

Evento: 3er Congreso Latinoamericano de Ecología Microbiana

Fechas: 7 al 10 de Agosto de 2023

Locación: Universidad de Quilmes, Quilmes, Argentina

Explorando la microbiota asociada a raíces de plantas nativas: plasticidad con disponibilidad de fósforo.

Rodríguez Rodríguez, Natalia Evangelina¹; Fernández-Calero, Tamara²; Gonnet, Rebeca¹; Michelini, Diego³; Naya, Hugo²; Rodríguez-Blanco, Andrea¹

¹Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República.;

²Unidad de Bioinformática, Institut Pasteur de Montevideo.

³Estación Experimental de Facultad de Agronomía Salto, Facultad de Agronomía, Universidad de la República.

Los suelos del campo natural de Uruguay suelen tener baja biodisponibilidad de fósforo. Las plantas de estos ecosistemas debieron desarrollar estrategias que les permitan adquirir P desde zonas alejadas o pools insolubles.

Una opción es la asociación entre hongos y raíces para aumentar la capacidad de exploración del suelo y/o secretar compuestos que permiten la disponibilización de P.

El objetivo de este trabajo fue estudiar la plasticidad de la comunidad fúngica de las raíces al variar el fósforo disponible. Se realizó un ensayo en invernáculo en macetas incluyendo 3 niveles contrastantes de fósforo agregado y 4 especies de plantas: *Adesmia bicolor* (Ab), *Baccharis genistelloides* (Bg), *Cyperus aggregatus* (Ca) y *Paspalum notatum* (Pn).

Se cuantificó la colonización de hongos en raíces mediante la observación en microscopio de raíces teñidas identificando estructuras de hongos micorrízicos y *DSE*. La colonización micorrízica disminuyó al aumentar el fósforo para todas las especies, excepto Ca. Todas las especies presentaron hifas de *DSE*, en Ab la colonización fue superior en el nivel intermedio, mientras que para Bg disminuyó al aumentar el P. La especie con mayor colonización micorrízica y *DSE* fue Pn y la menos micorrizada Ca.

Se realizó secuenciación masiva de *ITS2* en raíces. Los datos se preprocesaron con *DADA2* utilizando la base de datos *UNITE* para la asignación taxonómica y se normalizaron con *metagenomeSeq*. Se estudiaron las diversidades alfa y beta, y las abundancias relativas y diferenciales. Las abundancias relativas y NMDS realizados muestran que la especie vegetal es el principal determinante de las comunidades fúngicas aunque se observan también tendencias a diferenciarse por la cantidad de P agregado. Los índices de Shannon y Simpson muestran que en Bg la diversidad disminuye en el nivel alto y en el caso de Pn la diversidad aumenta al pasar del nivel bajo al intermedio. A nivel de filo *Olpidiomycota* fue superior en el nivel alto para Bg y lo contrario para Ca, *Basidiomycota* fue superior en nivel bajo para Pn. El género *Chaetomium* fue más abundante en el nivel bajo para Ca y Pn, para esta última especie también lo fue el género *Serendipita*.

Palabras clave: No solicitaba