

## DIVERSIDAD DE COMUNIDADES MICROBIANAS EN ROTACIONES ARROCERAS.

Sebastián Martínez, Fernando Escalante.

INIA Treinta y Tres, Laboratorio de Patología Vegetal, Ruta 8 Km 281, 33000 Treinta y Tres, Uruguay.  
smartinez@inia.org.uy.

*Keywords: bacterias, hongos, suelo.*

**Introducción.** La producción de arroz en Uruguay se ha basado históricamente en la rotación de este cultivo con pasturas conformadas por mezclas de gramíneas y leguminosas (Sistema arroz-pasturas). La demanda creciente por alimentos y la oportunidad comercial de los últimos años ha provocado que este sistema cambie su estructura hacia sistemas más intensificados en el uso de suelo. Esta intensificación ocurre mediante el acortamiento de la fase de pastura, un mayor tiempo de cultivo con arroz, o la incorporación de nuevos cultivos en el sistema. La incorporación de nuevas rotaciones más intensas, con los cambios asociados en el manejo del cultivo, puede impactar negativamente la sostenibilidad biológica y económica del sistema. Los cambios asociados al manejo del suelo pueden afectar a las comunidades de microorganismos, tanto en composición como en funcionalidad. Como los microorganismos cumplen roles clave en el reciclaje de nutrientes y la funcionalidad del suelo, es de suma importancia conocer los impactos que puedan sufrir.

Así, el objetivo de este trabajo fue evaluar el impacto de la intensificación agrícola en sistemas arroceros sobre la diversidad de los microorganismos del suelo luego de un ciclo completo de rotación.

**Métodos.** Para el estudio se muestrearon parcelas del Experimento de Largo Plazo de rotaciones de arroz de Paso de la Laguna, Uruguay, establecido en 2012 (Tabla 1). Se muestreó al inicio de la segunda fase de rotación en 2018. Las rotaciones muestreadas fueron: Arroz Continuo (ACont), Arroz Cultivos (ACult, después de sorgo), Arroz Pastura Corta (APC), Arroz Pastura y Cultivos (APCult, después de pastura de 2 años), y Arroz Soja (AS). Además, se muestrearon dos fases de Arroz Pastura (AP, después de pastura, y AP2, después de arroz) como testigos (Tabla 1). Se obtuvieron 20 muestras de suelo (0-20 cm) mediante calador y cada muestra se combinó conservando dos fracciones, para extracción de ADN (-20°C) y análisis químico (4°C). El ADN obtenido fue amplificado para los marcadores 16S (bacterias) y 18S (hongos), y procesado para secuenciación masiva mediante Illumina NovaSeq 6000 (CD Genomics Inc.).

**Resultados y discusión.** El análisis químico de suelos mostró diferencias en el contenido de P ( $P=0,0162$ ) y la relación C:N ( $P=0,0415$ ) para las rotaciones. No se encontraron diferencias para C, K, Mg, N, MO% y pH (no mostrado).

Se encontraron 3662 y 807 OTUs para las comunidades de bacterias y hongos, respectivamente. Actinobacteria, Firmicutes, y Proteobacteria fueron los phyla más abundantes en bacterias, pero solo Proteobacteria fue diferente ( $F=3,6504$ ,  $P=0,0215$ ) y más abundante después de arroz (ACont y RP2). Se encontraron diferencias en el número de OTUs de bacterias entre rotaciones ( $F=3,13$ ,  $P=0,0438$ ), con ACont y ACult diferentes de otras rotaciones. Sin embargo, la rotación AP (dos fases) no se diferenció de otras rotaciones. El análisis de ordenación (NMDS) y un análisis de varianza multivariado (PERMANOVA) indicó un efecto de la rotación en el ensamble de la comunidad ( $\text{stress}=0,196$ ;  $F=1,548$ ;  $P=0,0012$ ). Existen tres comunidades agrupadas de acuerdo con el porcentaje de tiempo con arroz en la rotación.

Tabla 1. Esquema general del experimento, rotaciones y cultivos. En **negrita las fases de arroz estudiadas.**

	Fases en la rotación					
	1	2	3	4	5	6
ACont	<b>Arroz</b>					
ACult	<b>Arroz</b>	Soja	Arroz	Sorgo		
APC	<b>Arroz</b>	Past.				
AP	<b>Arroz</b>	<b>Arroz</b>	Past.	Past.	Past.	
APCult	<b>Arroz</b>	Soja	Soja	Arroz	Past.	Past.
AS	<b>Arroz</b>	Soja				

Ascomycota, Basidiomycota y Mucoromycota fueron los phyla de hongos más abundantes. No se encontraron diferencias entre rotaciones en abundancia de estos. El NMDS y PERMANOVA indicaron un efecto de la rotación en las comunidades fúngicas ( $\text{stress}=0,16$ ;  $F=1,635$ ;  $P=0,0051$ ). Existen tres comunidades delineadas de acuerdo con el antecesor en la rotación: soja/sorgo (ACult y AS), arroz (Acont y AP2) y pasturas (APC, AP y APCult). Esto indica la importancia del recurso previo como sustrato para la comunidad de hongos encontrada.

**Conclusiones.** Luego de un ciclo completo de rotación del experimento de intensificación no se encontraron cambios de mayor impacto en las comunidades microbianas, hongos y bacterias, del suelo. Algunos de los parámetros del suelo no variaron y de esta forma no afectaron en mayor medida sobre la diversidad microbiana. Se encontró que las comunidades fueron direccionadas por diferentes factores.

**Agradecimientos.** Financiación Proyecto INIA AZ\_40.