

Cambios inducidos por la planta invasora *Pennisetum setaceum* en las comunidades bacterianas rizosféricas de ambientes semiáridos mediterráneos

G. Rodríguez-Caballero¹, F. Caravaca¹, M.M. Alguacil¹, A. Roldán¹.

¹ Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CSIC), Campus de Espinardo (Murcia), gema.rodriguez1@um.es

La presencia de especies exóticas invasoras tiene consecuencias negativas sobre la estructura y funcionamiento de los ecosistemas dado que estos organismos compiten con las especies nativas y son capaces de desplazarlas. Por este motivo, el estudio de invasiones como las producidas por especies vegetales, ha sido extensamente abordado a través de distintas disciplinas con el fin de encontrar rasgos predictores de la invasividad de la planta, así como de proponer soluciones eficaces al problema. Sin embargo, poco se conoce sobre la implicación de los microorganismos rizosféricos en estos procesos a pesar de que es bien conocida la importancia de las relaciones existentes entre la planta y las comunidades microbianas que se encuentran en su rizosfera.

En los últimos años, la aplicación de técnicas de secuenciación masiva (NGS) en estudios de metagenómica ha proporcionado las herramientas ideales para el análisis de dichas comunidades microbianas [1]. A pesar de ello, son escasas las investigaciones llevadas a cabo en ambientes semiáridos, caracterizados por escasez pluviométrica, intensa erosión y pobreza de nutrientes en suelo. En estas condiciones limitantes, *Pennisetum setaceum*, una agresiva planta invasora, es capaz de establecerse y propagarse rápidamente.

Partiendo de la hipótesis de que la microbiota de la rizosfera juega un papel fundamental en los procesos invasivos, el objetivo de este estudio fue determinar si existían diferencias entre las comunidades bacterianas rizosféricas de *P. setaceum* y de *Hyparrhenia hirta*, planta anteriormente predominante pero ahora desplazada por la invasora. Para ello, se recogieron muestras de ambas plantas en cinco localizaciones diferentes, todas ellas con características edáficas distintas pero expuestas a condiciones mediterráneas semiáridas. ADN parcial (gen 16S rRNA) procedente de las comunidades bacterianas se amplificó y secuenció mediante pirosecuenciación 454 de Roche. El análisis de las secuencias y estudio de alfa y beta diversidad reveló cambios significativos en la composición y estructura de las comunidades bacterianas mediados por el carácter invasor de la planta así como interacción entre los factores localización e invasividad. Al mismo tiempo, se realizó un “análisis de especies indicadoras” [2] que aportó un mayor número de grupos bacterianos indicadores para la rizosfera de *P. setaceum*. En conclusión, los resultados obtenidos sugieren que la planta invasora ha producido cambios en las comunidades bacterianas rizosféricas que podrían estar facilitando su adaptación y éxito en estos ambientes semiáridos.

Referencias

- [1] Coats, V. C., & Rumpho, M.E. (2014). The rhizosphere microbiota of plant invaders: an overview of recent advances in the microbiomics of invasive plants. *Frontiers in Microbiology* 5:368 doi: 10.3389/fmicb.2014.00368
- [2] Dufrêne, M., & Legendre P. (1997). Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. *Ecological Monographs* 67:345-366