

Abundancia y diversidad de comunidades de bacterias fijadoras de nitrógeno asociadas a plantas de arroz de diferentes sistemas de intensificación agrícola

Cecilia Ghiazza, Lucía Ferrando

Laboratorio de Ecología Microbiana Medioambiental, Departamento Biociencias, Facultad de Química, UdelaR, Montevideo, Uruguay.

cghiazza@fq.edu.uy

El nitrógeno es un elemento esencial en el desarrollo de las plantas y es generalmente el principal factor limitante del crecimiento de las mismas por su participación en procesos metabólicos vitales y su rol de bloque de construcción de diversos componentes celulares [1]. A pesar de que se encuentra en altas concentraciones en la atmósfera, las plantas no pueden acceder directamente a él. Sólo algunos procariontes, llamados diazótrofos, son capaces de utilizar el nitrógeno atmosférico a través de un proceso conocido como fijación biológica de nitrógeno, que consiste en la reducción del N₂ atmosférico a NH₃, una forma asimilable por las plantas. La capacidad de fijación de nitrógeno está ampliamente extendida entre los taxones procariontes incluyendo, bacterias y arqueas muy diversas [2]. Sin embargo, pese a las diferencias en la morfología y fisiología de todos ellos, el proceso de fijación y el complejo enzimático nitrogenasa que lo lleva a cabo es altamente conservado. La subunidad nitrogenasa reductasa está codificada por el gen *nifH*, el cual se ha convertido en el gen de preferencia para caracterizar aspectos de la diversidad y ecología de estos microorganismos mediante técnicas de biología molecular en diversos ecosistemas [3]. El objetivo de este trabajo es el estudio de la abundancia y dinámica de la comunidad de bacterias fijadoras de nitrógeno presentes en rizósfera y raíces de arroz de distintos sistemas de intensificación agrícola en una etapa seca (aerobiosis) y una etapa inundada (anaerobiosis) del cultivo. Para ello, se determinó la abundancia del gen *nifH* mediante PCR en tiempo real (qPCR) y se evaluó la diversidad de las comunidades diazótroficas utilizando la técnica de Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP).

Los resultados muestran diferencias significativas en la abundancia de genes *nifH* entre muestras de rizósfera y raíces de arroz, así como entre etapas de muestreo, pero no entre los distintos sistemas de intensificación arroceros. La mayor abundancia de las bacterias fijadoras de nitrógeno se observó en rizósfera en la etapa inundada del cultivo. Por otro lado, la diversidad bacteriana parece verse afectada sólo por el tipo de material: las comunidades diazótroficas establecidas en raíces presentan mayor similitud entre sí que aquellas de rizósfera.

[1] Banik A., Mukhopadhyaya SK., Dangar TK. *Planta*, 3, 799-812. [2] Zehr JP, Jenkins BD, Short SM, Steward GF. *Environ Microbiol* 2003, 5, 539-554. [3] Gaby JC, Buckley DH. *PLoS One* 2012, 7, 1-12.