

## Ciencias ómicas: Herramienta para la bioprospección de microorganismos benéficos para una agricultura sostenible

Amelia C. Montoya-Martínez<sup>1</sup>, Ixchel Campos-Avelar<sup>1</sup>, Valeria Valenzuela-Ruiz<sup>1</sup>, Fannie I. Parra-Cota<sup>2</sup>, Sergio de los Santos-Villalobos<sup>1</sup>♦

<sup>1</sup> Instituto Tecnológico de Sonora, Laboratorio de Biotecnología del Recurso Microbiano, Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, Cajeme, MX.

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Norman E. Borlaug, Centro de Investigación Regional Noroeste, Cajeme, MX.

♦ Correspondencia: sergio.delossantos@itson.edu.mx

### Área Temática:

Ciencias de las Plantas

Recibido: 18 de diciembre 2024

Aceptado: 13 de enero 2025

Publicado: 27 de enero 2025

**Cita:** Montoya-Martínez AC, Campos-Avelar I, Valenzuela-Ruiz V, Parra-Cota FI y de los Santos-Villalobos S. 2025. Las ciencias ómicas: Herramienta para la bioprospección de microorganismos benéficos para una agricultura sostenible. *Bioc Scientia* 1(1): 2501



**Copyright:** © 2025 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY-NC) license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>).

**Resumen:** El uso de microorganismos benéficos en la agricultura ha cobrado gran importancia como una opción sostenible al uso de fertilizantes y plaguicidas sintéticos, fomentando prácticas agrícolas más amigables con el ambiente. No obstante, su efectividad en campo puede verse influenciada por factores como el clima, el tipo de suelo y la presencia de microorganismos autóctonos, lo que resalta la necesidad de investigación y pruebas previas. Las ciencias ómicas, como la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica, ofrecen herramientas avanzadas para un estudio integral de estos microorganismos. La genómica permite identificar y predecir las funciones microbianas, facilitando la selección de cepas con aplicaciones agrobiotecnológicas, mientras tanto, la metagenómica analiza comunidades microbianas completas en su entorno natural. Por otro lado, la transcriptómica examina la expresión génica para comprender las interacciones entre plantas y microorganismos, en determinadas condiciones. La proteómica estudia las proteínas producidas, revelando mecanismos clave para el crecimiento vegetal y el control biológico, y la metabolómica se centra en los metabolitos implicados en estas interacciones. Estas disciplinas, combinadas, contribuyen a optimizar el uso de microorganismos benéficos, impulsando prácticas agrícolas más efectivas y sostenibles. En esta revisión, se abordarán estos temas, discutiendo las aplicaciones de las ciencias ómicas en la investigación de microorganismos promotores de crecimiento vegetal (MPCV) y ejemplos de éxito en agricultura sostenible.

**Palabras clave:** genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, MPCV.

**Abstract:** The use of beneficial microorganisms in agriculture has gained great importance as a sustainable option to the use of synthetic fertilizers and pesticides, promoting more environmentally friendly agricultural practices. However, its effectiveness in the field can be influenced by factors such as climate, soil type, and the presence of native microorganisms, which highlights the need for research and prior testing. Omic sciences, such as genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics, offer advanced tools for a comprehensive study of these microorganisms. Genomics allows the identification and prediction of microbial functions, facilitating the selection of strains with agrobiotechnological applications, meanwhile, metagenomics analyzes complete microbial communities in their natural environment. On the other hand, transcriptomics examines gene expressions to understand the interactions between plants and microorganisms, under certain conditions. Proteomics studies the proteins produced, revealing key mechanisms for plant growth and biological control, and metabolomics focuses on the metabolites involved in these interactions. These disciplines, combined, contribute to optimize the use of beneficial microorganisms, promoting more effective and sustainable agricultural practices. In this review, these topics will be addressed, discussing the applications of omics sciences in the research of plant growth-promoting microorganisms (PGPM) and examples of success in sustainable agriculture.

**Keywords:** genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, PGPM.

## INTRODUCCIÓN

Hoy en día, el uso de microorganismos benéficos para la agricultura se ha incrementado a nivel mundial, ya que esta es una alternativa sostenible al uso de fertilizantes y plaguicidas sintéticos. Los microorganismos benéficos tienen la capacidad de promover el crecimiento de las plantas a través de mecanismos como la producción de fitohormonas, sideróforos y la solubilización de compuestos minerales del suelo; además, éstos pueden competir con otros microorganismos y así proteger a las plantas del ataque de patógenos (de los Santos-Villalobos et al., 2021).

Sin embargo, el éxito de la aplicación de estos microorganismos en campo, se puede ver afectada negativamente debido a diferentes factores como el clima, el tipo de suelo, la humedad y los microorganismos nativos que se encuentran en la zona de aplicación. Es por esto que el estudio y la investigación previa de estos microorganismos es de vital importancia, para poder comprender a profundidad las interacciones y los efectos que se puedan observar una vez en campo.

En este sentido, el uso de las ciencias ómicas ha brindado poderosas herramientas para el estudio de los microorganismos benéficos, sus interacciones, respuestas al medio ambiente y efectos en el agroecosistema. Las ciencias ómicas son un conjunto de disciplinas que estudian los diferentes tipos de moléculas que componen a los organismos, como lo son el ADN y ARN, las proteínas y los metabolitos, así como las redes de interacciones de las mismas, de una manera integral y masiva (Campos-Avelar et al., 2023). El término “ómica” proviene del inglés “omic” y se utiliza para referirse al estudio de la totalidad o del conjunto de algo.

Así, el objetivo de esta revisión es describir las ciencias ómicas más utilizadas y como se pueden aplicar en el campo de la agrobiotecnología para la obtención, producción y aplicación de microorganismos benéficos para la agricultura sostenible.

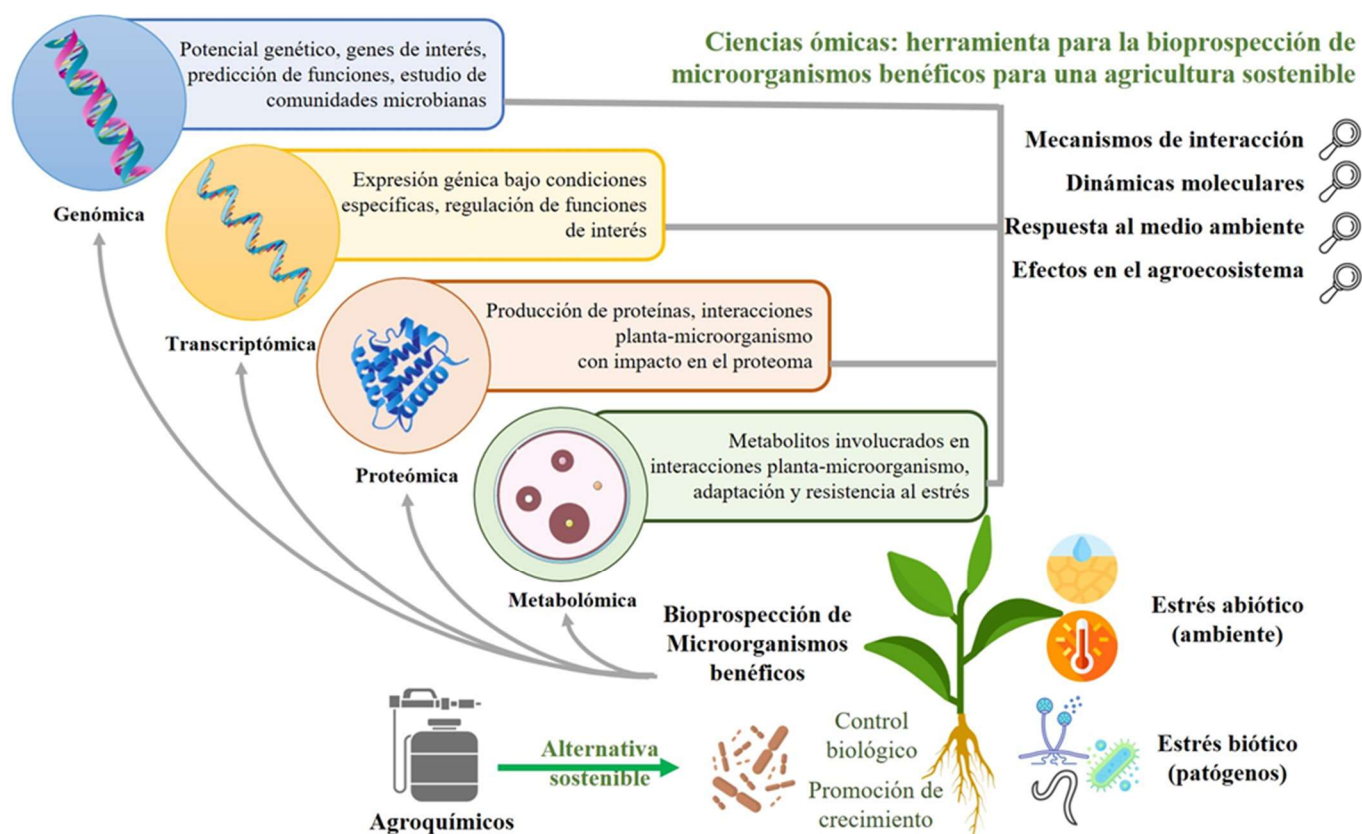
## CIENCIAS ÓMICAS

Como se mencionó anteriormente, las ciencias ómicas estudian las moléculas que componen a los organismos de forma holística. Estas ciencias se dividen según la molécula en la cual enfocan su estudio, ya sean las proteínas, los ácidos nucleicos, los metabolitos, entre otras (Figura 1).

### Genómica

La genómica, es la primera que fue reconocida como ciencia ómica y se trata sobre el estudio de los genomas. Esto significa que el trabajo de la genómica es estudiar todo el material genético de un organismo, utilizando tecnologías como la secuenciación (lecturas del genoma nucleótido por nucleótido), la bioinformática (análisis de información biológica por medio de informática y computación) y sus diversas herramientas basadas en algoritmos que permiten analizar características

o genes de interés específicos (Morales-Sandoval et al., 2021). La genómica tiene gran utilidad en la búsqueda o bioprospección de microorganismos benéficos para la agricultura, ya que a través de ella es posible identificar taxonómicamente (identificar el género y especie) a los microorganismos de interés y a su vez predecir sus potenciales funciones y capacidades. Por ejemplo, los estudios genómicos han facilitado la selección de microorganismos benéficos con capacidades de control biológico y promoción de crecimiento vegetal, a través de la anotación del genoma y la minería genómica (Campos-Avelar et al., 2023; Sekurova et al., 2019). Gracias a estas herramientas es posible determinar si una cepa bacteriana tiene el potencial de controlar a otros microorganismos a través de mecanismos como la producción de metabolitos antimicrobianos (Valenzuela-Ruiz et al., 2022; Villa-Rodriguez et al., 2021) o de promover el crecimiento vegetal a través de mecanismos como la solubilización de nutrientes (Morales-Sandoval et al., 2024) (Cuadro 1).



**Figura 1.** Resumen de las ciencias ómicas, sus objetos de estudio y aplicaciones en la agricultura.

**Cuadro 1.** Ejemplos de genes involucrados en mecanismos de promoción de crecimiento y biocontrol en la agricultura sostenible.

Genes	Microorganismo	Función	Referencia
<i>phoA, phoD, phoX</i>	<i>Pseudomonas, Ochrobactrum, Acinetobacter</i>	Producción de fosfatasa alcalinas, promoción de la solubilización del fósforo inorgánico y orgánico.	Pan y Cai, 2023
<i>ipdC</i>	<i>Azospirillum brasilense, Pseudomonas agglomerans</i>	Producción de indolpiruvato decarboxilasa, parte de la ruta de biosíntesis de ácido indolacético.	Patten et al., 2013
<i>urfA-A-D</i>	<i>Bacillus</i> spp.	Biosíntesis del lipopéptido surfactina.	Ongena y Jacques, 2008
<i>ppsA-D</i>	<i>Bacillus</i> spp.	Biosíntesis del lipopéptido plipastatina.	Ongena y Jacques, 2008
<i>dhbA, dhbB, dhbC, dhbE, y dhbF</i>	<i>Bacillus</i> spp.	Biosíntesis del sideróforo bacilibactina.	May et al., 2001
<i>paeG, paeA, paeC, paeE, paeB, paeF</i>	<i>Paenibacillus polymyxa</i>	Biosíntesis del sideróforo paenibactina.	Wen et al., 2011

Esta herramienta ha sido utilizada en diversas cepas de especies del género *Bacillus*. En un estudio de 2023, Montoya-Martínez et al. analizaron el genoma de la bacteria *B. cabrialesii* subsp. *tritici* TSO2<sup>T</sup> para encontrar los mecanismos de acción involucrados en el control biológico de *Fusarium* causante de marchitez en Chile. A través de minería genómica, se encontró que TSO2<sup>T</sup> posee clústeres de genes biosintéticos para la producción de los lipopéptidos fengicina y surfactina, reportados con actividad antimicrobiana (Ongena y Jacques, 2008), además de otros grupos de genes que codifican para el sideróforo bacilibactina, la proteasa subtilisina A, entre otros potenciales metabolitos (Montoya-Martínez et al., 2023). La bioactividad de estos potenciales metabolitos fue probada en un ensayo *in vitro* contra el patógeno de Chile *Fusarium languescens*, donde se usó el sobrenadante libre de células de TSO2<sup>T</sup> para biocontrolar al hongo. Los resultados demostraron que éste fue capaz de reducir la biomasa fúngica en hasta un 30% (Montoya-Martínez et al., 2023). De manera similar al ejemplo anterior, la genómica ha sido utilizada para elucidar mecanismos de acción en especies del género *Pseudomonas*, por ejemplo, en un estudio de 2020, Chlebek et al. analizaron la actividad de biocontrol de *Pseudomonas fluorescens* BRZ63 aislado de *Brassica napus* (canola), contra *Rhizoctonia solani*, *Colletotrichum dematium*, *Sclerotinia sclerotiorum* y *Fusarium avenaceum*; en pruebas *in vitro*, *P. fluorescens* BRZ63 mostró una importante inhibición del crecimiento de estos hongos y mejoró la germinación y crecimiento de plántulas de canola. Al realizar una minería de su genoma, se encontró que éste contiene genes cruciales para la biosíntesis de fenanzina y genes implicados en la síntesis de acetoína y butanodiol, que actúan como factores promotores del crecimiento y aumentan la resistencia de las plantas contra patógenos. Además, el análisis del genoma de la cepa BRZ63 también reveló la presencia de varios

genes involucrados en la producción y el transporte de sideróforos, junto con genes que codifican bacterioferritina, enterobactina y pioverdina. Este estudio dilucidó los potenciales mecanismos de acción involucrados en la promoción de crecimiento y biocontrol observados en las pruebas *in vitro* (Chlebek et al., 2020).

Una variante de la genómica es la metagenómica, la cual analiza el conjunto de genomas presentes en una muestra ambiental. Esto significa que permite analizar una comunidad completa de microorganismos. Aplicada a la agricultura, la metagenómica permite estudiar el microbioma de las plantas identificando qué microorganismos están presentes y qué funciones están desempeñando, lo que puede proporcionar información valiosa para mejorar las prácticas agrícolas, como el uso de biofertilizantes o el control biológico (Lutz et al., 2020). Los estudios metagenómicos han permitido elucidar el papel que juega el microbioma en la respuesta de las plantas a los estreses bióticos y abióticos, ya que éstos pueden generar alteraciones en los exudados de raíces y hojas y, a su vez, modifican la comunidad microbiana asociada a la planta. Evidencias emergentes demuestran que estos cambios, especialmente el aumento en la abundancia de microbios comensales tras situaciones de estrés, pueden ser benéficos para la supervivencia de la planta. En este sentido, Dindhoria et al. (2024) analizaron el potencial de tolerancia a la sal y promoción del crecimiento vegetal en dos ecosistemas hipersalinos con concentraciones mayores a 32,900 ppm iones de  $\text{Na}^+$ , reconstruyendo un total de 67 genomas ensamblados metagenómicamente. Se identificaron géneros como *Salinarchaeum*, *Natronomonas*, *Halorubrum*, *Spiribacter* y *Longimonas*, entre otros, los cuales presentaron en sus genomas varias características promotoras del crecimiento vegetal, como la solubilización de fosfatos y la producción de ácido indol-3-acético (AIA). Por otro lado, características como la adquisición de hierro y la solubilización de potasio se observaron en una mayoría sustancial. Este estudio sugiere que el microbioma hipersalino puede ser utilizado como agentes biofertilizantes en prácticas agrícolas en áreas salinizadas, aliviando los estreses prevalentes (Dindhoria et al., 2024).

La genómica ha demostrado ser de gran utilidad para la identificación taxonómica de microorganismos benéficos para la agricultura y la elucidación de sus potenciales mecanismos de acción con el fin de aprovecharlos de una manera eficiente; sin embargo, por sí sola, esta tecnología no permite ver el panorama completo de las interacciones planta-microorganismo, por lo que suele ser complementada con otras ciencias ómicas, de las cuales se hablará a continuación.

### Transcriptómica

La transcriptómica es una disciplina que se enfoca en el estudio del ácido ribonucleico (ARN), particularmente del ARN mensajero (ARNm), que contiene la información necesaria para la síntesis proteica. Este campo se fundamenta en el principio de que el ADN se transcribe en ARNm, el cual regula la traducción de

proteínas esenciales para las funciones celulares. Mediante el análisis transcriptómico, es posible investigar el ARNm para identificar los mecanismos moleculares subyacentes a la producción de proteínas y las condiciones específicas que modulan estos procesos.

Los estudios transcriptómicos, como el análisis de expresión diferencial de genes, permiten la comparación y caracterización de las condiciones que regulan funciones biológicas específicas en un organismo. Bajo el enfoque de la bioprospección de microorganismos benéficos, herramientas como la transcriptómica son esenciales para comprender las interacciones planta-microorganismo. Esta disciplina permite analizar los genes expresados en las plantas durante su interacción con microorganismos, sean benéficos o patógenos, revelando señales moleculares clave y sus impactos en la fisiología y los mecanismos de defensa de la planta hospedera (Plett y Martin, 2018; Tao et al., 2023). Por ejemplo, un estudio realizado por Caradonia et al. (2022) en hojas de plántulas de tomate (*Solanum lycopersicum*) injertadas, tras la inoculación de raíces con *Paraburkholderia graminis* y *Azospirillum baldaniorum*, reveló que las interacciones planta-microorganismo son específicas de cada especie. Cada microorganismo activó diferentes vías y mecanismos en la planta, sin embargo, ambos tratamientos estimularon rutas relacionadas con la absorción de agua y nutrientes, respuestas de defensa al estrés biótico y abiótico, y la regulación hormonal de la maduración del fruto. El tratamiento con *A. baldaniorum* indujo principalmente genes asociados con factores de transcripción MYB, asociados a respuestas al estrés, mientras que *P. graminis* reguló positivamente genes relacionados con proteínas de resistencia al tizón tardío. Estos hallazgos destacan la importancia de comprender los mecanismos moleculares de las interacciones planta-microbio para optimizar el uso de microorganismos benéficos en la agricultura. Otro ejemplo es el estudio realizado por Chaparro-Encinas et al. (2022), donde se analizó el transcriptoma de plántulas de trigo inoculadas con *Bacillus paralicheniformis*. Los resultados mostraron que esta interacción regula el crecimiento celular multidimensional, suprime los mecanismos de defensa, induce receptores de estímulos centrales, y promueve el metabolismo de carbohidratos y el transporte relacionado con fitohormonas. Esto sugiere que *B. paralicheniformis* es un bioinoculante prometedor para mejorar el crecimiento y desarrollo del trigo al reprogramar simultáneamente las respuestas resistencia sistémica inducida (ISR) y resistencia sistémica adquirida (ASR), suprimiendo la defensa e induciendo respuestas a estímulos centrales.

Asimismo, la transcriptómica permite caracterizar las interacciones entre microorganismos benéficos y patógenos, analizando la expresión de genes involucrados en la síntesis de metabolitos antimicrobianos que contribuyen a la defensa del hospedero o a la competencia microbiana permitiendo evaluar su potencial metabólico bajo condiciones definidas (Shaw et al., 2021). Por ejemplo, el estudio de transcriptomas ha revelado genes que codifican enzimas líticas en hongos como *Trichoderma*, conocidos por su capacidad para degradar materia orgánica y biocontrolar enfermedades en plantas (Atanasova et al., 2013). Otro ejemplo de esto

es el estudio realizado por Tian et al. (2021) donde se señala que la bioactividad antifúngica de *Bacillus amyloliquefaciens* contra la marchitez causada por *Fusarium oxysporum* está relacionada con grupos de genes asociados con la producción de difucidina, bacilibactina y bacilisina, los cuales se encontraron significativamente regulados de manera positiva. Esta información es crucial porque permite un entendimiento profundo de los mecanismos moleculares que subyacen al biocontrol, lo que es fundamental para diseñar estrategias más precisas, sostenibles y efectivas en la gestión de enfermedades agrícolas. Por otro lado nos permite analizar interacciones específicas en relación a escenarios futuros, por ejemplo, en un estudio realizado por Chaparro-Encinas et al. (2021) se analizó la regulación transcripcional de procesos metabólicos y celulares en trigo duro (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) bajo estrés térmico, identificando los principales mecanismos de aclimatación molecular. Estos incluyen la regulación de la fotosíntesis mediante la acumulación de ATPasas, la biosíntesis de lípidos para reforzar la pared celular y ajustar la fluidez de la membrana, y la actividad de peroxidasa a través de la expresión de citocromo P450. Estos procesos facilitan la adaptación y tolerancia de las plantas al aumento de temperatura. Asimismo, se observó un mayor transporte de biomasa hacia las raíces como estrategia de protección.

La transcriptómica emerge como una herramienta fundamental para comprender y optimizar las interacciones entre organismos en diversos contextos biológicos y ambientales. Su capacidad para revelar los mecanismos moleculares subyacentes a procesos clave, como la defensa vegetal, la promoción del crecimiento o la adaptación al estrés, permite no solo un entendimiento más profundo de estos fenómenos, sino también el diseño de estrategias innovadoras y sostenibles en campos como la agricultura y la biotecnología. Al integrar este conocimiento con tecnologías avanzadas como RNA-seq, es posible abordar desafíos actuales y futuros relacionados con la producción agrícola, el biocontrol y la adaptación al cambio climático, contribuyendo al desarrollo de soluciones más eficientes y sostenibles.

### Proteómica

La proteómica, como su nombre sugiere, se dedica al estudio del conjunto de proteínas que son producidas por un organismo. Estos estudios incluyen la estructura, función, localización, expresión y modificaciones de las proteínas, y tiene como objetivo tener una visión global de los procesos celulares y biológicos. La proteómica puede tener un papel crucial en la bioprospección de microorganismos benéficos, especialmente en el contexto de la agricultura sostenible y la biotecnología. Ésta permite identificar y caracterizar proteínas que están asociadas con funciones de interés agrícola como la producción de enzimas degradadoras, la promoción del crecimiento vegetal, o el control de fitopatógenos (Wang et al., 2021). De la misma forma explora cómo un organismo interactúa con su entorno, incluyendo

su capacidad para sobrevivir en condiciones extremas, lo que es vital para seleccionar microorganismos que puedan ser efectivos en ambientes agrícolas adversos. Además, a través de la proteómica es posible analizar las respuestas de los cultivos a diferentes condiciones y comprender las interacciones que suceden durante la colonización por microorganismos promotores del crecimiento vegetal. (Rodríguez-Vázquez y Mesa-Marín, 2023).

En este sentido, cambios proteómicos asociados con la mejora del crecimiento vegetal después de la inoculación de microorganismos benéficos se han observado en maíz, arroz, chícharo, tabaco, lechuga, tomate, entre otras plantas modelo (Rodríguez-Vázquez y Mesa-Marín, 2023). Por ejemplo, cuando se inoculó *Priestia megaterium* y *Enterobacter* sp. C7 en plantas de tomate se observó un aumento en el crecimiento de las plantas y un cambio en el perfil proteómico, modificando los niveles de proteínas relacionadas con estrés, contenido de antioxidantes y capacidad de adquisición de fósforo; con la inoculación de *P. megaterium* se observó que 21 proteínas fueron inducidas y 18 fueron reprimidas, y con *Enterobacter* sp. C7, 11 proteínas fueron inducidas y 18 fueron reprimidas en comparación con los controles; estos cambios afectaron significativamente la ruta de detoxificación mediada por glutionato (Ibort et al., 2018).

La proteómica también permite elucidar los mecanismos de las interacciones planta-patógeno, con un enfoque en las proteínas asociadas con defensa. Diversos estudios proteómicos se han realizado en maíz tratando de explicar estas interacciones. Éstos han encontrado grupos de proteínas que comúnmente responden cuando el maíz está en interacción con patógenos como *Aspergillus flavus*, *Fusarium verticillioides*, *F. graminearum*, *Curvularia lunata*, el virus del enanismo de estrías negras del arroz (RBSVD) o el virus del mosaico de la caña de azúcar (SCMV) (Pechanova y Pechan, 2015). En la revisión de estudios proteómicos realizada por Pechanova y Pechan (2015) se encontró que la respuesta del maíz a estos patógenos tenía en común: i) proteínas relacionadas a patógenos como quitinasas y glucanasas (Chen et al., 2006); ii) enzimas detoxificantes como la superóxido desmutasa (SOD), catalasa y antioxidante peroxirredoxina (PER) (Pechanova et al., 2011); iii) proteínas relacionadas con metabolismo secundario como la fenilalanina amoniaco-liasa (PAL), cafeoil-CoA-3-O-metiltransferasa y calcona-flavonona isomerasa (Wu et al., 2013); iv) proteínas relacionadas con las rutas de producción de energía como la GAPDH y ADP-glucosa pirofosforilasa (Mohammadi et al., 2011); v) proteínas relacionadas con síntesis, plegamiento y estabilización de proteínas como chaperoninas (Huang et al., 2009; Pechanova y Pechan, 2015).

El estudio del proteoma puede ser una tecnología útil para elucidar los mecanismos clave en las respuestas de las plantas a la inoculación con microorganismos promotores de crecimiento vegetal. Sin embargo, el análisis proteómico en las interacciones planta-microorganismo es un campo en el que aún queda mucho por hacer para llegar a conclusiones sólidas.



## Metabolómica

Finalmente, la metabolómica, estudia integralmente los metabolitos producidos por las células, su dinámica y composición. Ésta permite elucidar los mecanismos de acción involucrados en las interacciones entre organismos, como aquellas entre microorganismos benéficos y patógenos, descifrando con precisión aquellos metabolitos y compuestos involucrados en la inhibición y competencia (Villa-Rodríguez et al., 2021). La metabolómica, como ciencia ómica multidisciplinaria, se centra en la detección cualitativa y cuantitativa de los metabolitos producidos dentro de un sistema biológico, así como en el estudio integral de su composición y dinámica (Yan et al., 2022). Las técnicas empleadas para el estudio de dichos metabolitos incluyen principalmente la espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN), las cromatografías líquida y de gases con espectrometría de masas (LC-MS y GC-MS, respectivamente) y la electroforesis capilar (CE-MS), las cuales se basan en la separación de los distintos metabolitos en función de sus propiedades fisicoquímicas (Alawiye y Babalola, 2021). El conjunto de metabolitos (aminoácidos, aminas, lípidos, carbohidratos, vitaminas, hormonas, etc.) primarios y secundarios resultantes de los distintos procesos biológicos se conoce como metaboloma; éste se interpreta como el lenguaje químico del metabolismo y constituye el mejor acercamiento ómico de la caracterización fenotípica (Nephali et al., 2020). A su vez, el metaboloma es afectado por factores genéticos y ambientales, siendo altamente sensible a cambios en el flujo metabólico y la actividad enzimática dentro del sistema. Por ende, los cambios en el metaboloma juegan un papel fundamental durante los procesos de adaptación y resistencia al estrés (Choudhury et al., 2021).

Como mencionado previamente, la genómica, transcriptómica y proteómica aplicadas a la producción agrícola permiten estudiar cómo los factores bióticos y abióticos alteran la expresión génica de la planta (Tyagi et al., 2022). Sin embargo, no todos los genes son expresados y no todos los incrementos en mRNA resultan en el aumento de una proteína, así como no todas las proteínas traducidas son activas enzimáticamente. Por lo anterior, el complemento que aporta la metabolómica es crucial, ya que refleja el estatus bioquímico de la planta ante la influencia de factores que regulan su metabolismo, así como la subsecuente reprogramación molecular necesaria para mantener el equilibrio celular (Nephali et al., 2020). Así pues, un enfoque que involucre de forma integral al conjunto de ciencias ómicas permite un mejor entendimiento y aprovechamiento de los procesos bioquímicos tripartitas (organismo benéfico-planta-agente de estrés) que definen el bienestar de los cultivos (Adeniji et al., 2020). En un estudio realizado por Villa-Rodríguez et al. (2021), en el cual combinaron genómica y metabolómica, se encontró que el efecto antifúngico de *Bacillus cabrialesii* TE3<sup>T</sup> contra *Bipolaris sorokiniana*, patógeno causante de la mancha borrosa en trigo, era producido por un complejo lipopéptidos de surfactina y un homólogo de la fengicina, ambos compuestos antifúngicos (Villa-Rodríguez et al., 2021).

Una gran diversidad de metabolitos está involucrada en las interacciones entre la planta hospedera y los microorganismos asociados a ésta, las cuales pueden ser

tanto benéficas como perjudiciales. Mediante estudios metabolómicos, se pueden descifrar los mecanismos de inmunidad y defensa de las plantas contra patógenos y condiciones ambientales adversas (Carrera et al., 2021). Por ejemplo, en un estudio metabolómico no dirigido, Zeiss et al. (2019) demostraron que durante la infección de plantas de tomate por la bacteria fitopatogena *Ralstonia solanacearum*, ésta produce la poliamina putrescina, la cual acelera el proceso infeccioso. Por su parte, la planta contra ataca produciendo ácidos químicos y flavonoides con capacidad antimicrobiana (Zeiss et al., 2019). Por otro lado, la metabolómica permite identificar biomarcadores que generen efectos bioestimulantes para el cultivo, entre los que destacan la mejora en su aprovechamiento de recursos, crecimiento, rendimiento y/o calidad, así como el incremento de su resistencia a diversas fuentes de estrés (Nephali et al., 2020). Un ejemplo de esto fue un estudio realizado por Gundaraniya et al. (2020) en plantas de cacahuete (*Arachis hypogaea*), en donde se encontró que diversos metabolitos fueron producidos por la planta bajo condiciones de estrés hídrico, principalmente alcoholes y azúcares tales como: pentitol, fitol, ácido xilónico, D-xilopiranososa, ácido esteárico y D-ribosa. Además de dos poliaminas: agmatina y cadaverina, las cuales fueron asociadas a la resistencia al estrés hídrico de una variedad de cacahuete tolerante a las sequías (Gundaraniya et al., 2020). Así pues, la información proporcionada por los perfiles metabolómicos de diversos cultivos puede ser empleada durante los procesos de selección de variedades mejoradas y más resistentes (Al-Khayri et al., 2023). Tal fue el caso de un estudio realizado por Shi et al. (2020) en el que analizaron la relación entre los niveles de distintos metabolitos y los rasgos agronómicos deseables en plantas de trigo. En dicho estudio, se encontró que un gen modulador de la producción de auxina podía tener un impacto en el número de granos por espiga. De igual forma, se descubrió una fuerte relación entre la cantidad de betaína y la altura de la planta, lo que posiciona esta molécula como un bioindicador eficaz para predecir este rasgo biométrico en las plantas de trigo seleccionadas (Shi et al., 2020).

Los estudios metabolómicos enfrentan distintos retos, siendo los principales la identificación de compuestos desconocidos y la distinción entre los metabolitos producidos por cada uno de los integrantes de un sistema biológico en interacción (Castro-Moretti et al., 2020). Por esta razón, actualmente se estudian diversos puntos de mejora, desde una correcta planeación del diseño del estudio hasta la interpretación biológica de los resultados. Los puntos críticos incluyen principalmente i) los métodos de extracción y análisis de los metabolitos (mediante marcado isotópico, por ejemplo), así como ii) la selección de datos apropiados entre la gran cantidad de datos obtenidos, y por último, la interpretación e integración de los resultados complementados por otras ciencias ómicas (Nephali et al., 2020). Por consiguiente, la optimización de los análisis metabolómicos y su combinación con el resto de ciencias ómicas facilitará un mejor entendimiento de las interacciones entre la planta y su entorno y contribuirá a la formulación de estrategias innovadoras para mejorar la calidad y rendimiento de los cultivos de forma sostenible (Adeniji et al., 2020).

## CONCLUSIONES

Las ciencias ómicas ofrecen herramientas poderosas para explorar y comprender profundamente las dinámicas moleculares de los microorganismos benéficos. Al integrar disciplinas como la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica, es posible no solo identificar y caracterizar microorganismos prometedores, sino también optimizar su uso en la agricultura sostenible. Estas disciplinas permiten un enfoque integral y masivo, elucidando las complejas interacciones entre microorganismos, plantas y su entorno, facilitando así el desarrollo de soluciones biotecnológicas más eficientes y adaptadas a las necesidades específicas de cada agroecosistema.

### Contribución de los autores

A.C.M.-M., S.dI.S.-V. Conceptualización; A.C.M.-M., I.C.-A., V.V.-R., F.I.P.-C., S.dI.S.-V. Preparación del manuscrito, edición y revisión, S.dI.S.-V. Aprobación de la versión final del manuscrito.

### Agradecimientos

Los autores agradecen a los miembros del Laboratorio de Biotecnología del Recurso Microbiano, del Instituto Tecnológico de Sonora ITSON. A.C.M.-M., I.C.-A. y V.V.-R. agradecen al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT), por las becas otorgadas (CVU: 440879, número de solicitud posdoctoral: 2306476; CVU: 840486, número de solicitud posdoctoral: 3813573; CVU: 924892, número de beca de doctorado: 712969, respectivamente).

### Conflicto de interés

Los autores declaran que la investigación se llevó a cabo sin ninguna relación comercial o financiera que pudiera interpretarse como un posible conflicto de intereses.

## REFERENCIAS

- Adeniji AA, Babalola OO, Loots DT. 2020. Metabolomic applications for understanding complex tripartite plant-microbes interactions: Strategies and perspectives. *Biotechnology Reports* 25:e00425). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2020.e00425>
- Al-Khayri JM, Rashmi R, Toppo V, Chole PB, Banadka A, Sudheer WN, Nagella P, Shehata WF, Al-Mssallem MQ, Alessa FM, Almaghasla MI, Rezk AAS. 2023. Plant Secondary Metabolites: The Weapons for Biotic Stress Management. *Metabolites* 13(6):716. <https://doi.org/10.3390/metabo13060716>
- Alawiye TT, Babalola OO. 2021. Metabolomics: current application and prospects in crop production. *Biologia*, 76(1):227–239. <https://doi.org/10.2478/S11756-020-00574-Z/METRICS>
- Atanasova L, Crom S. Le, Gruber S, Culpier F, Seidl-Seiboth V, Kubicek CP, Druzhinina IS. 2013. Comparative transcriptomics reveals different strategies of *Trichoderma* mycoparasitism. *BMC Genomics*, 14(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-121>
- Campos-Avelar I, Montoya-Martínez AC, Villa-Rodríguez ED, Valenzuela-Ruiz V, Ayala Zepeda M, Parra-Cota FI, de los Santos Villalobos S. 2023. The Mitigation of Phytopathogens in Wheat under Current and Future Climate Change Scenarios: Next-Generation Microbial Inoculants. *Sustainability* 15(21). <https://doi.org/10.3390/su152115250>
- Caradonia F, Buti M, Flore A, Gatti R, Morcia C, Terzi V, Ronga D, Moulin L, Francia E, Milc JA. 2022. Characterization of Leaf Transcriptome of Grafted Tomato Seedlings after Rhizospheric Inoculation with *Azospirillum baldaniorum* or *Paraburkholderia graminis*. *Agronomy*, 12(10). <https://doi.org/10.3390/agronomy12102537>

- Carrera FP, Noceda C, Maridueña-Zavala MG, Cevallos-Cevallos JM. 2021. Metabolomics, a powerful tool for understanding plant abiotic stress. *Agronomy* 11(5):824. <https://doi.org/10.3390/agronomy11050824>
- Castro-Moretti FR, Gentzel IN, Mackey D, Alonso AP. 2020. Metabolomics as an emerging tool for the study of plant–pathogen interactions. *Metabolites* 10(2). <https://doi.org/10.3390/metabo10020052>
- Chaparro-Encinas LA, Parra-Cota FI, Cruz-Mendivil A, Santoyo G, Peña-Cabriales JJ, Castro-Espinoza L, de los Santos-Villalobos S. 2022. Transcriptional regulation of cell growth and reprogramming of systemic response in wheat (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) seedlings by *Bacillus paralicheniformis* TRQ65. *Planta*, 255(3). <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03837-y>
- Chaparro-Encinas LA, Santoyo G, Peña-Cabriales JJ, Castro-Espinoza L, Parra-Cota FI, de los Santos-Villalobos S. 2021. Transcriptional regulation of metabolic and cellular processes in durum wheat (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) in the face of temperature increasing. *Plants*, 10(12). <https://doi.org/10.3390/plants10122792>
- Chen ZY, Brown RL, Rajasekaran K, Damann KE, Cleveland TE. 2006. Identification of a maize kernel pathogenesis-related protein and evidence for its involvement in resistance to *Aspergillus flavus* infection and aflatoxin production. *Phytopathology*, 96(1), 87–95. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-96-0087>
- Chlebek D, Pinski A, Žur J, Michalska J, Hupert-Kocurek K. 2020. Genome mining and evaluation of the biocontrol potential of *Pseudomonas fluorescens* BRZ63, a new endophyte of oilseed rape (*Brassica napus* L.) against fungal pathogens. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(22), 1–21. <https://doi.org/10.3390/ijms21228740>
- Choudhury S, Sharma P, Moulick D, Mazumder MK. 2021. Unrevealing metabolomics for abiotic stress adaptation and tolerance in plants. *Journal of Crop Science and Biotechnology* 24(5):479–493. Springer. <https://doi.org/10.1007/s12892-021-00102-8>
- de los Santos-Villalobos S, Díaz-Rodríguez AM, Ávila-Mascareño MF, Martínez-Vidales AD, Parra-Cota FI. 2021. Colmena: A culture collection of native microorganisms for harnessing the agro-biotechnological potential in soils and contributing to food security. *Diversity* 13(8). <https://doi.org/10.3390/d13080337>
- Dindhorja K, Kumar R, Bhargava B, Kumar R. 2024. Metagenomic assembled genomes indicated the potential application of hypersaline microbiome for plant growth promotion and stress alleviation in salinized soils. *MSystems*, 9(3). <https://doi.org/10.1128/msystems.01050-23>
- Gundaraniya SA, Ambalam PS, Tomar RS. 2020. Metabolomic Profiling of Drought-Tolerant and Susceptible Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Genotypes in Response to Drought Stress. *ACS Omega*, 5(48):31209–31219. <https://doi.org/10.1021/acsomega.0c04601>
- Huang X, Liu L, Chen J, Zhai Y. 2009. Comparative proteomic analysis of the response in resistant and susceptible maize inbred lines to infection by *Curvularia lunata*. *Progress in Natural Science*, 19(7):845–850. <https://doi.org/10.1016/j.pnsc.2008.07.024>
- Ibort P, Imai H, Uemura M, Aroca R. 2018. Proteomic analysis reveals that tomato interaction with plant growth promoting bacteria is highly determined by ethylene perception. *Journal of Plant Physiology*, 220:43–59. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2017.10.008>
- Lutz S, Thuerig B, Oberhaensli T, Mayerhofer J, Fuchs JG, Widmer F, Freimoser FM, Ahrens CH. 2020. Harnessing the Microbiomes of Suppressive Composts for Plant Protection: From Metagenomes to Beneficial Microorganisms and Reliable Diagnostics. *Frontiers in Microbiology* 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01810>
- May JJ, Wendrich TM, Marahiel MA. 2001. The *dhb* Operon of *Bacillus subtilis* Encodes the Biosynthetic Template for the Catecholic Siderophore 2,3-Dihydroxybenzoate-Glycine-Threonine Trimeric Ester Bacillibactin. *Journal of Biological Chemistry*, 276(10):7209–7217. <https://doi.org/10.1074/jbc.M009140200>
- Mohammadi M, Anoop V, Gleddie S, Harris LJ. 2011. Proteomic profiling of two maize inbreds during early gibberella ear rot infection. *Proteomics*, 11(18):3675–3684. <https://doi.org/10.1002/pmic.201100177>
- Montoya-Martínez AC, Figueroa-Brambila KM, Escalante-Beltrán A, López-Montoya ND, Valenzuela-Ruiz V, Parra-Cota FI, Estrada Alvarado MI, de los Santos-Villalobos S. 2023. Biological Control Mechanisms of *Bacillus cabrialesii* subsp. *tritici* TSO2T against *Fusarium languescens*, the Causal Agent of Wilt in Jalapeño Peppers. *Horticulturae*, 9(9). <https://doi.org/10.3390/horticulturae9090964>
- Morales-Sandoval PH, Valenzuela-Ruiz V, Ortega-Urquieta ME, Martínez-Vidales AD, Félix-Pablos CM, Chávez-Luzanía RA, Parra-Cota FI, de los Santos-Villalobos S. 2021. Taxonomía bacteriana basada en índices relacionados al genoma completo. *La Sociedad Académica*, 58:39–50. [https://www.itson.mx/publicaciones/sociedad-academica/Documents/LSA\\_58\\_compressed.pdf#page=41](https://www.itson.mx/publicaciones/sociedad-academica/Documents/LSA_58_compressed.pdf#page=41)
- Morales-Sandoval PH, Valenzuela-Ruiz V, Santoyo G, Hyder S, Mitra D, Zelaya-Molina LX, Ávila-Alistac N, Parra-Cota FI, Santos-Villalobos SDL. 2024. Draft genome of a biological control agent against *Bipolaris sorokiniana*, the causal phytopathogen of spot blotch in wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum*): *Bacillus inaquosorum* TSO22. *Open Agriculture*, 9(1). <https://doi.org/10.1515/opag-2022-0309>
- Nephali L, Piater LA, Dubery IA, Patterson V, Huyser J, Burgess K, Tugizimana F. 2020. Biostimulants for plant growth and mitigation of abiotic stresses: A metabolomics perspective. *Metabolites* 10(12):1–26. <https://doi.org/10.3390/metabo10120505>
- Ongena M, Jacques P. 2008. *Bacillus* lipopeptides: versatile weapons for plant disease biocontrol. *Trends in Microbiology* 16(3):115–125. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2007.12.009>

- Pan L, Cai B. 2023. Phosphate-Solubilizing Bacteria: Advances in Their Physiology, Molecular Mechanisms and Microbial Community Effects. *Microorganisms*, 11(12). <https://doi.org/10.3390/microorganisms11122904>
- Patten CL, Blakney AJC, Coulson TJD. 2013. Activity, distribution and function of indole-3-acetic acid biosynthetic pathways in bacteria. *Critical Reviews in Microbiology*, 39(4):395–415. <https://doi.org/10.3109/1040841X.2012.716819>
- Pechanova O, Pechan T. 2015. Maize-pathogen interactions: An ongoing combat from a proteomics perspective. *International Journal of Molecular Sciences*, 16(12):28429–28448. <https://doi.org/10.3390/ijms161226106>
- Pechanova O, Pechan T, Williams WP, Luthe DS. 2011. Proteomic analysis of the maize rachis: Potential roles of constitutive and induced proteins in resistance to *Aspergillus flavus* infection and aflatoxin accumulation. *Proteomics*, 11(1):114–127. <https://doi.org/10.1002/pmic.201000368>
- Plett JM, Martin FM. 2018. Know your enemy, embrace your friend: using omics to understand how plants respond differently to pathogenic and mutualistic microorganisms. *Plant Journal*, 93(4):729–746. <https://doi.org/10.1111/tpj.13802>
- Rodríguez-Vázquez R, Mesa-Marín J. 2023. Plant responses to plant growth promoting bacteria: Insights from proteomics. *Journal of Plant Physiology*, 287. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2023.154031>
- Sekurova ON, Schneider O, Zotchev SB. 2019. Novel bioactive natural products from bacteria via bioprospecting, genome mining and metabolic engineering. *Microbial Biotechnology* 12(5):828–844. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13398>
- Shaw R, Tian X, Xu J. 2021. Single-Cell Transcriptome Analysis in Plants: Advances and Challenges. *Molecular Plant*, 14(1):115–126. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.10.012>
- Shi T, Zhu A, Jia J, Hu X, Chen J, Liu W, Ren X, Sun D, Fernie AR, Cui F, Chen W. 2020. Metabolomics analysis and metabolite-agronomic trait associations using kernels of wheat (*Triticum aestivum*) recombinant inbred lines. *The Plant Journal*, 103(1): 279–292. <https://doi.org/10.1111/TPJ.14727>
- Tao F, Fan C, Liu Y, Sivakumar S, Kowalski KP, Golenberg EM. 2023. Optimization and application of non-native *Phragmites australis* transcriptome assemblies. *PLoS ONE*, 18:1–28. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0280354>
- Tian D, Song X, Li C, Zhou W, Qin L, Wei L, Di W, Huang S, Li B, Huang Q, Long S, He Z, Wei S. 2021. Antifungal mechanism of *Bacillus amyloliquefaciens* strain GKT04 against *Fusarium* wilt revealed using genomic and transcriptomic analyses. *MicrobiologyOpen*, 10(3). <https://doi.org/10.1002/mbo3.1192>
- Tyagi P, Singh D, Mathur S, Singh A, Ranjan R. 2022. Upcoming progress of transcriptomics studies on plants: An overview. *Frontiers in Plant Science* 13:1030890). <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1030890>
- Valenzuela-Ruiz V, Parra-Cota FI, Santoyo G, de los Santos-Villalobos S. 2022. Potential biocontrol mechanisms of *Bacillus* sp. TSO2 against *Bipolaris sorokiniana*, spot blotch in wheat. *Revista Mexicana de Fitopatología, Mexican Journal of Phytopathology*, 40(2). <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2201-1>
- Villa-Rodríguez E, Moreno-Ulloa A, Castro-Longoria E, Parra-Cota F., de los Santos-Villalobos S. 2021. Integrated omics approaches for deciphering antifungal metabolites produced by a novel *Bacillus* species, *B. cabrialesii* TE3T, against the spot blotch disease of wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum*). *Microbiological Research*, 251. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2021.126826>
- Wang Z, Zhong T, Chen K, Du M, Chen G, Chen X, Wang K, Zalán Z, Takács K, Kan J. 2021. Antifungal activity of volatile organic compounds produced by *Pseudomonas fluorescens* ZX and potential biocontrol of blue mold decay on postharvest citrus. *Food Control*, 120. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107499>
- Wen Y, Wu X, Teng Y, Qian C, Zhan Z, Zhao Y, Li O. 2011. Identification and analysis of the gene cluster involved in biosynthesis of paenibactin, a catecholate siderophore produced by *Paenibacillus elgii* B69. *Environmental Microbiology*, 13(10):2726–2737. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2011.02542.x>
- Wu L, Han Z, Wang S, Wang X, Sun A, Zu X, Chen Y. 2013. Comparative proteomic analysis of the plant-virus interaction in resistant and susceptible ecotypes of maize infected with sugarcane mosaic virus. *Journal of Proteomics*, 89:124–140. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2013.06.005>
- Yan S, Bhawal R, Yin Z, Thannhauser TW, Zhang S. 2022. Recent advances in proteomics and metabolomics in plants. *Molecular Horticulture* 2(1):1–38. *BioMed Central*. <https://doi.org/10.1186/s43897-022-00038-9>
- Zeiss DR, Mhlongo MI, Tugizimana F, Steenkamp PA, Dubery IA. 2019. Metabolomic profiling of the host response of tomato (*Solanum lycopersicum*) following infection by *Ralstonia solanacearum*. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(16):3945. <https://doi.org/10.3390/ijms20163945>