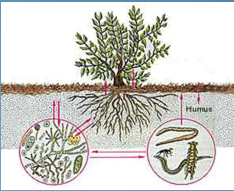




ESTUDIO DE LAS RIZOBACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO DE LAS PLANTAS EN HORTALIZAS CULTIVADAS EN CHINAMPAS DE SAN JUAN MOYOTEPEC, XOCHIMILCO

COLEGIO DE CIENCIAS Y HUMANIDADES PLANTEL SUR

Motte Nava Raúl, Celestino López Agustín, Pérez González Jonathan Y., Soriano Pimentel Marco E. y González de la Luz Alejandro Tutora: Pérez Ibarra B. Mónica



INTRODUCCIÓN

El sistema chinampero constituye un método prehispánico de agricultura que sobrevive aún en las zonas de Xochimilco y Tláhuac con buen rendimiento (Altieri, 2000; SAGARPA 2018). Cerca de las raíces del sistema, se establece la rizosfera: zona caracterizada por albergar diversos microorganismos atraídos por los compuestos químicos exudados por las raíces, conocidas como Rizobacterias Promotoras del Crecimiento de las Plantas (PGPR por sus siglas en inglés) quienes interactúan benéficamente con la planta.



HIPÓTESIS

Si se logra aislar y caracterizar las rizobacterias mediante el empleo de técnicas de microbiología clásica y biología molecular entonces, se podrán identificar mediante el Bio-Código de Barras Urbano (BBU) su: filum, familia, clase, grupo, género y en su caso especie.

OBJETIVOS

- Aislar las PGPR mediante técnicas de microbiología tradicional.
- Por medio de herramientas moleculares, extraer el DNA, amplificarlo por PCR y secuenciarlo.
- Analizar por BBU las PGPR presentes en las rizósferas.
- Establecer la relación entre las PGPR de cada una de las hortalizas seleccionadas y la base de datos NCBI con su filogenia.

RESULTADOS

Tabla 1. Resultados del estudio por microbiología tradicional

COLONIA	MORFOLOGÍA MICROSCÓPICA	GRAM	MORFOLOGÍA COLONIAL
LR1	Bacilos cortos en cadenas	Negativa	Colonias blancas lechosas
VA1	Bacilos cortos en cadenas	Negativa	Colonias blancas lechosas grandes, bordes irregulares

Tabla 2. Resultados del estudio con herramientas moleculares (identificación)

Origen	Muestra	ID	Género y especie	Score	Mis-Matche
Lechuga	LR1	FJ824666.1	<i>Bacillus licheniformis</i>	785	4
	LR2	EF195092.1	<i>Paenibacillus sp. DiSca6</i>	778	5
	LA3	EF195092.1	<i>Paenibacillus sp. DiSca6</i>	729	18
	LR4	EF195092.1	<i>Paenibacillus sp. DiSca6</i>	780	5
	LR5	EF195092.1	<i>Paenibacillus sp. DiSca6</i>	762	12
	LR6	FN646611.1	<i>Sporosarcina sp. SS-2009-PA3</i>	765	4
	LR7	FJ970034.1	<i>Exiguobacterium acetylicum</i>	737	11
Verdolaga	VA1	FJ944665.1	<i>Paenibacillus amylolyticus</i>	787	3
	VA2	-----	-----	-----	-----
Cebollín	CJ1	D16273.1	<i>Bacillus megaterium</i>	762	11
	CJ2	MG554193.1	<i>Bacillus megaterium</i>	774	7
Epazote	EM1	-----	-----	-----	-----
	EM2	MG554193.1	<i>Bacillus megaterium</i>	787	4
Trebol	TR1	HF952664.1	<i>Pseudarthrobacter oxydans</i>	719	16

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

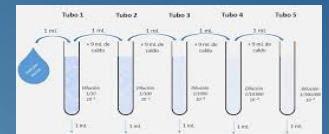
De acuerdo con los resultados, concluimos que se lograron aislar e identificar 11 cepas cuya morfología celular, en su mayoría, fueron *Bacillus sp.* Gram (-). A partir de su similitud y su relación filogenética con la base de datos del Genbank, las cepas predominantes son *Bacillus megaterium* y *Paenibacillus sp.* Tanto el análisis como la literatura consultada nos permitió conocer el potencial de nuestras muestras como promotoras del crecimiento, pudiendo establecer que las cepas aisladas podrían presentar cualidades tales como, fijación de N₂, fungicidas y bactericidas, entre otros.

METODOLOGÍA

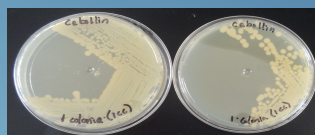
Colecta de las hortalizas en la zona



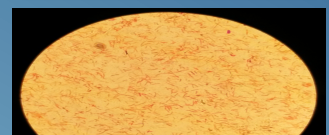
Aislamiento de las PGPR de las hortalizas



Morfología colonial por microbiología clásica



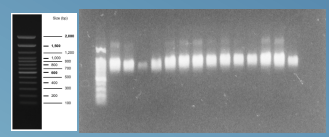
Caracterización celular por microscopía



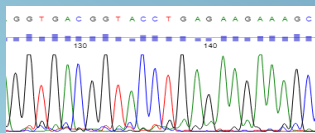
Extracción de DNA por método BBU



Amplificación del gen 16sRNA por medio de la PCR



Secuenciación de los productos de la PCR



Análisis por bioinformática de las secuencias y filogenia

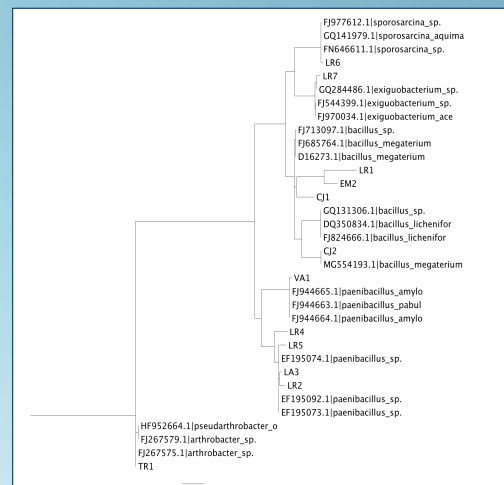
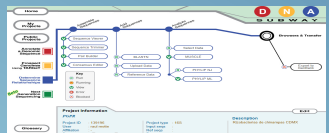


Figura 1. Árbol filogenético ML de las cepas en estudio y las referencias de NCBI

REFERENCIAS

Altieri Miguel A. 2000. Applying agroecology to enhance the productivity of peasant farming systems in Latin America. *Environ Develop Sustainabil* 1:197-217. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. La agricultura en chinampas. Consultado en <https://www.gob.mx/sagarpa/articulos/la-agricultura-en-chinampas?idiom=es>. 5 de enero de 2018.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Comisión Nacional para el uso y conocimiento de la Biodiversidad por el apoyo brindado. Así mismo le damos gracias al Laboratorio de Biología Molecular del plantel, que con ayuda del proyecto INFOCAC PB-102016, nos permitió realizar toda el área experimental del proyecto en sus instalaciones y con sus recursos