

IMPACTO DE LA FERTILIZACIÓN A LARGO PLAZO SOBRE LA ESTRUCTURA Y FUNCIONALIDAD DE LA COMUNIDAD MICROBIANA

Ortiz, Jimena¹; Faggioli, Valeria ¹; Ghio, Hugo²; Boccolini, Monica ¹; Ioele, Juan Pablo³; Tamburrini, Pablo ⁴; García Fernando⁵ y Gudelj Vicente ¹

¹INTA EEA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; ²AAPRESID; ³Agencia de Extensión INTA Corral de Bustos; ⁴Agro servicios Pampeanos; ⁵IPNI Cono Sur, Argentina.

INTRODUCCIÓN

En cada campaña, nitrógeno (N), fósforo (P) y azufre (S) son aportados para la producción de cereales y oleaginosas. Los cultivos de mayor importancia económica en Argentina son maíz, trigo y soja que ocupan 4,25; 3,7 y 20,7 mill ha, respectivamente, con una dosis promedio de fertilizantes de 186; 131 y 46 kg ha⁻¹ (Fertilizar, 2016). Aunque la fertilización va destinada a los cultivos, también incide sobre los organismos que habitan el suelo.

OBJETIVO

El objetivo de este trabajo fue evaluar comparativamente el efecto acumulado de diferentes dosis de fertilización sobre la composición y funcionalidad de comunidades microbianas del suelo en dos profundidades (0-5 cm y 5-10 cm).

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó sobre un ensayo establecido en el año 1999, sobre un suelo Argiudol Típico de textura franco limosa perteneciente a la serie Marcos Juárez. La rotación que se sigue es maíz – trigo/soja en un diseño de franjas en campo de productor (60 m ancho por 210 m largo). Los tratamientos evaluados fueron: Testigo (sin fertilización) y tres situaciones de fertilización con NPS: Dosis de productor, Dosis de reposición y Dosis de reposición con el agregado de micronutrientes (Zn y B).

Se analizaron diferentes actividades enzimáticas (Alef & Nanipieri, 1995) nitrógeno anaeróbico potencialmente mineralizable (Nan) y las proteínas fácilmente extraíbles reactivas a Bradford, comúnmente denominadas “glomalininas” (Wright & Upadhyaya, 1999). La estructura de la comunidad microbiana se analizó mediante la técnica molecular DGGE ((Muyzer *et al.*, 1993).

RESULTADOS

Propiedades microbiológicas

Tabla 1: Actividad enzimática (FDA, fosfatasa, arilsulfatasa, ureasa), nitrógeno potencialmente mineralizable (NAN) y glomalininas en los diferentes tratamientos de fertilización a 0-5 cm y 5-10 cm de profundidad.

	FDA µg fluor g ⁻¹ h ⁻¹	Fosfatasa µgPNF g ⁻¹ h ⁻¹	Arilsulfatasa µgPNF g ⁻¹ h ⁻¹	Ureasa µg urea g ⁻¹ h ⁻¹	NAN Ppm	Glomalina ^(*) µg prot g ⁻¹
0-5 cm						
Testigo	90,0 a	768,1c	40,0 b	25,3 a	93,8 a	409,6 c
Dosis Productor	107,0 a	931,6 b	43,1 b	20,1 b	87,5 a	441,9 b
Reposición	76,2 a	1013,9 a	39,9 b	19,5 b	49,7 c	509,8 a
Repos. + micr.	112,0 a	1149,7 a	14,8 c	16,2 c	66,5 b	516,1 a
5-10 cm						
Testigo	42,2 b	505,6 d	28,1 b	13,6 d	35,7 d	375,3 c
Dosis Productor	42,6 b	553,2 d	29,8 b	10,5 d	17,5 e	392,2 c
Reposición	45,4 b	531,9 d	57,2 a	4,9 e	13,8 e	434,3 b
Repos. + micr.	39,4 b	556,9 d	41,2 b	11,8 d	15,6 e	385,0 c
MLGM						
Fertilización	0,32	<0,01	0,02	<0,01	<0,01	<0,01
Profundidad	<0,01	<0,01	0,29	<0,01	<0,01	<0,01
Fert.*Prof.	0,10	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01

(*) Corresponde a compuestos proteicos reactivos a Bradford.

Letras diferentes en cada columna indican diferencias estadísticas significativas según MLGM y test DGC de Fert.

* Prof., excepto para FDA que se demuestra la diferencia ocasionada por la profundidad.

Estructura de la comunidad microbiana

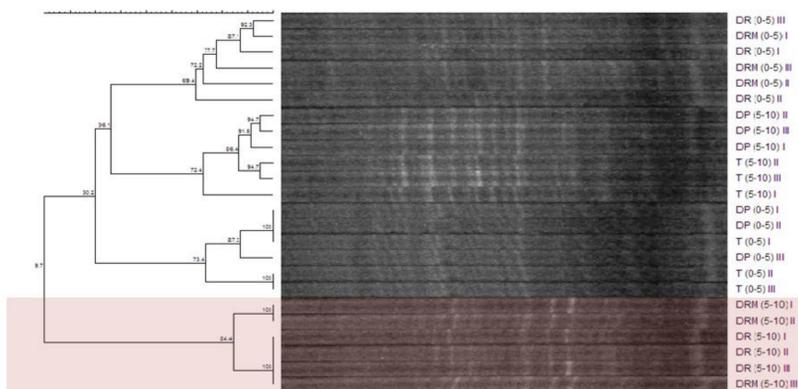


Figura 1: Conglomerados según Dice y UPGMA en base a DGGE de amplicones 16S rDNA (Muyzer *et al.*, 1993). T: Testigo, DP: Dosis de productor, DR: Dosis de reposición, DRM: DR + micronutrientes; (0-5) y (5-10) indican las profundidades (cm). I, II y III: Repeticiones de cada tratamiento. Se presenta sombreado el cluster que se separó del resto de los tratamientos.

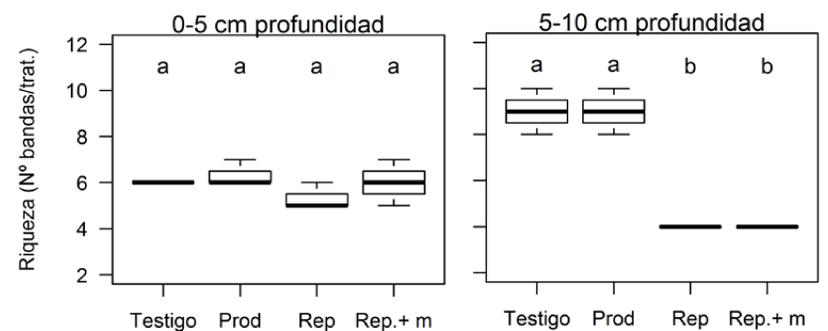


Figura 2: Riqueza de especies (número de bandas) obtenidas mediante amplificación de gen 16S rDNA y DGGE (Muyzer *et al.*, 1993) a partir de muestras de suelo con diferentes tratamientos de fertilización: Testigo: sin fertilización, Prod: Dosis de productor, Rep: Dosis de reposición, Rep.+m: Dosis de reposición más micronutrientes. A la izquierda 0-5 cm de profundidad y a la derecha 5-10 cm. Letras diferentes indican diferencias estadísticas significativas entre tratamientos de la misma profundidad (MLGM, Test DGC 5%).

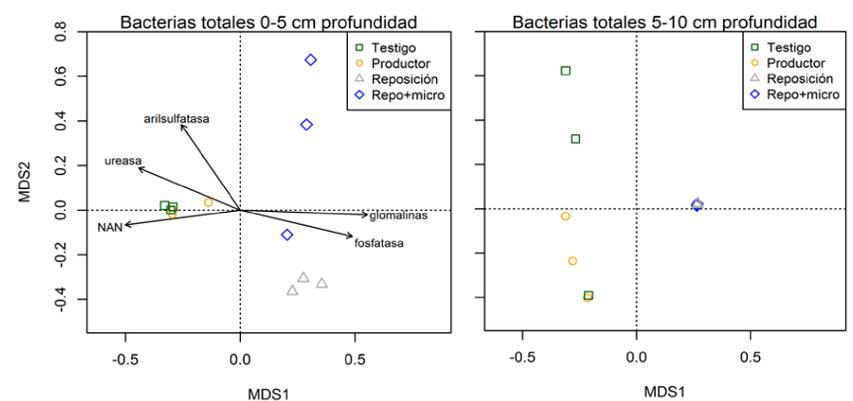


Figura 3: Análisis de composición de comunidades bacterianas (PCO) obtenidas mediante amplificación de gen 16S rDNA y DGGE (Muyzer *et al.*, 1993) a partir de muestras de suelo con diferentes tratamientos de fertilización: Testigo: sin fertilización, Productor: Dosis de productor, Reposición: Dosis de reposición, Repo+micro: Dosis de reposición más micronutrientes. A la izquierda 0-5 cm de profundidad y a la derecha 5-10 cm. Los vectores representan correlaciones lineales estadísticamente significativas ($p < 0.05$) entre las comunidades bacterianas y actividad enzimática, NAN y glomalininas. La dirección del vector indica el sentido del gradiente y su longitud representa la significancia estadística. Nótese que de 5-10cm no se detectaron correlaciones significativas y por eso no están representados gráficamente.

CONCLUSIÓN

Los microorganismos desempeñan funciones vitales en el suelo relacionadas a la dinámica de la materia orgánica y los nutrientes. La fertilización a largo plazo genera cambios en el suelo que impactan directamente en la comunidad microbiana. En este estudio se observó que dichos efectos se manifiestan de diferentes maneras según la distancia desde la superficie. Mientras que en los primeros 5 cm los tratamientos de fertilización afectaron principalmente las funciones medidas a través de la actividad enzimática, NAN y glomalininas; a mayor profundidad el impacto de sucesivos ciclos de fertilización se tradujo en una drástica reducción del número de especies y diversidad de la comunidad bacteriana. Conocer las consecuencias de la fertilización sobre un componente vital del suelo como son los microorganismos constituye una valiosa herramienta al momento de tomar decisiones tendientes a alcanzar una producción sustentable.