

### **Cambios en la estructura del gen NirK y en variables edáficas como consecuencia de la historia de uso de la tierra en Lajitas (Salta)**

Behrends Kraemer, Filipe<sup>1,4</sup>; Montecchia, Marcela S.<sup>2,4</sup>; Fernández, Patricia L.<sup>3</sup>; Correa, Olga S.<sup>2</sup>; Chagas, Celio I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Cátedra de Manejo y Conservación de Suelos, <sup>2</sup>Microbiología, <sup>3</sup>Fertilidad y Fertilizantes de la Facultad de Agronomía Universidad de Buenos Aires. <sup>4</sup>CONICET

\*E-mail: filipebk@agro.uba.ar

**Introducción:** En Argentina, se ha registrado una intensificación y expansión de la producción primaria a menudo con incremento de monocultivos a expensas de las tierras de bosques (-18,4%) y de pastizales-pasturas (-6,8%). Esto ha ocurrido principalmente en tierras frágiles y de alta biodiversidad. Los efectos de dicha intensificación sobre los servicios ambientales pueden ser determinados, en parte, a partir de cambios en la estructura microbiana. En particular, la estructura de genes funcionales como el NirK ha sido utilizada para estudiar alteraciones de servicios ambientales como la emisión de gases de efecto invernadero. La estructura de estos genes puede modificarse con el tipo de laboreo, el momento del ciclo agronómico, así como por manejos con distinta intensidad agrícola. Por otro lado, aquellas variables que afectan la estructura y estabilidad física de los hábitats biológicos son reconocidas como fuertes determinantes de la dinámica microbiana. No obstante, la magnitud del efecto de los factores edáficos, de manejo y de la historia de uso de la tierra sobre la estructura microbiana, aún no es clara y se hipotetiza que es dependiente de cada sistema.

**Materiales y métodos:** Los suelos evaluados se ubican en Lajitas (prov. de Salta) cuya rotación es 1 año de maíz cada 3 años de soja. El diseño es un factorial: momentos de la secuencia: después de 1 año maíz y 1, 2, 3 años de soja; historias de uso: i) lotes con larga historia de uso agrícola (>30 años de agricultura y ii) corta historia de uso agrícola (años de agricultura=13). Se determinó el carbono orgánico total (COT), hidrofobicidad (H), estabilidad estructural (EE) con los pretratamientos de inmersión rápida ( $E_{rap}$ ) y muy rápida ( $E_{muy rap}$ ), lenta ( $E_{lenta}$ ) y disrupción mecánica ( $E_{mec}$ ), pH, conductividad eléctrica (CE) y granulometría. Se evaluaron dos estructuras de comunidades microbianas: a) asociada a los genes ribosomales 16S (16S rADN); b) asociada al gen nirK. La caracterización de la estructura genética de la población se realizó mediante el análisis por DGGE de los amplificadores por PCR a partir del ADN total de suelo.

**Resultados:** La historia de uso de la tierra fue el factor más importante para interpretar las modificaciones en las variables físicas y químicas y en la estructura de las comunidades microbianas asociadas al gen NirK. El factor momento de la secuencia no presentó efectos importantes sobre dichas variables. Similar a lo encontrado por otros autores, se observó una importante heterogeneidad edáfica en la zona bajo estudio. El tratamiento con < años agrícola, presentó mayores valores de COT y de arcilla ( $P < 0,05$ ) indicando el rol de las arcillas en el secuestro de carbono asociado a un menor grado de erosión. En este tratamiento, también se observó una tendencia hacia mayores valores de H y EE. No obstante, se registraron valores muy bajos de EE en todos los tratamientos analizados indicando una elevada fragilidad de los mismos. En tratamientos con larga historia agrícola, la EE corregida por el contenido de arcilla (EE promedio,  $E_{rap}$  y  $E_{muy rap}$ ) fue menor con el incremento de años de soja. La estructura genética asociada al gen 16S no presentó ningún agrupamiento particular mientras que NirK agrupó los lotes según su historia de uso con agrupamientos secundarios según el momento de la secuencia. En el tratamiento con < historia agrícola, 1 año de soja presentó una alta disimilitud debido a valores elevados de pH y CE. La estructura de NirK se asoció con variables edáficas como el COT, pH, granulometría y EE. Sin embargo, los determinantes de algunos agrupamientos según el momento de la secuencia restan por dilucidar.

**Conclusiones:** Los cambios en la historia de uso de la tierra de largo plazo (13 vs > 30 años de agricultura) y de mediano plazo (años de una rotación con maíz y soja) incidieron significativamente en las propiedades edáficas así como en la estructura del gen NirK pero no así del gen 16S. El nivel de erosión hídrica sufrido hasta el presente por los tratamientos podría justificar estudios más detallados en ese sentido dada su incidencia sobre propiedades clave como el contenido de arcillas y materia orgánica y sobre la estructura de las comunidades microbianas. Por otro lado, se está evaluando la mineralogía de arcillas y arenas correspondiente a los distintos tratamientos para poder interpretar el efecto de la importante heterogeneidad edáfica sobre los cambios en las estructuras genéticas.