



Diversidad de rizobios que nodulan *Arachis glabrata* en el área de distribución natural de la especie en Argentina

KLUSACEK PA¹, BURDYN B, CUADRELLI P², COLLAVINO MM³

Información de contacto:

Teléfono/Fax: 03783 27589 int. 154

Correo Electrónico: kusacek@agr.unne.edu.ar

Proyecto Acreditado

Diversidad genética y metabólica de la comunidad microbiana asociada a la rizósfera de la yerba mate y selección de grupos funcionales promotores del crecimiento vegetal en suelos forestales y agrícolas.

PI A 011-2010 Secretaría General de Ciencia y Técnica

Lugar de Trabajo

Facultad/Instituto: Facultad de Cs. Agrarias

Palabras Claves: fijación, leguminosa, nativa

Resumen:

Arachis glabrata es una especie perenne que crece naturalmente en el Nordeste Argentino, en el Paraguay Oriental y en los estados de Mato Grosso do Sul de Brasil. Se destaca por su valor nutricional, persistencia y gran potencial forrajero para los subtrópicos. Con el objeto de analizar la diversidad de los rizobios nodulantes de esta leguminosa, se realizó la recolección de nódulos de plantas en el área de distribución de la especie en la Argentina (Misiones y Corrientes). Las suspensiones bacterianas obtenidas de estos nódulos fueron plaqueadas en medio YEM rojo congo. La diversidad presente en esta población se evaluó mediante el análisis de las regiones repetitivas (Rep-PCR) utilizando los oligonucleótidos Eric1R-Eric2 y se determinó su potencialidad de fijar nitrógeno por amplificación de los genes *nifD* o *nifH*. La colección está compuesta tanto por cepas de crecimiento rápido como de crecimiento lento, con mayor representación de estas últimas (60%). El análisis por ERIC-PCR permitió revelar el alto grado de diversidad genética presente en la población de rizobios lentos, la cual se refleja en el número de perfiles diferentes encontrados (13) y en el bajo porcentaje de similitud que comparten los mismos (menor o igual al 50%). En contraste, en las cepas de crecimiento rápido se observaron solo cuatro perfiles diferentes los cuales presentaron entre sí una alta similitud genética (mayor al 60%). Se determinaron las relaciones filogenéticas entre los aislamientos representativos de la población a través del análisis de la secuencia del gen 16S ARNr. Los análisis de agrupamiento generados separaron claramente las secuencias en los dos grandes grupos, los aislamientos de crecimiento lento y los de crecimiento rápido. Asimismo, las secuencias de los aislamientos lentos se dividen en dos sub-clusters, soportados por un valor de bootstrapping del 100%, uno de ellos agrupa a las secuencias que presentan alta similitud (99%) con las cepas Semia 6056 y Semia 6093 de *B. japonicum*, las cuales nodulan *Arachis hypogaea*. y *Aeschynomene americana*, respectivamente. En el segundo sub-cluster las secuencias presentan la mayor similitud con la cepa *B. japonicum* WmE3, aislada de nódulos de caupí. En el cluster que agrupa a los aislamientos rápidos, las secuencias son 100% homólogas entre ellas y presentan un 99% de similitud con la especie nodulante de poroto, *Rhizobium lusitanum*.

Notas:1- Becario Beca de Postgrado Tipo II del CONICET

2- Estudiante, Facultad de Ciencias Exactas

3- Investigador CONICET. Profesor Adjunto de Microbiología agrícola.