



**EVALUACIÓN DE LOS HONGOS ENDÓFITOS DE *Prosopis* sp.**

Ma. Rosario Peralta Pérez, Francisco Javier Zavala Díaz de la Serna, Avilene Domínguez Pérez, Facultad de Ciencias Químicas-Universidad Autónoma de Chihuahua, Chihuahua C.P. 31125, rosariopp16@yahoo.com.mx

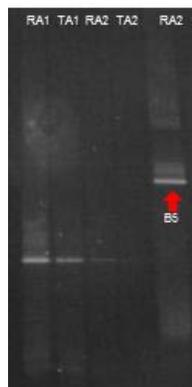
*Palabras clave: Prosopis sp., hongos endófitos, metagenoma.*

**Introducción.** *Prosopis* sp. es una planta adaptada a climas áridos y sugerida para fitorremediación por su capacidad para acumular metales pesados (MP) en sus tejidos. Algunos reportes indican que la microbiota endófitica puede ayudar en diferentes formas a las plantas a soportar el estrés por sequía y por la presencia de MP<sup>(1)</sup>. Los estudios sobre endófitos se han realizado por técnicas de cultivo tradicional y más recientemente se han complementado con metodologías independiente de cultivo como la biología molecular. Conocer la microbiota endófitica podría permitir en un futuro proponer sistemas más eficientes de fitorremediación.

El objetivo de este trabajo fue analizar las poblaciones de hongos endófitos de *Prosopis* sp. por electroforesis en gel con gradiente desnaturante (DGGE).

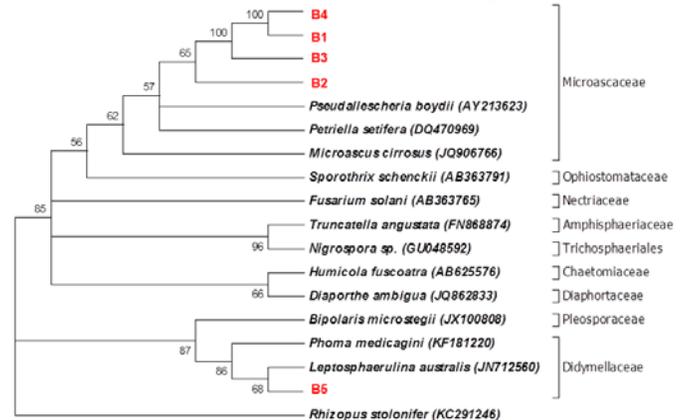
**Metodología.** A raíces y tallos de *Prosopis* sp. de 3 cm de longitud colectados en Álalos, Chihuahua (previamente esterilizados superficialmente mediante lavados sucesivos con etanol, hipoclorito de sodio y agua estéril) se les extrajo el DNA metagenómico<sup>(2)</sup>. De ese DNA se amplificó un fragmento de 300 pb del gen 26S rRNA<sup>(3)</sup>. Al amplificado se le realizó una DGGE (gradiente de 0-100%) por 16h a 60 V. Bandas destacadas fueron cortadas y eluidas en agua para ser reamplificadas y secuenciadas. Los resultados se analizaron por métodos de distancia usando el índice parámetro 2 de Kimura, con 500 bootstrap.

**Resultados.** En el DGGE se detectó al menos una banda de ADN en cada muestra analizada (Fig. 1).



**Figura 1.** DGGE de fragmentos de la LSU ribosomal de hongos amplificados. RA1: raíz árbol 1; TA1: tallo árbol1; RA2: raíz árbol 2; TA2: tallo árbol 2; RA2': raíz árbol.

De 3 bandas observadas en la raíz de A2 sólo se pudo secuenciar la banda B5 que mostró 57% de similitud con *Leptosphaerulina australis* (JN712560) (Fig. 2).



**Figura 2.** Relaciones filogenéticas de las secuencias parciales del 26S rRNA de los fragmentos separados por DGGE.

*Prosopis* sp. es una planta leñosa, romper sus paredes celulares es difícil, lo cual pudo haber influido en el bajo número de cepas obtenidas e identificadas. Aunque es recomendable usar otros métodos de lisis para garantizar la detección de la mayor parte de los microorganismos presentes en la muestra<sup>(4)</sup>, estos resultados sugieren que *Pseudallescheria* y *Leptosphaerulina* son predominantes en las muestras de tejido analizado. Ambos hongos han sido poco reportados como endófitos<sup>(5)</sup>, se les ha considerado patógenos tanto para plantas como para seres humanos. En nuestro conocimiento, este es el primer reporte del análisis de las poblaciones de hongos endófitos de *Prosopis* sp.

**Conclusiones.** DGGE permitió identificar a los hongos *Pseudallescheria* y *Leptosphaerulina* como los hongos endófitos predominantes de *Prosopis* sp. Este es, en nuestro conocimiento, la primera vez que ambos hongos se reportan como endófitos de *Prosopis* sp.

**Bibliografía.**

- 1)Khan A, Muhammad W, Hussain J, Al-Harrasi A, Lee I.J. (2014). *Biol Fert Soils.* 50(1):75-85.
- 2)Doyle J, Doyle J (1990). *Focus.* 12:13-15.
- 3)Meroth C, Walter J, Hertel C, Brandt M, Hammes W (2003). *Appl Environ Microbiol.* 69:475-482.
- 4)Muyzer G, De Waal E, Uitterlinden, A. (1993). *Appl Environ Microb.* 59:695-700.
- 5)Selvanathan S, Indrakumar I, Johnpaul M. (2011). *Recent Research in Science and Technology.* 3(4):94-100.