



Análisis del microbioma bacteriano de la rizósfera y endosfera del limón mexicano en presencia de la enfermedad Huanglongbing

Presentaciones Orales / Oral Presentations

AT1: Ecología Microbiana Ambiental - AT1: Environmental Microbial Ecology
, AT1 1 Suelos y Rhizobioma / Soils and Rhizobioma

Luis Gerardo Domínguez Hernández ¹, Alberto Jacome-Hernández ¹,
Randy Ortiz-Castro ², Damaris Desgarenes ¹.

(1) Red de Biodiversidad y Sistemática, Instituto de Ecología, A.C., Carretera Antigua a Coatepec 351, Col. El Haya, CP 91073, Xalapa, MEXICO.

(2) Red de Estudios Moleculares Avanzados, Instituto de Ecología, A.C., Carretera Antigua a Coatepec 351, Col. El Haya, CP 91073, Xalapa, MEXICO.

lgdh_98@hotmail.com

El microbioma de las plantas juega un rol importante en su desarrollo y salud. Diversos estudios han comprobado el efecto benéfico que algunas bacterias del microbioma pueden ejercer en ellas (Trivedi et al., 2012; Shah et al., 2021). La enfermedad Huanglongbing (HLB), es causada principalmente por la bacteria *Candidatus Liberibacter asiaticus* y provoca cambios fisiológicos en los cítricos que reducen su producción. En México, el cultivo de cítricos es fundamental y se extiende a 23 estados, entre ellos Veracruz. Este trabajo analiza el microbioma de la rizosfera y raíces de plantas de limón mexicano, sintomáticas y asintomáticas a HLB, en una huerta de manejo orgánico. El análisis bioinformático reveló mayor diversidad alfa en la rizosfera sintomática, lo que sugiere que la sintomatología asociada a HLB podría provocar una disbiosis, favoreciendo comunidades más diversas y filogenéticamente dispersas. En contraste, en raíz, la diversidad fue mayor en la condición asintomática, aunque con alta variabilidad entre muestras. La diversidad beta mostró que las muestras de rizosfera sintomática presentaban mayor dispersión, mientras que las asintomáticas se agruparon más estrechamente, reforzando la hipótesis de un microbioma alterado por HLB. En raíz, las muestras sintomáticas tendieron a

agruparse, con cierta superposición con una muestra asintomática. El análisis de abundancia diferencial permitió identificar géneros bacterianos regulados entre condiciones. Estos resultados son clave para orientar estrategias de aislamiento y evaluación de bacterias con potencial efecto promotor del crecimiento vegetal en contextos de infección por HLB.

Palabras Clave

(1) HLB, (2) Cítricos, (3) Microbioma, (4) Diversidad, (5) Comunidades bacterianas, (6) Rizosfera, (7) Raíz.

Financiamiento:

Todos los gastos del proyecto están cubiertos por un convenio en colaboración con INIFAP y en el laboratorio de la red de trabajo se cuentan con los insumos necesarios para el mismo.

Agradecimientos:

Al Instituto de Ecología A.C. por el apoyo recibido para actividades académicas y al SECIHTI por el financiamiento a beca CVU 1290916.