

Genómica funcional de bacterias de suelos agrícolas

Cristóbal Alejandro Hernández Álvarez¹ y Luis David Alcaraz Peraza¹ 1 Departamento de Ecología de la Biodiversidad, Instituto de Ecología, UNAM



Introducción

La agricultura es una actividad económica relevante en México, que destina cerca de 30 millones de hectáreas a producir diversos cultivos (FAO, 2009). Uno de estos cultivos es la calabacita (*Cucurbita pepo*), que se produce tanto en policultivos (en el sistema de milpa) como en monocultivos (CONABIO, SIOVM).

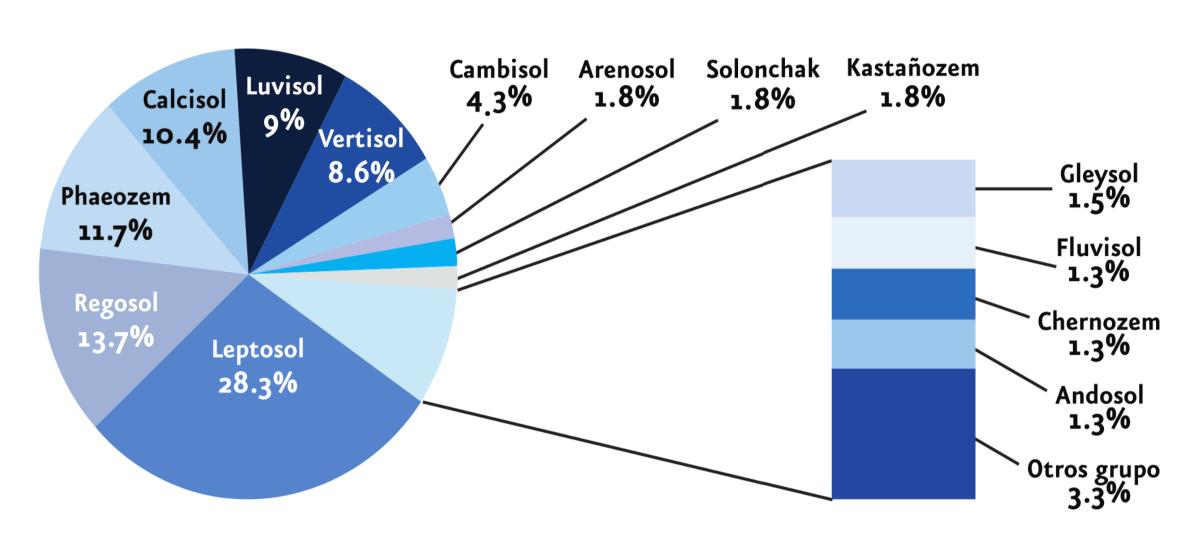


Figura 1.Principales suelos en México. Tomado de INEGI, 2007.

No obstante, aunque existen suelos productivos como los feozems y los vertisoles, gran parte del país está cubierto por suelos poco fértiles como litosoles, regosoles y calcisoles (SEMARNAT, 2008).

Por otro lado, el tipo de suelo (Lundberg, et al. 2012), así como el modo de manejo agrícola (Hartmann, et al. 2015) que se emplea en ellos, tienen un papel importante en el establecimiento de las comunidades microbianas que se desarrollan en ellos y pueden interactuar con las plantas.

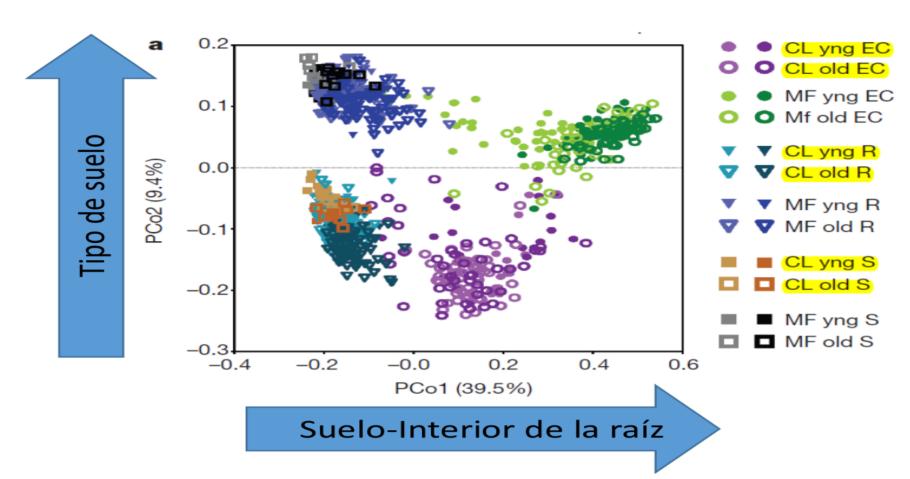


Figura 2. Efecto del tipo de suelo en el microbioma. Estudio realizado en *Arabidopsis thaliana*, en los suelos Clayton (CL) y Mason (MF). En endófito de raíz (EC), rizósfera (R) y suelo (S). Tomado de Lundberg, *et al.* 2012.

Objetivo

Describir la diversidad taxonómica y metabólica de las bacterias asociadas a plantas de calabacita (*Cucurbita pepo*), en relación con el modo de manejo de los cultivos y el tipo de suelo.

Método

Analizar un total de cuatro muestras de raíz de calabaza; obtenidas en suelos contrastantes (regosoles y feozems) con dos tipos de manejo (monocultivos y policultivos). Extraer el DNA de cada una de las muestras para estudiar la diversidad taxonómica (por medio de 16S rRNA) y metabólica (por medio de metagenómica).

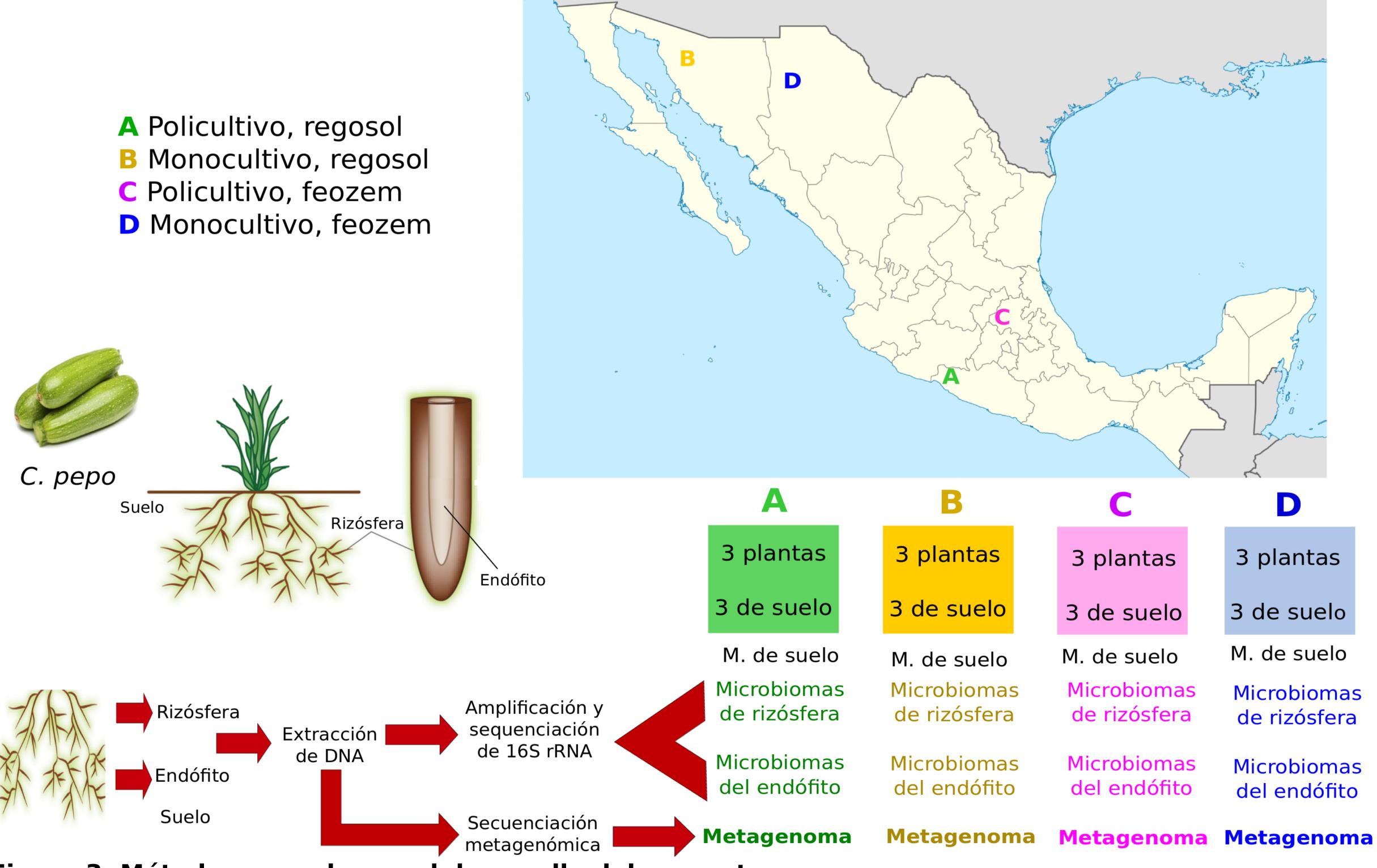


Figura 3. Método general para el desarrollo del proyecto.

Hipótesis

Los suelos en los que se cultiva la calabacita como parte de un policultivo, tendrán mayores niveles de diversidad taxonómica, asociados a una mayor diversidad metabólica, relevante en funciones tales como fijación de nitrógeno, solubilización de fósforo, producción de fiitohormonas, síntesis de antibióticos y producción de sideróforos.

Referencias

-FAO. (2009). La FAO en México: Más de 60 años de cooperación 1945-2009. La Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, FAO. D.F, México. 370 p.

-CONABIO. Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados (SIOVM). Proyecto GEF-CIBIOGEM de Bioseguridad.

-SEMARNAT (2008). Informe de la situación ambiental en México. SEMARNAT, México, 275 p.
-Hirsch y Mauchline (2012). Who's who in the plant root microbiome? *Nature Biotechnology* 30 (10):961-2.

-Lundberg, et al. (2012). Defining the core Arabidopsis thaliana root microbiome. *Nature* 488, 86–90. -Hartmann, et al. (2015). Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *The ISME Journal* 9, 1177–1194.