

UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
FACULTAD DE AGRONOMÍA



HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES ASOCIADOS A DOS GENOTIPOS
DEL GÉNERO *VITIS*

POR

ALEJANDRA JAVIERA JEREZ OLIVARES

**MEMORIA PRESENTADA A LA
FACULTAD DE AGRONOMÍA DE LA
UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
PARA OPTAR AL TÍTULO DE
INGENIERA AGRÓNOMA.**

CONCEPCIÓN – CHILE
2026

UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
FACULTAD DE AGRONOMÍA

HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES ASOCIADOS A DOS GENOTIPOS
DEL GÉNERO *VITIS*

POR

ALEJANDRA JAVIERA JEREZ OLIVARES

MEMORIA PRESENTADA A LA
FACULTAD DE AGRONOMÍA DE LA
UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
PARA OPTAR AL TÍTULO DE
INGENIERA AGRÓNOMA.

CONCEPCIÓN – CHILE
2026

Aprobada por:

Profesor Asociado, Leandro Paulino.

Ing. Forestal, Mg. Cs., Dr. Cs.

Guía

Profesor Asociado, Macarena Gerding G.

Ing. Agrónomo, Mg. Ph. D.

Asesor

Profesor Asociado, José Becerra A.

Químico Farmacéutico, Ph. D.

Asesor

Profesor Asociado, Manuel Faúndez S.

Ing. Agrónomo, Mg. Ec. y Ad. Empresas

Decano

TABLA DE CONTENIDOS

	Página
Resumen.....	1
Summary.....	1
Introducción.....	2
Materiales y métodos.....	5
Resultados y discusión.....	9
Conclusiones.....	23
Referencias.....	24
Apéndices	30
Anexos.....	32

INDICE DE FIGURAS Y TABLAS

	Página
Figura 1 Imagen satelital del sitio de estudio y ubicación de las vides (genotipos)	6
Figura 2 Abundancia de esporas en la rizosfera de <i>Vitis vinífera</i> var. País e híbrido de cruzamiento interespecífico (lona) durante sus estados fenológicos: brotación, cuaja y envero	11
Figura 3 Variación fenológica de la abundancia de esporas (n° esporas g^{-1} de suelo seco; barras) y propiedades edáficas (rombos) para el genotipo lona	15
Figura 4 Variación fenológica de la abundancia de esporas (n° esporas g^{-1} de suelo seco; barras) y propiedades edáficas (rombos) para el genotipo País	17
Figura 5 Variación fenológica de la abundancia de esporas (n° esporas g^{-1} de suelo seco; barras) y humedad gravimétrica del suelo (%; rombos) para los genotipos del género <i>Vitis</i> estudiados	18
Figura 6 Colonización de HMA (%) en raíces de los genotipos estudiados del género <i>Vitis</i> (País e lona), en diferentes estados fenológicos: brotación, cuaja y envero	20
Tabla 1 Longitud de marcadores de SSR en pares de bases (pb), presentes en los microsatélites de muestras frescas analizadas para <i>Vitis spp</i>	9
Tabla 2 Propiedades químicas y humedad del suelo rizosférico de lona y País, en diferentes los estados fenológicos (brotación, cuaja y envero) de la vid	12
Tabla 3 Correlación r de Spearman como bondad de ajuste de la relación entre la abundancia de esporas y las propiedades químicas y físicas de la rizosfera de los genotipos País e lona	13
Tabla 4 Descripción taxonómica (órdenes, familias y géneros) de acuerdo al análisis morfológico de esporas de la rizosfera de lona, en la etapa fenológica de envero	21

	Página
Tabla 5 Descripción taxonómica (órdenes, familias y géneros) de acuerdo al análisis morfológico de esporas de la rizósfera de País, en la etapa fenológica de envero	21
Tabla 6 Especies de HMA reportadas en Chile, en simbiosis con especies del género <i>Vitis</i>	22

HONGOS MICORRÍZICOS ARBURCULARES ASOCIADOS A DOS GENOTIPOS DEL GÉNERO *VITIS*.

STUDY OF ARBUSCULAR MYCORRHIZAL FUNGI ASSOCIATED WITH TWO GENOTYPES OF THE GENUS *VITIS*.

Palabras índices adicionales: *Vitis vinifera*; asociación simbiótica; fenología; frecuencia de colonización; esporas; rizosfera

RESUMEN

Diferentes genotipos del género *Vitis* sin potencial enológico se utilizan como portainjertos para *V. vinifera* y pueden desarrollar asociaciones simbióticas con hongos micorrícicos arbusculares (HMA), aportando ventajas adaptativas ambientales y productivas. Sin embargo, la diversidad biológica de estas asociaciones no ha sido estudiada en genotipos de valor patrimonial de Chile bajo condiciones fenológicas contrastantes. El objetivo de este estudio fue documentar, de forma descriptiva, las diferencias entre dos genotipos de *Vitis spp.* en su capacidad de colonización por HMA según su desarrollo fenológico. Se evaluaron la colonización micorrícica y la densidad de esporas en la rizosfera, correlacionándolas con propiedades del suelo en viñedos del Valle del Itata, Chile, identificándose los genotipos Iona y País. Se observaron variaciones en la colonización (15–90 %) y en la abundancia de esporas (270–1370 por 100 g de suelo seco) en tres etapas fenológicas, identificándose dos órdenes, tres familias, tres géneros y una especie, con predominio del orden Diversisporales.

SUMMARY

Different genotypes of the genus *Vitis* lacking enological potential are used as rootstocks for *V. vinifera* and can form symbiotic associations with arbuscular mycorrhizal fungi (AMF), providing environmental and productive adaptive advantages. However, the biological diversity of these associations has not been studied in Chilean patrimonial genotypes under contrasting phenological conditions.

The objective of this study was to descriptively document differences between two *Vitis spp.* genotypes in their capacity for AMF colonization as a function of phenological development. Mycorrhizal colonization and spore density in the rhizosphere were evaluated and correlated with soil properties in vineyards of the Itata Valley, Chile, where the genotypes Iona and País were identified. Variations in colonization (15–90 %) and spore abundance (270–1370 per 100 g of dry soil) were observed across three phenological stages. Two orders, three families, three genera, and one species were identified, with the order Diversisporales predominating.

INTRODUCCIÓN

Las asociaciones simbióticas con hongos micorrícicos arbusculares (HMA) constituyen una de las interacciones biológicas más extendidas en los ecosistemas terrestres. Se estima que cerca del 90 % de las familias de plantas vasculares establecen este tipo de simbiosis mutualista, en la cual el hongo coloniza intracelularmente las raíces del hospedero formando estructuras especializadas para el intercambio de nutrientes (Harley y Smith, 1983). Se ha demostrado que las micorrizas favorecen el crecimiento vegetativo; la incorporación de nutrientes (principalmente P); y las relaciones hídricas del hospedero (Powell y Bagyaraj, 1984; Allen *et al.*, 2003), además de incrementar la concentración de micronutrientes y la actividad fotosintética (Krishna *et al.*, 2005). La inoculación con HMA puede aumentar la concentración de metabolitos secundarios (ej. flavonoides, fenoles y quercetina) en sistemas agrícolas de alta producción (Krishna *et al.*, 2005; Aguilar, 2017; Aranda, 2018).

El interés por esta relación simbiótica se ha incrementado debido a su potencial para mejorar la sostenibilidad agrícola. Gabriele *et al.* (2016) destacaron su importancia en viñedos como alternativa ecológica y económica frente a sistemas convencionales, mientras que Aguilera *et al.* (2022) sostiene que los inóculos con HMA pueden contribuir significativamente a la resiliencia de los sistemas vitícolas ante el cambio climático. En condiciones de campo, las raíces de la vid suelen estar naturalmente colonizadas por HMA, independientemente del manejo agronómico

(Aguilar, 2017). No obstante, aún existen limitaciones en el conocimiento morfológico y molecular sobre la diversidad de estos simbioses en viñedos, lo que restringe la comprensión de su rol ecológico (Balestrini *et al.*, 2010; Blackwell, 2000). En Chile, la investigación ha demostrado que los HMA forman parte activa del microbioma de los viñedos en diferentes condiciones edafoclimáticas (Aranda, 2018). Aguilar (2017) identificó doce especies de HMA en viñedos con manejo orgánico y convencional en Chile (30 °-37 °S), evidenciando una rica biodiversidad micorrícica independiente del sistema de manejo.

Las comunidades micorrícicas dependen de la identidad del hospedero y son sensibles a variaciones ambientales (Holland *et al.*, 2014; Tsiknia *et al.*, 2021). El uso de distintos portainjertos puede alterar la diversidad de especies de HMA nativos en los viñedos (Aguilar, 2017). Aunque se han identificado cerca de 40 taxones de micorizas arbusculares asociados a la vid, su composición varía según la especie hospedera y las condiciones locales (Holland, 2014). En viñedos chilenos se han observado cambios estacionales en la abundancia de esporas y en la colonización radicular por HMA (Aguilar-Paredes *et al.*, 2024), particularmente durante etapas fenológicas clave como brotación, cuaja y envero, donde se han descrito variaciones significativas en colonización radicular, abundancia de esporas y composición de comunidades micorrícicas (Oehl *et al.*, 2003). Estas variaciones pueden atribuirse tanto a cambios en la intensidad de colonización a lo largo del ciclo productivo (Schreiner, 2020), como a modificaciones en la demanda nutricional y estado fisiológico del hospedero (Smith and Read, 2008).

El género *Vitis* incluye alrededor de 60 especies distribuidas en Asia, América del Norte y Europa, siendo *Vitis vinifera* L. la única especie europea y la de mayor relevancia económica dentro de la familia Vitaceae (Alleweldt y Dettweiler, 1994; This y Boccacci, 2004; Terral *et al.*, 2010). A partir del siglo XIX, las especies americanas comenzaron a emplearse como portainjertos por su resistencia a plagas y enfermedades, especialmente a la filoxera (*Daktulosphaira vitifoliae*), que devastó viñedos europeos (Mullins *et al.*, 1992; Granett *et al.*, 2001). Entre las más utilizadas destacan *V. riparia*, *V. rupestris*, *V. berlandieri* y *V. labrusca* por su compatibilidad con *V. vinifera* y su contribución a programas de mejoramiento genético. No

obstante, *V. vinifera* es la única especie con aptitudes enológicas, lo que explica su predominio en la viticultura mundial (Asensio, 2000).

La introducción de *V. vinifera* en Chile se remonta a 1548, expandiéndose actualmente entre las regiones de Atacama y La Araucanía (Cantillana, 2017; SAG, 2020). En la zona centro-sur, particularmente en el valle del Biobío, se establecieron tempranamente variedades patrimoniales como Moscatel de Alejandría y Listán Prieto, con más de tres siglos de presencia en el país (Cantillana, 2017). Aunque minoritarias frente a variedades europeas más difundidas, estas cepas tradicionales aportan diversidad genética, resiliencia frente a enfermedades y singularidad enológica a la producción local (Gutiérrez *et al.*, 2020). Hoy en día, la vitivinicultura chilena, en un escenario marcado por el cambio climático y la presión de factores bióticos y abióticos que afectan el rendimiento y la calidad enológica (Chaves y Oliveira, 2004; Mori *et al.*, 2007; Torres *et al.*, 2018; Aguilera *et al.*, 2022), se ha impulsado el rescate de variedades patrimoniales por su potencial adaptativo (Milla *et al.*, 2013; Meneses *et al.*, 2024), considerando, además, el desplazamiento progresivo de la superficie vitivinícola hacia el sur de Chile (Jorquera-Fontena y Orrego, 2010; Gutiérrez *et al.*, 2020).

En Europa, estudios con *V. vinifera* ssp. *sylvestris* han evidenciado una baja densidad de esporas, pero alta diversidad de HMA, incluyendo especies previamente no descritas, resaltando la importancia ecológica de las vides antiguas como reservorios de biodiversidad fúngica (Ocete *et al.*, 2015). De manera similar, en Chile se ha planteado la necesidad de caracterizar la microbiota asociada a variedades tradicionales, considerando que el material comercial de inoculantes micorrícicos es mayoritariamente importado (Hart *et al.*, 2018) y que la introducción indiscriminada de especies foráneas podría alterar los ecosistemas locales (Holland *et al.*, 2019). En este contexto, los HMA nativos se consideran un grupo funcional clave para la sostenibilidad vitícola y la resiliencia frente a estrés ambiental (Jeffries *et al.*, 2003; Vimal *et al.*, 2017). Además, los HMA nativos podrían actuar como indicadores biológicos de fenómenos asociados al cambio climático (Aguilera *et al.*, 2022), como el calentamiento global, el aumento del CO₂ atmosférico y la sequía, los cuales afectan su composición y actividad en el suelo (Compant *et al.*, 2010).

A pesar de los avances en la caracterización de hongos micorrícicos arbusculares en viñedos comerciales, persiste un vacío respecto a su dinámica estacional y su asociación con genotipos antiguos o naturalizados del centro-sur de Chile. Estos materiales, con una larga historia de adaptación a condiciones edafoclimáticas locales, podrían constituir reservorios relevantes de diversidad micorrícica y presentar patrones diferenciales de colonización radicular y abundancia de esporas a lo largo del ciclo fenológico.

En vista de estos antecedentes, el presente estudio infiere que genotipos naturalizados del género *Vitis* presentan diferencias en la colonización micorrícica y en la abundancia de esporas de HMA a lo largo del ciclo fenológico, influenciadas por las condiciones edáficas del suelo rizosférico. Para verificar esta hipótesis, se planteó como objetivo evaluar las diferencias en la asociación micorrícica entre dos genotipos naturalizados del centro-sur de Chile, considerando su potencial genético y su rol como fuente de diversidad funcional para el desarrollo de cultivares y portainjertos mejor adaptados al cambio climático, así como su contribución a la biodiversidad fúngica de los viñedos chilenos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Sitio de estudio

El estudio se realizó en Huacamala, Quillón (36°48'S; 72°30'O), durante octubre–diciembre de 2022 y enero de 2023, en una zona del Secano Costero con clima mediterráneo templado cálido, lluvias invernales y estación seca (Municipalidad de Quillón, 2021). La temperatura media anual fluctúa entre 13,3–15,6 °C, con máximas estivales de 27–31,1 °C, en un relieve fluvio-glacio-volcánico asociado a depósitos de los ríos Laja e Itata (Plan de Desarrollo Comunal de Quillón, 2021–2017).

Los suelos corresponden a Alfisoles, Serie Cauquenes (Ultic Palexeralfs), derivados de material granítico y cuarzo, con topografía de lomajes (8–15 % pendiente), textura arcillosa, alta permeabilidad y erosión asociada a escurrimiento superficial y cárcavas (Martínez, 2004). Su aptitud es principalmente forestal, recomendándose cero labranza en sectores agrícolas para reducir pérdida de suelo

(Stolpe, 2006). La propiedad posee 22,8 ha con predominio forestal, frutales (carozos, olivos, nogales), manejo animal y ~0,5 ha de viñas destinadas a producción de fruta.

Genotipos estudiados

Se evaluaron dos genotipos del género *Vitis*: (1) *V. vinifera* var. País, cepa histórica introducida en Chile en el siglo XVI, adaptada a condiciones de secano y con atributos de rusticidad, incluyendo tolerancia a enfermedades criptogámicas y plagas del suelo (Gutiérrez *et al.*, 2019). Este cultivar, actualmente revalorizado como patrimonio ancestral (Alvarado, 2003), se encontraba conducido en espaldera (974 m²); y (2) un híbrido no identificado taxonómicamente, denominado localmente “frutillita” por sus bayas rosadas y aromáticas, conducido en sistema en cabeza (101 m²).

Los genotipos presentan una edad superior a los 50 años y son minoritarios en el sector. El manejo agronómico tradicional (fertilización anual NPK al voleo y poda invernal). Se emplazan en sectores separados en cerca de 25 m en la zona de estudio (Figura 1), representando reservorios genéticos antiguos de la zona Cauquenes–Itata, asociados a sistemas pre-filoxéricos (Alvarado, 2003).

Figura 1. Imagen satelital del sitio de estudio y ubicación de las vides (genotipos).



Línea amarilla: sector del genotipo con antecedentes productivos compatibles con *Vitis vinifera* var. País; línea roja: sector del genotipo de identidad taxonómica no confirmada al inicio del estudio.
Fuente: *Google Earth* (36°48'S; 72°30'S).

Análisis genético de material vegetal

Los genotipos de *Vitis* estudiados fueron identificados a partir de muestras de hojas y brotes de temporada 2023 de una planta por genotipo, en el Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Centro Regional de Investigación La Platina, en Santiago de Chile, a partir de marcadores genéticos (*Simple Sequence Repeats* - SSR; Lamboy y Alpha, 1998). En Anexo 3, se observan ejemplos de algunas variedades de *Vitis*, con los 9 marcadores estandarizados para estas especies (This y Boccacci, 2004) y adoptadas por instituciones como *Vitis International Variety Catalogue* (VIVC) presente en el Anexo 1, para construir el perfil genético de las muestras analizadas en el presente estudio. El análisis genético se apoya en el tamaño (pares de bases - pb), de los alelos presentes en los *loci* específicos, definidos por el número de repeticiones del SSR en el genoma de la vid.

Recolección de suelo y material radicular y caracterización química del suelo

Se realizaron tres muestreos (octubre y diciembre 2022; enero 2023), correspondientes a brotación, cuaja y envero. En cada genotipo se obtuvieron muestras compuestas de suelo rizosférico y raicillas a partir de 5 plantas (10 m²), mediante muestreo no perturbado con barreno (20 cm profundidad y 5 cm del tronco). Se recolectaron hasta 500 g de suelo y cerca de 20 cm de raicillas, transportadas refrigeradas (4-6 °C) para su procesamiento en el Laboratorio de Suelos, Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción, Chillán.

El suelo fue tamizado (2 mm), cuarteado y submuestreado (20 g) para aislamiento de esporas y determinación de humedad gravimétrica mediante secado a 105 °C hasta peso constante (Sánchez de Prager *et al.*, 2010). Las raicillas se utilizaron para estimar colonización de HMA.

Para análisis químico, 400 g de suelo rizosférico fueron utilizados para determinar pH, materia orgánica, NO₃⁻, NH₄⁺, P Olsen y K disponible/intercambiable mediante métodos estándar (Sadzawka *et al.*, 2006).

Extracción de esporas

Las esporas de HMA se aislaron a partir de 20 g de suelo mediante tamizado húmedo secuencial (2 mm, 450, 140 y 20 µm) y centrifugación en gradiente de sacarosa (70 % m/v), recuperando partículas de tamaño y densidad compatibles

con esporas (Sánchez de Prager *et al.*, 2010). Posteriormente, se realizó limpieza manual y conteo bajo microscopio estereoscópico, considerando solo esporas viables (turgentes, con citoplasma intacto y morfología típica; López y Peña, 2018), mientras que la densidad se expresó como número de esporas por 100 g de suelo seco. Los parámetros químicos del suelo se correlacionaron de forma descriptiva con la abundancia de esporas mediante coeficiente de Spearman (software InfoStat), analizados por genotipo y variable edáfica, complementados con visualización gráfica para identificar patrones y posibles respuestas micorrícicas, dado el bajo tamaño muestral (n=3 por genotipo).

Estudio taxonómico de micorrizas arbusculares

Tras el conteo, las esporas seleccionadas al azar (en enero) se agruparon por morfotipos (color y tamaño), se sonicaron (30 s) y montaron en PVLG y reactivo de Melzer para su observación microscópica (Leica ICC 50 HD), evaluando características de pared (grosor, color y reacción) (Sánchez de Prager *et al.*, 2010). La identificación taxonómica se realizó según Blaszkowski (2012) y la base INVAM (Anexo 2). La diversidad y cuantificación de esporas se utilizaron para inferir patrones de distribución y funcionalidad de los HMA en el ecosistema (Shannon y Weaver, 1949; Lara, 2003).

Colonización de HMA en las raíces de *Vitis spp*

Las raíces se lavaron, aclararon con KOH al 10 % (69–90 °C, 90 min) hasta transparentarse y se tiñeron con azul tripano en lactoglicerol (1 h). Luego, se montaron segmentos de 20 cm (cortes de 1 cm) en portaobjetos (Trouvelot *et al.*, 1986).

La colonización por HMA se evaluó en 200 campos por muestra (40X), registrando presencia/ausencia de arbusculos en cada campo (Sánchez de Prager *et al.*, 2010). El porcentaje de colonización se calculó como:

$$\text{Porcentaje de colonización (\%)} = \frac{\text{Número de campos colonizados por arbusculos}}{\text{Número total de campos observados}}$$

Análisis descriptivo

Dado que las variables (colonización, esporas y química del suelo) se obtuvieron de muestras compuestas por genotipo y tiempo (n=3), sin réplicas independientes ni

bloques, no es posible estimar error experimental ni aplicar inferencia estadística. Por ello, los resultados se analizan de forma descriptiva y comparativa entre genotipos y momentos de muestreo.

Se aplicó correlación de Spearman para explorar asociaciones entre variables edáficas y abundancia de esporas, interpretando los coeficientes solo como tendencias exploratorias, dada la baja *n* y las limitaciones del diseño.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN.

Análisis genético de los genotipos del género *Vitis*.

En la Tabla 1 se presentan las longitudes de fragmentos obtenidos para los marcadores microsatélites (SSR), expresados en pares de bases (pb), correspondientes a los dos genotipos analizados. Estos valores fueron determinados a partir de los perfiles electroforéticos de fragmentos de ADN amplificados mediante los microsatélites VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZag62, VrZag79 y VVS2, mostrados en el Apéndice 1. Inicialmente, las muestras biológicas se atribuyeron al cultivar Listán Prieto (conocido localmente como “País”) y a una especie híbrida del género *Vitis*, identificada popularmente como “Frutillita”.

Tabla 1. Longitud de marcadores de SSR en pares de bases (pb), presentes en los microsatélites de muestras frescas analizadas para *Vitis spp.*

Genotipo identificado	Longitud de marcadores de SSR (pb)					
	VVMD5	VVMD7	VVMD27	VrzAG62	VrZag79	VVS2
País	242-230	249-239	190-186	196-194	251-243	135-133
Iona	240-238	257-235	186-180	202-194	247-237	133-123

Al comparar los resultados del análisis genético, presentados en la Tabla 1, con la base de datos del *Vitis International Variety Catalogue* (VIVC) y del INIA (Anexo 3), se determinó a uno de los genotipos como *Vitis vinifera* (L.) var. *País*, considerada uno de los primeros cultivares que determinaron el inicio de la vitivinicultura nacional de Chile (Alvarado, 2003); mientras que el segundo correspondió a un híbrido norteamericano de segunda generación, resultado del cruce interespecífico entre *Vitis labrusca* × *Vitis vinifera*, conocido localmente como

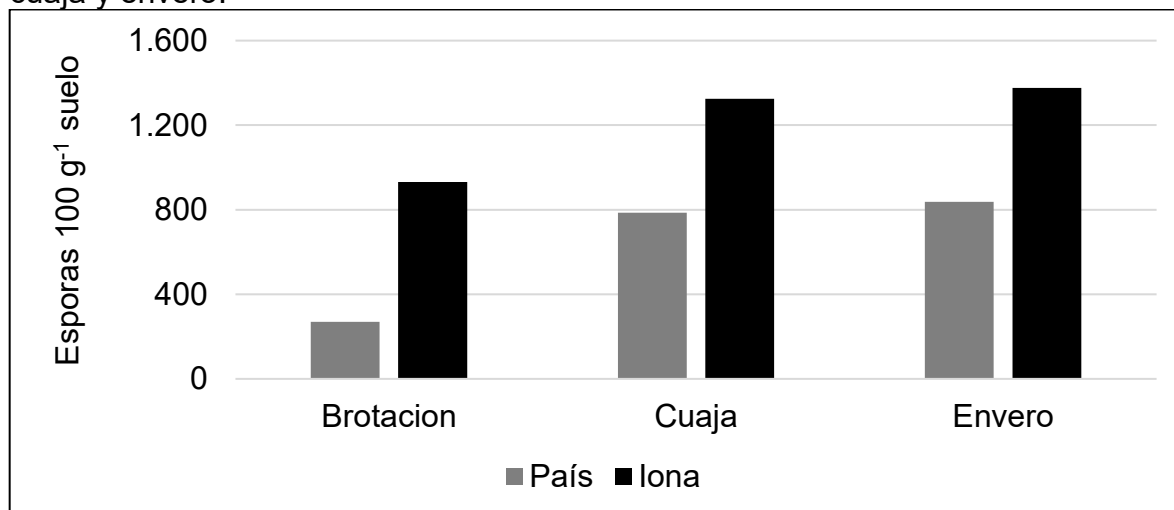
lona, el cual se encuentra en Chile y es utilizado, tanto para la elaboración de vinos de consumo local, como para consumo en fresco. En el Anexo 4 se puede observar el pedigrí determinado por marcadores moleculares de este híbrido, que es común en parrones y jardines antiguos, desde el valle del Maipo, hasta el valle del Biobío, a pesar de que no existen registros claros de su introducción y no se encuentra registrada en el catálogo del SAG (Meneses, *et al.*, 2024). Estos híbridos, descendientes de *Vitis labrusca*, presentan genes de resistencia a enfermedades fungosas, principalmente oídio, por un proceso de coevolución (Hinrichsen, *com. pers.*), resultado de experimentaciones de cruzamientos del género *Vitis* ante la necesidad de mitigar el ataque de filoxera (Finger Lakes Wine Society, s.f.).

Abundancia de esporas en rizosfera de *Vitis vinifera* L. var País e híbrido interespecífico (lona)

En la Figura 2 se observa la variación de la abundancia de esporas micorrícicas en la rizosfera de los genotipos País e lona. Estos resultados muestran cómo aumenta progresivamente el número de esporas micorrícicas en la rizosfera de ambos genotipos, a medida que avanzan los periodos fenológicos, desde brotación a envero. Este patrón sugiere un aumento de la esporulación a medida que avanza la transición hacia etapas reproductivas, lo cual concuerda con la dinámica estacional sobre la abundancia de esporas de HMA en el suelo en especies perennes.

El patrón observado en la Figura 2 sugiere una mayor inversión reproductiva de HMA en la rizosfera de País e lona en las etapas de cuaja y envero, por las cuales los simbiosantes alcanzaron valores entre las 800 y 1.200 esporas en 100 gramos de suelo respectivamente, manteniendo una estabilidad en ambas etapas. En un estudio de Oehl *et al.*, (2003), se observó que, en estas mismas etapas, la esporulación de los HMA se incrementó, como parte de la estrategia de supervivencia y dispersión del hongo, contrario a lo que ocurre en brotación, donde habría una menor abundancia de esporas de HMA en la rizosfera. Una explicación plausible sería la inversión de los HMA en el establecimiento de la simbiosis, más que a la producción de esporas en la fase de brotación, ante un elevado flujo de fotoasimilados hacia las raíces, y una alta demanda de nutrientes (Smith y Read, 2008).

Figura 2. Abundancia de esporas en la rizosfera de *Vitis vinifera* var. País e híbrido de cruzamiento interespecífico (lona) durante sus estados fenológicos: brotación, cuaja y envero.



Aunque el presente estudio entrega datos preliminares sobre estos patrones de relación simbiótica, apoyado en análisis de carácter descriptivo de estas variaciones, se puede inferir que lona presenta valores de abundancia de esporas micorrícicas de HMA consistentemente superiores a lo largo de los periodos fenológicos, comparado con la rizosfera de País, lo cual sugiere una influencia varietal en cuanto a la dinámica micorrícica del suelo y refuerza la importancia de considerar la identidad del genotipo en estudios de micorrización en viñedos.

Análisis de propiedades químicas del suelo rizosférico de País e lona.

Las propiedades químicas y físicas del suelo en los sitios donde se encuentran los dos genotipos estudiados, se muestran en la Tabla 2 para los tres estados fenológicos analizados en este estudio. Tanto los niveles nutricionales, como el pH en agua, se interpretaron según los criterios internos del Laboratorio de Suelos de la Universidad de Concepción (Hirzel y Tay, 2021; Vidal, 2019), los cuales categorizan los resultados en rangos bajo (*), medio (**) y alto (***), como se muestran en la Tabla 2.

De acuerdo a este patrón químico del suelo, existe una variabilidad descriptiva en relación a la presencia de los diferentes genotipos y en función de su estado fisiológico, con cierta tendencia de valores nutricionales altos (N, P y K disponibles) en suelo del genotipo País en todos los estados fenológicos, y en menor medida

también para el genotipo lona en brotación y cuaja.

Los parámetros químicos del suelo de este estudio son mejor interpretados como predictores de las asociaciones simbióticas de los genotipos con HMA más adelante.

Tabla 2. Propiedades químicas y humedad del suelo rizosférico de lona y País, en diferentes los estados fenológicos (brotación, cuaja y envero) de la vid.

Estado fenológico	Brotación		Cuaja		Envero	
Genotipo	lona	País	lona	País	lona	País
pH (agua)	**6,0	*5,1	*5,8	*5,1	*6,0	*5,4
Materia org. (%)	*1,9	*1,8	*1,5	*1,9	*1,8	*2,2
N-NO ₃ ⁻ (mg kg ⁻¹)	*2,8	***24,9	*2,5	**11,4	*1,3	**10,4
N-NH ₄ ⁺ (mg kg ⁻¹)	*4,1	***39,8	*5,6	*6,6	*7,5	***27,3
N disp. (mg kg ⁻¹)	*6,9	***64,6	*8,1	*17,9	*8,8	**37,7
P Olsen (mg kg ⁻¹)	**8,2	***226,0	**11,0	***182,7	*3,8	***109,4
K ⁺ disp. (mg kg ⁻¹)	**150,8	***328,5	**138,8	***280,6	*116,8	***357,4
K ⁺ int. (cmol kg ⁻¹)	**0,4	***0,8	**0,4	***0,7	*0,3	***0,9
Hum. grav. (%)	**12,2	**12,6	*9,0	*8,5	*8,0	*5,0

Materia org.: materia orgánica del suelo; N-NO₃⁻: N como ión nitrato; N-NH₄⁺: N como ión amonio; N disp.: [N-NO₃⁻] + [N-NH₄⁺]; P Olsen: fósforo disponible; K⁺ disp.: potasio disponible; K⁺ int.: potasio intercambiable; Hum. grav.: humedad gravimétrica del suelo (Sadzawka *et al.*, 2006)

Correlación de la abundancia de esporas con las propiedades químicas y contenido de humedad del suelo rizosférico de los genotipos País e lona.

Las posibles relaciones de los patrones de abundancia micorrícica arbuscular y las propiedades del suelo en los sectores de desarrollo de los genotipos *Vitis* estudiados, se observan en las Tablas 3, en la cual se expone el análisis de correlación *r* de Spearman entre la variación la abundancia de esporas micorrícicas de la rizosfera de País e lona, en función de la variación de las propiedades químicas y humedad gravimétrica de estos suelos, a partir de los datos obtenidos en las tres etapas fenológicas del estudio.

Los análisis de correlación Spearman arrojaron valores de *p* superiores a 0,1 en todos los casos, lo cual indica que no se encontró evidencia estadística contundente

de la asociación entre el número de esporas y los parámetros edáficos estudiados con ambos genotipos. No obstante, algunas relaciones mostraron valores de p cercanos a la significancia. Estos valores no paramétricos pueden describir, preliminarmente, la fuerza de las asociaciones observadas en forma descriptiva.

Tabla 3. Correlación r de Spearman como bondad de ajuste de la relación entre la abundancia de esporas y las propiedades químicas y físicas de la rizosfera de los genotipos País e Iona.

Parámetro	Spearman (p) Iona	Spearman (p) País
pH agua	-0,5 (0,47)	0,5 (0,47)
Materia orgánica	-0,5 (0,47)	1 (0,15)
N-nitrato	-1 (0,15)	-1 (0,15)
N-amonio	1 (0,15)	-0,5 (0,47)
N total	1 (0,15)	-0,5 (0,47)
P Olsen	-0,5 (0,47)	-1 (0,15)
K disponible	-1 (0,15)	0,5 (0,47)
K intercambiable	-1 (0,15)	0,5 (0,47)
Contenido humedad (%)	-1 (0,15)	-1 (0,15)

Los patrones de variación fenológica del número de esporas micorrícicas del suelo rizosférico de Iona, se contrastan con la variación edáfica (Figuras 3 y 5), así como para el suelo del genotipo País (Figuras 4 y 5).

Los coeficientes de correlación r de Spearman observados en la Tabla 3 y representados en las Figuras 3, 4 y 5a y 5b, reflejan la relación entre la abundancia de esporas con cada parámetro edáfico rizosférico para Iona y País, respectivamente, de forma independiente.

En el suelo con Iona, los parámetros pH, materia orgánica y fósforo disponible (Figuras 3a, -b y -f) mostraron una correlación moderada (-0,5, $P=0,47$) con la abundancia de esporas, de acuerdo al análisis r de Spearman, indicando que estos parámetros explican parcialmente la variación del número de esporas en el suelo en forma inversa. La variación del contenido de potasio (intercambiable y disponible; Figuras 3g y -h) y el contenido de nitrato en el suelo (Figura 3c), expresan de mejor manera la variación del número de esporas (-1, $P=0,15$), igualmente en forma inversa, así como el contenido de humedad gravimétrica del suelo (Figura 5a). Finalmente, se observó una relación directa entre el número de esporas y el

contenido de amonio y nitrógeno mineral (1, $P=0,15$) del suelo rizosférico de lona (Figuras 3 d y -e).

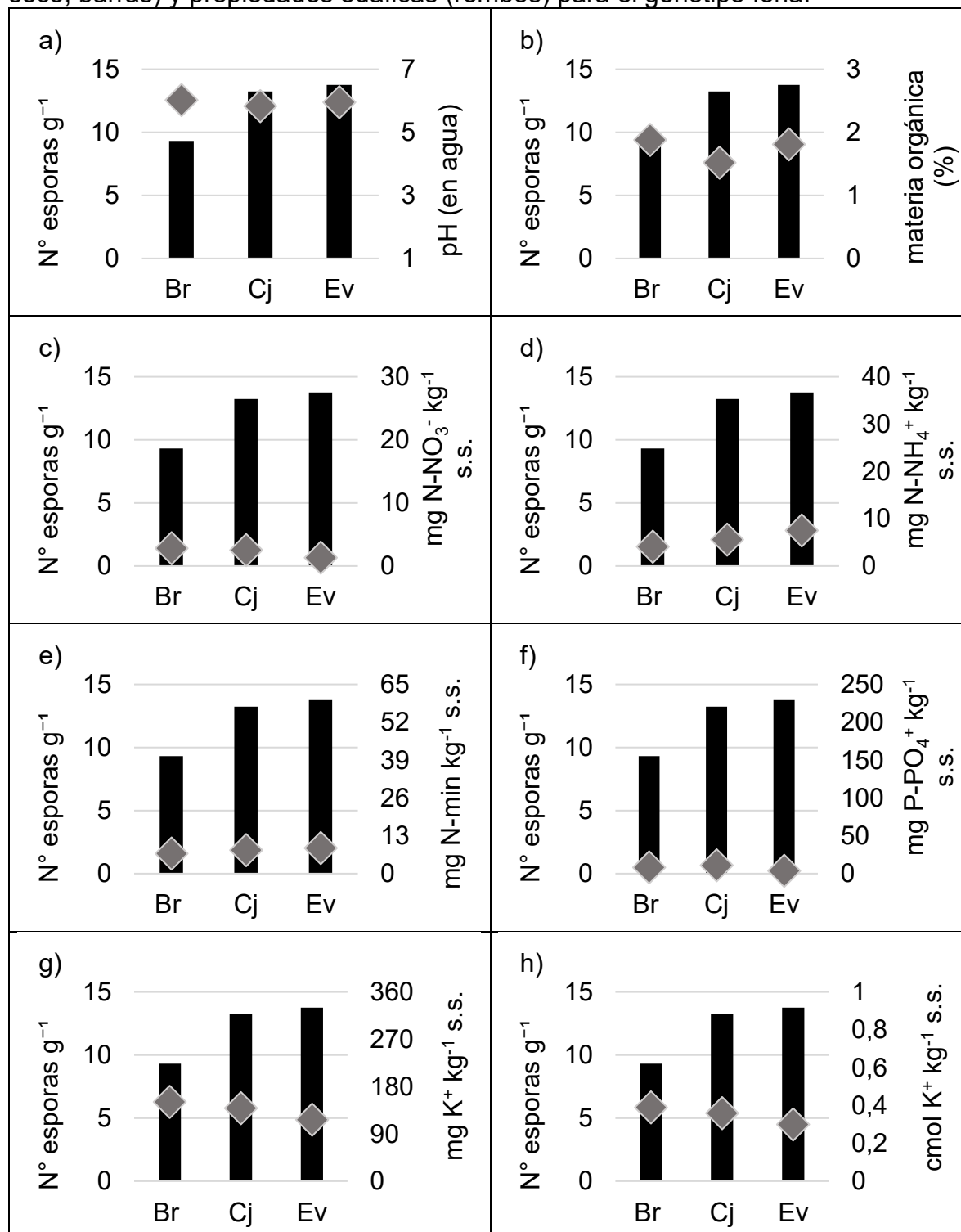
En el caso del genotipo País, los niveles de nitrato, fósforo disponible y contenido de humedad en el suelo, mostraron una correlación inversa fuerte, en relación al número de esporas (-1, $P=0,15$), como se induce de las Figuras 4d, 4f y 5b), mientras que los contenidos de amonio y nitrógeno mineral, generaron correlaciones inversas moderadas (-0,5, $P=0,47$), observado en las Figuras 4d y -e.

Estos resultados indican una variación inversa de nutrientes del suelo en relación a la abundancia de esporas micorrícicas para estos genotipos, sugiriendo que elevados contenidos de macronutrientes limitan el desarrollo de estos simbiontes para *Vitis*.

Las relaciones positivas del número de esporas con el pH, el contenido de materia orgánica y, más claramente para el contenido de potasio del suelo, sugieren condiciones edáficas favorables para el desarrollo de relaciones simbióticas con micorrizas en las raíces de estas plantas.

Los resultados obtenidos coinciden en que, niveles elevados de nitrato y fósforo en el suelo, pueden afectar o limitar la esporulación de HMA, ya que, en ambos genotipos analizados, se observó una correlación negativa entre estos nutrientes y el número de esporas. Este patrón es consistente con lo planteado por Kour *et al.* (2020), quienes sostienen que un mayor contenido de nutrientes inorgánicos en el suelo reduce la dependencia de las plantas hacia los HMA, así como también disminuye su diversidad y abundancia, lo cual, además, coincide con lo expuesto por López y Yulieth (2018), quienes determinaron que un valor elevado de fósforo en el suelo se relacionó con una baja esporulación en su investigación. Bajo esta perspectiva, es posible suponer, *a priori*, que la actividad micorrízica en las raíces podría ser menos intensa en País, en comparación con lona, considerando que el suelo asociado a esta última, presentó menores concentraciones de fósforo y nitrato. Por tanto, se esperaría una mayor abundancia de esporas en el suelo y mayor colonización micorrízica en las raíces de lona, en concordancia con las diferencias observadas en la disponibilidad de nutrientes inorgánicos entre ambos genotipos.

Figura 3. Variación fenológica de la abundancia de esporas (n° esporas g^{-1} de suelo seco; barras) y propiedades edáficas (rombos) para el genotipo Iona.



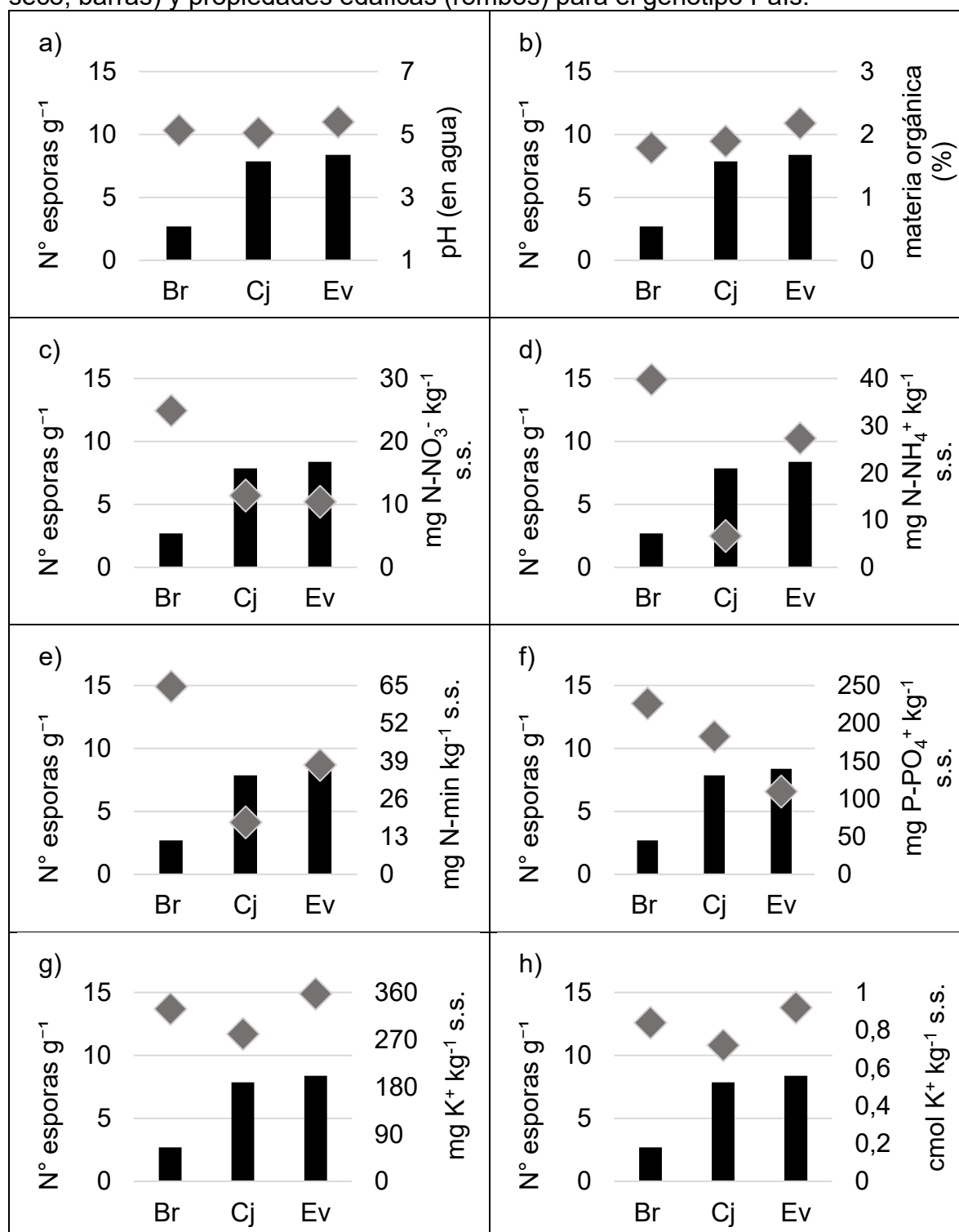
a) pH en agua; b) materia orgánica (%); c) nitrato ($mg\ N-NO_3^-\ kg^{-1}$); d) amonio ($mg\ N-NH_4^+\ kg^{-1}$); e) nitrógeno mineral ($[NO_3^-\ kg^{-1}] + [NH_4^+\ kg^{-1}]$; $mg\ N\ kg^{-1}$); f) fósforo Olsen ($mg\ P-PO_4^{3-}\ kg^{-1}$); g) potasio disponible ($mg\ K^+\ kg^{-1}$); h) potasio intercambiable ($cmol\ K^+\ kg^{-1}$); Br: brotación; Cj: cuaja; Ev: envero.

Se verifica con estos datos que existe una relación negativa en cuanto al contenido de fósforo y el número de esporas en ambos genotipos. Según Bucher (2007), este patrón refleja la facilitación de la absorción de nutrientes de baja movilidad por acción simbiótica, como el fósforo y el zinc. En este sentido, una mayor disponibilidad de estos elementos en forma iónica y fácilmente asimilable por la planta reduce la dependencia del hospedero respecto de la asociación micorrícica, lo que limita la necesidad de establecer o mantener la simbiosis, disminuyendo la esporulación y pudiendo reflejarse también en el porcentaje de colonización radicular (Xu *et al.*, 2014).

De manera similar, la correlación negativa observada entre el contenido de humedad del suelo y la abundancia de esporas de hongos micorrícicos arbusculares, sugieren que la esporulación aumenta bajo condiciones de menor disponibilidad hídrica. Diversos estudios han manifestado que, en suelos con mayor humedad, los HMA tienden a priorizar el crecimiento vegetativo y la colonización radicular por sobre la formación de estructuras de resistencia, como es el caso de las esporas fúngica, las cuales cumplen un rol fundamental en la supervivencia del simbionte frente a condiciones de estrés ambiental. En este contexto, un menor contenido de humedad edáfico podría actuar como un factor desencadenante de la esporulación, mientras que condiciones hídricas favorables reducirían la inversión del hongo en estas estructuras reproductivas, sin implicar necesariamente en una disminución de la actividad micorrícica (Smith y Read, 2008; Brundrett, 2004; Augé, 2001).

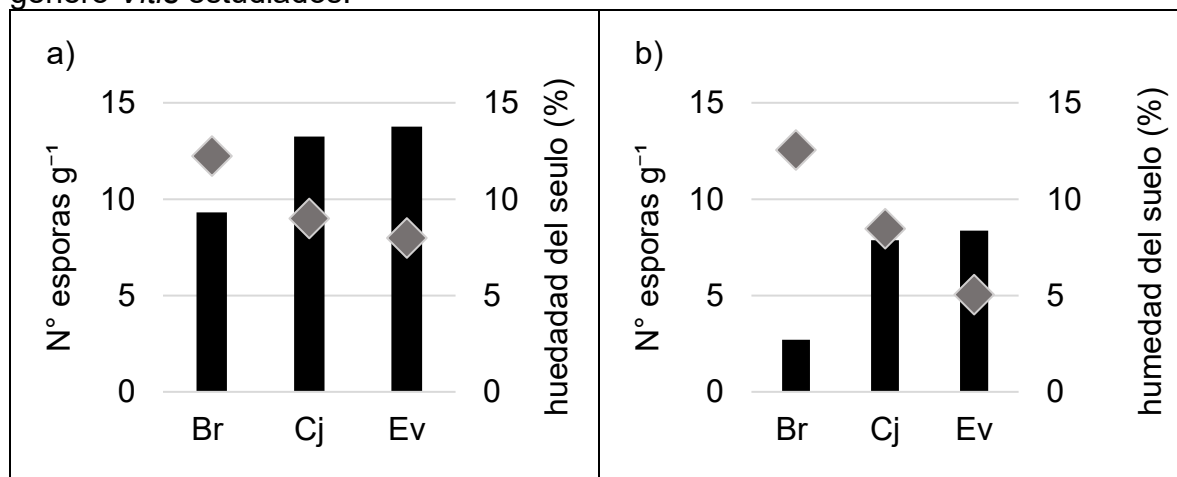
Estas relaciones pueden interpretarse, además, a la luz de las etapas fenológicas evaluadas en el presente estudio. Durante las etapas de brotación y de cuaja, la vid presenta una elevada actividad fisiológica y radicular, lo cual se asocia a una mayor demanda de nutrientes y agua, favoreciendo el establecimiento y funcionamiento de la simbiosis micorrícica. En estas etapas, las condiciones ambientales del suelo se presentan relativamente favorables para desarrollo del simbionte, tales como un mayor contenido de humedad edáfica, lo cual promueve el crecimiento vegetativo de los hongos micorrícicos arbusculares, priorizando la colonización radicular por sobre la formación de esporas.

Figura 4. Variación fenológica de la abundancia de esporas (n° esporas g^{-1} de suelo seco; barras) y propiedades edáficas (rombos) para el genotipo País.



a) pH en agua; b) materia orgánica (%); c) nitrato ($mg\ N-NO_3^- kg^{-1}$); d) amonio ($mg\ N-NH_4^+ kg^{-1}$); e) nitrógeno mineral ($[NO_3^- kg^{-1}] + [NH_4^+ kg^{-1}]$; $mg\ N kg^{-1}$); f) fósforo Olsen ($mg\ P-PO_4^{3-} kg^{-1}$); g) potasio disponible ($mg\ K^+ kg^{-1}$); h) potasio intercambiable ($cmol\ K^+ kg^{-1}$); Br: brotación; Cj: cuaja; Ev: envero.

Figura 5. Variación fenológica de la abundancia de esporas (n° esporas g^{-1} de suelo seco; barras) y humedad gravimétrica del suelo (%; rombos) para los genotipos del género *Vitis* estudiados.



a) lona; b) País. Br: brotación; Cj: cuaja; Ev: envero.

En contraste, durante el envero, etapa caracterizada por una reducción del crecimiento vegetativo y cambios en la asignación de carbono y reservas, la menor actividad radicular y las posibles variaciones en la disponibilidad hídrica, podrían inducir una mayor inversión del simbiote en estructuras de resistencia, como es el caso de las esporas. De este modo, las variaciones observadas en la abundancia de esporas entre las etapas fenológicas, reflejarían una respuesta funcional de los HMA a los cambios fisiológicos del hospedero, así como a las condiciones ambientales predominantes en cada fase del ciclo fenológico (Smith and Read, 2008; Brundrett, 2004; Schreiner y Mihara 2009).

Evaluación de la colonización de micorrizas en las raíces de los genotipos *Vitis* País e lona.

En relación con el análisis de colonización micorrícica en las raíces de lona y País, evaluado durante sus diferentes etapas fenológicas, se observaron diferencias, con interacción convergente en el tiempo, como se muestra en la Figura 6.

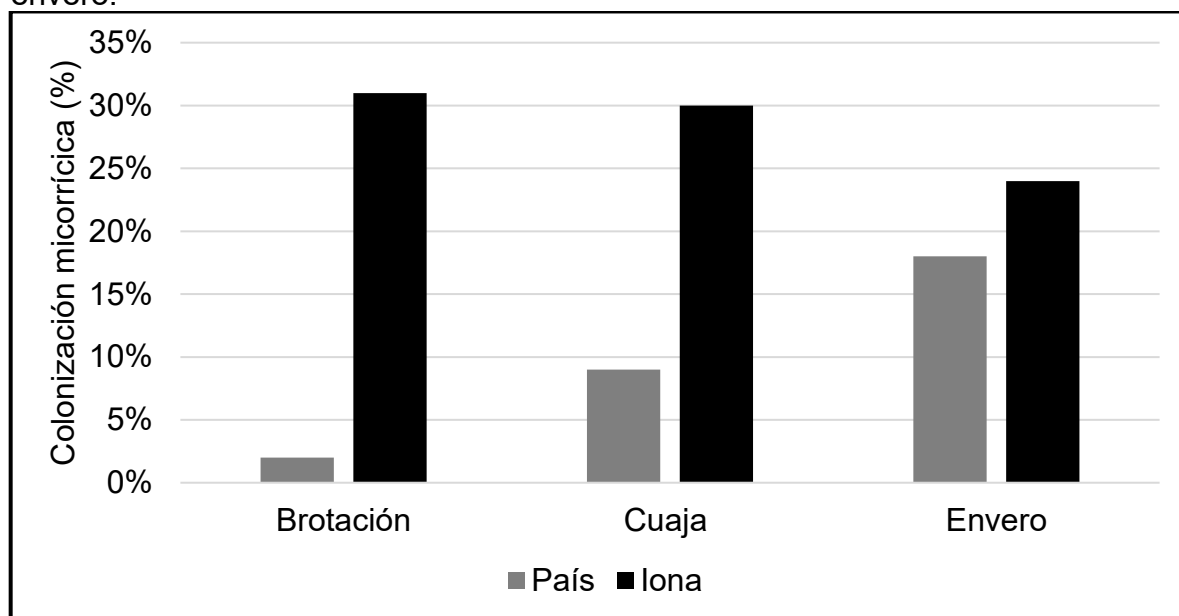
En brotación, lona presentó el valor más alto de colonización micorrícica en sus raíces (31 %), mientras que, País mostró un porcentaje considerablemente menor (2 %). Este marcado contraste sugiere que lona posee una mayor susceptibilidad a la colonización de HMA en las etapas fenológicas iniciales, correspondientes a la plena brotación y desarrollo foliar.

En la etapa de cuaja, el porcentaje de colonización en lona se mantuvo relativamente estable, con una leve disminución de un punto porcentual, lo que indica una continuidad en su capacidad de colonización. En contraste, el genotipo País mostró un incremento más notorio, alcanzando aproximadamente un 10 % de colonización micorrícica. Este aumento podría estar asociado a factores ambientales favorables o a una mayor actividad del hongo durante la etapa fenológica de cuajado de frutos, que podría favorecer la simbiosis micorrícica en este genotipo.

Finalmente, en enero, se evidenció un cambio significativo en la dinámica de colonización, donde lona, presentó una disminución de 6 puntos porcentuales en la colonización micorrícica desde la etapa fenológica anterior, mientras que, País continuó su tendencia ascendente, alcanzando un 20 % de colonización radicular. Estos resultados sugieren una respuesta diferencial entre ambos genotipos, frente al establecimiento y persistencia de la simbiosis micorrícica a lo largo del ciclo fenológico.

De acuerdo al patrón observado en la Figura 6, se observa que el genotipo País tiende a aumentar ligeramente la colonización micorrícica en función del desarrollo fenológico, de modo que su valor más alto del número de esporas micorrícicas en la rizósfera, coincide con un menor valor en contenido de fósforo disponible en el suelo durante su estado en enero. Por el contrario, lona logra ser más estable en cuanto a su porcentaje de colonización durante su desarrollo fenológico. Este contraste sugiere que lona posee una mayor susceptibilidad o capacidad de ser colonizada por hongos micorrícicos arbusculares en etapas fenológicas tempranas, lo que coincide con lo reportado por Trouvelot *et al.* (2015), quienes señalaron que la colonización varía según la etapa de desarrollo y al genotipo de especies del género *Vitis*. La presente investigación destaca un patrón diferenciado de colonización micorrícica en País, donde la relación simbiótica con HMA denota una respuesta más sensible a las etapas intermedias y finales del desarrollo de la planta en un ciclo de producción. La variación de la colonización fue entre un 2 y 31 %, dependiendo del genotipo y el estado fenológico, lo que coincide con los rangos de resultados reportados en viñedos con manejo convencional (Trouvelot *et al.*, 2015).

Figura 6. Colonización de HMA (%) en raíces de los genotipos estudiados del género *Vitis* (País e Iona), en diferentes estados fenológicos: brotación, cuaja y envero.



En estudios previos, Balestrini *et al.* (2010) y Trouvelot *et al.* (2015) describieron frecuencias de colonización entre 10 y 40 % en viníferas cultivadas bajo condiciones de fertilización mineral, mientras que Pellegrino *et al.* (2011) registraron densidades entre 400 y 1200 esporas por 100 g de suelo en sistemas similares, indicando además que estos valores suelen ser mayores en viñedos orgánicos, donde los porcentajes de colonización suelen fluctuar entre 60-70 % y la densidad de esporas tienen valores superiores a 2000 esporas por 100 gramos de suelo (Schreiner, 2005; Nogales *et al.*, 2019; Tang *et al.*, 2020; Moukarzel *et al.*, 2024). No obstante, las diferencias entre País e Iona, evidencian que la respuesta a los HMA es también dependiente de la especie o genotipo, como ha sido descrito por Borie *et al.* (2008) y Linderman y Davis (2001).

Identificación de especies de hongos micorrícicos arbusculares que colonizan los genotipos País e Iona del estudio

La identificación de los taxa de HMA observados en este estudio se describen en la Tabla 4 para suelo rizosférico con genotipo Iona; y en la Tabla 5 para suelo con genotipo País. En ambos casos se identificaron únicamente dos órdenes de HMA: Diversosporales y Glomerales, dentro de los cuales se registraron cuatro familias

representadas por cuatro géneros. Una de las esporas pudo asignarse tentativamente a nivel de especie como *Gigaspora cf. gigantea*. La abreviación *cf.* se emplea para indicar afinidad morfológica con dicha especie, aunque su identificación no pudo confirmarse de manera definitiva. Si bien la espora comparte varias características diagnósticas con *G. gigantea*, no presentó la reacción típica de tinción de la capa laminar con el reactivo PVLG, lo que impidió corroborar plenamente su determinación taxonómica.

Tabla 4. Descripción taxonómica (órdenes, familias y géneros) de acuerdo al análisis morfológico de esporas de la rizosfera de lona, en la etapa fenológica de envero.

Orden	Familia	Especie	N° esporas
Diversporales	<i>Acaulosporaceae</i>	<i>Acaulospora</i> spp.	1
Diversporales	<i>Gigasporaceae</i>	<i>Gigaspora gigantea</i>	2
Glomerales	n.i.	n.i.	6
Glomerales	<i>Glomeraceae</i>	n.i.	3
Glomerales	<i>Glomeraceae</i>	<i>Glomus</i> spp.	5

Tabla 5. Descripción taxonómica (órdenes, familias y géneros) de acuerdo al análisis morfológico de esporas de la rizosfera de País, en la etapa fenológica de envero.

Orden	Familia	Especie	N° esporas
Diversporales	n.i.	n.i.	12
Diversporales	<i>Diversisporaceae</i>	<i>Diversispora</i> spp.	4
Diversporales	<i>Acaulosporaceae</i>	<i>Acaulospora</i> spp.	2
Glomerales	n.i.	n.i.	3
Glomerales	<i>Glomeraceae</i>	<i>Glomus</i> spp.	1

n.i.: taxón no identificado

El genotipo lona registró 17 esporas, con predominio de Glomerales, destacando *Glomus* spp. y la presencia de Gigasporaceae (*Gigaspora gigantea*; Tabla 4), mientras que País contabilizó 22 esporas, con predominio de Diversporales, incluyendo *Acaulospora* spp. y *Diversispora* spp. (Tabla 5). Además, 12 esporas se asignaron a nivel de orden (Diversporales), dadas las limitaciones de identificación morfológica. En conjunto, lona presentó mayor aporte de Glomerales, mientras que en País dominó Diversporales.

Tabla 6. Especies de HMA reportadas en Chile, en simbiosis con especies del género *Vitis*.

Orden	Familia	Especie	Referencia
Diversporales	Gigasporaceae	<i>Scutellospora calospora</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Diversporales	Pacisporaceae	<i>Pacispora scintillans</i>	(1) Aguilar (2017)
Glomerales	Claroideoglomeraceae	<i>Claroideoglomus claroideum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Claroideoglomeraceae	<i>Claroideoglomus etunicatum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Funneliformis geosporus</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Funneliformis mosseae</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Funneliformis verruculosum</i>	(1) Aguilar (2017)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Funneliformis constrictum</i>	(2) Benedetti <i>et al.</i> (2018)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus ambisporum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus macrocarpum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus aggregatum</i>	(2) Benedetti <i>et al.</i> (2018)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus glomerulatum</i>	(2) Benedetti <i>et al.</i> (2018)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Rhizoglomus aggregatum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Rhizoglomus fasciculatum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Rhizoglomus irregularis</i>	(2) Benedetti <i>et al.</i> (2018)
Glomerales	Glomeraceae	<i>Septoglomus constrictum</i>	(3) Castillo <i>et al.</i> (2016)

En el caso de Chile, se han reportado en total 77 especies de HMA, dentro de los cuatro órdenes descritos para el filo Glomeramycota, en diferentes agroecosistemas, correspondientes al 21 % a nivel global, de los cuales, 17 de ellas se han reportado con estudios en *V. vinífera* (Aguilar, 2017; Benedetti *et al.*, 2018; Castillo *et al.*, 2016; Marín *et al.*, 2017; Medina *et al.*, 2014), tal como se observa en la Tabla 6.

Estos antecedentes denotan una asociación de HMA de las 2 órdenes de

Glomeramycota (Diversporales y Glomerales), reportados en el presente estudio, donde Glomerales domina en viñedos chilenos (Öpik y Davison, 2024).

El patrón de diversidad taxonómica observado en presente estudio y en los antecedentes de la Tabla 6, confirma estudios de otras latitudes, donde se ha reportado que la familia Glomeraceae es la dominante en viñedos y en otros agroecosistemas (Schubert y Cravero, 1985; Oehl *et al.*, 2003; Balestrini *et al.*, 2010). Esto puede deberse también al hecho de que las especies del orden Glomerales colonizan principalmente a partir de fragmentos de sus hifas, mientras que las especies Diversporales tienen como principal estrategia de colonización sus esporas, sugiriendo un patrón de colonización temporalmente diferenciado de Glomerales (Klironomos *et al.*, 2002).

CONCLUSIONES.

1. Los genotipos del género *Vitis*: *Vitis vinifera* (L.) var País y el híbrido interespecífico Iona, identificados en el presente estudio, destacan la importancia de su origen y caracterización en el contexto vitivinícola chileno.
2. La fenología y genotipo de *Vitis* se asocian con la dinámica de esporulación de los HMA, confirmando la relevancia de evaluar la estacionalidad de estas relaciones simbióticas.
3. Niveles nutricionales altos del suelo rizosférico (P disponible y N-NO₃⁻), así como el contenido de humedad del suelo, mantienen una relación inversa con la abundancia de esporas micorrícicas arbusculares, sugiriendo una posible limitación de su esporulación en el suelo para ambos genotipos.
4. La colonización micorrícica presenta un patrón diferencial entre los genotipos estudiados, con una mayor estabilidad en el genotipo Iona y una respuesta progresiva en País, lo que sugiere una asociación entre la etapa fenológica y la intensidad de la simbiosis.
5. La presencia de los órdenes Glomerales y Diversporales en la rizosfera de ambos genotipos, es concordante con los antecedentes reportados para *Vitis* spp. en sistemas vitivinícolas chilenos, aunque con particularidades específicas para Iona y País observadas en este estudio.

REFERENCIAS

1. Aguilera, P., N. Ortiz., N. Becerra, A. Turrini, F. Gaínza-Cortés, P.Silva-Flores, A. Aguilar-Paredes, J.K. Romero, E. Jorquera-Fontena, M de la Luz Mora and F. Borie. 2022. Application of arbuscular mycorrhizal fungi in vineyards: water and biotic stress under a climate change scenario: new challenge for Chilean grapevine crop. *Front. Microbiol.* 13:826571.
2. Aguilar-Paredes, A., A. Turrini and L. Avio. 2024. Agricultural Managements Influence the Diversity of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in Vineyards from Chilean Mediterranean Climate Ecosystems. *J Soil Sci Plant Nutr* 24:6099–6112.
3. Aguilar, A. 2017. Polifenoles como respuesta a hongos micorrícicos arbusculares en vid (*Vitis vinifera* L.). Tesis, Doctor en Ciencias Biológicas. Universidad de Concepción. Concepción, Chile.
4. Allen, M. F., W. Swenson, J. I. Querejeta, L. M. Egerton-Warburton and K. K. Treseder. 2003. Ecology of mycorrhizae: a conceptual framework for complex interactions among plants and fungi. *Annu. Rev. Phytopathol.* 41:271-303
5. Alleweldt, G. and E. Dettweiler. 1994. The genetic resources of *Vitis*: world list of grapevine collections. Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof. Siebeldingen, Alemania.
6. Alvarado, R. 2003. El vino en la historia de Chile y el mundo: un viaje desde los orígenes de la vid hasta el presente. Origo Ediciones. Santiago, Chile.
7. Aranda, J. 2018. Efecto de la inoculación de micorrizas arbusculares comerciales, sobre la composición fenólica de vinos de los cv. Carménère y Pinot Noir. Proyecto de investigación. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Quillota, Chile.
8. Asensio, M.L. 2000. Caracterización de variedades de *Vitis vinifera* L. cultivadas en Extremadura mediante estudios morfológicos, agronómicos y bioquímicos. Tesis Doctoral, Ingeniero Agrónomo. Universidad Politécnica de Madrid, Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos. Madrid, España.
9. Augé, R.M. 2001. Water relations, drought and vesicular-arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Mycorrhiza*, 11(1): 3-42
10. Balestrini, R., F. Magurno, C. Walker, E. Lumini, and V. Bianciotto. 2010. Cohorts of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) in *Vitis vinifera*, a typical Mediterranean fruit crop. *Environ. Microbiol. Rep.* 2:594–604.

11. Benedetti, S., F. Balocchi and M. Hormazábal. 2018. Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) linked to *Peumus boldus* natural formation in Centra Chile. *Gayana Bot.* 75(1):431-437.
12. Blackwell, M. 2000 Evolution: terrestrial life-fungal from the start? *Sci.* 289:1884-1885.
13. Błaszowski, J. 2012. Glomeromycota. Kraków, Poland: W. Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences.
14. Borie, F., R. Rubio and A. Morales. 2008. Arbuscular mycorrhizal fungi and soil aggregation. *J. Soil Sci. Plant Nutr.* 8(2):9-18.
15. Brundrett, M. C. 2004. Mycorrhizal associations: the web resource [en línea]. <https://mycorrhizas.info> [Consulta: 05 enero 2025].
16. Bucher, M. 2007. Functional biology of plant phosphate uptake at root and mycorrhiza interfaces. *New Phytol.* 173(1):11–26.
17. Cantillana, J. C. 2017. Persistencia de cepas tradicionales en el secano interior del Maule Sur: rescate de elementos patrimoniales para el futuro desarrollo de proyectos turísticos. Trilogía. Ciencia-Tecnología – Sociedad. Universidad Tecnológica Metropolitana, Chile. 29(40).
18. Chaves, M. and M. Oliveira. 2004. Mechanisms underlying plant resilience to water deficits: prospects for water-saving agriculture. *J. Exp. Bot.* 55:2365-2384.
19. Castillo, C.G., F. Borie, F. Oehl and E. Sieverding. 2016. Arbuscular mycorrhizal fungi biodiversi prospecting in Southern Central zone of Chile. A review. *J. Soil Sci. Plant Nutr.* 16(2): 400-422.
20. Compant, S., M. van der Heijden and A. Sessitsch. 2010. Climate change effects on beneficial plant-microorganism interactions. *FEMS Microbiol. Ecol.* 73:197-214. doi: 10.1111/j.1574-6941.2010.00900.x.
21. Finger Lakes Wine Society. 2006. Hybrid grapes [en línea]. <https://www.fingerlakeswinesociety.com/grapes/hybrid.html> [Consulta: 5 enero 2025].
22. Gabriele, M., C. Gerardi, V. Longo, J. Lucejko, I. Degano, L. Pucci and V. Domenici. 2016. The impact of mycorrhizal fungi on Sanviogese red wine production: phenolic compounds and antioxidant properties. *LWT - Food Sci. Technol.* 72:310-316.

23. Granett, J., A.M. Walker, A.M. L. Kocsis and A.D. Omer. 2001. Biology and management of grape phylloxera. *Annu. Rev. Entomol.* 46:387-412.
24. Gutiérrez, G., S. Yan and P. Pszczółkowski. 2019. Resurgence of minority and autochthonous grapevine varieties in South America: a review of their oenological potential. *J. Sci. Food Agric.* 100:465-482. doi: 10.1002/jsfa.10003.
25. Harley, J. L. and S. E. Smith. 1983. *Mycorrhizal symbiosis*. Academic Press Inc. London, UK.
26. Hart, M. M., P.M. Antunes, V.B. Chaudhary and L.K. Abbott. 2018. Fungal inoculants in the field: is the reward greater than the risk? *Funct. Ecol.* 32:126-135. doi: 10.1111/1365-2435.12976.
27. Holland, T., P. Bowen, C. Bogdanoff and M. Hart. 2014. Arbuscular mycorrhizal fungal communities associated with *Vitis vinifera* vines under different frequencies of irrigation. *Am. J. Enol. Vitic.* 65:222-229. doi: 10.5344/ajev.2014.13101.
28. Holland, T., P. Bowen, V. Kokkoris, J. Urbez and M. Hart. 2019. Does Inoculation with arbuscular mycorrhizal fungi reduce trunk disease in grapevine rootstocks? *Horticulturae* 5:61. doi:10.3390/horticulturae5030061.
29. Jeffries, P., S. Gianinazzi, S. Perotto, K. Turnau and J. Barea. 2003. The contribution of arbuscular mycorrhizal fungi in sustainable maintenance of plant health and soil fertility. *Biol Fertil Soils* 37:1-16.
30. Jorquera-Fontena, E. y R. Orrego-Verdugo. 2010. Impacto del calentamiento global en la fenología de una variedad de vid cultivada en el Sur de Chile. *Agrociencia* 44:427-435.
31. Klironomos, J.N., M. Hart and R. Reader. 2002. Colonization of roots by arbuscular mycorrhizal fungi using different sources of inoculum. *Mycorrhiza*, 12:181-184.
32. Kour, D., K. L. Rana, A. N. Yadav, V. Kumar, H. S. Dhaliwal and A. K. Saxena. 2020. Role of AM fungi in plant nutrition and stress tolerance. pp: 123-145. En: N. K. Arora (Ed.). *New and future developments in microbial biotechnology and bioengineering: biofertilizers*. Elsevier. Amsterdam, Países Bajos.
33. Krishna, H., S. Singh, R. Sharma and R. Khawale. 2005. Biochemical changes in micropropagated grape (*Vitis vinifera* L.) plantlets due to arbuscular-mycorrhizal fungi (AMF) inoculation during ex vitro acclimatization. *Sci. Hortic.* 106:554-567.

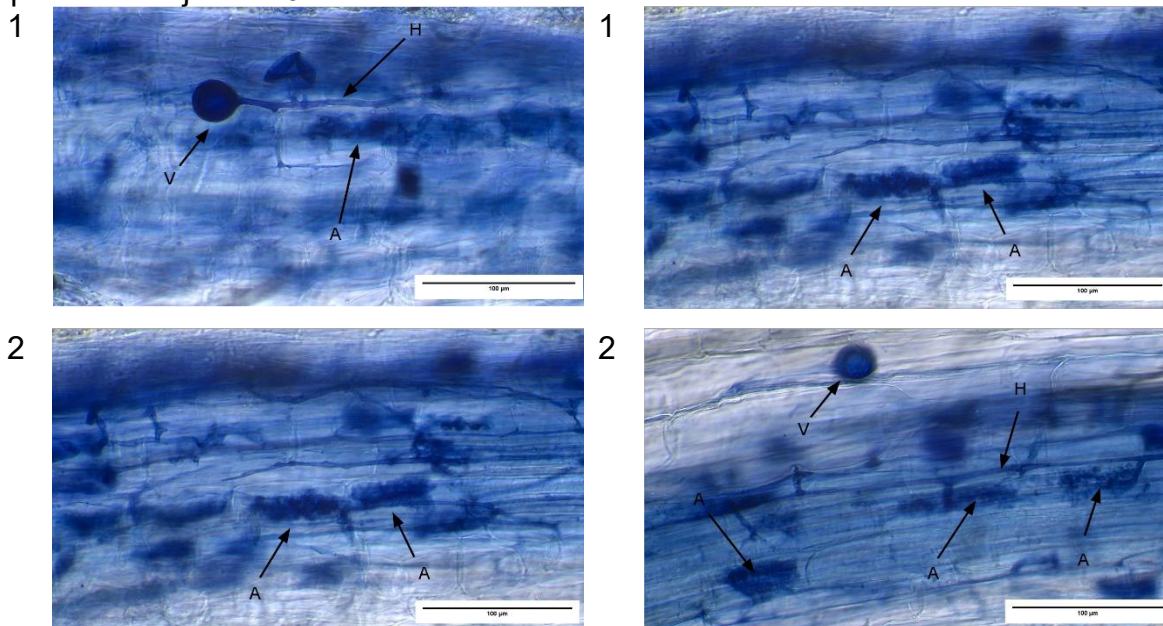
34. Lamboy, W. and C. Alpha. 1998. Using simple sequence repeats (SSRs) for DNA fingerprinting germplasm accessions of grape (*Vitis* L.) species. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 123(2):182-188.
35. Lara, R. 2003. Diversidad actividad de hongos micorrízicos arbusculares, en agroecosistemas cafetaleros perturbados por la erosión. Tesis de Maestría, Área Biotecnología. Universidad de Colima. Tecomán. México.
36. Linderman, R. and E.A. Davis. 2001. Vesicular-arbuscular mycorrhiza and plant growth response to soil amendment with composted grape pomace or its water extract. HortTechnology, 11(3):446-450.
37. Meneses, M., M. H. Castro and P. Hinrichsen. 2024. Genetic characterization of criolla and European grapevines recently found in Chile: a key step for their rescue and conservation. Aust. J. Grape Wine Res. 2024:1-21.
38. Milla, A., S. Gómez, X. Moncada, P. León, A. Ibañe, M. Rosas, B. Carrasco, P. Hinrichsen and A. Zurita. 2013. Naturalised grapevines collected from arid regions in Northern Chile exhibit a high level of genetic diversity. Aust. J. Grape Wine Res. 19:123-131.
39. Mori, K., N. Goto-Yamamoto, M. Kitayama and K. Hashizume. 2007. Loss of anthocyanins in red-wine grape under high temperature. J. Exp. Bot. 58(8):1935-1945.
40. Moukarzel, R., K. Tawaraya., M. Aoyama and Y. Tanaka. 2024. Arbuscular mycorrhizal fungal communities in organically and conventionally managed vineyards: diversity patterns and root colonization levels. Mycorrhiza, 34(3):255-269.
41. Mullins, M.G., A. Bouquet and L.E. Williams. 1992. Biology of the grapevine Cambridge University Press: Cambridge, UK.
42. Municipalidad de Quillón. 2021. Plan de Desarrollo Comunal Quillón 2021-2027: caracterización de la comuna, recursos naturales y clima. [en línea]. https://www.quillon.cl/transparencia_municipal/municipalidad/archivos_pladeco/Pladeco%202021-2027/PLADECO%20QUILLON%2021-27.pdf. [consulta:05 enero 2025].
43. Nogales, A., E. Santos, M. Abreu, D. Arán, G. Victorino, H. Pereira and W. Viegas. 2019. Mycorrhizal inoculation differentially affects grapevine's performance in copper contaminated and non-contaminated soils. From. Plant. Sci. 9:1906.

44. Oehl, F., E. Sieverding, K. Ineichen, P. Mäder, T. Boller and A. Wiemken. 2003. Impact of land use intensity on the species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in agroecosystems of Central Europe. *Appl. Environ. Microbiol.* 69(5): 2816-2824.
45. Ocete, R., I. Armendáris, M. Cantos, D. Álvarez and R. Azcón. 2015. Ecological characterization of wild grapevine habitats focused on arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Sci. Hortic.* 185:1-9.
46. Öpik, M and J. Davison. 2024. Drivers of arbuscular mycorrhizal fungal diversity across 1000 km of Chilean vineyards. *Mycorrhiza*. doi:10.1007/s00572-024-01295-1.
47. Powell, C.L.L. and D. J. Bagyaraj. 1984. VA mycorrhiza. CRC. Press Inc. Boca Raton, USA.
48. Sánchez de Prager, M., R. Posada, D. Velásquez y M. Narváez. 2010. Metodologías básicas para el trabajo con micorrizas arbusculares y hongos formadores de micorrizas arbusculares. Universidad Nacional de Colombia. Palmira, Colombia.
49. SAG. 2020. Catastro Vitícola Nacional. Servicio Agrícola y Ganadero. Ministerio de Agricultura. Santiago. Chile.
50. Schreiner, R. P. 2005. Spatial and temporal variation of roots, arbuscular mycorrhizal fungi, and plant and soil nutrients in a mature Pinot Noir (*Vitis vinifera* L.) vineyard in Oregon, USA. *Plant Soil*, 276(1):219-234
51. Schreiner, R.P. 2020. Depth structures the community of arbuscular mycorrhizal fungi amplified from grapevine (*Vitis vinifera* L.) roots. *Mycorrhiza* 30:149–160.
52. Schreiner, R.P and K. L. Mihara. 2009. The diversity of arbuscular mycorrhizal fungi amplified from grapevine roots (*Vitis vinifera* L.) in Oregon vineyards is seasonally stable and influenced by soil and vine age. *Mycologia*, 101(5): 599-611.
53. Shannon, C.E and W. Weaver. 1949. The mathematical theory of communication. University of Illinois Press.
54. Smith, S. E and D. J. Read. 2008. Mycorrhizal symbiosis. (3a ed.). Academic Press. Amsterdam, Países Bajos.
55. Terral, J., E. Tabard, L. Bouby, S. Ivorra, T. Pastor, I. Figueiral, S. Picq, J. Chevance, C. Jung, L. Fabre, C. Tardy, M. Compan, R. Bacilieri, T. Lacombe and P. This. 2010. Evolution and history of grapevine (*Vitis vinifera*) under

- domestication: new morphometric perspectives to understand seed domestication syndrome and reveal origins of ancient European cultivars. *Ann. Bot.* 105(3):443-445.
56. This, P and P. Boccacci. 2004. Development of a common set of standard varieties and standardized method of scoring microsatellites markers for the analysis of grapevine genetic resources *Theor. Appl. Genet.* 109:1448-1458.
 57. Torres. N, C. Antolín and N. Goicoechea. 2018. Arbuscular mycorrhizal symbiosis as a promising resource for improving berry quality in grapevines under changing environments. *Front. Plant Sci.* 9:897.
 58. Trouvelot, A., J. L. Kough and V. Gianinazzi-Pearson. 1986. Mesure du taux de mycorhization VA d'un système racinaire. Recherche de méthodes d'estimation ayant une signification fonctionnelle. *Physiological and genetical aspects of mycorrhizae*.
 59. Trouvelot, S., L. Bonneau, D. Redecker, D. van Tuinen, M. Adrian and D. Wipf. 2015. Arbuscular mycorrhiza symbiosis in viticulture: a review. *Agron. Sustain. Dev.* 35:1449-1467.
 60. Tsiknia, M., V. Skiada, I. Ipsilantis, S. Vasileiadis, N. Kavroulakis, S. Genitsaris, K.K. Papadopoulou, M. Hart, J. Klironomos, D.G. Karpouzas and C. Ehalotis. 2021. Strong host-specific selection and over-dominance characterize arbuscular mycorrhizal fungal root colonizers of coastal sand dune plants of the Mediterranean region. *FEMS Microbiol. Ecol.* 97(9)
 61. Vimal, S., J. Singh, N. Arora and S. Singh. 2017. Soil-Plant-Microbe interactions in stressed agriculture management: a review. *Pedosphere* 27:177-192.
 62. Xu, P., L. Z. Liang, X. Y. Dong, J. Xu, P. K. Jiang and R. F. Shen. 2014. Response of soil phosphorus required for maximum growth of *Asparagus officinalis* L. to inoculation of arbuscular mycorrhizal fungi. *Pedosphere*, 24(6):776-782.

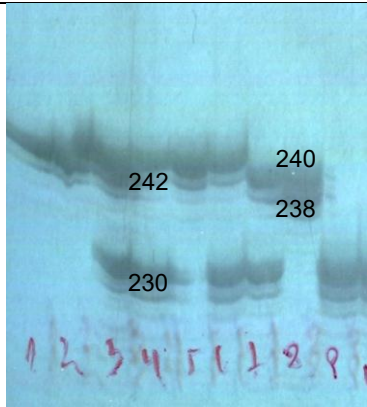
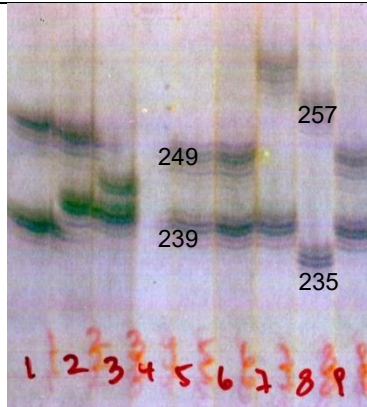
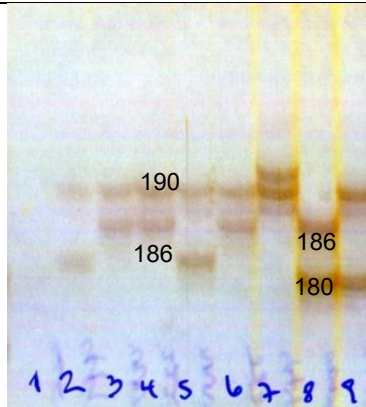
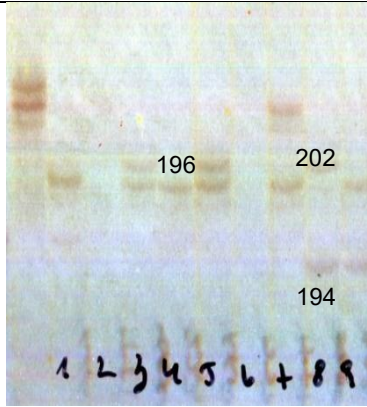
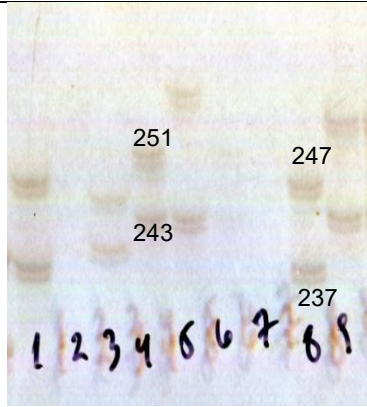
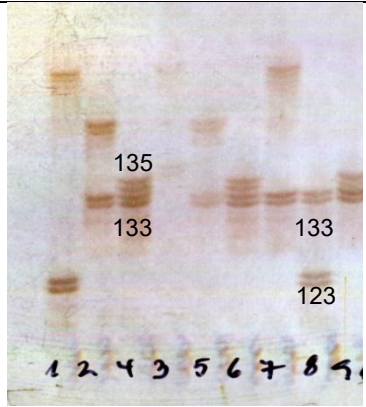
APÉNDICES

Apéndice 1. Estructuras de arbúsculos y vesículas observadas bajo microscopio óptico con objetivo 40X.



A: arbúsculos; H: Hifa in trarradical; V: Vesícula arbuscular; número 1: Iona; número 2: País

Apéndice 2. Resultados del perfil electroforético de fragmentos de ADN amplificados mediante marcadores microsatélites VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZag62, VrZag79 y VVS2, en muestras de *Vitis* spp

VVMD5	VVMD7	VVMD27
		
VrZag62	VrZag79	VVS2
		

Cada carril corresponde a una muestra individual, donde las bandas representan los alelos amplificados por PCR y separados mediante electroforesis en gel. Las diferencias en la posición de las bandas reflejan las variaciones en longitud de los fragmentos repetitivos del locus para cada microsatélite, lo que permite la identificación de especies. En este caso, País corresponde al carril 4, mientras que lona, está representada en el carril 8 del análisis.

ANEXOS

Anexo 1. Enlace web del catálogo internacional de variedades del género *Vitis* (del Inglés: VIVC - *Vitis International Variety Catalogue*). Julius Kühn-Institut: <https://www.vivc.de>

Anexo 2. Enlace web de la colección internacional de hongos micorrícicos vesículo-arbusculares (del Inglés: INVAM - International Collection of (Vesicular) Arbuscular Mycorrhizal Fungi) University of Kansas. <http://invam.wvu.edu/>

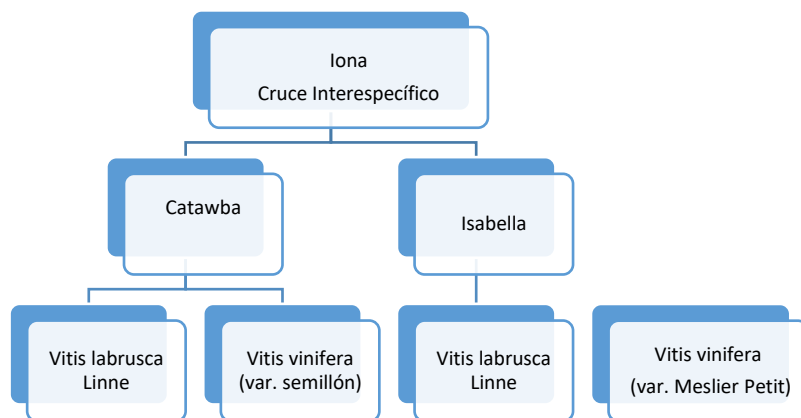
Anexo 3. Longitud de alelos en pares de bases determinados por las repeticiones de los 9 SSR, estandarizados para la identificación genética, en el genoma de diferentes variedades de vides.

Nombre principal de la especie	Código VIVC	Código INIA	Tipo	Marcadores moleculares de tipo microsatellite (SSR)								
				VVM D5	VVM D7	VVM D27	VrZa g62	VrZa g79	VVS 2	VVM D25	VVM D28	VVM D32
				Longitud de alelos en pares de bases (pb)								
País	6860	183	Vino	242-230	249-239	190-186	196-194	251-243	135-133	241-239	244-244	258-256
Iona	5543	291	Mixt	240-238	257-235	186-180	202-194	247-237	133-123	239-239	230-228	250-248
Isabella	5560	62	Mixt	240-240	249-235	184-180	204-202	247-237	151-123	249-241	236-226	272-248
Moscatel Rosado	8040	97	Mixt	230-230	249-239	182-180	204-188	255-247	149-145	249-241	268-258	272-272
Moscatel Alejandría	8241	93	Mixt	234-230	251-249	195-180	204-186	255-247	149-133	249-249	268-244	258-256

Fuente: Banco germoplasma de vides, INIA La Platina, Santiago (2023) y base de datos de plataforma “Vitis International Variety Catalogue” consulta web (2024); Abreviaciones VV y Vr indican especie de origen del marcador (*Vitis vinifera* y *Vitis riparia*); MD y Zag: indican el lugar de origen del marcador (Microsatellite from Davis y Zentrale Anstalt für Genetik); S: Sequence, indica que el microsatélite pertenece a otra serie del mismo grupo Davis; los números 5, 7, 62, 79, 2, 25, 28 y 32 indican el número secuencial del marcador.

Cada uno de estos códigos está asociado a números según la especie, que representa el tamaño en pb de ambos alelos heterocigotos presentes en los *loci* específicos, con lo cual, se pueden diferenciar individuos o variedades de la misma especie.

Anexo 4. Pedigree de la especie de cruce Interespecifico (Iona)



Fuente: Vitis International Variety Catalogue (VIVC)