

## MANEJO DE BOSQUES CON GANADERÍA INTEGRADA: IMPACTO EN LAS COMUNIDADES MICROBIANAS DEL SUELO

JUAN EDUARDO SILBERMAN<sup>1-2</sup>; ADA ALBANESI\* & DANIEL GRASSO<sup>2</sup>

Recibido: 19-03-16

Recibido con revisiones: 26-06-16

Aceptado: 26-07-16

### RESUMEN

El manejo de bosques polifíticos semicaducifolios en la Región Chaqueña que conservan la vegetación arbórea con ganadería integrada tiene como objetivo principal que las actividades ganaderas en zonas de bosques nativos sean incorporadas a la matriz productiva cumpliendo criterios de sustentabilidad ecológica, económica y social en concordancia con la ley nacional de Presupuestos Mínimos de Protección Ambiental de los Bosques Nativos N° 26.331/07. No obstante, existe poco conocimiento de la influencia del manejo en las comunidades microbianas del suelo. El objetivo fue analizar el efecto de las diferentes coberturas arbóreas en la estructura y funcionalidad de los microorganismos del suelo de un sistema silvopastoril de la Región Chaqueña en comparación al bosque nativo. El manejo de bosques con ganadería integrada en el primer año modifica las comunidades microbianas del suelo, manifestándose por la aparición de nuevos grupos microbianos con estrategias de crecimiento diferentes a las comunidades microbianas del suelo del bosque. A los cinco años de la habilitación se restablecen numerosos grupos bacterianos con una tendencia hacia el predominio de estrategias r. El contenido diferencial de carbono del suelo y la composición química de las hojas de las diferentes especies arbóreas del bosque serían factores determinantes de la composición y la diversidad metabólica de las bacterias del suelo.

**Palabras clave.** Región Chaqueña, ADN<sub>r</sub> 16S-DGGE; BIOLOG; qCO<sub>2</sub>.

### FOREST MANAGEMENT WITH INTEGRATED LIVESTOCK: IMPACT ON SOIL MICROBIAL COMMUNITIES

#### ABSTRACT

In accordance with National Law N° 26.331/07, the objective of forest management integrating cattle (low intensity roller chopping) in the Chaco region of Argentina, is to develop ecological, economic and socially sustainable systems. However, there is little knowledge about the influence of low intensity roller chopping on soil microbial communities. Our aim was to analyze the effect of different tree covers on the structure and function of soil microorganisms in a silvopastoral system from the Chaco region, habilitated by low intensity rolling system, compared with a native undisturbed forest. In the first year, forest management integrating cattle modifies soil microbial communities, demonstrated by the appearance of new microbial groups that show different growing strategies compared with forest microbial communities. Five years after the initial treatment, the microbial composition comprises bacterial groups dominated by r strategists. In addition, tree species influence the composition and function of the soil microbial community. This effect was attributed to differential soil carbon content and to different leaf chemical composition of different tree species.

**Key words.** Chaco region; 16S rDNA-DGGE; BIOLOG; qCO<sub>2</sub>.

1 Fac. Agronomía y Agroindustrias. Univ. Nac. Santiago del Estero, Argentina.

2 Instituto de Suelo. CNIA. INTA Castelar. Buenos Aires, Argentina.

\* Autor de contacto: adaalbanesi@gmail.com

## INTRODUCCIÓN

El área máxima con sistemas silvopastoriles se encuentra en Sudamérica (Kumar *et al.*, 2014). Estos sistemas fueron promovidos como una alternativa para mejorar la sustentabilidad de las prácticas agropecuarias debido a los beneficios que tiene la inclusión de árboles en sistemas agroecológicos, principalmente en el secuestro de carbono, reducción de emisiones de metano y de la presión de los desmontes sobre los bosques (Murgueitio *et al.*, 2011). En la Región Chaqueña está siendo promovido el "Manejo de bosques con ganadería integrada", ya que constituye una alternativa que permite integrar la producción con la conservación e incluir a los pobladores que habitan zonas con bosque nativo en concordancia con la ley nacional N° 26.331/07. En este sentido se diseñan sistemas silvopastoriles sobre bosques secundarios mediante la tecnología denominada rolado selectivo de baja intensidad (RBI) (Kunst *et al.*, 2014; Silberman *et al.*, 2015).

La microbiota del suelo es crítica para el mantenimiento de la función del suelo en ambientes naturales y en sistemas de producción debido a su participación en múltiples procesos claves como el ciclado de la materia orgánica y formación de la estructura del suelo. Hace medio siglo que los microbiólogos investigan el impacto de la diversidad microbiana sobre el funcionamiento del ecosistema suelo y actualmente es mayor el interés sobre la resiliencia del suelo a los disturbios (Garbeva, 2004). El enfoque para el estudio de los microorganismos del suelo ha pasado de las determinaciones bioquímicas y microbiológicas como actividades enzimáticas, biomasa microbiana y coeficientes de respiración, hacia la investigación de su diversidad a nivel de comunidad (Nannipieri & Eldor, 2009).

La amplificación por PCR del gen ARNr del ADN de suelo combinado con técnicas de huella molecular como DGGE (electroforesis en gel en gradiente desnaturizante) ha demostrado ser una herramienta muy útil, por su simplicidad y rapidez, para analizar los cambios en la estructura de la comunidad microbiana y diversidad (Tao *et al.*, 2012).

La estimación de la funcionalidad potencial usando los perfiles fisiológicos a nivel de comunidad (CLPP) ha sido reportada como una técnica sensible para detectar modificaciones debidas al manejo del suelo (San Miguel *et al.*, 2007).

Es conocido que los sistemas silvopastoriles son capaces de mejorar la calidad y la función metabólica del suelo reflejado en incrementos en la biomasa microbiana, actividades enzimáticas, respiración edáfica y biomarcadores

FAME (*Fatty acid methyl ester*) (Vallejo *et al.*, 2010; Vallejo *et al.*, 2012; Azar *et al.*, 2013; Peri *et al.*, 2015). Cubillos *et al.* (2016) reportaron que las comunidades de bacterias totales y oxidantes del amonio son diferentes entre el bosque, la pastura convencional y los sistemas silvopastoriles (SP) y que estos últimos serían una alternativa importante para restaurar los servicios ecosistémicos que ofrecen las comunidades bacterianas del suelo. También se conoce que las comunidades microbianas del suelo son muy diferentes entre los sistemas no disturbados y los cultivados (Jangid *et al.*, 2008; Lagerlöf *et al.*, 2014); y que las comunidades microbianas dependerían más de las propiedades del suelo que de las comunidades de plantas (Cubillos *et al.*, 2016). Sin embargo, la aplicabilidad de estas conclusiones es limitada a los suelos y condiciones ecológicas donde se llevaron a cabo cada uno de estos estudios (Tardy *et al.*, 2015). Por lo tanto, son necesarios nuevos estudios para mejorar el conocimiento de los patrones de diversidad microbiana del suelo y su respuesta al manejo silvopastoril.

La implementación de RBI implica la modificación de la estructura de la vegetación desde un bosque secundario lignificado a un "parque" (Kunst *et al.*, 2014) y cambios en el ingreso de carbono al suelo (Albanesi *et al.*, 2013). En este contexto, es esperable un cambio en la composición y funcionalidad de las comunidades microbianas del suelo.

Por otra parte, se reportó previamente que las especies de árboles más representativas de la Región Chaqueña (*Schinopsis lorentzii* (Griseb) Engl., *Aspidosperma quebracho blanco* Schtdl., *Ziziphus mistol* (Griseb.)) influyen de manera diferente en el contenido de carbono total y lábil del suelo (Silberman *et al.*, 2015; Anriquez *et al.*, 2016). Es por ello que se estima que estas especies tendrán influencia en la estructura y funcionalidad de las comunidades microbianas del suelo.

Los objetivos fueron: analizar el impacto del manejo de bosques con ganadería integrada mediante (RBI) y el efecto de las diferentes especies arbóreas en las comunidades microbianas del suelo.

## MATERIALES Y MÉTODOS

El trabajo se realizó en la subregión Chaco semiárido, ubicado en la E.E.A. INTA Santiago del Estero (28°3'S y 64°15'O). La vegetación es un bosque secundario con una densidad promedio de leñosas arbustivas de 1650 leñosas x ha<sup>-1</sup>, las especies dominantes son *Aspidosperma quebracho blanco* (Schl); *Schinopsis lorentzii* (Griseb), *Ziziphus mistol* (Griseb), *Prosopis nigra*

(Griseb), *Schinus* sp, *Celtis* sp, *Capparis atamisquea* (Kuntze), *Acacia furcatispina* (Burkart) y *Acacia aroma* (Gilles ex Hook & Arn.). El clima es subcontinental cálido subtropical (Morello *et al.*, 2012), la precipitación promedio anual es 550 mm x año<sup>-1</sup> (Estación meteorológica, INTA SDE) y el suelo es un Haplustol éntico; con 43% de arena (2000-53 μm), 49% de limo (53-2 μm) y 8% de arcilla (<2 μm).

Se realizó un experimento factorial en un sitio alto (170 m snm) y llano (gradiente topográfico <1,0%) con diseño completamente aleatorizado con tres tratamientos, tres coberturas y seis repeticiones.

Los tratamientos fueron: testigo bosque nativo (T) y sistema silvopastoril de un año (SP1) y cinco años (SP5), ambos habilitados mediante dos pasadas de rolo en 45° y siembra simultánea de 5,0 kg semillas ha<sup>-1</sup> de *Panicum maximum* cv *Gatton panic*.

El factor cobertura estuvo representado por suelo bajo la cobertura de *Schinopsis lorentzii* (Qc), suelo bajo cobertura de *Aspidosperma quebracho blanco* (Qb) y suelo bajo la cobertura de *Ziziphus mistol* (M). La densidad, área basal de árboles y las características del suelo fueron publicadas previamente en Silberman *et al.* (2015).

La toma de muestras se realizó a una profundidad de 0-0,15 m en marzo de 2013. En cada parcela se tomó, a lo largo de una transecta diagonal de 100 m, una muestra compuesta de cinco submuestras bajo de cada cobertura arbórea y a su vez bajo el canopeo de *Gatton panic*.

### DGGE (electroforesis en gel en gradiente desnaturalizante)

La primera PCR fue llevada a cabo con 25 ng ADN en un volumen de 50 μL conteniendo buffer PCR 1X, MgCl<sub>2</sub> 1,5 mM, dNTPs 0,2 μM de cada uno, primer fD1 (5' - AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG - 3') 0,08 μM, primer rD1 (5' - AAG GAG GTG ATC CAG CC - 3') 0,08 μM, Taq polimerasa 1,25 U. La amplificación por PCR fue realizada en *Eppendorf Mastercycler Gradient* con las siguientes condiciones: desnaturalización inicial a 95 °C durante 5 min seguido de 35 ciclos con desnaturalización a 95 °C 30 s, *annealing* 55 °C 30 s y extensión a 2 °C 2 min. Luego una extensión final a 72 °C 5 min.

Se llevó a cabo una segunda PCR con los primers F341 (5' - CGC CCG CCG CGC GCG GCG GGC GGG GCG GGG GCA CGG GGG GCC TAC GGG AGG CAG CAG - 3') y R534 (5' - ATT ACC GCG GGT GCT GG - 3') (Muyzer *et al.*, 1993; Solaiman & Marschner, 2007) para amplificar una región hipervariable de 200 bp. La segunda PCR se llevó a cabo con 25 ng de ADN de la primera PCR en un volumen de 25 μL conteniendo buffer PCR 0,8X; MgCl<sub>2</sub> 1,3 mM; F341 0,1 μM; R534 0,1 μM; Taq polimerasa 0,5 U. La reacción se llevó a cabo en *Eppendorf Mastercycler Gradient* con las siguientes condiciones: desnaturalización inicial

a 93 °C 5 min; seguido de 30 ciclos de desnaturalización a 94 °C 30 s, *annealing* 53 °C 30s, extensión a 72 °C 2 min. Finalmente una extensión a 72 °C 10 min.

La electroforesis en gel en gradiente desnaturalizante se llevó a cabo usando el sistema D-code Bio-Rad. Los productos de PCR de 200 pb fueron cargados en un gel de poliacrilamida 8% de 1 mm en TAE 1X. Se usó un gradiente (40-60%) formado con urea y formamida.

La electroforesis se llevó a cabo durante 16 h a 70 V. Los geles fueron teñidos 1 h con SYBR Safe (Invitrogen). La visualización se realizó en Gel Doc XR+ (Bio-Rad). Se realizó el análisis de los perfiles usando el software Bionumerics 6.0.

La funcionalidad de las comunidades microbianas se evaluó utilizando:

### Biolog Micro Ecoplate

Se sembraron 150 μL de la dilución 10<sup>-2</sup> (suelo: solución fisiológica 0,85%) en cada pocillo de las placas y se incubó a 28 °C. La utilización de las fuentes carbonadas se determinó por reducción del tetrazolio, un indicador redox que cambia de incoloro a púrpura. Las lecturas de absorbancia λ 590 nm se registraron cada 24 h hasta 120 h en lector de microplacas Biotek. La actividad microbiana en cada microplaca se expresó como average well-color development (AWCD) de acuerdo a:

$$AWCD = \sum \lambda 590nm i/31$$

donde λ 590 nm i es la lectura en cada pocillo corregida por la lectura del control (inoculado pero sin fuente carbonada).

Se consideraron como positivas solo aquellas lecturas con λ 590 nm mayor a 0,2

### Carbono de la biomasa microbiana

El carbono de la biomasa microbiana se determinó con el método de fumigación-extracción (Vance *et al.*, 1987) usando un kc= 0,35.

### Bacterias celulolíticas

Se realizó el recuento de UFC de bacterias celulolíticas usando el medio CMC (1-Carboximetil celulosa 10 g; K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 1,67 g; KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0,87g; NaCl 0,05g; MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O, 1g; CaCl<sub>2</sub> 0,04 g; FeCl<sub>3</sub> 0,004 g; NaMoO<sub>4</sub>·2H<sub>2</sub>O 0,005 g; biotina 0,01 g; ácido nicotínico 0,02 g; ácido pantoténico 0,01 g; NH<sub>4</sub>Cl 1 g; Agar 15 g; cicloheximida 0,7 g; agua destilada 1000 mL; pH 7) con 24 h de incubación a 30 °C.

### Respiración basal

La respiración basal se determinó con el sistema Oxitop usando el procedimiento descrito previamente por Silber-

man *et al.* (2015). El cociente metabólico (qCO<sub>2</sub>) fue calculado dividiendo la respiración basal por el correspondiente carbono de la biomasa microbiana. qCO<sub>2</sub> varía inversamente proporcional con la eficiencia con la que los microorganismos metabolizan el carbono orgánico (Chen *et al.*, 2016).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Abundancia y composición de las comunidades microbianas del suelo

La abundancia de microorganismos totales (C<sub>bm</sub>) fue menor en SP5 y las bacterias celulolíticas cultivables aumentaron (Tabla 1). Se reportó previamente que el RBI provoca un gran ingreso de material lignocelulósico al suelo (Kunst *et al.*, 2016). Este ingreso de sustrato pudo haber estimulado el crecimiento de las bacterias celulolíticas.

Adicionalmente, la biomasa microbiana y abundancia de bacterias celulolíticas cultivables fue mayor bajo la cobertura de mistol. El mayor contenido de carbono orgánico total y lábil del suelo bajo la cobertura de M, fue reportado previamente por Silberman *et al.* (2015) y Anriquez *et al.* (2016). Esto representa mayor disponibilidad de recursos nutricionales y energéticos para el crecimiento microbiano y pudo haber derivado en un incremento en la abundancia de microorganismos.

El análisis del gen ADNr 16S mostró diferencias en la estructura de las comunidades microbianas entre tratamientos (Fig. 1). Varios estudios han mostrado cambios

en la composición de las comunidades microbianas del suelo posterior a la transformación del bosque (Chen *et al.*, 2004; Burton *et al.*, 2010). Las diferencias entre el bosque y el sistema silvopastoril de un año podrían atribuirse a la calidad del residuo que ingresa al suelo. Diversos autores reportaron la relación entre la diversidad microbiana y la calidad del mantillo (Torres *et al.*, 2005; Ndaw *et al.*, 2009; Keiser *et al.*, 2012). En este estudio se considera que las diferencias entre los sistemas naturales (bosque) y antropizados (silvopastoril) radica principalmente en la susceptibilidad a la degradación de los residuos vegetales que ingresan al suelo. En nuestro estudio se considera que el material depositado en el suelo de bosque es principalmente leñoso mientras que en el sistema silvopastoril ingresa material herbáceo (pastura) con mucho menor contenido de lignina en coincidencia con lo reportado por Banegas *et al.* (2015).

Adicionalmente se detectaron diferencias entre coberturas en T y SP5. Esto podría estar relacionado con el contenido de materia orgánica (M > Qb y Qc) (Silberman *et al.*, 2015) y con la composición química de las hojas de estas tres especies (Tabla 2) que ingresan al suelo como residuos al final de la estación de crecimiento. La especie *Ziziphus mistol* presenta mayores contenidos de proteína bruta y menores contenidos de polifenoles y taninos en comparación con *Schinopsis lorentzii*. La mayor concentración de taninos presentes en Qc pudo haber tenido una incidencia directa sobre la diversidad microbiana por su efecto antibacterial (Elizondo *et al.*, 2010).

Tabla 1. Bacterias celulolíticas (BC), carbono de la biomasa microbiana (C<sub>bm</sub>), respiración basal (RB), cociente metabólico (qCO<sub>2</sub>) y AWCD para los diferentes tratamientos y coberturas del suelo. Medias con letra mayúscula común no son significativamente diferentes entre tratamiento y con letra minúscula común no son significativamente diferentes entre coberturas (p > 0,05). Referencias: T bosque nativo secundario; SP1 y SP5, sistemas silvopastoriles 1 año y 5 años respectivamente habilitados mediante dos pasadas de rolo y siembra de *Panicum maximum cv Gatton panic*. Qc, suelo bajo la cobertura de *Schinopsis lorentzii*; Qb, suelo bajo la cobertura de *Aspidosperma quebracho blanco* y M, suelo bajo la cobertura de *Ziziphus mistol*.

Table 1. Cellulolytic bacteria (BC), microbial carbon biomass (C<sub>bm</sub>); soil respiration (RB); metabolic quotient (qCO<sub>2</sub>) and AWCD for different treatment and soil cover. Average with same capital and small letter represents no differences between treatments and tree cover, respectively (p > 0.05). References: Control, native forest (T); low intensity roller chopping (RBI) after 1 year of the initial treatment (SP1), RBI after 5 years of initial treatment (SP5); mistol (M); quebracho blanco (Qb); quebracho colorado (Qc).

	BC (10 <sup>4</sup> UFC g <sup>-1</sup> )	C <sub>bm</sub> (μg C g <sup>-1</sup> )	RB (μg C-CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> 10 días <sup>-1</sup> )	qCO <sub>2</sub>	AWCD
<b>T</b>	1,9 ± 0,55 B	299,6 ± 15,7 A	210,0 ± 20,8 A	0,70 ± 0,03 B	0,59 ± 0,03 B
<b>SP1</b>	3,3 ± 0,36 A	317,2 ± 22,2 A	193,4 ± 22,7 A	0,61 ± 0,04 C	0,26 ± 0,02 C
<b>SP5</b>	3,2 ± 0,25 A	265,0 ± 22,1 B	214,6 ± 34,4 A	0,81 ± 0,04 A	0,85 ± 0,03 A
<b>M</b>	3,2 ± 0,66 a	309,0 ± 20,3 a	224,8 ± 19,9 ab	0,73 ± 0,06 a	0,76 ± 0,04 a
<b>Qb</b>	2,6 ± 0,74 b	304,8 ± 20,1 a	203,1 ± 18,9 bc	0,67 ± 0,05 a	0,48 ± 0,03 b
<b>Qc</b>	2,6 ± 0,89 b	267,9 ± 19,7 b	190,1 ± 22,4 c	0,71 ± 0,05 a	0,45 ± 0,03 b

Tabla 2. Composición química de hojas de árboles representativos del Chaco al final de la estación de crecimiento.  
Table 2. Chemical composition of mature leaves from trees Chaco dominant.

Especie	Proteína bruta (%)	Fibra detergente neutro (%)	Fibra detergente ácido (%)	Fenoles Totales (g ácido tánico/100g MS)	Taninos Totales (g ácido tánico/100g MS)
<i>Aspidosperma quebracho blanco</i>	13	38,1	28,4	sd	sd
<sup>(1)</sup> <i>Schinopsis lorentzii</i>	11,5	31,1	23,1	24,5	14,5
<sup>(1)</sup> <i>Ziziphus mistol</i>	20,2	26,6	17,8	10,1	3,6

(1) Fuente García *et al.*, 2013

220413

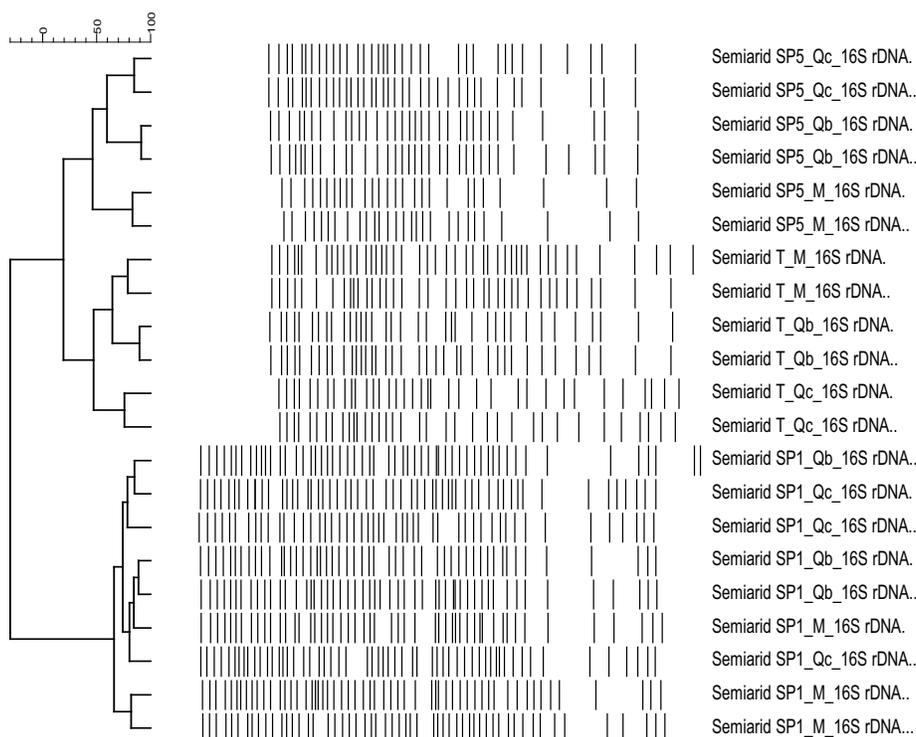


Figura 1. Dendograma construido en base a los perfiles ADNr 16S DGGE para los diferentes tratamientos y coberturas. Referencias: T bosque nativo secundario; SP1 y SP5, sistemas silvopastoriles 1 año y 5 años respectivamente habilitados mediante dos pasadas de rolo y siembra de *Panicum maximum* cv *Gatton panic*. Qc, suelo bajo la cobertura de *Schinopsis lorentzii*; Qb, suelo bajo la cobertura de *Aspidosperma quebracho blanco* y M, suelo bajo la cobertura de *Ziziphus mistol*.

Figure 1. Dendogram of 16S rDNA- DGGE for different treatment and soil cover. References: control, native forest (T); low intensity roller chopping (RBI) after 1 year of the initial treatment (SP1), RBI after 5 years of initial treatment (SP5); mistol (M); *quebracho blanco* (Qb); *quebracho Colorado* (Qc).

**Respiración basal (RB) y perfiles fisiológicos a nivel de comunidad (CLPP)**

El AWCD fue más sensible que RB para revelar una menor actividad microbiana en SP1 y un incremento en SP5 comparado con el bosque. Además se encontró que la mayor actividad microbiana global (RB y AWCD) se registró en el suelo bajo *Ziziphus mistol*.

El análisis de perfiles fisiológicos (Fig. 2) mostró que luego de un año de la intervención se detectaron los cambios en los CLPP y que éstos se restablecieron a los cinco años. El perfil se modificó en SP1 probablemente debido al cambio en las entradas de carbono al suelo. Esto podría atribuirse en primer lugar al ingreso de material lignocelulósico aplastado por el rolo proveniente de una diversidad

de arbustos con diferente composición química; en segundo lugar por el ingreso de necromasa de *Panicum maximum* cv *Gatton panic*. Estos resultados sugieren que el efecto del RBI y siembra de *Gatton panic* sobre los perfiles fisiológicos a nivel de comunidad es mayor que el efecto que generan las diferentes especies de árboles.

Los perfiles fisiológicos (Fig. 2) no mostraron un patrón asociado a las diferentes especies arbóreas. Sin embargo, el análisis de componentes principales con base en la utilización de fuentes de carbono agrupadas por naturaleza química (Fig. 3) sugiere que los perfiles fisiológicos estarían relacionados con la composición química de las hojas de las diferentes especies arbóreas. En el bosque la comunidad microbiana bajo Qc usa preferentemente

polímeros posiblemente porque esta especie tiene alta concentración de fenoles y taninos en hoja (Tabla 2). Bajo el dosel de mistol los microorganismos metabolizan preferentemente carbohidratos y aminoácidos posiblemente porque esta especie presenta menor contenido de fibra y mayor contenido de proteínas.

### Estrategias de crecimiento

Se encontraron cambios en las estrategias de crecimiento entre tratamientos. Varios autores informaron que la clasificación en estrategias r y k es demasiado simplificada pero constituye un modelo útil para analizar la dinámica de C del suelo. Este modelo considera que los estrategias r tienen un bajo rendimiento de biomasa con respecto al

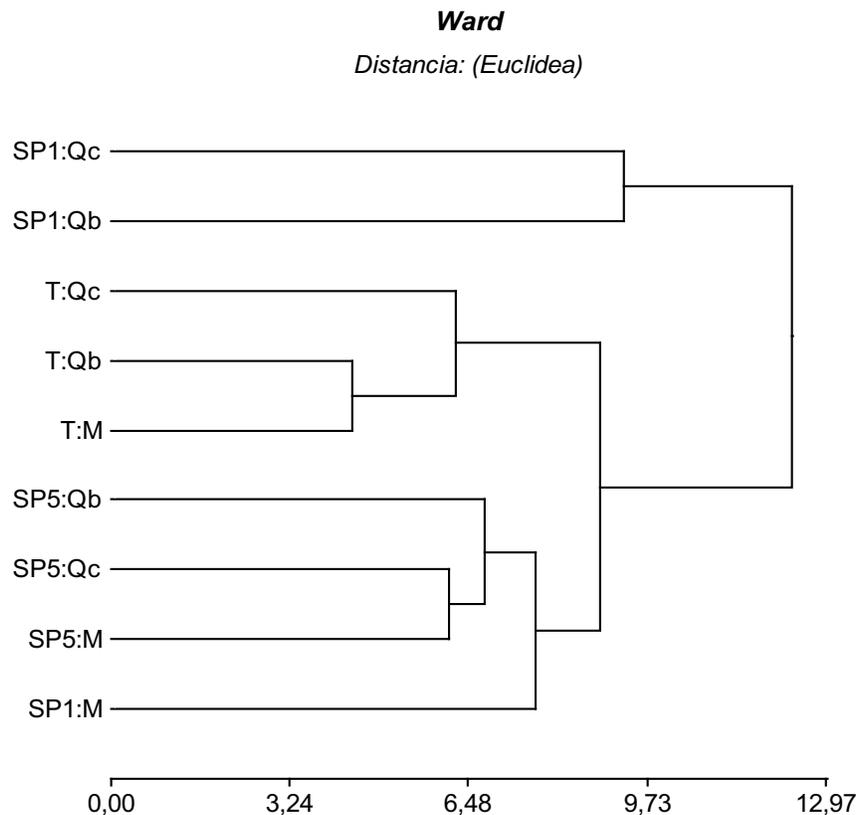


Figura 2. Dendrograma construido en base a los perfiles BILOG para los diferentes tratamientos y coberturas. Referencias: T bosque nativo secundario; SP1 y SP5, sistemas silvopastoriles 1 año y 5 años respectivamente habilitados mediante dos pasadas de rolo y siembra de *Panicum maximum* cv *Gatton panic*. Qc, suelo bajo la cobertura de *Schinopsis lorentzii*; Qb, suelo bajo la cobertura de *Aspidosperma quebracho blanco* y M, suelo bajo la cobertura de *Ziziphus mistol*.

Figure 2. Dendrogram of community level physiological profiles (BIOLOG) for different treatment and soil cover. References: control, native forest (T); low intensity roller chopping (RBI) after 1 year of the initial treatment (SP1), RBI after 5 years of initial treatment (SP5); mistol (M); *quebracho blanco* (Qb); *quebracho Colorado* (Qc).

consumo de sustrato y las estrategias k tienen un alto rendimiento de biomasa por unidad de sustrato consumido (Fierer *et al.*, 2007; Prosser *et al.*, 2007; Chen *et al.*, 2016).

El menor valor de  $qCO_2$  en SP1 comparado con T indicaría una tendencia hacia la migración a comunidades

microbianas estrategias k, probablemente debido al ingreso de gran cantidad de material orgánico con alta relación C:N en coincidencia con Fanin & Bertrand (2016). Sin embargo el mayor valor de  $qCO_2$  en SP5 comparado con T y SP1 indica limitaciones energéticas que derivan en una

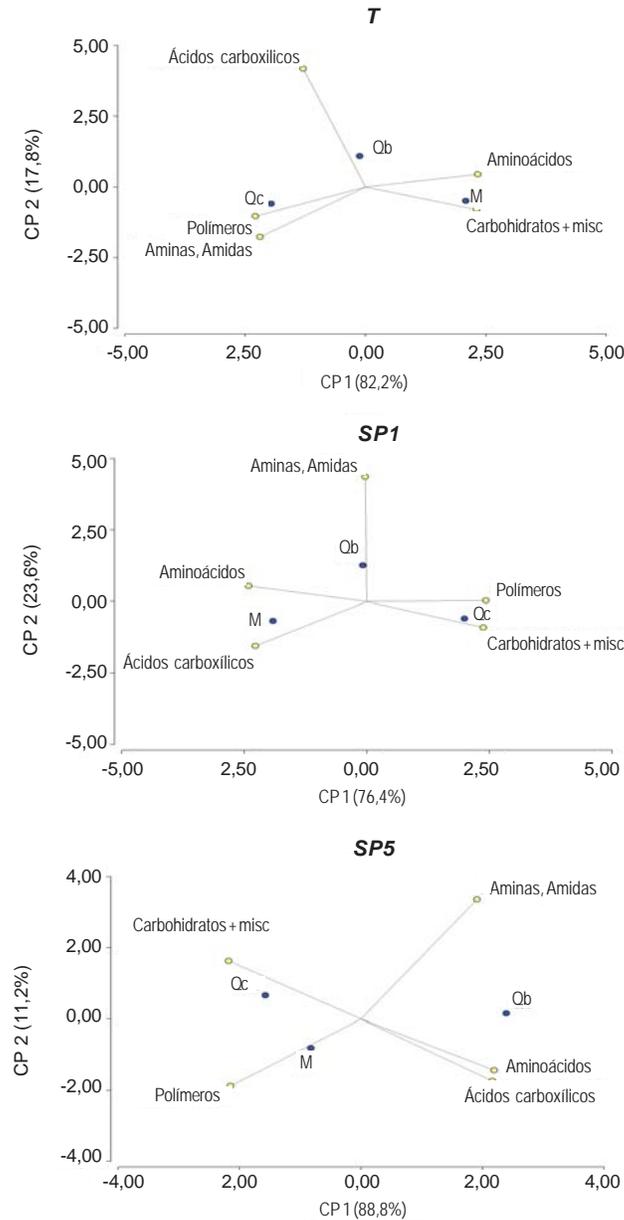


Figura 3. Análisis de componentes principales construido en base a la utilización fuentes de carbono agrupadas con naturaleza química para las diferentes coberturas dentro de cada tratamiento. Referencias: T bosque nativo secundario; SP1 y SP5, sistemas silvopastoriles 1 año y 5 años respectivamente habilitados mediante dos pasadas de rolo y siembra de *Panicum maximum* cv *Gatton panic*. Qc, suelo bajo la cobertura de *Schinopsis lorentzii*; Qb, suelo bajo la cobertura de *Aspidosperma quebracho blanco* y M, suelo bajo la cobertura de *Ziziphus mistol*.

Figure 3. Principal component analysis of different substrate grouped by chemistry nature; for different soil cover at each treatment. References: control, native forest (T); low intensity roller chopping (RBI) after 1 year of the initial treatment (SP1), RBI after 5 years of initial treatment (SP5); mistol (M); quebracho blanco (Qb); quebracho Colorado (Qc).

alta respiración para mantenerse y una baja eficiencia en el uso de carbono.

Con base en los resultados de DGGE y  $qCO_2$  se podría inferir que el manejo de bosques con ganadería integrada en el primer año modifica las comunidades microbianas del suelo. Los cambios en la composición se manifiestan por la aparición de nuevos grupos (bandas de DGGE) con estrategias de crecimiento ( $qCO_2$ ) distintas a la del bosque. Luego, a los cinco años se restablecen numerosos grupos bacterianos con una tendencia hacia el predominio de estrategias r.

## CONCLUSIONES

El manejo de bosques con ganadería integrada en el primer año de habilitación modifica las comunidades microbianas del suelo. Los cambios en la composición se manifiestan por la aparición de nuevos grupos con estrategias de crecimiento distintas a la del bosque. Luego, a los cinco años se restablecen muchos grupos bacterianos pero hay una tendencia hacia el predominio de estrategias r.

Adicionalmente el contenido diferencial de carbono del suelo y la composición química de las hojas de las diferentes especies arbóreas del Chaco sería un factor determinante de la composición y la diversidad metabólica de las bacterias del suelo.

El monitoreo de los indicadores físicos, químicos y microbiológicos continúan en proceso para arribar a conclusiones acerca del impacto del RBI a largo plazo sobre la calidad del suelo.

## AGRADECIMIENTOS

A la Ing. Patricia Hermelo y al Dr. Carlos Kunst por su colaboración en la redacción del abstract.

Este trabajo fue financiado por el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (CNI A Castelar) y el sistema de Ciencia y Técnica de la Universidad Nacional de Santiago del Estero.

## BIBLIOGRAFÍA

Albanesi, A; C Kunst; A Anriquez; J Silberman; R Ledesma; M Navall; J Dominguez Nuñez; R Duffau; R Suarez; D Werenitzky; E Raña; L Socolik; D Coria & O Coria. 2013. Rolado selectivo de baja intensidad y sistemas silvopastoriles de la Región Chaqueña. *Er: Albanesi, A; R Paz; MT Sobrero; S Helman; S Rodríguez. Hacia la construcción del desarrollo agropecuario y agroindustrial. De la FAyA al NOA. Universidad Nacional de Santiago del Estero. Ediciones Magna. 360 p*

Anriquez, A; S Arias; J Silberman; J Dominguez Nuñez; C Kunst & A Albanesi. 2016. Sistema silvopastoril habilitado por rolado de baja intensidad. impacto en glomalinas y fracciones de carbono del suelo. *Cienc. Suelo (Argentina)*. En prensa.

Azar, GS; ASF De Araújo; ME De Oliveira & DM Azevêdo. 2013. Biomassa e atividade microbiana do solo sob pastagem em sistemas de monocultura e silvipastoril. *Semin-Cienc Agrar* 34(6): 2727-2736.

Banegas, N; A Albanesi; R Pedraza & D Dos Santos. 2015. Non-linear dynamics of litter decomposition under different grazing management regimes. *Plant Soil Doi* 10.1007/s11104-015-2472-y

Burton, J; C Chen; Z Xu & H Ghadiri. 2010. Soil microbial biomass, activity and community composition in adjacent native and plantation forests of subtropical Australia. *J Soil Sediment* 10(7): 1267-1277.

Chen, GS; YS Yang; JS Xie; L Li & R Gao. 2004. Soil biological changes for a natural forest and two plantations in subtropical China. *Pedosphere* 14(3): 297-304.

Chen, Y; G Chen; D Robinson; Z Yang; J Guo; J Xie; S Fu; L Zhou & Y Yang. 2016. Large amounts of easily decomposable carbon stored in subtropical forest subsoil are associated with r-strategy-dominated soil microbes. *Soil Biol Biochem* 95: 233-242.

Cubillos, AM; VE Vallejo; Z Arbeli; W Terán; RP Dick; CH Molina; E Molina & F Roldan. 2016. Effect of the conversion of conventional pasture to intensive silvopastoral systems on edaphic bacterial and ammonia oxidizer communities in Colombia. *Eur J Soil Biol* 72: 42-50.

Elizondo, AM; EC Mercado; BC Rabinovitz & ME Fernandez-Miyakawa. 2010. Effect of tannins on the in vitro growth of *Clostridium perfringens*. *Vet Microbiol* 145 (3): 308-314.

Fanin, N & I Bertrand. 2016. Aboveground litter quality is a better predictor than belowground microbial communities when estimating carbon mineralization along a land-use gradient. *Soil Biol Biochem* 94: 48-60.

Fierer, N; MA Bradford & RB Jackson. 2007. Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology* 88(6): 1354-1364.

Garbeva, P; JA van Veen & JD van Elsas. 2004. Microbial diversity in soil: Selection of Microbial Populations by Plant and Soil Type and Implications for Disease Suppressiveness. *Annu. Rev. Phytopathol* 42(1): 243-70.

García, EM; A Juárez Sequeira; MA Nazareno & J Arroquy. 2013. Polifenoles y valoración nutricional de hojas de especies leñosas del Chaco seco. 36 Congreso Argentino de Producción animal. Corrientes.

Keiser, AD; JD Knoepp & MA Bradford. 2013. Microbial communities may modify how litter quality affects potential decomposition rates as tree species migrate. *Plant Soil Doi* 10.1007/s11104-013-1730-0

Kumar, P; RP Singh; A Kumar Singh & V Kumar. 2014. Quantification and distribution of agroforestry systems and practices at global level. *J Hortf Res SPPect* 3(1): 1-6. ISSN: 2250- 2823.

Kunst, C; M Navall; R Ledesma; J Silberman; A Anriquez A; D Coria; S Bravo; A Gómez; A Albanesi; D Grasso; J Dominguez Nuñez; A González; P Tomsic & J Godoy. 2016. Silvopastoral systems in the western Chaco región, Argentina. *In: Peri, PL, Dube, F, Varella, A (eds). Silvopastoral Systems in Southern South America. Advances in Agroforestry* 11. Springer. ISBN 978-3-319-24109-8.

- Kunst, C; S Bravo; R Ledesma; M Navall; A Anriquez; D Coria; J Silberman; A Gómez & A Albanesi. 2014. Ecology and Management of the Dry Forests and Savannas of the western Chaco region, Argentina. In: Greer (ed). Dry Forests: Ecology, Species Diversity and Sustainable Management. Nova Science Publishers. United States of America. 187p. ISBN: 978-1-63321-291-6.
- Morello, J; S Matteucci; A Rodriguez & M Silva. 2012. Ecorregiones y complejos ecosistémicos Argentinos. GEPAMA. Facultad de Arquitectura Diseño Urbanismo. Universidad de Buenos Aires. Orientación grafica editora. Buenos Aires Argentina. 753p.
- Murgueitio, E; Z Calle; F Uribe; A Calle & B Solorio. 2011. Native trees and shrubs for the productive rehabilitation of tropical cattle ranching lands. *Forest Ecol Manag* 261(10): 1654-1663.
- Muyzer, G; EC De Waal & AG Uitterlinden. 1993. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Appl Environ Microbiol* 59 (3): 695-700.
- Nannipieri, P & P Eldor. 2009. The chemical and functional characterization of soil N and its biotic components. *Soil Biol Biochem* 41(12): 2357-2369.
- Ndaw, SM; AC Gama-Rodrigues; EF Gama-Rodrigues; KR Sales & AS Rosado. 2009 Relationships between bacterial diversity, microbial biomass, and litter quality in soils under different plant covers in northern Rio de Janeiro State, Brazil. *Can J Microbiol*. 55(9):1089-95. doi: 10.1139/w09-066.
- Peri, PL; H Bahamonde & R Christiansen. 2015. Soil respiration in Patagonian semiarid grasslands under contrasting environmental and use conditions. *J Arid Environ* 119: 1-8.
- Prosser, JI; BJM Bohannan; TP Curtis; RJ Ellis; MK Firestone; RP Freckleton; JL Green; LE Green; K Killham; JJ Lennon; AM Osborn; M Solan; CJ van der Gast & JPW Young. 2007. The role of ecological theory in microbial ecology. *Nat Rev Microbiol* 5: 384-392.
- San Miguel, C; M Dulinski & RL Tate. 2007. Direct comparison of individual substrate utilization from CLPP study: A new analysis for metabolic diversity data. *Soil Biol Biochem* 39(8): 1870-1877.
- Silberman, JE; AL Anriquez; JA Dominguez Nuñez; CG Kunst & AS Albanesi. 2015. La cobertura arbórea en un sistema silvopastoril del chaco y su contribución diferencial al suelo. *Cienc Suelo (Argentina)* 33(1): 19-29.
- Solaiman, Z & P Marschner. 2007. DGGE and RISA Protocols for Microbial Community Analysis in Soil. In: A. Varma, R. Oelmüller (eds) *Soil Biology Advanced Techniques in Soil Microbiology*. Series *Soil biology* (11): 167-180. Springer-Verlag Berlin.
- Tao, S; Q Xia; L Zhu; J Chen; Y Wang & B Qin. 2012. Analysis of the Bacterial communities in Lime Concretion Black Soil upon the Incorporation of Crop Residues. *Open J Soil Sci* 2 (3): 312-319.
- Tardy, V; A Spor; M Mathieu; J Léveque; S Terrat; P Plassart; T Regnier; R Bardgett; W van der Putten; P Roggero; G Seddaiu; S Bagella; P Lemanceau; L Ranjard & P Maron. 2015. Shifts in microbial diversity through land use intensity as drivers of carbon mineralization in soil. *Soil Biol Biochem* 90: 204-213.
- Torres, PA; AB Abril & EH Bucher EH. 2005. Microbial succession in litter decomposition in the semi-arid Chaco woodland. *Soil Biol Biochem* 37(1): 49-54.
- Vallejo, VE; Z Arbeli; W Terán; N Lorenz; RP Dick & F Roldan. 2012. Effect of land management and *Prosopis juliflora* (Sw.) DC trees on soil microbial community and enzymatic activities in intensive silvopastoral systems of Colombia. *Agr Ecos Env* 150(1): 139-148.
- Vallejo, VE; F Roldan & RP Dick. 2010. Soil enzymatic activities and microbial biomass in an integrated agroforestry chronosequence compared to monoculture and a native forest of Colombia. *Biol Fert Soil* 46(6): 577-587.
- Vance ED; PC Brookes & DS Jenkinson. 1987. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biol Biochem* 19(6): 703-707.

