



XXIX Congreso Argentino de la Ciencia del Suelo

Suelos... Huellas del pasado, desafíos del futuro

San Fernando del Valle de Catamarca,
Prov. de Catamarca, Argentina
21 al 24 de mayo de 2024



¿QUÉ GRUPOS BACTERIANOS PROMUEVE EL MANEJO AGROECOLÓGICO?

Ortiz, J.*¹, Faggioli, V.S.¹, Zamora, M. S.², Baigorria, T.¹, Pegoraro, V.R.¹, Maury, M.¹, Gabbarini, L.A.³.

¹ EEA INTA Marcos Juárez; ² Chacra INTA Barrow ³ Universidad Nacional de Hurlingham.

* Ruta Provincial 12, km 3, (2580) Marcos Juárez, Prov. De Córdoba; ortiz.jimena@inta.gob.ar.

RESUMEN:

Los microorganismos son muy importantes y desempeñan funciones claves en el suelo, pero cobran mayor importancia en los sistemas de producción agroecológica u orgánica, donde de ellos depende los nutrientes disponibles para los cultivos comerciales. El objetivo del estudio fue conocer los efectos de un manejo agroecológico vs manejo convencional en la comunidad bacteriana del suelo. Este estudio se realizó en un ensayo localizado en la chacra experimental INTA Barrow, que cuenta con 16 ha donde en 8 ha se desarrolla un manejo convencional y en las 8 ha restantes se desarrolla un manejo agroecológico. Se realizó un muestreo de suelo a 0-10 cm de profundidad, se extrajo ADN genómico y se realizó secuenciación del gen 16S. Los filos bacterianos más abundantes fueron Acidobacteriota (31%), Verrucomicrobiota (19%) y Chloroflexi (15%). El manejo AE presentó una mayor abundancia relativa ($p < 0,05$) de los filos Proteobacteria y Bacteroidetes. A partir de las secuencias obtenidas se realizó el análisis de especies indicadoras Lefse, se obtuvieron 7 géneros indicadores para el manejo AE y un género indicador en el manejo CV respecto al manejo CV. En este estudio el género Chthoniobacter (taxa indicadora del manejo AE) perteneciente al filo Verrucomicrobia correlacionó positiva y significativamente con el carbono orgánico del suelo (COS). El manejo AE logró un incremento en las taxa indicadoras y dichas taxa son funcionales y correlacionaron con un parámetro clave como es el COS. Estos resultados reafirman la importancia de mejorar la biodiversidad del suelo a través de prácticas agroecológicas para mantener el funcionamiento y sus servicios.

PALABRAS CLAVE: diversidad, estiércol, comunidad microbiana.

INTRODUCCION

En comparación con la agricultura convencional, el manejo agroecológico puede promover el funcionamiento biológico del suelo principalmente al reducir los aportes externos de fertilizantes minerales y aumentar la diversidad de cultivos (Gliessman, 2012). Los microorganismos son muy importantes y desempeñan funciones claves en el suelo, pero cobran mayor importancia en los sistemas de producción agroecológica u orgánica, donde de ellos depende los nutrientes disponibles para los cultivos comerciales (Wezel et al. 2014). Sin embargo, aún no se sabe si esto es cierto después de la conversión del manejo convencional al agroecológico, especialmente si la agricultura convencional se lleva a cabo con prácticas sostenibles de rotación de cultivos y sin labranza. El objetivo del estudio fue conocer los efectos de un manejo agroecológico vs manejo convencional en la comunidad bacteriana del suelo.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó sobre un experimento establecido en el año 2011 en la chacra experimental INTA Barrow, sobre un suelo Argiudol Típico y Argiudol Petrocalcico, que cuenta con 16 ha donde en 8 ha se desarrolla un manejo convencional y en las 8 ha restantes se desarrolla un manejo agroecológico. El muestreo se realizó a la cosecha del trigo en

Organizado por:



AACCS
ASOCIACION ARGENTINA
CIENCIA DEL SUELO



UNCA
UNIVERSIDAD NACIONAL DE CATAMARCA



FCA



INTA
Instituto Nacional de
Tecnología Agropecuaria

noviembre de 2016, se recolectaron muestras de suelo de 0-10 cm de profundidad con barreno de 2,5 cm de diámetro. Partiendo de estudios previos (Aparicio et al., 2018) se seleccionaron 2 zonas de muestreo dentro del manejo AE y 2 zonas de muestreo dentro del manejo CV donde a su vez se definieron 5 puntos de muestreo y se tomaron 20 submuestras en cada uno de ellos. Las muestras fueron tamizadas en húmedo por tamiz de 2 mm y se conservaron a -20 ° C para la extracción de ADN genómico.

El ADN se extrajo utilizando el kit Powersoil DNA Isolation (MoBio Carlsbad, CA, USA) siguiendo el protocolo del fabricante. La concentración y pureza del ADN se midió con NanoDrop 8000 (ThermoFisher Scientific, Waltham, MA, USA). Se amplificó la región V4 del gen 16S rRNA con los primers 515F (Parada et al., 2016) y 806-R (Apprill et al., 2015). Los fragmentos fueron secuenciados en equipo Illumina MiSeq en el laboratorio Europeo de Biología Molecular con sede en Heidelberg (Alemania). Las secuencias crudas se cargaron a la base de datos European Nucleotide Archive (ENA) con el número de proyecto ERP116269. A partir de archivo fastq, el cual se encontraba desmultiplexado y se le habían eliminado nucleótidos no biológicos como cebadores y adaptadores, se procedió al análisis bioinformático de las secuencias siguiendo el pipeline DADA2 (1.16) (Callahan et al., 2016) en RStudio. La asignación taxonomía de los ASV se realizó utilizando la base de datos SILVA versión 138 (Quast et al. 2013).

RESULTADOS Y DISCUSION

La secuenciación del gen 16S permitió la identificación de las bacterias presentes en cada sistema de manejo, a partir de este análisis se obtuvieron un total de 1600 ASVs. Donde los filos bacterianos más abundantes fueron Acidobacteriota (31%), Verrucomicrobiota (19%) y Chloroflexi (15%), seguido de los filos Actinobacteriota, Plactomyceotota, Proteobacteria y otros (Figura 1). En la Figura 1 se detalla la abundancia relativa de los filos bacterianos por tratamiento donde se observa diferencias en las abundancias. El manejo AE presentó una mayor abundancia relativa ($p < 0,05$) de los filos Proteobacteria y Bacteroidetes, respecto al manejo CV. Similares resultados fueron reportados por Huang et al., (2023), al estudiar un manejo orgánico vs un manejo CV, a su vez se ha reportado que el filo proteobacterias correlaciona positivamente con el nitrógeno de amonio (N-NH₄) (Huang et al. 2023), lo cual estaría indicando que hay diferentes vías metabólicas del nitrógeno entre el manejo CV y AE. Bacteroidetes, por su parte es un filo ecológicamente muy importante (Wolińska et al., 2017), se considera que están especializados en la degradación de materia orgánica compleja como polisacáridos (Church, 2008). Wolińska et al., (2017) consideran a este filo como un indicador biológico sensible al uso agrícola, en dicho estudio reportaron una disminución en la abundancia relativa de bacteroidetes con el uso agrícola. Wu et al., (2021) observaron que la diversidad de cultivos incremento los contenidos de carbono orgánico del suelo y dichos tratamientos tuvieron mayor abundancia del filo bacteroidetes, similares resultados fueron observados en nuestro estudio.

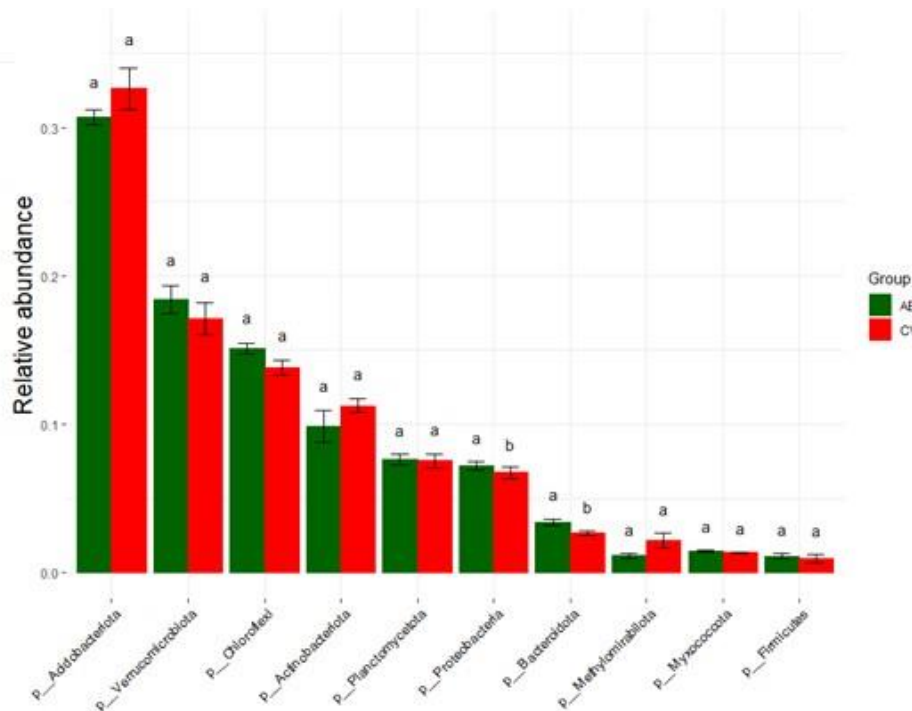


Figura 1. Abundancia relativa de los filos bacterianos más abundante en cada manejo, agroecológico (AE) y convencional (CV).

A partir de las secuencias obtenidas se realizó el análisis de especies indicadoras Lefse, se obtuvieron 7 géneros indicadores para el manejo AE y un género indicador en el manejo CV (Figura 2). Los biomarcadores se utilizan para identificar especies claves asociadas a un manejo en particular y que puedan estar dando cuenta de las vías metabólicas de los nutrientes bajo dicho manejo. En AE resultaron indicadores los generos Chthoniobacter, Acidibacter, Pseudarthrobacter, Devosia, Candidatus Nitrocosmicus, Paludibaculum y Altererythrobacter. Mientras que en el manejo CV resultó indicador los genero Angustibacter.

Chthoniobacter pertenece al filo Verrucomicrobia, y es de gran importancia ambiental particularmente en el suelo, pero es muy difícil de cultivar (Kalam et al., 2022). La cepa Chthoniobacter flavus Ellin 428 es una de las pocas bacterias de este filo que se han logrado aislar (Sanwang et al., 2004) y también correlaciona positivamente con un indicador clave como el COS (Wu et al., 2021). Sanwang et al., (2004) aislaron por primera vez esta bacteria desde suelos con pastura de raigrass y trebol. Acidibacter pertenece al filo Proteobacterias y con potencial para incrementar el pH y el COS (Falagán & Johnson, 2014; Zhang et al., 2021). Sun et al., (2021) encontraron mayor abundancia en el suelo y en la rizosfera de un cultivo de Sorgo y que estos microorganismos fueron predictores del rendimiento y contenido de proteína del cultivo. Candidatus Nitrocosmicus perteneciente al filum Nitrososphaerota, es una archaea nitrificante, oxida el amoniaco. Sim et al., (2022) estudiando el efecto de los pesticidas en la comunidad microbiana funcional relacionada al ciclo del nitrógeno observaron que los pesticidas disminuyeron significativamente a las archaeas oxidamientes del amoniaco (AOA). Paludibaculum perteneciente al filum Acidobacteriota, el cual fue asociado a valores de pH neutros, suelos sin fertilización nitrogenada y con rotación de cultivos (Behnke et al., 2021). Altererythrobacter perteneciente al filo Proteobacteria clase alphaproteobacteria. En el manejo CV se reportó únicamente el género Angustibacter perteneciente al filo Actinomycetota.

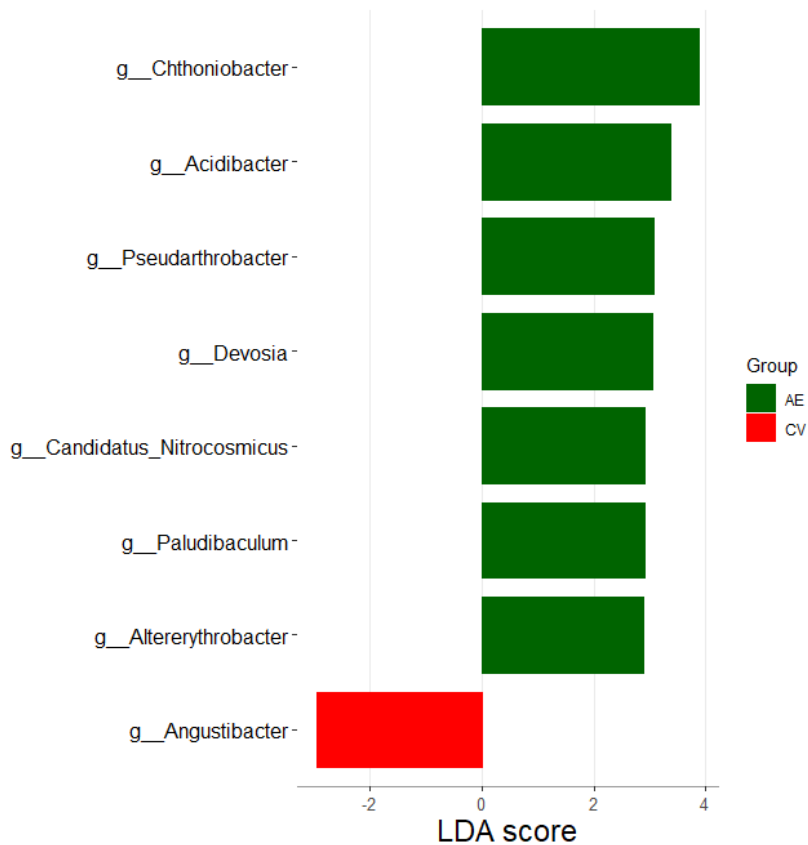


Figura 2. Análisis discriminante lineal del tamaño del efecto (LEfSe- sigla en inglés) que muestra los cambios en la microbiota bacteriana entre el manejo agroecológico (AE) y el manejo convencional (CV).

Se realizó correlación entre los géneros bacterianos que resultaron indicadores en el análisis Lefse y los parámetros edáficos medidos (químicos y microbiológicos). En este estudio el género Chthoniobacter perteneciente al filo Verrucomicribia correlacionó positiva y significativamente con el COS (Figura 3), hasta el momento se había reportado a este filo como promotor de crecimiento de las plantas, biosintetizar metabolitos secundarios y estar involucrado en el ciclo del nitrógeno (Kalam et al., 2022). Kant et al., (2011) reportaron a una especie de este género creciendo en muchos de los sacáridos que se encuentran en la biomasa vegetal por lo que es probable que esté involucrada en la transformación de compuestos de carbono orgánico en el suelo, como ha sugerido previamente Sanwang et al., (2004). El incrementar la diversidad de cultivos en el manejo AE incremento los niveles de COS, y dicho incremento aumento la diversidad funcional deseada generándose una retroalimentación positiva (Shah & Wu, 2019;Wu et al., 2021).

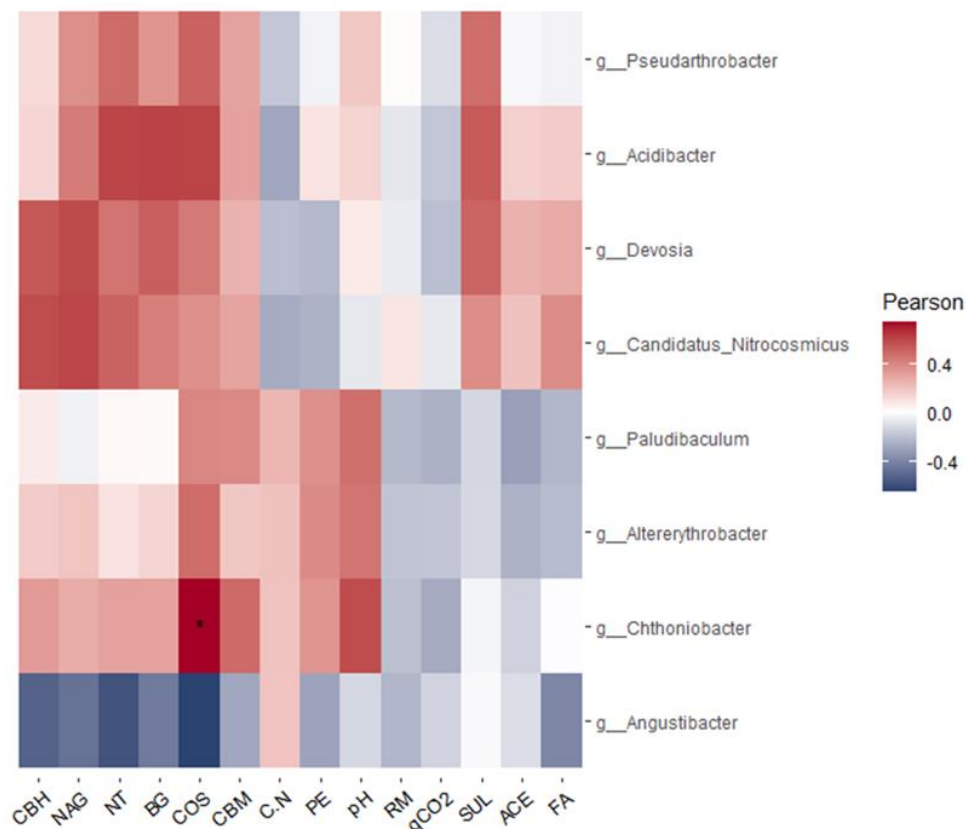


Figura 3. Mapa de calor de correlación de géneros bacterianos indicadores resultantes del análisis Lefse y propiedades de suelo. El tono de color indica la correlación entre la abundancia relativa de cada taxa y los parámetros químicos y biológicos del suelo. Muestra la correlación de Pearson entre géneros bacterianos y CBH, β -celobiohidrolasa; NAG, N-acetil- β -glucosaminidasa; NT, nitrógeno total; BG, β -glucosidasa; COS, carbono orgánico del suelo; CBM, carbono de la biomasa microbiana; C.N, relación carbono nitrógeno; PE, fósforo extractable; pH, potencial hidrogeno; RM, respiración microbiana; qCO₂, coeficiente metabólico; SUL, arilsulfatasa; ACE, acetilesterasa; FA, fosfatasa ácida.

CONCLUSIONES

Nuestros resultados indican que el manejo agroecológico logró un incremento en las taxa indicadoras y dichas taxa son funcionales y correlacionaron con un parámetro clave como es el COS. Estos resultados reafirman la importancia de mejorar la biodiversidad del suelo a través de prácticas agroecológicas para mantener el funcionamiento y sus servicios ecosistémicos.

BIBLIOGRAFIA

- Callahan, B., McMurdie, P., Rosen, M., Han, A., Johnson, A., & Holmes, S. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13, 581–583.
- Gliessman, S.R., 2012, *Agroecology: researching the ecological basis for sustainable agriculture* (Vol. 78), Springer Science and Business Media.
- Shah, F., & Wu, W. (2019). Soil and Crop Management Strategies to Ensure Higher Crop Productivity within Sustainable Environments. *Sustainability*, 11(5), 1485. <https://doi.org/10.3390/su11051485>.
- Sun, A., Jiao, X. Y., Chen, Q., Wu, A. L., Zheng, Y., Lin, Y. X., He, J. Z., & Hu, H. W. (2021). Microbial communities in crop phyllosphere and root endosphere are more resistant than soil microbiota to fertilization. *Soil Biology and Biochemistry*, 153. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108113>
- Wezel, A., Casagrande, M., Celette, F., Vian, JF., Ferrer, A., Peigné, J., 2014, Agroecological practices for sustainable agriculture, A review, *Agronomy for sustainable development*, 34(1), 1-20.

Zhang, K., Maltais-Landry, G., & Liao, H.-L. (2021). How soil biota regulate C cycling and soil C pools in diversified crop rotations. *Soil Biology and Biochemistry*, 156, 108219. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108219>.