



V

**Congreso Argentino
de Microbiología
Agrícola y Ambiental**



Libro de Resúmenes

15, 16 y 17 de septiembre de 2021

**Modalidad Virtual
Centro de Convenciones Sergio Karakachoff de la
Universidad Nacional de La Plata, La Plata,
Argentina.**

ANÁLISIS METAGENÓMICO 16S COMPARATIVO DEL COMPOST DE DOS LECHERÍAS DE LA PROVINCIA DE CÓRDOBA

Antonela Marozzi (1)*, Juan Leandro Monge (2), Diego Sauka (3),
Cecilia Peralta (4), Leopoldo Palma (2,4).

(1) Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA), Bariloche, Argentina. (2) Universidad Nacional de Villa María (UNVM), Villa María, Argentina. (3) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), Hurlingham, Argentina. (4) Instituto Multidisciplinario de Investigación y Transferencia Agroalimentaria y Biotecnológica (IMITAB), Villa María, Argentina.

*antomarozzi@gmail.com

El compostaje permite convertir residuos orgánicos a inorgánicos asimilables para las plantas por la acción de un consorcio microbiológico de organismos mesófilos y termófilos. La identificación de sus componentes es importante para la caracterización de nuevas bacterias y enzimas termoestables que podrían aplicarse en la industria para la degradación de la biomasa. El objetivo de este trabajo es comparar la comunidad microbiana de las camas de compost (CC) de dos lecherías de la provincia de Córdoba mediante secuenciación metagenómica 16s e inferir diferencias según cada sistema de compostaje. Las dos lecherías (MB y AT) se muestrearon en julio de 2019. MB tenía 30 meses desde su inicio, piso de concreto en el área donde la vaca para a alimentarse, y una carga (CA) de 14,5 vacas/m² sobre área de la cama. La cama de compost MB se inició sobre el suelo natural, siempre ha sido laboreada con cincel en profundidad dos veces por día y sin adición de sustrato. La cama AT tenía 20 meses desde su inicio, no cuenta con piso de concreto donde la vaca se alimenta (establo 100% cama) y la carga era de 13,75 vacas/ m². AT inició con 40 cm de cáscara de maní, y luego se continuó adicionando para mantenimiento con laboreo siempre a cincel más rotocultivador a razón de dos veces por día. Se recogieron dos muestras por lechería a 30 cm de profundidad, se liofilizaron y homogeneizaron con un desintegrador universal de alta velocidad (modelo FW100). El ADN total se purificó con el kit PureLink Microbiome (ThermoFisher) y se secuenció en INDEAR (Rosario, Santa Fe). Las lecturas crudas Illumina se filtraron eliminando duplicaciones y lecturas quiméricas. El análisis metagenómico se realizó utilizando el pipeline QIIME (<http://qiime.org/>).

Las curvas de rarefacción obtenidas en los dos tratamientos alcanzaron sus asíntotas, por tanto, las unidades taxonómicas operativas (OTUs) observadas son representativas del conjunto de la diversidad bacteriana. La biodiversidad filogenética (PD) es levemente mayor en MB, aunque el índice de diversidad de Shannon indicó un 97% de similitud entre los tratamientos. Los phyla predominantes en ambos tratamientos fueron Actinobacteria, Proteobacteria y Bacteroidetes. Se observaron diferencias en los phyla Planctomicetes, (AT = 0,2% y MB = 7%), y Firmicutes, (AT entre 11 y 18% y MB 24%). Algunos géneros que podrían jugar un papel importante en la degradación de la biomasa son *Clostridium*, *Symbiobacterium*, *Thermobacter*, *Geobacillus*, *Bacillus*, *Ureibacillus*, *Theropolyspora*, *Thermobispora*, *Thermospota*. De éstos, en las muestras analizadas se identificaron *Clostridium* (aproximadamente 7% en AT y 1% en MB) y *Bacillus* que sólo se identificó en AT con una frecuencia de 1,3%. Nuestros resultados indican que hay diferencias entre los tratamientos. Si bien AT llevó un menor tiempo de compostaje se identificó una mayor frecuencia de géneros de interés y que posiblemente este tratamiento, sea más eficiente en la degradación de materia orgánica.