



DEL SUELO A LA ENDORIZOSFERA: MICROBIOTA BACTERIANA ASOCIADA A PLANTAS DE TOMATE

Paolini, M.S.^{1*}, M.C. Gortari¹, M.L. Galar¹, M.F. Luna^{1,2}, S.A. Vio¹

¹Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI), UNLP-CONICET La Plata,

^{*}Calle 50 Nro. 227 La Plata (1900), Buenos Aires, Argentina, masolp@live.com.

²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC-PBA)

RESUMEN

De los diferentes microorganismos que habitan el suelo, las bacterias son los más comunes. Tanto el número como el tipo de bacterias que se encuentran en los suelos están influenciados por diversos factores: variables ambientales, características del suelo, así como número y tipo de planta que se encuentre en esos suelos ya que, entre otras cosas, generan una rizósfera particular. Las plantas utilizan los suelos como un proveedor de bacterias endófitas muchas de las cuales cumplen funciones muy importantes en la planta. Esta microbiota bacteriana endófitas se modificará más o menos al cambiar de suelo. No obstante, en general el genotipo/especie vegetal tiene un mayor peso en esta selección. Por otro lado, la microbiota en la endosfera de la raíz comúnmente es menos diversa que la microbiota de la rizósfera y del *bulk* del suelo. En este trabajo se caracterizaron las comunidades bacterianas de *bulk* de suelo, de rizósfera y de rizoendósfera de plantas de tomate híbrido *Elpida* cultivadas bajo cubierta en dos establecimientos del Cinturón Hortícola de La Plata (Argentina): Establecimiento-1, un lote con amplio historial productivo de tomate y Establecimiento-2 con un lote nunca antes cultivado y su primer cultivo de tomate. Se tomaron muestras de suelo, de rizósfera (descalzando raíces y recogiendo el suelo íntimamente adherido a éstas) y de los sistemas radicales por triplicado para ambos establecimientos. Las raíces se sometieron a lavado y desinfección superficial (hipoclorito de sodio al 15% 30 minutos con agitación) para estudiar únicamente las comunidades bacterianas endófitas. Se realizó la extracción de ADN (FastDNA – MP.Biomedicals) y se secuenció (Illumina MySeq) la región v3-v4 del gen 16S rRNA. Se obtuvieron un total de 2949 OTUs (Unidad taxonómica Operativa) con una cobertura del 93-97%. Los índices de alfa diversidad mostraron que en ambos establecimientos las comunidades bacterianas fueron muy diversas, con valores similares entre suelo y rizósfera, pero distintos a los observados en endosfera de la raíz (riqueza de OTUs entre 2200-2400 y Shannon-Wiener ~6,7, y riqueza ~800 y Shannon-Wiener ~4,2, respectivamente). El análisis de beta diversidad (matriz de disimilitud de Bray-Curtis) evidenció las diferencias entre las comunidades de los distintos microhábitats: las comunidades bacterianas de suelo y rizósfera resultaron más cercanas entre sí –compartiendo gran parte de los OTUs y coincidiendo en los taxones más abundantes (phylum *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* y *Actinobacteria*; y géneros *Bacillus*, *Sphingomonas*, *Rhizobium* y *Pseudomonas*), con claras diferencias entre los establecimientos. Se diferenciaron de las de rizoendosfera (mayor abundancia del phylum *Proteobacteria*, seguido por *Bacteroidetes*, *Firmicutes* y *Actinobacteria*; y géneros *Acinetobacter*, *Sphingobium*, *Pseudomonas* y *Shinella*), donde el efecto del establecimiento resultó menos evidente. A pesar de encontrar diferencias en las comunidades bacterianas respecto a la abundancia relativa de los taxones debido a los rasgos característicos del suelo de cada establecimiento, los resultados evidencian la impronta del genotipo vegetal en la regulación de sus comunidades endófitas.

Palabras clave: microbiota, endorizosfera, tomate.

