

COMPOSICIÓN Y ABUNDANCIA DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS DE CAMPO NATURAL ASOCIADAS AL CONTENIDO Y MECANISMO DE RETENCIÓN DEL FÓSFORO

Silvia Garaycochea^{1,2}, Elena Beyhaut¹, Nora Altier¹

1. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria
2. Estudiante de Doctorado en Ciencias Agrarias, Facultad de Agronomía, UdelaR

Los microorganismos del suelo son parte integral del ciclo del fósforo (P), mediando la disponibilidad de este elemento para las plantas. Se prevé que en dos décadas, las fuentes de P de alta calidad sean un recurso restrictivo. América del Sur importa más de 70% del P necesario para la actividad agrícola; esto justifica el desarrollo de sistemas de producción más eficientes en el uso de P, siendo los microorganismos una estrategia atractiva para tal propósito. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar la diversidad estructural de las comunidades microbianas asociadas a la dinámica del P en suelos de Uruguay utilizando tecnología de secuenciación masiva. Para ello se seleccionaron 5 unidades de suelo bajo campo natural; cada sitio fue caracterizado por sus propiedades físicas y químicas. Se observó un amplio rango en el contenido de P total, desde 150 ppm en los suelos más pobres (luvisoles sobre areniscas triásicas) hasta 700 ppm (brunsoles sobre limos terciarios). En el contenido de P disponible, independiente del contenido de P total del suelo, se observó un rango más reducido, de 1 a 40 ppm. El porcentaje en el contenido de P orgánico varió entre 49 - 67% del P total del suelo, indicando la importancia de la fracción de origen orgánico en los suelos seleccionados. El uso de técnicas de secuenciación masiva del fragmento 16S rRNA nos permitió describir las comunidades de microorganismos de cada uno de los sitios. QIIME v 1.9.1 fue utilizado para la obtención de las unidades taxonómicas operativas (OTU), con un 97% de identidad para su anotación taxonómica. Acidobacteria, firmicutes, bacteroidetes y chloroflexi fueron los phyla dominantes en todos los sitios. La comparación de las comunidades microbianas (diversidad beta) usándose realizó utilizando el método de UniFrac. El agrupamiento obtenido explica el 70 % de la variabilidad en las comunidades bacterianas de cada sitio. Los perfiles obtenidos dan cuenta de que la estructura de las comunidades bacterianas estudiadas estaría influenciada por las características de cada suelo.