

VII Symposium Nacional y IV Reunión Iberoamericana de la Simbiosis Micorrízica

ETC13 Reconocimiento morfológico y molecular de ectomicorrizas de *Lactarius* en bosque de niebla

Ramos-Rendón D¹, Lamus-Molina V², Montoya-Bello L³, Bandala-Muñoz V³

¹Instituto de Ecología ²Universidad Autónoma del Estado de México ³Instituto de Ecología

*Autor para correspondencia: david.ramos@inecol.edu.mx

El Santuario de Bosque de Niebla (SBN) es un fragmento del bosque mesófilo de montaña que colinda con la mancha urbana de la Ciudad de Xalapa. Los elementos arbóreos dominantes pertenecen a los géneros *Carpinus*, *Clethra*, *Liquidambar*, *Magnolia*, *Quercus*, *Ostrya*, *Platanus*, *Turpinia*, entre otros. En dicha área desde 2002 se desarrolla un monitoreo de la macromicobiota presente, incluyendo grupos ectomicorrízogenos como *Lactarius*. Según Bandala et al. (2003) y Bandala y Montoya (2006), este género es un elemento dominante en el área. Los objetivos de este trabajo fueron reconocer a nivel específico las relaciones entre miembros de *Lactarius* y árboles nativos en el SBN, así como caracterizar sus morfotipos. La recolección de muestras de *Lactarius* y muestras de suelo para la obtención de ectomicorrizas se efectuó mediante recorridos al azar (O'Dell et al. 2004) en el SBN durante 2008-2009. También se recolectaron muestras de árboles ectomicorrícicos en los puntos de muestreo. Se determinaron taxonómicamente las muestras de esporomas de *Lactarius* encontradas, con base en los criterios de Montoya (2001) y con el apoyo de colecciones tipo. Las ECM se lavaron usando agua corriente y bajo el microscopio estereoscópico se seleccionaron. Se efectuaron cortes longitudinales y transversales de las puntas ectomicorrizadas y se registraron los caracteres anatómicos y morfológicos de las muestras, siguiendo los conceptos de Agerer (1991, 1995) y DEEMY (2004-2012). Fragmentos de ectomicorrizas y esporocarpos deshidratados se usaron para amplificar y secuenciar la región ITS del ADN ribosomal para la determinación molecular del micobionte, mediante su comparación con las secuencias obtenidas de los basidiomas (Montoya et al. 2010). De igual forma, a partir de ectomicorrizas y fragmentos de hojas de árboles ectomicorrícicos muestreados en el área, se amplificó y secuenció la región rbcL del ADN, para determinar al fitobionte relacionado en cada caso. Con base en la comparación de secuencias mediante un análisis filogenético, se logró identificar las ectomicorrizas formadas por *Lactarius indigo*, *L. strigosipes*, *L. areolatus* y *L. minusculus*. Los morfotipos de cada una fueron caracterizados morfológicamente. Además, también con base en los datos moleculares, y a través de un análisis filogenético de las secuencias vegetales de raíces y ectomicorrizas, así como secuencias de plantas en GenBank, se logró identificar los fitobiontes de las ectomicorrizas en las que participan las tres primeras especies, estos resultaron ser: *Carpinus caroliniana*, *Quercus xalapensis* y otra especie de *Quercus* no identificada, respectivamente.