

**IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE BACTERIAS AISLADAS DEL SUELO CON ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA QUE INHIBEN EL DESARROLLO DE HONGOS PATÓGENOS DEL MAÍZ.**

Miguel Angel Anducho-Reyes<sup>1</sup>, Hilda Silva-Rojas<sup>2</sup>, Alejandro Téllez-Jurado<sup>1</sup> y Yuridia Mercado-Flores<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Universidad Politécnica de Pachuca. Carretera Pachuca-Cd. Sahagún Km 20, Ex-Hacienda de Santa Bárbara, Zempoala, Hgo. C.P. 43830. Tel. (771) 5477510. <sup>2</sup> Colegio de Posgraduados Carretera México-Texcoco Km. 36.5, Montecillo Edo. de México C.P. 56230. Tel. (595) 95 2 02 00.  
 yuridiamercado@upp.edu.mx.

Palabras clave: Control Biológico, *Stenocarpella*, *Sporisorium*.

**Introducción.** El maíz es el cereal más importante a nivel mundial y es afectado por diversas enfermedades dentro de las cuales se encuentran la pudrición seca ocasionada por *Stenocarpella maydis* y *Stenocarpella macrospora* y el carbón de la espiga ocasionado por *Sporisorium reilianum*. Los tratamientos para el control de estos patógenos en campo han resultado ser poco efectivos debido a que el inóculo de los hongos en suelo permanece por muchos años (1 y 2).

En el presente trabajo se realizó la identificación molecular de 10 cepas bacterianas aisladas de suelos de cultivos de maíz que poseen actividad antifúngica sobre los hongos antes mencionados, las cuales tienen potencial para ser utilizadas como agentes de control biológico.

**Metodología.** Se realizaron pruebas de actividad antifúngica confrontando a los hongos en estudio con las bacterias o con los extractos extracelulares obtenidos de cultivos en diferentes fases del crecimiento de las cepas. Las bacterias fueron identificadas mediante la amplificación del gen 16SDNAr y su posterior secuenciación usando los iniciadores universales 8F 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' y 1492R 5'-GTTACCTTGTTACGACTT-3. Los amplificados fueron purificados y secuenciados. Ambas cadenas fueron comparadas y editadas manualmente, posteriormente se realizaron alineamientos múltiples utilizando el programa Clustal X. Los análisis filogenéticos fueron llevados a cabo por máxima verosimilitud usando el programa PAUP 4.0b10. Las reconstrucciones filogenéticas fueron obtenidas utilizando una búsqueda heurística con 1000 réplicas. El bootstraps fue calculado con 500 replicas.

**Resultados y discusión.** De las 10 bacterias estudiadas 5 fueron Gram negativas (cepas 11, 16, 19, 21 y 157) y 5 Gram positivas (Cepas 13, 35, 55, 135 y 160). Todas ellas poseen actividad antifúngica sobre *S. maydis* y *S. macrospora*, mientras que para *S. reilianum* únicamente las cepas 11, 135 y 160 inhibieron su crecimiento. Los extractos extracelulares obtenidos de las cepas 135 y 160 mantuvieron su actividad después de ser esterilizados por calor seco; sin embargo, únicamente el extracto esterilizado de la cepa 160 inhibió a los tres hongos en estudio (figura 1).

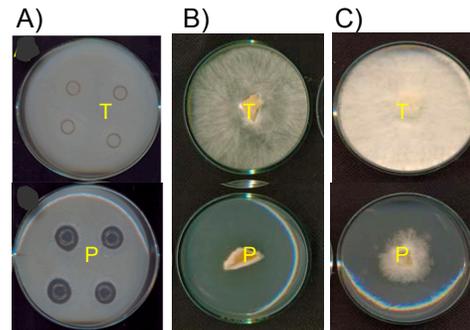


Fig. 1. Pruebas de inhibición con extractos extracelulares termoestables obtenidos de la bacteria 160 A) *S. reilianum*, B) *S. maydis* y C) *S. macrospora*. T= Testigo y P= Problema

De todas las bacterias se secuenció un fragmento amplificado de 1500 pb. Las secuencias fueron sometidas a reconstrucción filogenética encontrándose que las cepas 11, 16, 21 y 157 están relacionadas con el género *Pseudomonas* y la cepa 19 con el género *Pantoea*, por otro lado, todas las cepas Gram positivas resultaron estar relacionadas con el género *Bacillus*.

**Conclusiones.**

Las cepas 11, 16, 21 y 157 se encuentran relacionadas con el género *Pseudomonas* mientras que la cepa 19 con el género *Pantoea*.

Las bacterias 13, 35, 55, 135 y 160 pertenecen al género *Bacillus*.

La bacteria de *Bacillus* sp 160 tiene potencial para ser utilizada como agente de control biológico en el manejo de la pudrición seca y del carbón de la espiga del maíz.

**Agradecimiento.** El presente trabajo fue financiado por el Fomix CONACyT Gobierno del Estado de Hidalgo y el PROMEP.

**Bibliografía.**

- 1.- Bensch M.J. y Van Staden J. 1992. Ultraestructural histopathology of infection and colonization of maize by *Stenocarpella maydis* (= *Diplodia maydis*). Journal of phytopathology. 136: 312-318.
- 2.- Martínez, C., Jauneau A., Roux C., Savy C. y Dargent. R. 2000. Early infection of maize roots by *Sporisorium reilianum* f. sp. zaeae. *Protoplastoma*. 213: 83-92.