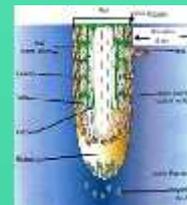


INTRODUCCIÓN



El sistema chinampero constituye un método prehispánico de agricultura único en el mundo y de alto valor cultural que perdura hasta la actualidad. Fue designado por la FAO como SIPAM por su gran relevancia económica y ecológica. Dentro de los elementos que conforman las chinampas, se encuentra un árbol endémico de la zona, de nombre científico *Salix sp.* o Sauce, conocido también como “Árbol Sagrado” o “Ahuejote”. Éste sirve como soporte estructural de las chinampas y tiene características que lo hacen único. Por otro lado, existe un grupo de microorganismos que se encuentran en la rizósfera de plantas y árboles conformado por rizobacterias y hongos micorrícicos, los cuales, por medio de diferentes condiciones simbióticas, le ayudan a la planta en su desarrollo.



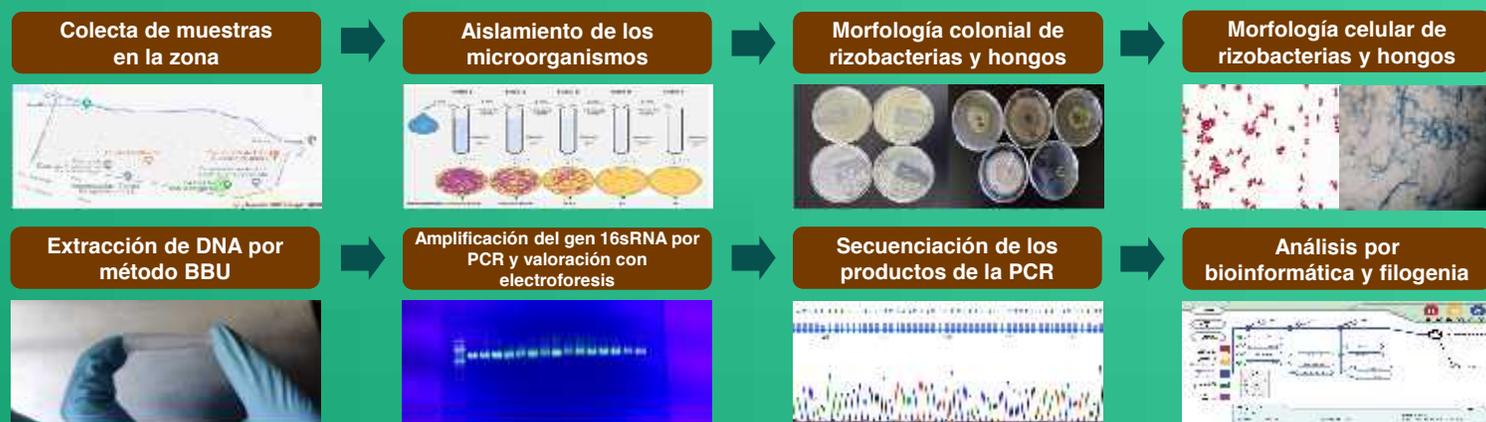
HIPÓTESIS

De acuerdo a los antecedentes y mediante el uso de diferentes técnicas, se espera conocer la diversidad tanto de bacterias, como de hongos ectomicorrícicos, así como su potencial para favorecer el crecimiento vegetal presentes en la rizósfera del *Salix sp.*

OBJETIVO

Identificar y caracterizar tanto morfológica como molecularmente, las rizobacterias y los hongos ectomicorrícicos de *Salix sp.* en las chinampas de Xochimilco y conocer el aporte específico que cada una le brinda al árbol para su futura aplicación en otras plantas.

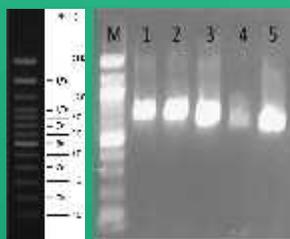
METODOLOGÍA



RESULTADOS



Resultados del estudio por microbiología tradicional.



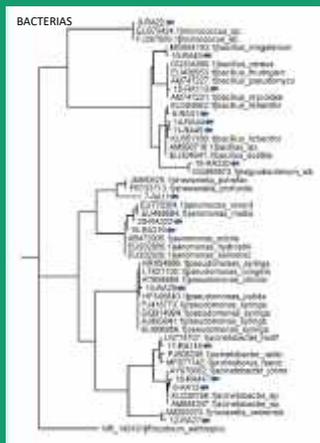
Resultados de la PCR en comprobación por electroforesis.

Caracterización morfológica de los aislados

TIPO	NOMBRE	MORF. COLONIAL	GRAM	MORF. CELULAR
HONGOS	MH1	Rosado, algodonoso, plano	N/A	Conidióforos, micelio no tabicado
	MH7	Verdoso, aterciopelado, cóncavo	N/A	Conidióforos ovales, no tabicado
BACTERIAS	RA41	Blanca, pequeña, rugosa	+	Bacilos delgados largos
	RA410	Anaranjada, lisa, grande	+	Bacilos cortos en cadena
	AA12	Blanca, puntiforme, opaca	+	Cocos, diplococos

Identificación de las cepas

TIPO	# ID	NOMBRE	MAYOR SIMILITUD
HONGOS	2	MH6	<i>Cladosporium cladosporioides</i>
	3	MH2	<i>Alternaria alternata</i>
BACTERIAS	6	AA12	<i>Acinetobacter sp.</i>
	10	RA43	<i>Bacillus megaterium</i>
	19	RA220	<i>Exiguobacterium sibiricum</i>



Árboles filogenéticos PHYML como resultado del estudio de bioinformática.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

Se aislaron 11 cepas de Gram (+) y 4 cepas Gram (-). En tanto, se observó 2 aislados en forma celular de cocos y 13 bacilos, la mayoría de las bacterias fueron bacilos de Gram (+). Los hongos presentaron diferencias morfológicas notables. Los productos de la PCR presentaron bandas con un tamaño de acuerdo a lo esperado. Se logró obtener cepas de bacterias con potencial registrado como promotor del crecimiento y otras que únicamente son propias del suelo. En los hongos, obtuvimos algunos que no son propiamente promotores, pero que por el contrario, pueden llegar a ser patógenos. Identificamos secuencias posiblemente nuevas para el GenBank.

REFERENCIAS

-Altieri MA. (2000) Applying agroecology to enhance the productivity of peasant farming systems in Latin America. *Environ Develop Sustainabil* 197-217.
-Lugtenberg B. and Kamilova LF. (2009) Plant Growth Promoting Rhizobacteria. *Annual Review of Microbiology*, 63:541-556.
-Motte R., Celestino A., Soriano M.E., De la Luz A., Pérez J.Y. y Pérez B.M. (2018) Estudio de las Rizobacterias Promotoras del Crecimiento en Plantas

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a las instituciones organizadoras del programa BBU-CDMX por la oportunidad brindada. También agradecemos al Laboratorio de Biología Molecular del plantel, que nos permitió realizar la fase experimental del proyecto en sus instalaciones y con parte de los recursos del proyecto INFOCAB PB-202218.