



XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



PRODUCCIÓN DE INOCULANTES A PARTIR DE LAS BACTERIAS AEROBIAS AUTÓCTONAS DE LA RIZÓSFERA DE *C. papaya*.

Mónica María Ríos-Lozano¹, Jesús Agustín Badillo-Corona¹, Claudio Garibay-Orijel^{1*},¹ Departamento de Bioprocesos, Laboratorio de Biotecnología Molecular. Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología, México, D.F., C.P. 07340, claudiogaribay@yahoo.com.

Palabras clave: Bacterias aerobias, inoculantes, *Carica papaya*.

Introducción. En el suelo se encuentra una gran variedad de microorganismos benéficos para los cultivos. Estos microorganismos constituyen la parte viva del suelo y son en muchas ocasiones responsables de la dinámica de transformación de nutrientes asimilables por las plantas (1).

La papaya (*Carica papaya*) es actualmente uno de los frutos tropicales con mayor demanda nacional e internacional, siendo México uno de los principales productores y exportadores a nivel mundial (2). Es importante caracterizar a los organismos presentes en la rizosfera para generar nuevas alternativas como el uso de inoculantes, que permitan una mejor asimilación de nutrientes por esta planta, para así mejorar la producción de los frutos. Por lo anterior, el objetivo del presente trabajo es aislar y caracterizar bioquímica y molecularmente las bacterias aerobias autóctonas de la rizosfera de *C. papaya*, para así identificar aquellas que serán utilizadas como posibles inoculantes.

Metodología. El aislamiento de las bacterias se realizó mediante el método de diluciones tomando suelo de la rizosfera de *C. papaya* de la localidad de José María Morelos, en el estado de Oaxaca. Se determinó la morfología macroscópica de las colonias y el análisis microscópico, mediante tinción de Gram. Para la identificación bioquímica se utilizaron las pruebas bioquímicas descritas en el manual de Bergey (3). Para el análisis molecular se extrajo el ADN de los microorganismos aislados y se amplificó el gen 16S rDNA utilizando iniciadores universales. El producto amplificado se secuenció y se comparó con bases de datos internacionales. Se establecieron las relaciones filogenéticas de las cepas aisladas utilizando el programa MEGA 4.1 (4).

Resultados. Los microorganismos identificados en la rizosfera de *C. papaya* fueron *Bacillus sp.*, *Acinetobacter sp.*, *Pseudomonas sp.*, *Acidovorax sp.*, *Arthrobacter sp.*, *Sporosarcina sp.*, *Stenotrophomonas sp.*, *Staphylococcus sp.*, *Nocardioides sp.* (Tabla 1) (Figura 1).

Tabla 1. Resultados comparativos de caracterización bioquímica y molecular.

Cepa	Microorganismo de Caracterización Bioquímica	Microorganismo de Caracterización molecular
MMRL1	<i>Bacillus sp.</i>	<i>Bacillus sp.</i>
MMRL2	<i>Acinetobacter sp.</i>	<i>Acinetobacter sp.</i>
MMRL3	<i>Pseudomonas sp.</i>	<i>Pseudomonas sp.</i>
MMRL4	<i>Acidovorax sp.</i>	<i>Acidovorax sp.</i>
MMRL5	<i>Arthrobacter sp.</i>	<i>Arthrobacter sp.</i>
MMRL6	<i>Sporosarcina sp.</i>	<i>Sporosarcina sp.</i>
MMRL7	<i>Stenotrophomonas sp.</i>	<i>Stenotrophomonas sp.</i>
MMRL8	<i>Staphylococcus sp.</i>	<i>Staphylococcus sp.</i>
MMRL9	<i>Nocardioides sp.</i>	<i>Nocardioides sp.</i>

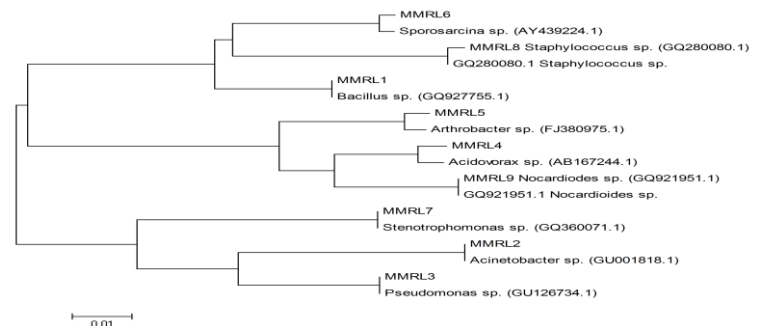


Fig. 1. Árbol filogenético de las cepas MMRL1, MMRL2, MMRL3, MMRL4, MMRL5, MMRL6, MMRL7, MMRL8 y MMRL9. La longitud de la barra indica el porcentaje de divergencia entre las secuencias

Conclusiones. Se identificaron bioquímica y molecularmente las bacterias autóctonas de la rizosfera de *C. papaya*, las cuales tienen potencial para ser utilizadas en inoculantes.

Agradecimiento. Laboratorio de Biotecnología molecular del departamento de Bioprocesos de la Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología del Instituto Politécnico Nacional.

Bibliografía.

1. Bashan Y. (1998): Inoculants of plant growth-promoting bacteria for use in agriculture, *Biotechnology Advances*, 4:16,729-770
2. FAOSTAT. (2007). *Consulta de bases indicadoras de producción mundial y comercio internacional de papaya*. FAO [en línea] Disponible en <http://faostat.fao.org.mx>
3. Bergey, D. H, Buchanan, R. E., Gibbons, N. E., American Society for Microbiology. (1994): *Bergey's manual of determinative bacteriology*, Baltimore, Williams & Wilkins Co., USA, 77-217
4. Kumar S, Dudley J., Nei M. y Tamura K. (2008) MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Brief. Bioinformatics* 9: 299-306.