

Poblaciones de Hongos y Oomycetos presentes en la Reserva de la Biósfera Los Tuxtlas, Veracruz

Hilda V. SILVA-ROJAS¹, Eduardo MOLINA-GAYOSSO¹ y Pilar RODRÍGUEZ GUZMÁN^{1,2}

¹Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Km. 36.5 carretera México-Texcoco, Montecillo, Edo. de México CP 56230 Mx; ²Subsistema Nacional de Recursos Genéticos Microbianos – SAGARPA. hsilva@colpos.mx, pilarrg@colpos.mx

La reserva de la biósfera Los Tuxtlas, es una región que se localiza en el Centro Sur del Estado de Veracruz entre el Golfo de México y los pantanos formados por los ríos Coatzacoalcos y Papaloapan. Esta región comprende diversas zonas agroecológicas, desde el nivel del mar hasta los 1700 msnm, en los cuales se encuentran diversos tipos de vegetación. Uno de los objetivos de la Reserva es la conservación de la compleja biodiversidad presente en la región, la cual está constituida por organismos pertenecientes a diferentes grupos taxonómicos. Con la finalidad de contribuir al conocimiento de la diversidad microbiológica de hongos y oomycetos presentes en el suelo, se seleccionó la comunidad de Adolfo López Mateos perteneciente al Municipio de Catemaco, debido a que cuenta con muy poco terreno cultivable, pendientes superiores a 30% cubiertas de selva alta perennifolia y sobre esta altitud por bosque mesófilo. Esta zona incluye cuatro usos de suelo: pastizal, acahual, selva y maizal. De esta zona, se tomaron 135 muestras de suelo y raíces de diversos cultivos. Las raíces se lavaron, desinfestaron con una solución de hipoclorito de sodio al 1% y se enjuagaron con agua destilada estéril. Pequeñas porciones de tejido radical se sembró en medio PARPH, después de 48 h se procedió a purificar los aislamientos por la técnica de punta de hifa para obtener cultivos puros. La identificación filogenética de los aislamientos, se realizó mediante la extracción de DNA y la amplificación de la región correspondiente al Espacio Transcrito Interno del ribosoma (ITS). Los productos de PCR amplificados se verificaron por electroforesis en geles de agarosa al 1.2%, y se secuenciaron en ambas direcciones. Para la identificación de las especies se construyó un árbol filogenético utilizando el método de Máxima Parsimonia con 1000 repeticiones Bootstrap. El árbol resultante mostró tres grupos filogenéticamente diferentes, en el primero se agruparon las especies de *Mortierella*, un zigomiceto cuyas secuencias eran homologas a las secuencias depositadas en GenBank EU877758 encontradas en Suiza y otros países europeos, el segundo grupo

correspondió a nuevas especies de *Pythium* con un porcentaje de similitud de 95% con *P. cucurbitacearum* y *Pythium* sp. nv. aislada de la selva del Ecuador y el tercer grupo formado por especies de hongos completamente desconocidos. Para verificar las diferencias entre las especies de *Pythium* presentes en el Municipio de López Mateos con las especies más cercanas depositadas en el GenBank, se realizó una comparación entre las secuencias obtenidas en el presente trabajo con las accesiones AY598667 correspondientes a *P. cucurbitacearum* y FJ801998 a *Pythium* sp. nv. utilizando el programa Ddot del European Molecular Biology Open Software Suite (EMBOSS). Los resultados obtenidos confirmaron las diferencias en nucleótidos de ambas secuencias. Con relación a las especies desconocidas, representa un gran reto establecer su correcta identidad mediante estudios basados en morfología y la amplificación de otros genes nucleares, los cuales nos permitiría tener un mejor conocimiento de la estructura de las poblaciones en esta región.