



Microorganismos asociados a la rizosfera de jitomate en un agroecosistema del valle de Guasave, Sinaloa, México

Rhizosphere microorganisms associated to tomato in an agroecosystem from Guasave Valley, Sinaloa, Mexico

Jesús Damián Cordero-Ramírez, Raquel López-Rivera, Carlos Ligne Calderón-Vázquez, Alejandro Miguel Figueroa-López, Juan Carlos Martínez-Álvarez, Karla Yeriana Leyva-Madriral, Rocío Guadalupe Cervantes-Gómez e Ignacio Eduardo Maldonado-Mendoza✉

Departamento de Biotecnología Agrícola, CIIDIR-IPN Unidad Sinaloa, Instituto Politécnico Nacional. 81101 Guasave, Sinaloa, México.

✉ imaldona@ipn.mx

Resumen. La diversidad de los microorganismos asociados a la rizosfera de diferentes especies vegetales en los suelos, en México se ha estudiado poco y se ha abordado de manera convencional, con técnicas microbiológicas limitadas debido al elevado porcentaje de microorganismos no-cultivables (95-99%). En el presente trabajo se empleó el análisis por secuenciación del ADN ribosomal (ADNr) para evitar esa limitante y explorar mejor la diversidad de los microorganismos cultivables y no-cultivables asociados al jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) en un agroecosistema en Sinaloa. Se empleó ADN genómico extraído del suelo rizosférico para amplificar una región hipervariable en el ADNr empleando oligonucleótidos universales para ADNr procariota y eucariota. El análisis de 194 y 384 secuencias de ADNr de origen procariota y eucariota, respectivamente, mostró que los phyla eucariotes más abundantes fueron Ascomycota (59%), Chlorophyta (21%) y Basidiomycota (12%), y los más abundantes de origen procariote fueron Firmicutes (45%), Proteobacteria (14.7%) y Gemmatimonadetes (13.1%). El presente trabajo representa a la fecha la caracterización más completa de la diversidad de microorganismos de la rizosfera del jitomate. Se discute el papel que especies identificadas en este trabajo, pertenecientes a géneros procariotas (*Bacillus* y *Paenibacillus*) y eucariotas (*Alternaria*), pudieran desempeñar en la rizosfera del jitomate y en el control biológico de fitopatógenos en esta especie.

Palabras clave: rizosfera, ITS, ADN ribosomal, jitomate cultivado.

Abstract. Rhizosphere microorganism diversity associated to different plant species in Mexican soils has been understudied. Most of those studies have been done using conventional microbiological techniques, which present an important limitation due to their incapacity to detect unculturable microorganisms, which represent 95-99% of the total microorganisms in soils. The present work employs ribosomal DNA (rDNA) sequencing to overcome this limitation and to improve exploration of the diversity of culturable and non-culturable microorganisms associated to tomato (*Solanum lycopersicum* L.) in an agroecosystem from Sinaloa. Genomic DNA from rhizospheric soil was extracted and a hypervariable region on the rDNA was amplified using universal oligonucleotides directed to amplify prokaryotic and eukaryotic rDNA. Sequence analysis of 194 and 384 rDNA clones of prokaryotic and eukaryotic origin respectively showed that for eukaryotes, the most abundant phylum was Ascomycota (59%), followed by Chlorophyta (21%) and Basidiomycota (12%), while for Prokaryotes, the phylum Firmicutes (45%) was the most abundant followed by Proteobacteria (14.7%) and Gemmatimonadetes (13.1%). This contribution represents the most complete characterization of the microorganism diversity associated to tomato rhizosphere. The work discusses the role that species belonging to genera from prokaryotic (*Bacillus* and *Paenibacillus*) or eukaryotic origin (*Alternaria*) identified on this work, could play in the rhizosphere of tomato and the biological control of phytopathogens in this species.

Key words: rhizosphere, ITS, ribosomal DNA, cultivated tomato.

Introducción

En los ecosistemas agronómicos, los microorganismos que habitan los suelos son elementos importantes en el fun-

cionamiento de los mismos. Muchos microorganismos en los diferentes ecosistemas no pueden cultivarse, y se calcula que representan el mayor porcentaje de los organismos presentes (99%) (Handelsman, 2004). Este hecho representa una gran limitación en el estudio de la diversidad biológica de la rizosfera. Sin embargo, los recientes avances en los métodos moleculares y metagenómicos permiten analizar