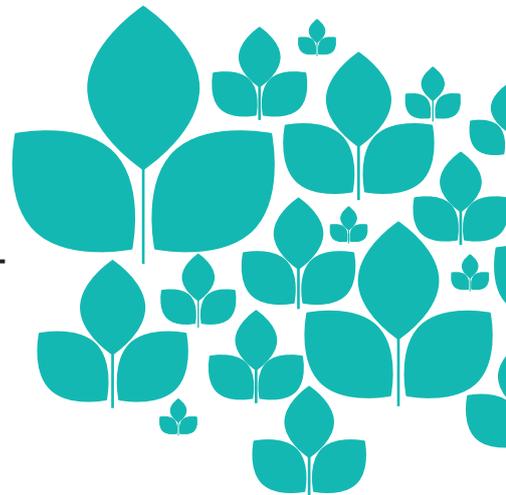




CONGRESO NACIONAL de MEJORA de GENÉTICA de PLANTAS

2022

pontevedra
19 - 22 set | pazo da cultura



Libro de Resúmenes

organizan



colaboran



patrocina



Diversidad comparativa de comunidades microbianas rizosféricas asociadas al cultivo del almendro en Aragón

V. González-García^{1,3*}, M.J. Rubio-Cabetas^{2,3} and J. Grimplet^{2,3}

¹Departamento de Sistemas Agrícolas, Forestales y Medio Ambiente, Centro de Investigación y Tecnología de Aragón (CITA), Avda. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España. ²Departamento de Ciencia Vegetal, Centro de Investigación y Tecnología de Aragón (CITA), Avda. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España. ³Instituto Agroalimentario de Aragón– IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Zaragoza, España.

*Autor para correspondencia: V. González; vgonzalezg@aragon.es

Palabras Clave: metagenómica, hongos, bacterias, suelo, selección de microorganismos, holobionte, mejora

Resumen: Aunque es bien conocido desde hace varias décadas, la importancia y el papel clave del componente microbiano de las plantas han sido recientemente el foco de atención desde un punto de vista ecológico. En este sentido, un nuevo paradigma considera a las plantas no solo como un genotipo individual, sino como una entidad genética mayor que comprende también a sus microorganismos asociados (microbioma), lo que ha dado lugar al nuevo concepto “holobionte”, considerado éste como un conjunto de plantas individuales y sus simbiontes microbianos, actuando como una sola unidad de organización biológica. En el presente estudio, se ha realizado (mediante secuenciación de alto rendimiento) una caracterización de comunidades microbianas (hongos y bacterias) asociadas a las rizosferas de diferentes parcelas de almendro que representaban distintos agroecosistemas (variedad plantada, edad del cultivo, perfil de tolerancia/sensibilidad a determinados estreses, etc.) en una zona de cultivo bioclimáticamente homogénea de esta especie en la localidad de Ainzón (Comarca del Moncayo, Zaragoza). Esta caracterización permitirá que las futuras estrategias de mejora tengan en cuenta este concepto de holobionte para co-propagar sus componentes (genomas de plantas junto con su microbioma clave) como un todo, diseñando nuevas estrategias y líneas de germoplasma menos dependientes de insumos orgánicos, resilientes a estreses climáticos o resistentes a plagas y enfermedades. La caracterización del componente microbiano de los diversos “holobiontes” examinados ha permitido detectar diferencias entre la microbiota asociada a las diferentes variedades analizadas, correlacionando estas comunidades con el comportamiento de cada genotipo vegetal frente a determinados estreses bióticos (enfermedades fúngicas) y, en último término, reconocer cuáles son los microbios clave asociados y seleccionados a lo largo del tiempo por cada planta, los cuales podrían estar involucrados en la facilitación de la respuesta defensiva de las mismas o relacionados con la mejora de ciertas aptitudes ecológicas de éstas. Tras el análisis de diversidad comparativa de las mencionadas comunidades microbianas, se seleccionaron y propusieron algunos de estos microorganismos con potencial para ser considerados como un marcador más a la hora de realizar procesos de mejora vegetal asistida.

Financiación: Este trabajo forma parte del Proyecto de I+D+I. RTI2018-094210-R100 financiado por MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033, además de por el Gobierno de Aragón (Grupo Consolidado A12).