



COMPARACIÓN DE LA DIVERSIDAD BACTERIANA ASOCIADA A LA RIZOSFERA DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum officinarum*), EN CULTIVOS CON DIFERENTE TIEMPO DE MANEJO AGRICOLA EN OCAMPO, TAMAULIPAS.

Martín Abraham Reyes Lara¹, Juan Flores Gracia¹, Jesús Gerardo García Olivares², Crystian S. Venegas Barrera¹, Marco Antonio Torres Ortega¹.

¹Instituto Tecnológico de Cd. Victoria. Blvd. Emilio Portes Gil No. 1301, Col. Industrial, Cd. Victoria, Tamaulipas, México C.P. 87010. ²Centro de Biotecnología Genómica-IPN, Blvd. del Maestro esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Reynosa, Tamaulipas, México C.P. 88710. tinorey_90@hotmail.com

Palabras clave: Comparación, Bacterias, Rizosfera.

Introducción. El estado de Tamaulipas es uno de los principales productores de caña de azúcar en México, con cerca de 3,699,369 ton/año (1). En el sur de Tamaulipas la caña se ha cultivado desde 1928, siendo una de las principales fuentes de ingreso para gran parte de la población (2). El largo periodo de monocultivo ha provocado una disminución en el rendimiento del cultivo. Ante este proceso de degradación, se ha promovido la generación de tecnologías alternativas a los fertilizantes químicos, tales como las bacterias promotoras de crecimiento vegetal, siendo una opción tangible para incrementar el rendimiento y disminuir costos en la producción de caña de azúcar (3). El objetivo de este estudio es establecer si existe una diferencia en la diversidad bacteriana, de la rizosfera de caña de azúcar (*Saccharum officinarum*), tomando como fuente de variación el tiempo de manejo agrícola.

Metodología. Las muestras de rizosfera fueron colectadas en el municipio de Ocampo, Tamaulipas, realizando un muestreo aleatorio en 6 lotes, tomando 15 por cada categoría; reciente apertura al cultivo (2 años) y largo periodo de monocultivo (más de 50 años). Posteriormente, se realizaron diluciones seriadas para ser sembradas en medio LB, obteniendo colonias aisladas para generar un cepario. El ADN se aisló mediante el método PrepMan® de Applied Biosystems®. Se amplificó una región del gen conservado 16s rRNA mediante PCR, utilizando los primers universales 27F (5'-AGAGTTTGATCMTGGCTCAG) y 1492R (5'-ACCTTGTTACGACTT) (4). El producto PCR fue cuantificado con gel de agarosa al 1% y purificado con ExoSAP-IT® de Promega®. Finalmente el producto purificado fue enviado a la empresa Eurofins MWG Operon LLC, para ser secuenciado. La composición de especies fue comparada entre los cultivos de distinto tiempo de manejo, a partir de la comparación de la distancia multidimensional de la composición de especies (índice de Sorencen-Dice) con el análisis de Permanova.

Resultados. Se aislaron y secuenciaron un total de 121 cepas bacterianas de rizosfera de caña de azúcar, las cuales se agruparon en 14 géneros y 39 especies. Los cultivos tienen en común la presencia de 12 especies; *Arthrobacter globiformis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus*

pumilus, *Bacillus simplex*, *Bacillus sp.*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus thuringiensis*, *Fictibacillus barbaricus*, *Pseudomonas koreensis*, *Pseudomonas sp.*, *Staphylococcus sp.* y *Terribacillus saccharophilus*, sin embargo se encontraron especies que solo están presentes en una categoría (Tabla1). El análisis de Permanova sugiere que existe una composición de especies diferentes entre los cultivos con reciente manejo con respecto a los cultivos antiguos ($F= 4.232$. $P.=0.0003$).

Tabla 1. Especies bacterianas que diferencian los tiempos de manejo.

Cultivos Recientes		Cultivos Antiguos	
1	<i>Arthrobacter siccitolerans</i>	1	<i>Acinetobacter sp.</i>
2	<i>Arthrobacter sp.</i>	2	<i>Bacillus barbaricus</i>
3	<i>Bacillus aryabhatai</i>	3	<i>Bacillus cereus</i>
4	<i>Bacillus methylophilus</i>	4	<i>Bacillus circulans</i>
5	<i>Bacillus nealsonii</i>	5	<i>Bacillus idriensis</i>
6	<i>Bacillus safensis</i>	6	<i>Bacillus licheniformis</i>
7	<i>Bacillus subterraneus</i>	7	<i>Bacillus mycoides</i>
8	<i>Brevundimonas aurantiaca</i>	8	<i>Bacillus niacini</i>
9	<i>Ensifer adhaerens</i>	9	<i>Bacillus soli</i>
10	<i>Paenibacillus barcinonensis</i>	10	<i>Brevibacterium frigoritolerans</i>
11	<i>Paenibacillus illinoisensis</i>	11	<i>Pseudomonas fluorescens</i>
12	<i>Pseudomonas putida</i>	12	<i>Pseudomonas mediterranea</i>
		13	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>
		14	<i>Streptomyces venezuelae</i>
		15	<i>Virgibacillus sp.</i>

Conclusiones. Se detectaron diferencias en el contenido de bacterias rizosfericas; las cepas que fueron aisladas para cada categoría de manejo, indican que la diversidad bacteriana entre una y otra fue diferente. El 31% de las especies estuvo presente en los suelos de manejo recientes y el 39 % en suelos de manejo más antiguo.

Agradecimiento. Al proyecto Fomix: Desarrollo de un biofertilizante en base a microorganismos nativos y su validación al paquete tecnológico de caña de azúcar en la región del Mante Tamaulipas, con clave; 00000000019961.

Bibliografía. 1. Servicio de Información Agroalimentaria (2015). SIAP-SAGARPA. [En línea]. México. Disponible en: <http://www.siap.gob.mx/>. Fecha de consulta: 03 de marzo de 2015.
 2. Castro, S., J.A. López y F. Briones. 2010. *Ciencia UAT*, 16:38-43.
 3. Pisa, G., G. Magnani, H. Weber, E.M. Souza, H. Faoro, R.A. Monteiro, E. Daros, V. Baura, J.P. Bessalho, F.O. Pedrosa y L.M. Cruz. 2011. *Braz J Med Biol Res*, 44:1215-1221.
 4. Visi, D. K., N. D'Souza, B.G. Ayre, C. L. Webber III, M. S. Allen. (2013). *J Ind Microbiol Biotechnol*. 40:465-475.