

## RESUMEN

Los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) son organismos que se encuentran en la mayoría de ecosistemas, formando asociaciones mutualistas que permite la transferencia de agua y nutrientes desde el suelo a la planta. Últimamente, los análisis moleculares son usados para la caracterización y estudios de comunidades micorrízicas, donde la extracción de ADN es un punto crucial que el investigador debe realizar. Por lo general, los métodos de extracción y purificación de ADN deben ajustarse a cada especie de planta, incluso del tejido vegetal, por la variación de su consistencia y la presencia de metabolitos secundarios, que causa degradación y cizallamiento de ADN. Pero independientemente del método, se debe generar la suficiente cantidad de material genético con la pureza adecuada, que garantice la integridad física y bioquímica de la molécula para proporcionar datos que se acoplen al tipo de análisis que se realizará posteriormente. Por ende, el presente estudio describe un protocolo enfocado en el proceso de lisis celular de raíces de distinta consistencia, variando la velocidad y tiempo del homogenizador BEAD RUPTOR ELITE, para obtener alta calidad de ADN con la menor cantidad de contaminantes, necesaria para el proceso de secuenciación masiva, permitiendo la identificación de hongos micorrízicos arbusculares asociados a la raíz del árbol manzanilla de la muerte (*Hippomane mancinella*) en dos diferentes ecosistemas.

### **PALABRAS CLAVE:**

- **MICORRIZAS**
- **HOMOGENIZACIÓN**
- **DIVERSIDAD**

## **ABSTRACT**

Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are organisms found in most ecosystems, forming mutualistic associations that allow the transfer of water and nutrients from the soil to the plant. Lately, molecular analyzes are used for the characterization and studies of mycorrhizal communities, where DNA extraction is a crucial point that the researcher must carry out. In general, DNA extraction and purification methods must be tailored to each plant species, including plant tissue, due to the variation in consistency and the presence of secondary metabolites, which cause DNA degradation and shear. But regardless of the method, a sufficient amount of genetic material must be generated with adequate purity, which guarantees the physical and biochemical integrity of the molecule to provide data that is coupled with the type of analysis that will be carried out later. Therefore, the present study describes a protocol focused on the cell lysis process of roots of different consistencies, varying the speed and time of the BEAD RUPTOR ELITE homogenizer, to obtain high quality DNA with the least amount of contaminants, necessary for the process. of massive sequencing, allowing the identification of arbuscular mycorrhizal fungi associated with the root of the chamomile of death tree (*Hippomane mancinella*) in two different ecosystems.

### **KEYWORDS:**

- **MYCORRHIZES**
- **HOMOGENIZATION**
- **DIVERSITY**