

VII Symposium Nacional y IV Reunión Iberoamericana de la Simbiosis Micorrízica

FIS13 Maíces criollos de milpas popolucas II. Análisis metagenómico de diversidad de HMA

Sangabriel-Conde W¹, Negrete-Yankelevich S¹, Mancera-López M², López-Rivera R², Maldonado-Mendoza I²

¹Red de Ecología Funcional, Instituto de Ecología, A.C. ²Instituto Politécnico Nacional. CIIDIR-Sinaloa, Depto. de Biotecnología Agrícola

*Autor para correspondencia: ignacioemaldonado@yahoo.com.mx

La asociación de los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) con maíces criollos nativos mexicanos no ha sido estudiada. En la región de Los Tuxtlas, los agricultores popolucas han dejado paulatinamente de sembrar sus 15 variedades nativas de maíz y las han sustituido por variedades mejoradas. No se sabe qué implicaciones tiene esta disminución en diversidad varietal para la diversidad bajo el suelo, en particular de HMA. En el presente trabajo se estudió la diversidad de HMA que coloniza cuatro maíces criollos popolucas (Blanco Olotillo, Negro Olotillo, Amarillo y Rojo) y una variedad mejorada (Texcoco). Se colonizaron en invernadero las diferentes variedades de maíces con un inóculo de esporas que incluye tres grupos de tres milpas cada uno con diferente agrodiversidad (3, 6 y =8), en dos niveles de nutrición fosfatada (5 y 65 ppm). Una alícuota del sistema radical de las cinco réplicas por tratamiento fue combinada y homogenizada y el ADN genómico de esta muestra extraído por una combinación de metodologías. Un primer paso de purificación se hizo con DNAzol y posteriormente se purificó con el Plant DNA extraction Kit (Qiagen). La estrategia involucró el uso de PCR anidado y diferentes combinaciones de mezclas de pares de primers (Krüger et al., 2009. *New Phytologist* 183: 212-223). Los productos de PCR fueron clonados en el vector pGEM-T Easy para generar bibliotecas de clonas. Se purificaron 96 clonas de cada biblioteca empleando una plataforma de extracción de ADN automatizado (Qiacube, Qiagen) y se secuenciaron (Langebio, CINESTAV-Irapuato) y analizaron (BLAST-N, NCBI) un total de c.1,000 clonas. Las secuencias fueron curadas eliminando la presencia de clonas vacías, quimeras, clonas cortas o secuencias de mala calidad, así como aquellas no pertenecientes al phylum Glomeromycota. Se obtuvo un total de 443 secuencias útiles de Glomeromycota, de las cuales 388 pertenecieron al orden Glomerales (87.6%), casi todas exclusivamente pertenecientes a la familia Glomeraceae. El análisis en el nivel de grupos filogenéticos indica la presencia de miembros de Glomerales, Diversisporales y Archaesporales asociados en diferentes combinaciones con los maíces. La variedad mejorada Texcoco mostró asociación a estos tres grupos y adicionalmente cuatro secuencias de Paraglomerales, siendo la más diversa en el nivel de orden. El análisis inicial muestra diferencias en la presencia y distribución de estos grupos filogenéticos entre variedades y entre los niveles de nutrición fosfatada. El trabajo presentará los avances en el análisis filogenético y en la distribución de especies de HMAs que colonizan las diferentes variedades de maíz analizadas.