



Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), mayo-junio 2025,
Volumen 9, Número 3.

https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v9i1

**IDENTIFICACIÓN DE LA REGIÓN MOLECULAR
DEL GEN 16S RIBOSOMAL DE LOS MICROORGANISMOS
LIGNOCELULÓSICOS OBTENIDOS DE LOS SUELOS
DE CAÑA DE AZÚCAR DE LA EMPRESA
AGROINDUSTRIAL PARAMONGA S.A**

**MOLECULAR IDENTIFICATION OF THE 16S RRNA GENE REGION
IN LIGNOCELLULOLYTIC MICROORGANISMS ISOLATED FROM
SUGARCANE SOILS OF AGROINDUSTRIAL PARAMONGA S.A.**

Heini Greace Romero Macedo
Universidad Nacional del Santa, Perú

José Mariano Melgar Belmo
Agro Industrial Paramonga S.A., Perú

Angelita Cabrera de Cipriano
Universidad Nacional de Trujillo, Perú

DOI: https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v9i3.18760

Identificación de la Región Molecular del Gen 16S Ribosomal de los Microorganismos Lignocelulósicos Obtenidos de los Suelos de Caña de Azúcar de la Empresa Agroindustrial Paramonga S.A

Heini Greace Romero Macedo¹
hromero@agroparamonga.com
<https://orcid.org/0009-0003-0496-0682>
Universidad Nacional del Santa
Perú

José Mariano Melgar Belmo
jmelgar@agroparamonga.com
Agro Industrial Paramonga S.A.
Perú

Angelita Cabrera de Cipriano
acabrera@unitru.edu.pe
<https://orcid.org/0000-0003-3490-5011>
Universidad Nacional de Trujillo
Perú

RESUMEN

Este trabajo aborda dos retos ambientales, cambio climático y degradación del suelo y propone transformar residuos lignocelulósicos de caña de azúcar en carbono orgánico del suelo (COS) mediante bacterias lignocelulolíticas. Se aislaron ocho cepas de suelos rizosféricos y se evaluó su capacidad de degradar celulosa y lignina. En esta primera etapa, se identificó molecularmente la región del gen 16S ribosomal para determinar con precisión las especies implicadas. Este análisis garantiza la ausencia de fitotoxicidad y sienta las bases para desarrollar inoculantes microbianos que mitiguen emisiones de GEI y mejoren la productividad de la caña bajo agricultura sostenible.

Palabras clave: residuos lignocelulósicos, bacterias lignocelulolíticas, caña de azúcar, carbono orgánico

¹ Autor principal
Correspondencia: hromero@agroparamonga.com

Molecular Identification of the 16S rRNA Gene Region in Lignocellulolytic Microorganisms Isolated from Sugarcane Soils of Agroindustrial Paramonga S.A.

ABSTRACT

This study addresses two environmental challenges—climate change and soil degradation—and proposes converting sugarcane lignocellulosic residues into soil organic carbon (SOC) using lignocellulolytic bacteria. Eight strains were isolated from rhizospheric soils and their capacity to degrade cellulose and lignin was evaluated. In this initial stage, the 16S ribosomal gene region was molecularly identified to accurately determine the species involved. This analysis ensures the absence of phytotoxicity and lays the groundwork for developing microbial inoculants that mitigate GHG emissions and enhance sugarcane productivity under sustainable agriculture.

Keywords: residuos lignocelulósicos, bacterias lignocelulolíticas, caña de azúcar, carbono orgánico

Artículo recibido 15 mayo 2025

Aceptado para publicación: 18 junio 2025



INTRODUCCIÓN

El cambio climático y la degradación de los suelos constituyen dos de los retos ambientales más urgentes del siglo XXI, pues las prácticas agrícolas intensivas han reducido drásticamente el contenido de carbono orgánico del suelo (COS), incrementando la mineralización de la materia orgánica, liberando CO₂ y deteriorando la fertilidad edáfica (IPCC, 2003; Hernández et al., 2019). En este contexto, el COS emerge como un componente clave no solo para el secuestro de carbono atmosférico, sino también para mejorar la estructura del suelo, su capacidad de retención hídrica y la disponibilidad de nutrientes, factores determinantes para la productividad de los cultivos (Paustian et al., 2016).

En Perú, la agroindustria azucarera genera diariamente cerca de 930 toneladas de residuos lignocelulósicos cogollos y hojas secas de caña de azúcar que, de no gestionarse adecuadamente, se convierten en fuentes de emisiones de gases de efecto invernadero y contribuyen a la pérdida de salud del suelo (Ruiz, 2021; Vázquez et al., 2021). Ante este escenario, el uso de microorganismos lignocelulolíticos que degradan simultáneamente lignina y celulosa se presenta como una estrategia biotecnológica prometedora para transformar estos residuos en COS, acelerando la descomposición de la biomasa y favoreciendo la incorporación de carbono al suelo, al tiempo que mejora la disponibilidad de nutrientes para las plantas (Meng & Ragauskas, 2024).

No obstante, la mayoría de los estudios se han centrado en ensayos fenotípicos y enzimáticos —tales como la formación de halos en agar CMC y lignina sin abordar de manera sistemática la caracterización molecular de las cepas implicadas.

La secuenciación de la región del gen 16S ribosomal es reconocida como “reloj molecular” en microbiología, pues permite identificar con alta precisión las especies bacterianas y evaluar sus relaciones filogenéticas (Clarridge, 2004; Janda & Abbott, 2007). Aplicar esta herramienta al aislamiento de bacterias lignocelulolíticas de suelos de caña de azúcar de la Empresa Agroindustrial Paramonga S.A. llenaría un vacío importante en la literatura, al garantizar la selección de cepas no fitotóxicas y funcionalmente relevantes para su uso como inoculantes.

Por ello, el objetivo general de este estudio es identificar molecularmente la región del gen 16S ribosomal en bacterias lignocelulolíticas aisladas de suelos rizosféricos de caña de azúcar de Paramonga S.A., con el fin de validar su seguridad y establecer una base científica sólida para el desarrollo de



inoculantes microbianos que mitiguen emisiones de GEI y mejoren la productividad en sistemas de agricultura sostenible.

METODOLOGÍA

En este estudio se siguió un diseño experimental que incluyó seis fases: recolección de muestras, aislamiento y selección fenotípica de cepas lignocelulolíticas, purificación y conservación, extracción de ADN, amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA, y análisis bioinformático. Todas las pruebas se realizaron por triplicado biológico y contaron con controles positivos (*Streptomyces viridosporus*) y negativos (medios estériles sin inóculo).

Recolección de muestras

Se tomaron muestras de suelo rizosférico (0–15 cm) de tres parcelas de caña de azúcar de la Empresa Agroindustrial Paramonga S.A. utilizando calicata y pala estériles. Cada muestra (300 g) se transportó en bolsas estériles y se procesó en laboratorio en un plazo máximo de 24 h.

Aislamiento y selección fenotípica

Se preparó una suspensión de 10 g de suelo en 90 mL de tampón fosfato 0.1 M (pH 7.0) agitando a 200 rpm durante 30 min. A continuación, se inocularon alícuotas en placas con agar CMC (1 % carboximetilcelulosa) y agar lignina (0.5 % lignina Kraft soluble), incubándose a 30 °C durante 72 h, siguiendo los protocolos de Teather & Wood (1982) y Kirk & Farrell (1987). Posteriormente, la actividad celulolítica se evaluó por tinción con rojo Congo (0.1 %) y lavado con NaCl 1 M, y la ligninolítica, por decoloración con Lugol; a partir de las zonas de aclaramiento se midió el diámetro de los halos con calibrador, seleccionándose las ocho cepas con los mayores promedios.

Purificación y conservación

Cada cepa seleccionada se purificó por resembrado sucesivo en agar nutritivo hasta obtener colonias uniformes. Para su conservación, se prepararon suspensiones en glicerol al 15 % (v/v) y se almacenaron a –80 °C.

Análisis molecular externo y bioinformático

Se remitieron al Laboratorio de Micología y Biotecnología del Centro de Extensionismo Tecnológico de la Universidad Nacional Agraria La Molina (CET LMB UNALM) cultivos frescos de cada una de las ocho cepas previamente sembradas en agar nutritivo, garantizando colonias en fase de crecimiento



activo. En el laboratorio se extrajo el ADN genómico con kits comerciales validados para bacterias. Posteriormente, se amplificó la región del gen 16S rRNA mediante PCR, y los amplicones resultantes se confirmaron por electroforesis en gel de agarosa al 1,5 % teñido con DanaBlue. Finalmente, los fragmentos amplificados fueron purificados y preparados para secuenciación Sanger bidireccional. Seguidamente, se llevaron a cabo análisis bioinformáticos para confirmar la identidad taxonómica de las cepas.

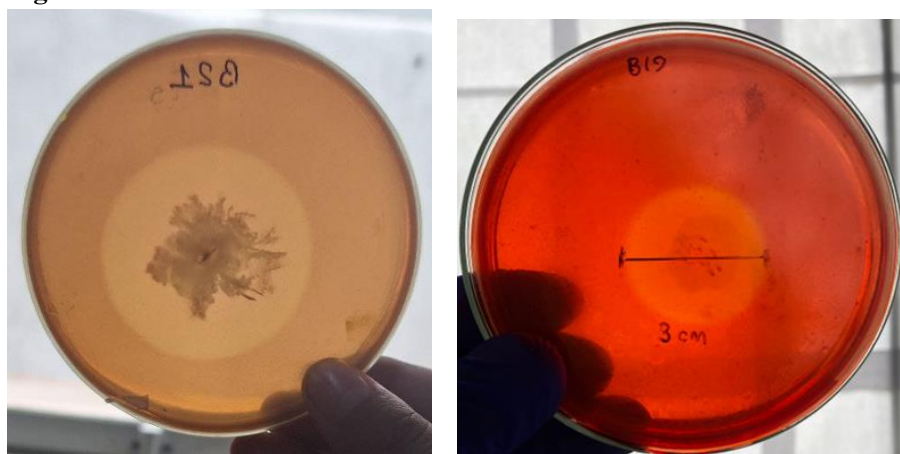
RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evaluación cualitativa de la actividad lignocelulolítica

Las cepas bacterianas fueron cultivadas en medios sólidos suplementados con carboximetilcelulosa (CMC) y lignina para evaluar su capacidad hidrolítica. Esta se evidenció mediante la formación de halos de aclaramiento en torno al crecimiento bacteriano. En la Imagen N°01, se observan los halos generados por dos cepas representativas:

- La cepa B21, cultivada en agar CMC, generó un halo de hidrólisis con un diámetro de 3.2 cm, indicando una actividad celulolítica destacada.
- La cepa B19, en agar lignina, mostró un halo bien definido de 3.0 cm de diámetro, lo que evidencia una fuerte capacidad de degradación ligninolítica.

Figura 1



Formación de halos de hidrólisis en medios selectivos: (a) Cepa B21 en medio con CMC (tono amarillo claro), (b) Cepa B19 en medio con lignina (tono rojizo), con halos claramente definidos.

Resultados de la evaluación hidrolítica

Las cepas bacterianas obtenidas fueron evaluadas en medios sólidos selectivos con lignina y carboximetilcelulosa (CMC) para determinar su capacidad de producir enzimas lignocelulolíticas. La actividad hidrolítica se evidenció mediante la formación de halos de aclaramiento en torno a las colonias. Las cepas que presentaron mayores diámetros de halo fueron seleccionadas para posteriores análisis moleculares de identificación.

Tabla 1. Formación de halos de hidrólisis en medios con lignina y CMC de cepas bacterianas aisladas.

CEPA	AGAR LIGNINA (cm)	AGAR CMC (cm)
PGA01	2.1	2.2
PGA02	2.3	3.0
PGA03	1.5	2.1
PGA04	3.1	2.0
PGA05	1.8	2.5
PGA06	1.5	2.4
PGA07	1.5	2.7
PGA08	1.1	2.2

De acuerdo con los resultados obtenidos (Tabla 1), únicamente las cepas PGA01 a PGA08 mostraron actividad enzimática detectable sobre sustratos ligninolíticos y celulolíticos, con halos de hidrólisis que oscilaron entre 1.1 y 3.1 cm. En particular, la cepa PGA04 destacó por presentar el mayor halo en agar con lignina (3.1 cm), mientras que PGA02 exhibió la mayor actividad sobre CMC (3.0 cm), lo cual sugiere un elevado potencial lignocelulolítico.

Identificación molecular de cepas bacterianas mediante secuenciación del gen 16S rRNA

El análisis molecular confirmó la presencia de ocho cepas bacterianas con capacidades hidrolíticas sobre lignina y celulosa.

Todas las cepas fueron aisladas de muestras de suelo rizosférico, lo que sugiere una estrecha relación ecológica con la materia orgánica disponible en este ambiente agrícola.



Tabla 2. Código y origen de las cepas bacterianas con actividad lignocelulolítica.

Código	Origen
PGA01	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA02	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA03	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA04	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA05	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA06	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA07	Suelo rizosférico de caña de azúcar
PGA08	Suelo rizosférico de caña de azúcar

Estas cepas destacaron por su capacidad de generar halos de hidrólisis en medios con lignina y carboximetilcelulosa, lo que indica su potencial metabólico en la degradación de residuos agrícolas. Los resultados de la identificación taxonómica específica (a nivel de género y especie) y su implicancia funcional se detallan en la siguiente sección.

Análisis taxonómico y morfológico de las cepas bacterianas

Las ocho cepas seleccionadas por su capacidad hidrolítica fueron sometidas a análisis molecular mediante secuenciación del gen 16S rRNA, permitiendo su identificación taxonómica hasta nivel de especie. Este enfoque molecular, basado en la amplificación y comparación de secuencias conservadas, ofrece una alta resolución filogenética, permitiendo además detectar microorganismos.

Los resultados se resumen en el Tabla 3., donde se presenta la jerarquía taxonómica completa de cada cepa, desde filo hasta número de acceso en la base de datos NCBI:

Tabla 3. Clasificación taxonómica de las cepas bacterianas aisladas a partir de la secuenciación del gen 16S rRNA.

Descripción	CEPAS							
Jerarquía Taxonómica	PGA 01	PGA 02	PGA 03	PGA 04	PGA 05	PGA 06	PGA 07	PGA 08
Filo	Firmicutes	Firmicutes	Firmicutes	Firmicutes	Bacteroidetes	Firmicutes	Bacteroidetes	Firmicutes
Clase	Bacilli	Bacilli	Bacilli	Bacilli	Flavobacteriia	Bacilli	Flavobacteriia	Bacilli
Orden	Bacillales	Bacillales	Bacillales	Bacillales	Flavobacteriales	Bacillales	Flavobacteriales	Bacillales
Familia	Bacillaceae	Bacillaceae	Bacillaceae	Bacillaceae	Flavobacteriaceae	Bacillaceae	Streptomycetaceae	Bacillaceae
Género	Bacillus	Bacillus	Exiguobacterium	Bacillus	Flavobacterium	Bacillus	Streptomyces	Bacillus
Especie	<i>B. halotolerans</i>	<i>B. licheniformis</i>	<i>E. acetylicum</i>	<i>B. Halotolerans</i>	<i>F. tagetis</i>	<i>B. licheniformis</i>	<i>S. thermocarboxydus</i>	<i>B. paralicheniformis</i>
Cepa	ATCC 25096	ATCC 9945a	DMS 20416	ATCC26085	KCTC	Z201	KCTP	Z202
Número de accesoión NCBI	NR_115063.1	MH538129.1	NR_115063.1	NZ350868.1	nr_17551.1	PP892776.1	NR_026072.1	ORI121773.1



Estas identificaciones confirman que la mayoría de las cepas pertenecen al filo Firmicutes, un grupo conocido por su versatilidad metabólica y adaptabilidad en ambientes ricos en materia orgánica (Logan et al., 2009). Se destacan especies de los géneros *Bacillus*, *Exiguobacterium* y *Streptomyces*, ampliamente reportados en la literatura por su capacidad para producir enzimas lignocelulolíticas, tales como celulasas, xilanasas y ligninasas (Ventorino et al., 2015; Berlemont & Martiny, 2013).

Tabla 4. Características macroscópicas y microscópicas de las cepas bacterianas

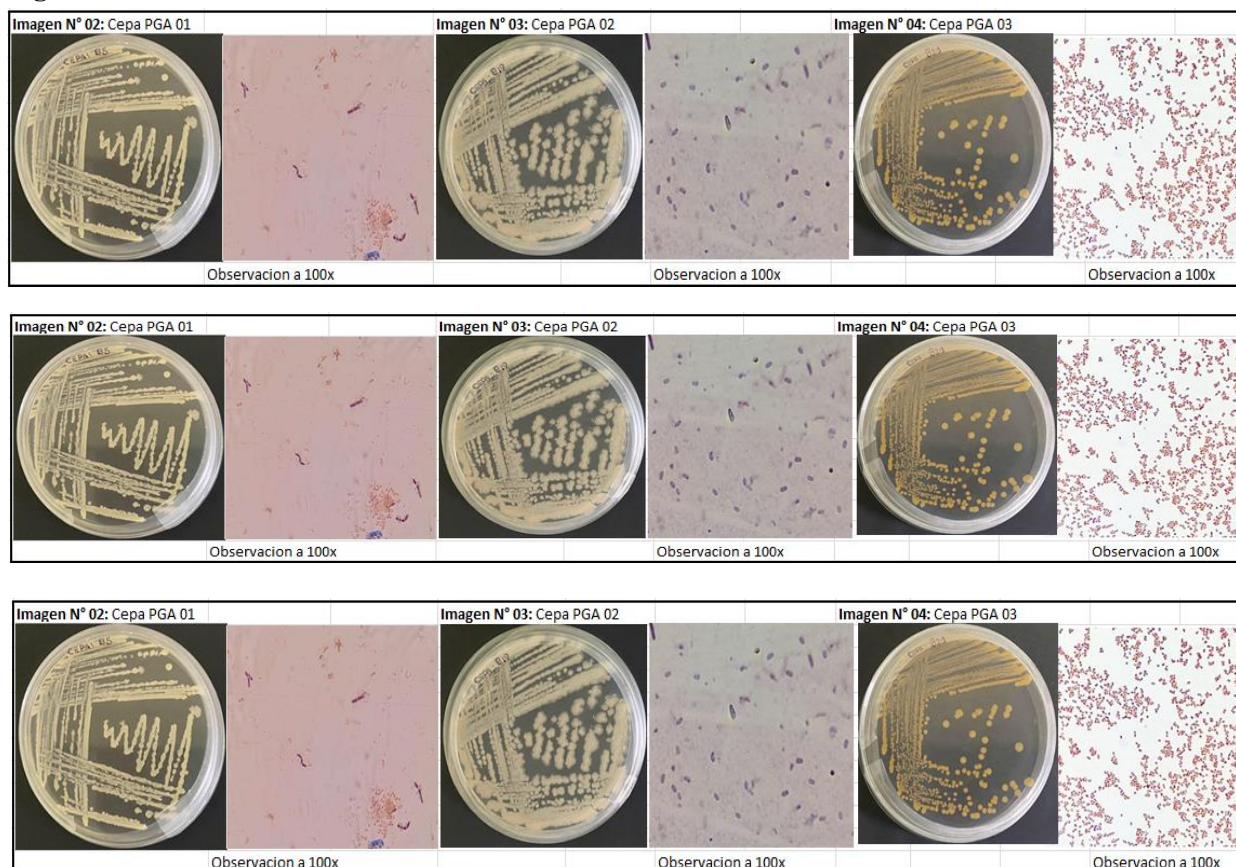
Descripción	CEPAS							
Características macroscópicas	PGA 01	PGA 02	PGA 03	PGA 04	PGA 05	PGA 06	PGA 07	PGA 08
Color	blanco	blanco	Naranja	blanco	Amarillo	blanco	blanco	blanco
Elevación	plana	plana	plana	plana	plana	plana	umbonada	plana
Borde	Irregular	Irregular	regular	irregular	regular	irregular	irregular	irregular
superficie	rugosa	rugosa	lisa	rugosa	lisa	rugosa	rugosa	rugosa
consistencia	seca	seca	suave	seca	sueave	seca	seca	seca
tamaño	grande	pequeño	pequeño	grande	pequeño	grande	mediano	grande
Características microscópicas								
Gram	(+)	(+)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)
Morfología	Bacilos	Bacilos cortos	bacilos cortos	bacilos cortos	bacilos	bacilos cortos	cocos	Bacilos

La diversidad en las características fenotípicas sugiere variabilidad metabólica entre los aislamientos, lo cual es consistente con sus diferencias taxonómicas y actividades enzimáticas observadas previamente. Destaca la prevalencia de bacterias Gram positivas con morfología bacilar, típica de géneros como *Bacillus* y *Exiguobacterium*.

Observación morfológica en cultivo y microscopía

Las ocho cepas bacterianas seleccionadas fueron cultivadas en medio agar nutritivo para evaluar su morfología macroscópica (colonias) y estructura celular mediante tinción de Gram, observadas a 100x de aumento. Esta caracterización complementa los análisis moleculares y funcionales previos.

Figura 2



Se muestran las colonias en medio agar nutritivo (izquierda de cada panel) y su respectiva observación microscópica mediante tinción de Gram a 100x (derecha). Las imágenes evidencian variaciones en el color, forma, textura de las colonias y en la morfología celular, lo cual respalda la diversidad fenotípica entre las cepas aisladas.

El análisis mediante secuenciación del gen 16S ribosomal permitió identificar ocho cepas bacterianas con características destacables como promotoras de crecimiento vegetal y degradadoras de biomasa lignocelulósica. Todas las cepas mostraron ser rizobacterias beneficiosas, no tóxicas para el cultivo de caña de azúcar ni para el equilibrio del suelo, lo que las convierte en candidatas ideales para aplicaciones agrícolas sostenibles.

Entre las cepas identificadas, *Bacillus halotolerans* destacó por su capacidad para sintetizar fitohormonas como el ácido indol-3-acético, esencial para el desarrollo radicular. Esta bacteria presenta tres mecanismos clave de acción: producción de sideróforos que compiten por el hierro disponible, solubilización de fosfatos minerales y biosíntesis de metabolitos promotores del crecimiento (Jiménez

et al., 2020). Estas características la convierten en un valioso recurso para mejorar la productividad de los cultivos.

Otra cepa relevante fue *Bacillus licheniformis*, bacteria Gram-positiva clasificada como GRAS (Generally Recognized as Safe). Este microorganismo demostró una notable adaptabilidad a condiciones ambientales extremas, soportando temperaturas entre 30-55°C y pH de 3 a 11, además de tolerar altas concentraciones salinas (7-12%) (Ghani et al., 2013). Su capacidad para producir diversas enzimas hidrolíticas, como α -amilasa, celulasa y pectinasa, amplía su potencial de aplicación tanto en agricultura como en procesos industriales.

Los resultados obtenidos con *Exiguobacterium acetylicum* coinciden con estudios previos que reportan su eficiencia en la degradación de componentes lignocelulósicos (Selvakumar et al. 2009) observaron reducciones significativas en los contenidos de lignina (56.7%), hemicelulosa (39.6%) y celulosa (37.5%) tras 10 días de tratamiento, superando notablemente los controles (Ali et al., 2017). Esta capacidad, combinada con su potencial como promotor de crecimiento vegetal, posiciona a esta cepa como candidata ideal para el desarrollo de biofertilizantes con doble función.

La identificación de *Flavobacterium tagetis* y diversas especies de *Streptomyces* sugiere importantes sinergias potenciales. *F. tagetis* ha demostrado capacidad para degradar biomasa lignocelulolítica, promover el crecimiento vegetal y participar en procesos de biorremediación (Cortez et al., 2017). Por su parte, los *Streptomyces spp.*, con su alta capacidad de recambio de materia orgánica y producción de metabolitos secundarios beneficiosos, representan un valioso componente del microbiota del suelo (Kawakami et al., 2014).

Estos hallazgos tienen relevantes aplicaciones prácticas para la agricultura sostenible, particularmente en el cultivo de caña de azúcar. El desarrollo de inoculantes microbianos multiuso basados en estas cepas podría permitir reducir el uso de insumos químicos, mejorar la estructura y fertilidad del suelo, y aumentar la sostenibilidad del cultivo. Como perspectivas futuras, se recomienda realizar estudios de compatibilidad entre cepas para formular consorcios efectivos, validar su eficacia en condiciones de campo y optimizar los protocolos de aplicación. En conjunto, este estudio sienta una base sólida para el desarrollo de biotecnologías innovadoras que transformen los residuos lignocelulósicos de la agroindustria azucarera en recursos valiosos para el suelo y el clima.



CONCLUSIONES

La identificación molecular de las 8 cepas bacterianas mediante el gen 16S ribosomal permitió su correcta clasificación taxonómica y análisis filogenético. Estas cepas presentan características metabólicas clave para la producción de enzimas hidrolíticas y adaptación a diferentes condiciones ambientales.

El estudio confirmó su capacidad para formar consorcios microbianos eficientes en la degradación de biomasa lignocelulósica, sin mostrar fitotoxicidad. Por el contrario, mejoran la microbiota rizosférica y la disponibilidad de nutrientes.

Estos hallazgos confirman el potencial de las cepas como bioinoculantes agrícolas para cultivos de caña de azúcar. Su uso puede representar una alternativa sostenible a los insumos agroquímicos convencionales, contribuyendo tanto a la aumentar la productividad como a reducir el impacto ambiental asociado a las prácticas agrícolas tradicionales.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

Ali, S., Abomohra, A., & Sun, J. (2017). Biopretratamiento eficaz de residuos de aserrín con un novedoso consorcio microbiano para mejorar la biometanación. *Biochemical Engineering Journal*, 238, 425–432.

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960852417304777>

Berlemont, R., & Martiny, A. C. (2013). Phylogenetic distribution of potential cellulases in bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 79(5), 1545–1554.

<https://doi.org/10.1128/AEM.03305-12>

Casados, Y. (2022). *Reducción fotocatalítica de CO₂ usando nanoalambres de silicio con nanopartículas de cobre bajo irradiación visible* [Tesis de maestría, CIDETEQ]. Repositorio CIDETEQ.

<https://cideteq.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1021/477/1/Tesi%20s%20YOLAN%20CASADOS%20MEXICANO%20MAE%202022.pdf>

Cortez, L., Salles, J., & Van Elsas, J. (2017). Bacterial synergism in lignocellulose biomass degradation – complementary roles of degraders as influenced by complexity of the carbon source. *Frontiers in Microbiology*, 8, 1628. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.01628/full>



- Debernardi-Vázquez, T., Aguilar-Rivera, N., & Núñez-Pastrana, R. (2021). Composting of byproducts from the orange (*Citrus sinensis* (L.) Osbeck) and sugarcane (*Saccharum spp.* hybrids). *Ingeniería e Investigación*, 40(3), 81–88. <https://doi.org/10.15446/ing.investig.v40n3.82877>
- Ghani, M., Ansari, A., Aman, A., Zohra, R., Siddiqui, N., & Qader, S. A. U. (2013). Isolation and characterization of different strains of *Bacillus licheniformis* for the production of commercially significant enzymes. *Pakistan Journal of Pharmaceutical Sciences*, 26(4), 691–697. <https://www.researchgate.net/publication/243967532>
- Hernández, D., Contreras, S. M., Roa, F., Bañón, A., Pérez, J., & Velázquez, A. (2019). Soil CO₂ capture efficiency in coffee cultivation under organic amendments. *Agrociencia*, 53(2), 195–206.
- IPCC. (2003). *Guía de buenas prácticas del uso de la tierra, cambio del uso de la tierra y silvicultura (GBP UTCUTS)*. Panel Intergubernamental sobre Cambio Climático. <http://www.ipcc-nggip.iges.or.jp/public/gpglulucf/gpglulucf-languages.html>
- Jiménez, A., García, I., García, P., Escribano, M., & Rivas, R. (2020). Increase in phenolic compounds of *Coriandrum sativum* L. after the application of a *Bacillus halotolerans* biofertilizer. *Plants*. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32003001/>
- Kawakami, H., Inuzuka, H., Mochizuki, K., Muto, T., Ohkusu, K., Yaguchi, T., Yamigashi, Y., & Mikamo, H. (2014). Case of keratitis caused by *Streptomyces thermocarboxydus*. *Journal of Infection and Chemotherapy*, 20(1), 57–60. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1341321X1300007X>
- Kirk, T. K., & Farrell, R. L. (1987). Enzymatic “combustion”: The microbial degradation of lignin. *Annual Review of Microbiology*, 41, 465–505.
- Logan, N. A., & De Vos, P. (2009). *Bacillus*. En P. De Vos, G. Garrity, D. Jones, N. Krieg, W. Ludwig, F. Rainey, K.-H. Schleifer & W. B. Whitman (Eds.), *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* (Vol. 3, pp. 21–128). Springer.
- Meng, X., & Ragauskas, A. J. (2024). Recent advances in understanding the role of cellulose accessibility in enzymatic hydrolysis of lignocellulosic substrates. *Current Opinion in Biotechnology*, 27, 150–158.



- Paustian, K. (2005). Carbon emissions and sequestration. In *Soil Carbon Management* (pp. 175–180). Colorado State University.
- Ruiz, A. F. (2021). *Revisión de los sistemas sostenibles de cosecha verde o cruda de caña de azúcar en el departamento del Valle del Cauca* [Tesis de licenciatura, Fundación Universidad de América].
- Selvakumar, G., Kundu, S., Joshi, P., Nazim, S., Gupta, A. D., & Gupta, H. (2009). Growth promotion of wheat seedlings by *Exiguobacterium acetylicum* 1P (MTCC 8707), a cold tolerant bacterial strain from the Uttarakhand Himalayas. *Indian Journal of Microbiology*, 50(1), 50–56.
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3450279/>
- Teather, R. M., & Wood, P. J. (1982). Use of Congo red–polysaccharide interactions in enumeration and characterization of cellulolytic bacteria from the bovine rumen. *Applied and Environmental Microbiology*, 43(4), 777–780.
- Ventorino, V., Pascale, A., Adamo, P., Rocco, C., & Pepe, O. (2015). Lignocellulosic biomass: A sustainable bioresource for biorefinery. *Microbial Biotechnology*, 9(6), 727–734.
<https://doi.org/10.1111/1751-7915.12387>

