGAAAGAATTTGGTCAAGGATGGACTCGCGCCTTTTCAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCT
CACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCA
GACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCAACGCCGCG
TGAGGGACGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTAGTAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCA
GAAAAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGCTCTGCTGTGAAATCTGGGGGCTCAACCCCCAGCC
TGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGGGTAGGGGAGATTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGC
GCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGATCTCTGGGCCGTAACGACGCTGAGGAGCGAAA
GCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGTTGGGAACCTAGATGTGGGG
ACCATTCCACGGTCTCCGTGTCGCAGCTAACGCATTAAGTTCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGC
TAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCG
AAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAACGGCCAGAGATGGTCGCCCCGCAAGGTCGGTATAC
AGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCCGCAACGAGCGCAACCC
TCGTTCTATGTTGCCAGCACGTTA

>69 P, *Sinorhizobium meliloti*. 16S rDNA, NHBTR72, 838 pb

AGGATGAGCCCCGCGTTGGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAAAGGCCTACCAAGGCGACGATCCATAGCTGG
TCTGAGAGGATGATCAGCCACATTGGGACTGAGACACGGCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGAGTGATGAAGGCCCTAGGGTTGTAA
AGCTCTTTCACCGGTGAAGATAATGACGGTAACCGGAGAAGAAGCCCCGGCTAACTTCGTGCCAGCAGC
CGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTGTTCCGAATTACTGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATTGTT
AAGTGAGGGGTGAAATCCCAGGGCTCAACCCTGGAATGCCTTTCATACTGGCAATCTAGAGTCCAGAA
AGGTGAGTGAATCCGAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTCGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCG
GCTCACTGGTCTGGAAGTACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTA
GTCCACGCCGTAACGATGAATGTTAGCCGTCCGGCAGTTTACTGTTCCGTGGCGCAGCTAACGCATTAAA
CATTCCGCCTGGGGAGTACGTCGCAAGATTAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGT
GGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGCAGAACCTTACCAGCCCTTGACATCCCGATCGCGGATACG
AGAGATCGTATCCTTCAGTTCGGCTGGATCGGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTG
GAGATGT

>70 P, *Variovorax paradoxus*. 16S rDNA, KAR44,938 pb

AGCAGGGGATCGCAAGACCTTGCGCGAATGGAGCGGCCGATGGCAGATTAGGTAGTTGGTGAGGTAAG
GCTCACCAAGCCTTCGATCTGTAGCTGGTCTGAGAGGACGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCC
CAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATTTTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCG
GTGCAGGATGAAGGCCTTCGGGTTGTAACCTGCTTTTGTACGGAACGAAACGGCCTTTTCTAATAAAGAG
GGCTAATGACGGTACCGTAAGAATAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGG
TGCAAGCGTTAATCGGAATTAAGCGTAAAGCGTGGCGAGCGGTAATGTAAGACAGTTGTGAAATCC
CCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCTGTGACTGCATTGCTGGAGTACGGCAGAGGGGGATGGAATCCG
CGTGTAGCAGTGAATGCGTAGATATGCGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAATCCCCTGGGCCTGTAC
TGACGCTCATGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGA
TGCAACTGGTTGTTGGGTCTTCACTGACTCAGTAACGAAGCTAACGCGTGAAGTTGACCGCCTGGGGAG
TACGGCCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGATGATGTGGTTTAA
TTCGATGCAACGCGAAAACCTTACCCACCTTTGACATGTCGGAATTCGCCAGAGTGGCTTAGTGCTC
GAAAGAGAACCCTAACACAGGTGCTGCATGGCTGTCTGTGAGTCTGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTC
CGCAACGAGCGCAACCCCTTGCATTAGTTGCTACAT

>71 P, *Variovorax paradoxus*. 16S rDNA, KAR44,908 pb

GATCGCAAGACCTTGC GCGAATGGAGCGGCCGATGGCAGATTAGGTAGTTGGTGAGGTAAGGCTCACC
AAGCCTTCGATCTGTAGCTGGTCTGAGAGGACGACCAGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATTTTGGACAATGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGCAGG
ATGAAGGCCTTCGGGTTGTAAACTGCTTTTGTACGGAACGAAACGGCCTTTTCTAATAAAGAGGGCTAATG
ACGGTACCGTAAGAATAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGAAGCG
TTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGTGCGCAGGCGGTAATGTAAGACAGTTGTGAAATCCCCGGGCTC
AACCTGGGAAGTGCATCTGTGACTGCATTGCTGGAGTACGGCAGAGGGGGATGGAATTCGCGCTGTAGC
AGTGAATGCGTAGATATGCGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAATCCCCTGGGCTGTACTGACGCTC
ATGCACGAAAGCGTGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGTCAACTG
GTTGTTGGGTCTTCACTGACTCAGTAACGGAATTAACGCGTGAAGTTGACCGCTGGGGAGTGCAGCCG
CAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGACCCGCACAAGCGGTGGATGATGTGGTTTAATTCGATGCA
ACGCGAAAAACCTTACCCACCTTTGACATGTACGGAATTCGCCAGAGATGGCTTAGTGCTCGAAAGAGAA
CCGTAACACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGA
CGCAA

>72 P, *Staphylococcus* sp. 16S rDNA, YF6, 876 pb

TGCTATCACTTATAGATGGACCCGCGCGTATTAGCTAGTTGGTAAGGTAACGGCTTACCAAGGCGACGA
TACGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGAAGTGAACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGG
CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGGTT
TCGGCTCGTAAAACCTCTGTTATTAGGGAAGAACAATGTGTAAGTAACTGTGCACGTCTTGACGGTACCTA
ATCAGAAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAA
TTATTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGGCGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGA
GGTCAATTGAAAACCTGGGAACTTGAAGTGCAGAAGAGGAAAGTGAATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGC
GCAGAGATATGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGCGCACTTTCTGGTCTGTAAGTACGCTGATGTGCGAAA
GCGTGGGGATCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTTAGG
GGGTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTT
GAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGA
AGAACCTTACCAAATCTTGACATCCTTTGAAAACCTAGAGATAGAGCCTTCCCTTCGGGGACAAAAGT
ACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGT

>73 P, *Arthrobacter* sp. 16S rDNA, PD1.5,854 pb

CTATCAGCTTGTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTAGTAGG
GAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA
CGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGCTGTGCCG
TGAAGTCCGGGCTCAACTCCGGATCTCGGTTGGTACGGGCAGACTAGAGTGATGTAGGGGAGACT
GGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATACAGGAGGAACACCGATGGCGCAAGGCTCTCTG
GGCATTAACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGC
CGTAAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGGACATTCCACGTTTTCCGCGCCGTAGCTAACGCATTAAGTGC
CCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGCGGA
GCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGACCGGATCGCCGCGA
AATGTGGTTTTCTCCTTTGGGGCCGGTTCACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGT
TGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAAC

>74 M, *Rhizobium gallicum*. 16S rDNA, R602, 876 pb

GTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGT
GTCCCGGTCCCGAAGGGAACCTACATCTCTGTAGGTAGCCGGGCATGTCAAGGGCTGGTAAGGTTCT
GCGCGTTGCTTCAATTAACACATGCTCCACCGCTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTTAA
TCTTGCGACCGTACTCCCCAGGCGGAATGTTAATGCGTTAGCTGCGCCACCGACAAGTAAACTTGCCGA
CGCTAACATTGATCGTTTACGGCGTGGACTACCGGATCTAATCCTGTTTGTCTCCCGCAGCTTTCGCA
CCTCAGCGTCAGTAATGGACAGTGAGCCGCTTCCGCCACTGGTGTTCCTCCGAATATCTACGAATTTCA
CCTCTACACTCGGAATTCACCTCACCTCTTCCATACTCCAGACACCCAGTATCAAAGGCAGTTCCAGAGTT
GAGCTCTGGGATTTACCCCTGACTTAAATGTCCGCCTACGTGCGCTTACGCCAGTAATTCGAACAA
CGCTAGCCCCCTTCGATTACCGCGGCTGCTGGCACGAAGTTAGCCGGGGCTTCTTCTCCGGATACCGT
CATTATCTTCTCCGGTGAAGAGCTTTACAACCCTAGGGCTTCACTCACGCGGCATGGCTGGATCA
GGCTTGCGCCATTGTCCAATATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTTTGGGCCGTGTCTCAGTCCCA

ATGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTATGGATCGTCGCCTTGGTAGGCCTTTACCCACCAACTAGC
TAATCCAACGCGGGCCGATCCCTTACCGATAAATCT

>76 M, *Arthrobacter* sp. 16S rDNA, PD1.5,1098 pb

AAAGAGTTTGATTATCTGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGATC
CGGTGCTTGACCCGGGATTAGTGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTTGACTCTGGGA
TAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATATGACTCCTCATCGCATGGTGGGGGGTGGAAAAGCTTTT
TGGTTTTGGATGGACTCGCGGCCATCAGCTTGTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCGACGACGGGT
AGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCG
GGTTGTAAACCTCTTTCAGTAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGCTAACTA
CGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGT
AGGCGGTTTTGTCGCGTCTGCCGTGAAAGTCCGGGGCTCAACTCCGGATCTGCGGTGGGTACGGGCAGA
CTAGAGTGATGTAGGGGAGACTGGAATCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACAC
CGATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCATTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAAATGGGGAGCGAACAGGAT
TAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGGACATTCCACGTTTTCCGCGC
CGTAGCTAACGCATTAAGTCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACTCAAAGGAATTGACG
GGGGCCCGACAAGCGGGCGAGCATGCCGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGA
CATGGACCGGATCGCCGCAAAAATGTGGTTTTCTCTTTGGGGCCGGTTCACAGGTGGTGCATGGTTGTC
GTCAGCTCGTGTGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGT

>78 M, *Rhizobium mongolense*, 16S rDNA, CCBAU 85033, 1013 pb

GAGCGGCAGACGGGTGAGTAACGCGTGGGAAACGTACCCTTTACTACGGAATAACGCAGGGAAACTTGT
GCTAATACCGTATGTGCCCTTTGGGAAAGATTTATCGGTAAGGGATCGGCCCGCGTTGGATTAGCTAG
TTGGTGGGGTAAAGGCCTACCAAGGCGACGATCCATAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATTGGG
ACTGAGACACGGCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGA
TCCAGCCATGCCGCGTGAGTGATGAAGGCCCTAGGGTTGTAAGCTCTTTCACCGGAGAAGATAATGACG
GTATCCGGAAGAAGACCCCGGCTAAGTTCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGAAAGGGGGCTAGCGTTG
TTCGGAATTAAGTGGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGACATTTAAGTCAGGGGTGAAATCCAGAGCTCAAC
TCTGGAAGTGCCTTTGATACTGGATGTCTGGAGTATGGAAGAGGTGAGTGGAATCCGAGTGTAGAGGTG
AAATTCGTAGATATTCGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGCGGCTCACTGGTCCATTACTGACGCTGAGGT
GCGAAAAGCGTGGGAGCAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGGTAACGATGAATGTTAGCCG
TCGGCAAGTTTACTTGTGCGGTGGCGCAGCTAACGCATTAACATTCCGCTGGGGAGTACGGTTCGCAAGA
TTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGCAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGAAGCAACGC
GCAGAACCTTACCAGCCCTTACATGCCCGGCCAGCTGCAGAGATGCAGTGTTCCTTCGGGGACCGGG
ACACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
ACCCTCGCCCTTAGTTGCCAGCATTTAGTTGGGCACTCTAAG

**Secuencias de 16S rDNA correspondientes a bacterias aisladas de medio Czapek.
(Actinobacterias)**

S=Suelo a distancia; M+P= Interrizosfera; M= rizosfera de *M.compressa*; P= rizosfera de *P.laevigata*

>79 S, *Streptomyces erumpens*. 16S rDNA, DSM 40941,1406 pb

GTCGAACGATGAACCTCCTTCGGGAGGGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCC
CTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATACCGGATATGACACACGACCGCATGGTCTGTG
TGTGAAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCGGCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAAATGGCCTACC
AAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGAC
TCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGA
GGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAA
GAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT
GGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGTCCGGATGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCGGGTCTG
CATTTCGATACGGGACGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGATCGGAATCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCA
GATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGCGGATCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGC
GTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGTTGGGAAGTGTGGGCGA
CATTCCACGTCGTCCGTGCCGAGCTAACGCATTAAGTTCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTA

AAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAA
GAACCTTACCAAGGCTTGACATACACCGGAAACCTCTGGAGACAGGGGGCCCCCTTGTGGTCGGTGTACA
GGTGGTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCT
TGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTATGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGA
GGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAAATGGCCG
GTACAATGAGCTGCGATACCGGAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTC
TGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCC
CGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCTT
TGTGGGAGGGAATCGTCGAAGGTGGGACTG

>81 S, *Streptomyces longisporoflavus*. 16S rDNA, WT6, 1338 pb

GAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAACGGGGTCTAATA
CCGGATGACACTCTTCTCGCATGGGGAGGGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCGGCC
TATCAGCTAGTTGGTGAAGGTAGAAGCTCACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGG
GAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATA
CGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGCGCTTGTACGTCGGTGT
TGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATC
GGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTG
GGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGC
CGTAAACGGTGGGAACTAGGTGTTGGCGACATTCCACGTCGTCGGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGTTC
CCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGG
AGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAAGCATCAGA
GATGGTGCCCCCTTGTGGTTCGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTT
GGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTGGGGAC
TCACAGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGT
CTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCAGGTACAATGAGCTGCGATGTCGTAAGGCGGAGCGAATCTCA
AAAAGCCTGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCA
GATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGG
TAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCTT

>83 S, *Streptomyces erumpens*. 16S rDNA, DSM 40941, 1400 pb

GAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAACGGGGTCTAATA
CCGGATGACACTCTTCTCGCATGGGGAGGGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCGGCC
TATCAGCTAGTTGGTGAAGGTAGAAGCTCACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGG
GAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATA
CGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGCGCTTGTACGTCGGTGT
TGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATC
GGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTG
GGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGC
CGTAAACGGTGGGAACTAGGTGTTGGCGACATTCCACGTCGTCGGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGTTC
CCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGG
AGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAAGCATCAGA
GATGGTGCCCCCTTGTGGTTCGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTT
GGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTGGGGAC
TCACAGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGT
CTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCAGGTACAATGAGCTGCGATGTCGTAAGGCGGAGCGAATCTCA
AAAAGCCTGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCA
GATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGG
TAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCTT

>84 S, *Streptomyces netropsis*. 16S rDNA, SXYM16, 1428 pb

GGGGGTGGCCGACGCTTACCATGCAAGTCGAACGATGAAGCCTTTCGGGGTGGATTAGTGGCGAACGG
GTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAGCCCTGGAACGGGGTCTAATACCGGAT

ACGACCTGCCGAGGCATCTCGGTGGGTGGAAAGCTCCGGCGGTGAAGGATGAGCCCGCGGCCTATCAG
CTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACA
CTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGCGCAGCAGTGGGAATATTGCACAATGGGCGAAA
GCCTGATGCAGCGACCGCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCAGGGGAAGAA
GCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAG
GGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTTCGTCGGATGTGAAA
GCCCCGGGCTTAACCCCGGTCTGCATTGATACGGGCAGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATT
CCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCAT
TACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAA
CGTTGGAACTAGGTGTTGGCGACATTCCACGTGCTGGGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGTTCCCGGCC
TGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGCAGCGGAGCATG
TGGCTTAATTGACGCAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTACATATACCGGAAACGCCAGAGATGT
CGCCCCCTTGTGGTGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTA
AGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCTTTCGGGGTGTGGGGACTCACAG
GAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGG
CTGCACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGC
CGGTCTCAGTTCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTTGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAG
CATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGTAACAC
CCGAAGCCGGTGGCCCAACCCTTGTGGAGGGAGCCGTGGAAGGTGATCCGGG

>85 M+P, *Actinomyces* sp. 16S rDNA, M3, 1350 pb

GCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAACGGGGTCTAA
TACCGGATACTGATCCTCGCGGCATCTGCGAGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCG
GCCTATCAGCTTGTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCCGCCTGAGAGGGCGA
CCGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCACAAT
GGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCA
GGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTA
ATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCGG
TTGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAG
ATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCT
CTGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCA
CGCCGTAACCGTGGGCACTAGGTGTGGGCAACATTCCACGTTGTCCGTGCCGCAGCTAACGCATTAAG
TGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAGCGG
CGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTACATACACCGGAAAGCATC
AGAGATGGTCCCCCCTTGTGGTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCTCAGCTCGTGTCTGAGAT
GTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCGTGTGGCAGCAGGCCCTTGTGGTGTGGGG
ACTCAGGGAGACCGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTAT
GTCTTGGGTGCACACTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATACCGCAAGGTGGAGCGAATCT
CAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCG
CAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTC
GGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCTTGTGGGAGGGA

>86 M+P, *Streptomyces ambofaciens*. 16S rDNA, 1350 pb

GAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAACGGGGTCTAATA
CCGATACTGATCCGCTGGGCATCCAGGCGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGAGGTAGTGCTCACCAAGGCGACGACGGGTAGCCCGCCTGAGAGGGCGACC
GGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCACAATG
GGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCAG
GGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAAT
ACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCGGTT
GTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGAT
CGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCT
GGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAGGCGTGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCAC
GCCGTAACCGTGGGCACTAGGTGTGGGCAACATTCCACGTTGTCCGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGT
GCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAGCGGC
GGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTACATACACCGGAAAGCATT
GAGATAGTCCCCCCTTGTGGTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCTCAGCTCGTGTCTGAGATG
TTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCGTGTGGCAGCAAGCCCTTCGGGGTGTGGGG
ACTCAGGGAGACCGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTAT

GTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATACCCGCGAGGTGGAGCGAATCT
CAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCG
CAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCCGCGTCACGTCACGAAAGTC
GGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAG

>89 M+P, *Arthrobacter* sp. 16S rDNA, CMU6,1413 pb

GTCGAACGATGATCCGGTGTCTGCACCGGGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTG
CCCTTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCCGATATGACTCCTCATCGCATGGTGGGG
GGTGAAAGCTTTTGTGGTTTTGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGAGGTAATGGCTACCA
AGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC
CTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACCCGCGTGAGG
GATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGTAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAA
GCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGG
CGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGCTCTGCCGTGAAAAGTCCGGGGCTCAACTCCGGATCTGCGGT
GGGTACGGGCAGACTAGAGTGATGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATA
TCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCATTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAAGCATGG
GGAGCGAACAGGATTAGATACCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCACTAGGTGTGGGGGACATT
CCACGTTTTCCGCGCCGTAGCTAACGCATTAAGTGCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAAC
TCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAGCGCGGAGCATCGCGATTAATTTCGATGCAACGCGAAGAAC
CTTACCAAGGCTTGACATGGACCGGATCGCCCGAGAAATGTGGTTTTCCCTTTGGGGCCGGTTCACAGG
TGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCG
TTCCATGTTGCCAGCACGTAGTGGTGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTG
GGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGCTTTGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCGGTACAAAGG
GTTGCGATACTGTGAGGTGGAGCTAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGA
CCCCATGAAGTCGGAGTCGTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTG
TACACACCCCGTCAAGTCACGAAAGTTGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCCCTTCTGGGGAG
GGAGCCGTGCAAGGTGGGACTGGCGATTGGGA

>91 M+P, *Streptomyces longisporoflavus*. 16S rDNA, NBRC 12886,1338 pb

GAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGAAAACGGGGTCTAATA
CCGGATGACACTCTTCTCGCATGGGGAGGGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCGGCC
TATCAGCTAGTTGGTGAGGTAGAAGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
GCCACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGAAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGG
GAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATA
CGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCGGTTG
TGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATC
GGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTG
GGCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGCAACAGGATTAGATACCTGGTAGTCCACGC
CGTAAACCTGGGAACTAGGTGTTGGCGACTTCCACGTCGTCGGTGCCGCAGCTAACGCAATTAAGTTC
CCCCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGG
AGCATGTGGCTTAATTGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAAGCATCAGA
GATGGTGCCTCCCTTGTGGTGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTT
GGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTGGGGAC
TCACAGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGT
CTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCAGGTACAATGAGCTGCGATGTCGTAAGGCGGAGCGAATCTCA
AAAAGCCTGTCTCAGTTCGGATTGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCA
GATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCCGCGTCACGTCACGAAAGTCGG
TAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTT

>93 M, *Streptomyces* sp. 16S rDNA,1388 pb

CTTCGGTGGTGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAG
CCCTGAAACGGGGTCTAATACCGGATAACTCTGTCCCGCATGGGACGGGTTGAAAGCTCCGGCGG
TGAAGGATGAGCCCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGC
CGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGAAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGT
TGTAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACG
TGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAG
GCGGCTTGTACGTCGGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTGATACGGGCTAGCTA

GAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGG
TGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTA
GATACCTGGTAGTCCACGCGTAAACGTTGGGAAGTGGTGGTGGCGACATCCACGTCGTGGTGGCC
GCAGCTAACGCATTAAGTTCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGG
GGCCCCGCACAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTGAC
ATATAACGGAAAGCATCAGAGATGGTGCCCCCTTGTGGTGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCA
GCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCC
CTTCGGGGTGTATGGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAA
GTCATCATGCCCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATGCCCG
GAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTC
GGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCC
GTCACGTACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCTGTCGAA
GGTGGGACTG

>96 M, *Streptomyces longisporoflavus*. 16 S rDNA, WT6,1338 pb

GAACGGGTGAGTAACACGTTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGAAAACGGGGTCTAATA
CCGGATGACACTTTCCTCGCATGGGGAGGGGTTGAAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCCGCGGCC
TATCAGCTAGTTGGTGAAGGTAGAAGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGAAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAAGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGG
GAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA
CGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACAGTCCGTTG
TGAAAGCCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATC
GGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTG
GGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGC
CGTAAACGGTGGGAACTAGGTGTTGGCGACATTCACGTCGTCGGTGGCGCAGCTAACGCATTAAGTTC
CCCGCCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGG
AGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTGACATATACCGGAAAGCATCAGA
GATGGTGGCCCCCTTGTGGTGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTT
GGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTGGGGAC
TCACAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGT
CTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCAGGTACAATGAGCTGCGATGTCGTAAGGCGGAGCGAATCTCA
AAAAGCCTGTCTCAGTTCGATTGGGCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCA
GATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAAGTCGG
TAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTT

>99 P, *Streptomyces* sp. 16S rDNA,1388 pb

CTTCGGTGGTGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAG
CCCTGAAAACGGGGTCTAATACCGGATAACACTCTGTCCCGCATGGGACGGGTTGAAAGCTCCGGCGG
TGAAGGATGAGCCCGCGCCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGC
CGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCCACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAAGGATGACGGCCTTCGGGT
TGTAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACG
TGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAG
GCGGCTTGTACAGTCCGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGATTGATACGGGCTAGCTA
GAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGG
TGGCGAAGGCGGATCTCTGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTA
GATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGTTGGGAAGTGGTGGTGGCGACATTCACGTCGTGGTGGC
GCAGCTAACGCATTAAGTTCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGG
GGCCCCGCACAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTGAC
ATATAACGGAAAGCATCAGAGATGGTGCCCCCTTGTGGTGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCA
GCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCC
CTTCGGGGTGTATGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAA
GTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGCTACAATGGCCGCTGAGTGGATGCCG
GAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTC
GGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCC
GTCACGTACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCTGTCGAA
GGTGGGACTG

>100 P, *Streptomyces ambofaciens*. 16S rDNA, HBUM173833,1350 pb

GAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATA
CCGATACTGATCCGCCTGGGCATCCAGGCGGTTTCGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGTAGGTAGTGGCTCACCAAGGCGACGAGCGGGTAGCCGCGCTGAGAGGGCGACC
GGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCACAATG
GGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCAG
GGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAT
ACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCGGTT
GTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCCGTAGGGGAGAT
CGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCT
GGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAT
GCCGTAACCGGTGGCACTAGGTGTGGGCAACTTCCACGTTGTCCGTGCCGAGCTAACGCGATTAAGT
GCCCGCCTGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGC
GGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATACACCGGAAAGCATT
GAGATAGTCCCCCCTTGTGGTTCGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATG
TTGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCGTGTGGCAGCAAGCCCTTCGGGGTGTGGGG
ACTCACGGGAGACCGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTAT
GTCTTGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGTTACAATGACTGCGATACCGCGAGGTGGAGCGAATCT
CAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGATTGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGAGTCCGCTAGTAATCG
CAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTC
GGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAG

>101 P, *Streptomyces rubiginosohelvolus*. 16S rDNA, 1409 pb

GTCGAACGATGAAGCCCTTCGGGGTGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCT
TCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATACCGGATAAACACTCTGTCCCGCATGGGACGGGGT
TGAAAGCTCCGGCGGTGAAGGATGAGCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAG
GCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGA
TGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAG
CGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGC
GTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCGGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTC
GATACGGGCTAGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATAT
CAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGG
GAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGTTGGGAAGTGGTGTGGCGACATTCC
ACGTCGTCGGTGCCGACGCTAACGCATTAAGTTCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTC
AAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCT
TACCAAGGCTTGACATATACCGGAAAGCATCAGAGATGGTGGCCCCCTTGTGGTTCGGTATACAGGTGGT
CATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGT
GTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTGGGAGTACGAGGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAAGT
GGGACGACGCTCAAGTCAATCATGCCCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGTAATG
AGCTGCGATGCCGCGAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTC
GACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAG
GGAGCTGTGAAGGTGGGACTGGCGATT

>102 P, *Streptomyces rubiginosohelvolus*. 1422 pb

GTCGAACGATGAAGCCCTTCGGGGTGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCT
TCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATACCGGATAAACACTCTGTCCCGCATGGGACGGGGT
TGAAAGCTCCGGCGGTGAAGGATGAGCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAG
GCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGA
TGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAG
CGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGC
GTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCGGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTC
GATACGGGCTAGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATAT
CAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGG
GAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGTTGGGAAGTGGTGTGGCGACATTCC
ACGTCGTCGGTGCCGACGCTAACGCATTAAGTTCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTC
AAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCT

TACCAAGGCTTGACATATACCGGAAAGCATCAGAGATGGTGCCCCCTTGTGGTCCGTATACAGGTGGTG
CATGGCTGTCGTACAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGT
GTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGATGGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGT
GGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATG
AGCTGCGATGCCGCGAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTC
GACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAG
GGAGCTGTCAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGGTAA

>103 P, *Streptomyces* sp. 16S rDNA,1388 pb

CTTCGGTGGTGGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAG
CCCTGGAAACGGGGTCTAATAACCGGATAAACTCTGTCCCGCATGGGACGGGGTTGAAAGCTCCGGCGG
TGAAGGATGAGCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGC
CGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGAAAAGCCTGATGCAGCGACGCCCGGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGT
TGTAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACG
TGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAG
GCGGCTTGTACGTGCGATGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTTCGATACGGGGCTAGCTA
GAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGG
TGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTA
GATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGTTGGGAAGTAGGTGTTGGCGACATTCCACGTGCTCGGTGCC
GCAGCTAACGCATTAAGTTCGCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGG
GGCCCCGACAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGAC
ATATACCGGAAAGCATCAGAGATGGTGCCCCCTTGTGGTCCGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCA
GCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCC
CTTCGGGGTGATGGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAA
GTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATGCCGC
GAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTC
GGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCC
GTCACGTACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCTGTGCAA
GGTGGGACTG

Anexo 3. Análisis filogenético de las bacterias aisladas de la rizosfera e interrzosfera, de *Prosopis laevigata* y *Mammillaria compressa* y suelo a distancia. Se asignó *Desulfurococcus fermentans* como grupo externo. La barra indica 20 sustituciones por grupo

