

DESCIFRANDO EL PROCARIOMA ASOCIADO A LA RAÍZ DE *QUERCUS PYRENAICA* WILLD. Y SU PERFIL ENZIMÁTICO

Ana V Lasa, Manuel Fernández-López

Dpto. de Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Estación Experimental del Zaidín (CSIC, Granada).

radikal_ana@hotmail.com
manuel.fernandez@eez.csic.es

El roble melojo (*Quercus pyrenaica* Willd.) es una especie de gran valor ecológico por los numerosos servicios ecosistémicos que proporciona, si bien el cambio global ha propiciado que sus masas boscosas muestren un avanzado estado de deterioro y fragmentación. Diversos factores que afectan a su regeneración natural han sido analizados, sin embargo la microbiota asociada a esta quercínea permanece escasamente estudiada.

En primera instancia hemos analizado el *core*-procarioma o procarioma esencial total y potencialmente activo de la rizosfera de robles de diferentes edades y que constituyen formaciones boscosas de diferente tipo, mediante técnicas de *metabarcoding* basadas en DNA y RNA, respectivamente. Los análisis han permitido apreciar que tanto la comunidad procariota total como la potencial activa se encuentran dominadas por una proporción relativamente baja de OTUs muy abundantes. Para ciertos OTUs se registró una desproporción entre la abundancia relativa de secuencias derivadas del rRNA y aquella

correspondiente a las secuencias de rDNA, siendo consecuentemente el ratio rRNA:rDNA superior a 2, como es el caso de algunos OTUs pertenecientes a los géneros *Phenylobacterium* y *Pseudomonas*. Dicha desproporción sugiere que miembros de la comunidad procariota poco abundantes podrían encontrarse activos y ejercer algún tipo de efecto en el hábitat rizosférico.

Por otro lado, se aislaron 44 cepas del género *Pseudomonas* y 17 pertenecientes al género *Luteibacter* de la rizosfera y endosfera radicular de roble melojo, respectivamente. El perfil de hidrolasas producidas así como la localización extracelular de dichas enzimas fueron estudiados mediante fluorimetría. En el caso de las bacterias endosféricas se pudo apreciar fundamentalmente una asociación de los enzimas a la pared celular (entre los que se incluyen celulasas y hemicelulasas), sugiriendo que estas bacterias podrían degradar de forma localizada la pared celular vegetal de su hospedador para penetrar al interior de las raíces. Por el contrario, las bacterias rizosféricas no mostraron una localización tan definida, siendo algunos de los enzimas excretados al medio extracelular mayoritariamente. La elevada proporción de polisacarosas producidas, además de la capacidad de sintetizar quitinasa y fosfatasa ácida por la gran mayoría de las cepas estudiadas, sugiere la potencial contribución de las mismas en los ciclos biogeoquímicos del carbono, nitrógeno y fósforo en el ecosistema forestal.

Los resultados de ambas publicaciones forman parte de la tesis doctoral de Ana V Lasa, defendida el pasado 18 de octubre de 2019. El director del trabajo fue el Dr. D. Manuel Fernández López, científico titular de la Estación Experimental del Zaidín.



Hojas y bellotas de un individuo adulto de roble melojo (*Quercus pyrenaica*) localizado en el Espacio Natural de Sierra Nevada (Granada, España).

Lasa, A.V., Fernández-González, A.J., Villadas, P.J., Toro, N. & Fernández-López, M. (2019) Metabarcoding reveals that rhizospheric microbiota of *Quercus pyrenaica* is composed by a relatively small number of bacterial taxa highly abundant. Scientific Reports;9:1695. Doi: 10.1038/s41598-018-38123-z

Lasa, A.V., Mašínová, T., Baldrian, P. & Fernández-López, M. (2019) Bacteria from the endosphere and rhizosphere of *Quercus* spp. use mainly cell wall-associated enzymes to decompose organic matter. PLoS ONE;14:e0214422. Doi: 10.1371/journal.pone.0214422