

Aprovechamiento de hongos benéficos del microbioma rizosférico de ecosistemas naturales contrastantes de México

Ofelda Peñuelas-Rubio^{1*}, Dora Trejo-Aguilar², Ignacio E. Maldonado Mendoza³ y Leandris Argente-Martínez¹

¹ Departamento de Ingenierías, Tecnológico Nacional de México, Campus Valle del Yaqui, Bâcum, Sonora, México.

² Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Veracruzana, Xalapa, Veracruz, México.

³ Laboratorio de Ecología Molecular de la Rizósfera, Departamento de Biotecnología Agrícola, CIIDIR unidad Sinaloa-IPN, Guasave, Sinaloa, México.

* Autor de correspondencia: openuelas.rubio@itvy.edu.mx; Tel.: +52 (644)145 36 12

Desarrollo Sustentable (Preservación de ecosistemas).

Palabras clave: Bosque mesófilo de montaña; Selva baja caducifolia; *Carica papaya*; *Glomeromycota*.

Introducción. México es un país con alta diversidad vegetal, su variedad de relieve y condiciones climáticas permiten observar diversos ecosistemas como el Bosque Mesófilo de Montaña (BMM) y la Selva Baja Caducifolia (SBC) (CONABIO, 2010). Smith y Smith (2008) mencionan que una gran parte de las especies vegetales que habitan en estos ecosistemas forman asociaciones simbióticas con los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), que benefician a la planta hospedera con un mejor estado nutricional, en particular referente a fósforo y otros nutrientes minerales de baja disponibilidad (Chen et al., 2017). La estrategia en este trabajo se centró en comparar inóculos provenientes de ecosistemas naturales contrastantes, propagados en cultivo trampa, con el propósito de probar que los HMA establecen simbiosis y ésta puede ser efectiva, aun cuando estos hongos no provienen de ambientes edáficos similares a las condiciones de desarrollo del hospedero (planta modelo, *Carica papaya*), así como estudiar, mediante un análisis microbiómico, la diversidad de especies de HMA de estos inóculos que se asocian a la planta hospedera.

Materiales y Métodos. Se seleccionaron dos ecosistemas contrastantes: BMM y SBC. Los sitios de muestreo son catalogados como reservas ecológicas, en el estado de Veracruz. A partir de los ecosistemas BMM y SBC se obtuvieron esporas de HMA del suelo para reproducir en cultivos trampa que fueron inóculo para colonizar *C. papaya* var. Maradol. Se empleó un diseño completamente al azar con tres tratamientos: inóculo BMM, inóculo SBC, control y cinco repeticiones. Se evaluaron las variables: % de micorrización, área foliar (Af), biomasa (B) y fósforo total (Ft). Se realizó un análisis de varianza de clasificación simple en el software STATISTICA versión 12. Se seleccionaron muestras de raíz para extraer ADN y amplificar en una PCR anidada para identificar cuales especies de HMA se asocian a las raíces de *C. papaya* mediante secuenciación masiva (Myseq-Illumina).

Resultados. Se comprobó la existencia de diferencias altamente significativas ($p < 0.001$) para las variables evaluadas. Partiendo de la suma de cuadrados de las fuentes de variación, en la Tabla 1 se observa que por efecto de los tratamientos, se explicó la variabilidad total existente en la biomasa (90%), mientras que fósforo foliar y área foliar, fueron explicadas en un 97 y 98%.

Tabla 1. Valores promedio de los tratamientos en las variables biomasa, área foliar y contenido de fósforo foliar en plantas de papaya a los 45 días post-inoculación con HMA.

Inóculo	Biomasa (g peso seco -1)	Área foliar (cm ²)	Fósforo foliar (mg planta ⁻¹)
BMM	0.13 ± 0.02 a	18.25 ± 1.86 a	0.30 ± 0.04 b
SBC	0.05 ± 0.02 b	9.28 ± 0.55 b	0.70 ± 0.06 a
Control	0.01 ± 0.01 b	0.86 ± 0.16 c	0.13 ± 0.01 c

Los porcentajes de colonización micorrízica presentaron diferencias altamente significativas donde el tratamiento SBC presentó un 65% de micorrización y BMM un 38.5%. Ambos inóculos mostraron una alta dependencia micorrízica, sin embargo, el consorcio de especies encontrado en raíces de papaya inoculadas con HMA provenientes de BMM mostró una mayor producción de biomasa y área foliar en papaya. En la Figura 1 se observa que se encontraron 12 taxa virtuales asociadas a *C. papaya*, tres en ambos tratamientos, cinco y cuatro taxa virtuales en los tratamientos con SBC y BMM, respectivamente. Entre las especies caracterizadas *Funneliformis dimorphicus* no ha sido reportada para México. *Rhizophagus irregularis* estuvo presente en todas las muestras y réplicas biológicas analizadas, especie dominante en ambos ecosistemas. Existen cinco especies únicas de SBC y cuatro de BMM, así como tres especies en ambos sitios.

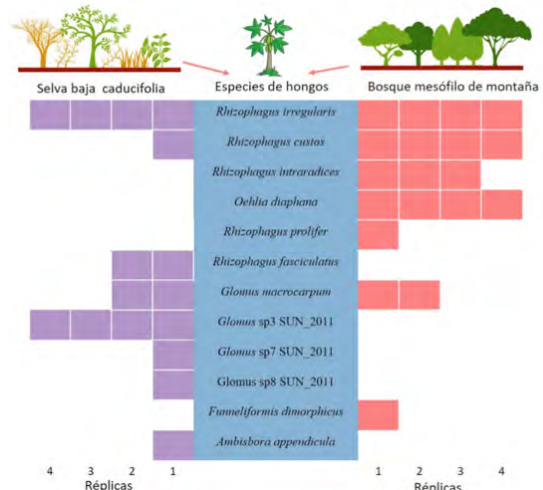


Figura 1. Frecuencia absoluta de las especies provenientes de dos ecosistemas presentes en cuatro muestras de raíz de plantas de *C. papaya*.

Conclusiones. El análisis microbiómico empleado permitió la identificación de taxa virtuales aún no reportadas, que podrían corresponder a nuevas especies, así como el hallazgo de la especie *F. dimorphicus*, nuevo registro para México. También se logró conocer la distribución y asociación de los HMA identificados, que en un futuro podría ser la base para la selección de inoculantes micorrízicos, ya que se demostró el efecto positivo de los consorcios en el desarrollo vegetal de plantas de papaya.

Bibliografía.

- Chen J., Zhang, H., Zhang, X. & Tang, M. (2017). Arbuscular mycorrhizal symbiosis alleviates salt stress in black locust through improved photosynthesis, water status, and K⁺/Na⁺ homeostasis. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1739.
- CONABIO. (2010). El bosque mesófilo de montaña en México: amenazas y oportunidades para su conservación y manejo sostenible. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México D.F.
- Smith, F.A. & Smith, S.E. (2008). Structural diversity in (vesicular)-arbuscular mycorrhizal symbiosis. *New Phytologist*, 137, 373-388.