

Catalina Telechea^{1,2*}, Ionel Hernández^{1,2}, Raúl Platero², María Morel^{3,4}, Cecilia Taulé¹

¹Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo. Centro de Investigaciones en Ciencias Ambientales (CICA). Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas (BIOGEM). Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Ministerio de Educación y Cultura (MEC). Uruguay.

²Laboratorio de Microbiología Ambiental, BIOGEM, CICA. IIBCE, MEC. Uruguay.

³Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. Uruguay.

⁴Laboratorio de Microbiología Molecular, BIOGEM, IIBCE, MEC. Uruguay.

* telecheacatalina7@gmail.com



INTRODUCCIÓN

En Uruguay existe escasa información sobre los rizobios simbioses de leguminosas forrajeras nativas del campo natural, a pesar de que estas especies cumplen funciones ecosistémicas fundamentales. Entre sus aportes se destacan su contribución a la biodiversidad vegetal y su rol en la mejora de la fertilidad del suelo. Este aspecto reviste especial importancia considerando que más del 60 % de la ganadería del país se desarrolla sobre el campo natural.

Entre las especies nativas, *Desmodium incanum* se destaca por su elevada adaptación a las condiciones locales y por su potencial para integrarse en sistemas pastoriles más sostenibles. No obstante, aún se requiere generar conocimiento sobre su interacción con rizobios nativos y su comportamiento agronómico.

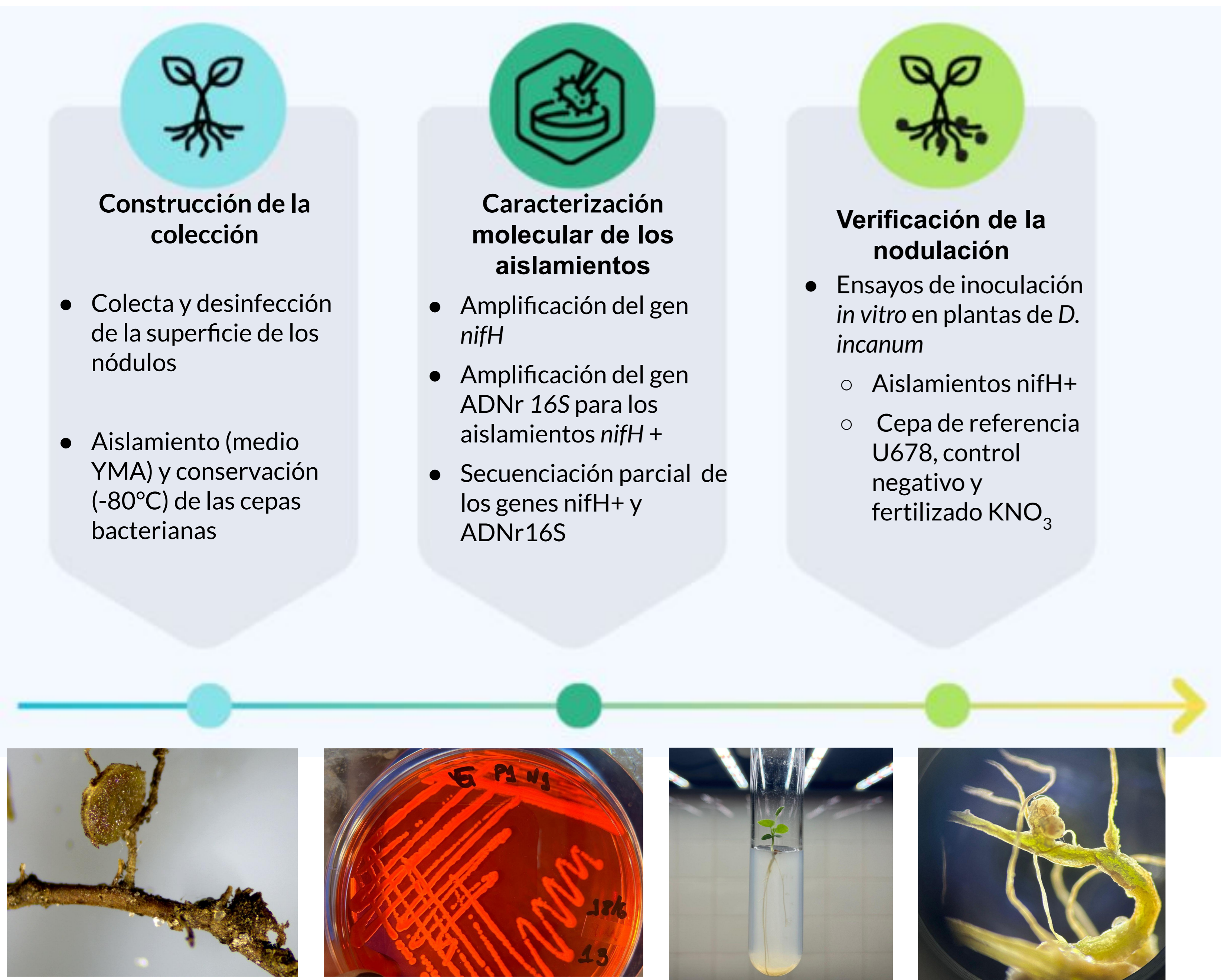
ANTECEDENTES

Crosa (1999) mostró que *Desmodium incanum* forma simbiosis efectiva con rizobios presentes en distintos suelos de Uruguay, indicando la presencia de poblaciones nativas eficientes. Aunque las cepas evaluadas no se conservan actualmente, el estudio respalda la necesidad de caracterizar rizobios locales asociados a *D. incanum*. El Ministerio de Ganadería Agricultura y Pesca recomienda cepas para otras especies de *Desmodium*, pero no existe una recomendación específica para *D. incanum*; la cepa *Bradyrhizobium* sp. U-678 se propone de forma general sin haberse evaluado en condiciones locales.

OBJETIVO

Estudiar la diversidad de rizobios asociados a *Desmodium incanum* en Uruguay.

METODOLOGÍA



SITIOS DE PROSPECCIÓN

Año	Sitio	Departamento
2024	Baygorria Portón	Durazno
	Andresito	Flores
	Bartolomé Hidalgo	Soriano
	Los Rosanos	Tacuarembó
	Cerro Batoví	
2025	La Magnolia	Tacuarembó
	Glencoe	
	Bañado de Medina	Cerro Largo
	Buena Unión	Rivera



Ubicación geográfica de los sitios de muestreo

RESULTADOS

Se obtuvieron en total 46 aislamientos a partir de todos los sitios muestreados, de los cuales 8 presentaron el gen *nifH*. De la identificación surge que los aislamientos pertenecen al género *Bradyrhizobium* y *Rhizobium*.

Tabla 2. Similitud de la secuencia nucleotídica de 360 pares de bases del gen *nifH*

Depto. (Sitio)	Aislamiento	Mejor candidato	Similaridad (%)	Complejitud (%)
¹ (LM)	LMg15	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain USDA 3203 (EF153399.1)	99.66	100
	LMg2	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain USDA 3203 (EF153399.1)	98.98	99
¹ (G)	G2	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain USDA 3203 (EF153399.1)	99.65	100
¹ (Bar)	Bar11	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain USDA 3203 (EF153399.1)	100	100
	Bar10	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain USDA 3203 (EF153399.1)	92.28	92
¹ (BDM)	BDM4	<i>Bradyrhizobium</i> sp. cmy11 (JF821048.1)	97.22	100
¹ (LR)	LR6	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain USDA 3203 (EF153399.1)	95.92	99
Durazno (BG)	BG2	<i>Rhizobium</i> sp. UYPR7.63 (JF683706.1)	98.21	99

¹Aislamientos que fueron identificados utilizando solo una de las secuencias para el gen marcador 16S
²Sitios pertenecientes al Departamento de Tacuarembó
 Entre paréntesis, en la columna "Mejor candidato", se indican los números de acceso correspondientes

Sitio	Nº de aislamientos
Baygorria Portón	4
Andresito	5
Bartolomé Hidalgo	1
Los Rosanos	3
Cerro Batoví	5
La Magnolia	12
Glencoe	7
Bañado de Medina	4
Buena Unión	5

Tabla 1. Número de aislamientos por sitio de muestreo

Tabla 3. Similitud de la secuencia nucleotídica de 1400 pares de bases del gen *ADNr 16S*

Depto. (Sitio)	Aislamiento	Mejor candidato	Similaridad (%)	Complejitud (%)
¹ (LM)	LMg15*	<i>Bradyrhizobium</i> sp. P4-5 (KF113077.2)	93.48	100
	LMg2*	<i>Bradyrhizobium</i> sp. strain PC-ML80 (MT227127.1)	92.90	100
¹ (G)	G2*	<i>Bradyrhizobium</i> sp. strain TUTMJM5 (MF140380.1)	98.94	100
¹ (Bar)	Bar11	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain LNW9 (GQ181029.1)	97.54	100
	Bar10	<i>Bradyrhizobium</i> sp. strain MA108 (MH699180.1)	95.95	100
¹ (BDM)	BDM4	<i>Bradyrhizobium</i> sp. RITF 1311 (JQ697605.1)	97.71%	86
¹ (LR)	LR6*	<i>Bradyrhizobium</i> sp. strain AZCC_0077 (MK875897.1)	97.70	100
Durazno (BG)	BG2	<i>Rhizobium grahamii</i> strain Cti80 (JF424609.1)	98.93	100
Cepa referencia del MGAP	U678	<i>Bradyrhizobium elkanii</i> strain BRUESC964 (KU058256.1)	97.71	100

Siete aislamientos nodularon a *D. incanum*. Además se verificó la nodulación por la cepa de referencia U678.



Se evaluó la cinética de nodulación durante 35 días de los 8 aislamientos identificados previamente. A partir del día 18 se observó la formación de los primeros nódulos. A tiempo final se evaluó la efectividad de los nódulos mediante la observación de la coloración rojiza en su interior.

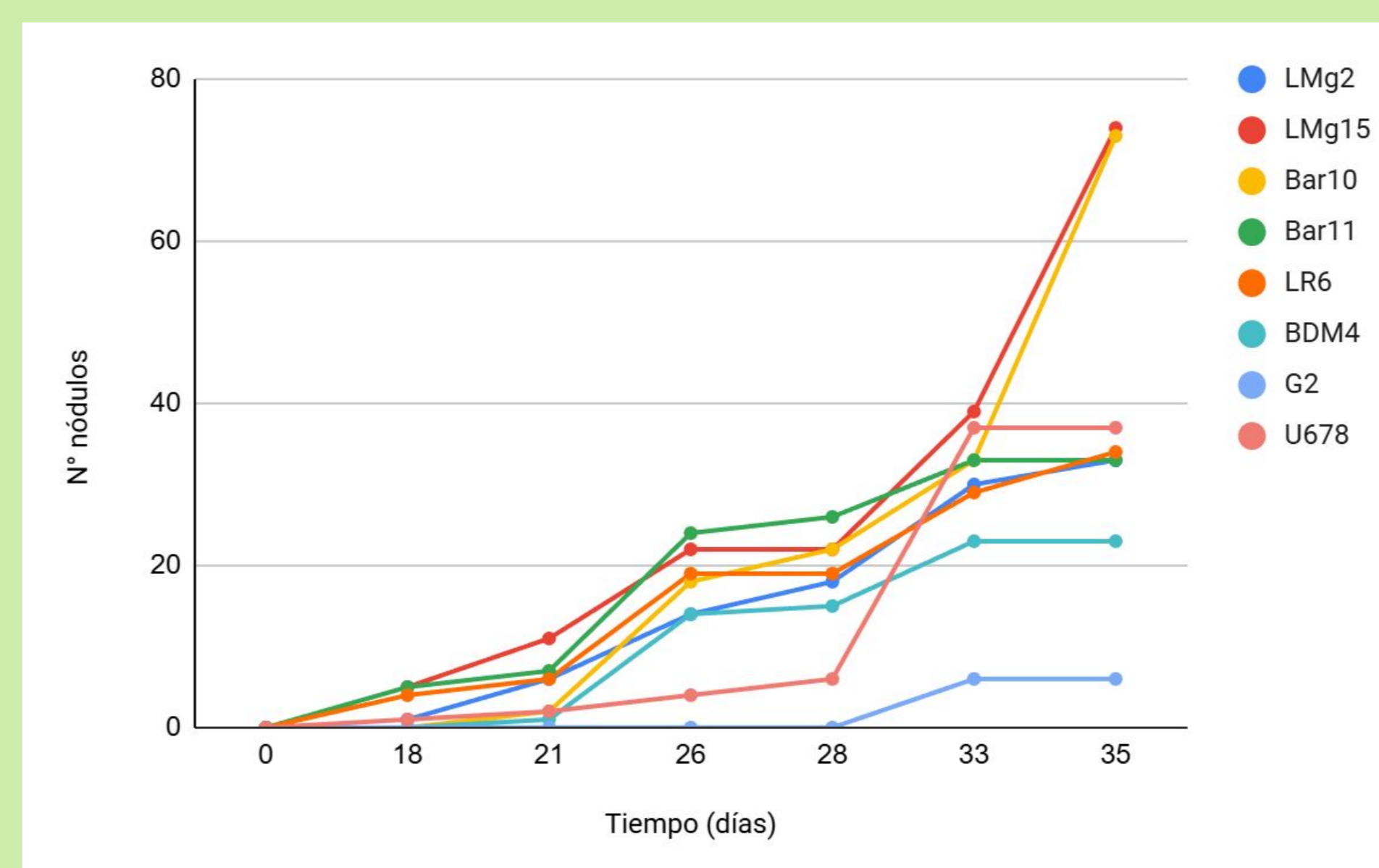


Tabla 4. Porcentaje de plantas noduladas y nódulos efectivos por tratamiento

Tratamiento	plantas noduladas (%)	nódulos efectivos (%)
LMg2	83	33
LMg15	100	51
Bar10	83	70
Bar11	83	64
LR6	83	53
BDM4	50	27
G2	17	33
BG2	0	0
Control negativo	0	0
KNO_3	0	0
U678	100	59

CONCLUSIÓN

Se construyó una colección de 46 aislamientos provenientes de 9 sitios de prospección. A partir de esta colección, fue posible confirmar 7 aislamientos como rizobios, los cuales pertenecen al género *Bradyrhizobium*.

FINANCIACIÓN: INIA-FPTA, PEDECIBA, Fontagro, IIBCE