

Dinámica y diversidad de microorganismos reductores de óxido nitroso en suelos de diferentes sistemas de intensificación agrícola

Lucía Ferrando¹, Cecilia Ghiazza¹, Patricia Dini¹

1-Laboratorio de Ecología Medioambiental, DEP BIO, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay
luciaf@fq.edu.uy

La desnitrificación es la reducción microbiológica de nitrato a nitrito y luego a productos gaseosos, N₂O y N₂. Ocurre bajo condiciones predominantemente anóxicas cuando bacterias anaerobias facultativas usan en la respiración, en lugar de oxígeno, nitrato o nitrito como aceptor final de electrones. Este proceso respiratorio involucra cuatro reacciones catalizadas por cuatro enzimas: Nar: NO₃⁻ reductasa desasimilatoria, Nir: NO₂⁻ reductasa, Nor: NO reductasa y Nos: N₂O reductasa. El producto final de la desnitrificación es N₂, pero en algunas circunstancias la reducción es incompleta y puede acumularse N₂O. Como el N₂O es un intermediario en la desnitrificación, puede producirse y consumirse simultáneamente, y el balance entre ambos procesos determina su emisión desde el suelo. La Agricultura es la principal fuente de emisiones terrestres de N₂O, potente Gas de Efecto Invernadero (GEI) y principal causa de disminución de la capa de ozono. La reducción de N₂O a N₂ por microorganismos que presentan N₂O-reductasas es el único proceso biológico conocido que elimina este gas. Recientemente se han encontrado bacterias y archaeas no-desnitrificantes, que poseen una enzima NosZ (subunidad de la N₂O-reductasa) atípica o de tipo II. Estudios recientes muestran que este clado desconocido de reductores de N₂O (clado *nosZII*) se relaciona con la capacidad del suelo para actuar como sumidero de N₂O, lo cual abre nuevos horizontes en el desarrollo de estrategias de mitigación de emisiones de este gas. Se ha visto que este grupo microbiano podría explicar alrededor del 26% de la relación de productos finales obtenidos de la desnitrificación en suelos agrícolas, lo cual resalta la importancia de entender la ecología de este nuevo grupo de reductores de N₂O. En este trabajo se estudió la dinámica y diversidad de la comunidad de microorganismos reductores de N₂O que presentan N₂O reductasas típicas y atípicas (codificadas por los genes *nosZI* y *nosZII*, respectivamente), en suelos provenientes de diferentes sistemas de intensificación agrícola (rotación tradicional arroz/pastura, rotación arroz intensivo y rotación arroz/soja). Se realizó el seguimiento en tres momentos del ciclo anual: diciembre, febrero y julio. Se determinó la abundancia y diversidad de genes *nosZI* mediante herramientas moleculares, PCR en tiempo real y T-RFLP, respectivamente. Además, se optimizaron estas herramientas para estudiar el nuevo grupo de microorganismos reductores de N₂O (genes *nosZII*). Ambos genes fueron detectados en todos los suelos y momentos de muestreo, sin embargo, las comunidades *nosZII* representaron un mayor porcentaje del total de genes *nosZ* que las comunidades *nosZI*, en todos los casos (60 a 82% vs. 18 a 39%). De acuerdo con el análisis de agrupamiento realizado sobre resultados de T-RFLP, las comunidades de ambos tipos de microorganismos reductores de N₂O se agrupan principalmente según el momento de muestreo. Sin embargo, las comunidades *nosZII* resultaron mucho más similares entre sí (similitudes mayores a 78% para la mayoría de los casos) que las comunidades *nosZI*. En particular, las comunidades *nosZI* de julio resultaron más divergentes (aprox 45% similitud). Este trabajo contribuyó al conocimiento de un grupo de microorganismos de gran relevancia ambiental, y permitió desarrollar herramientas para su estudio.

Los autores agradecen a ANII, PEDECIBA Química y CSIC.