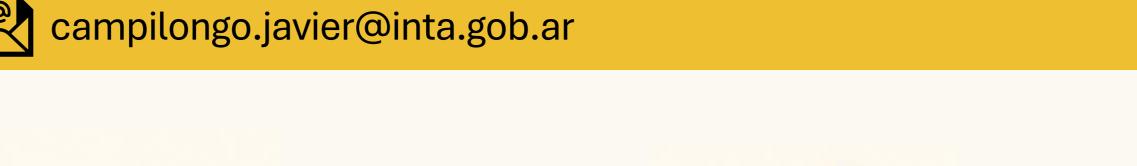


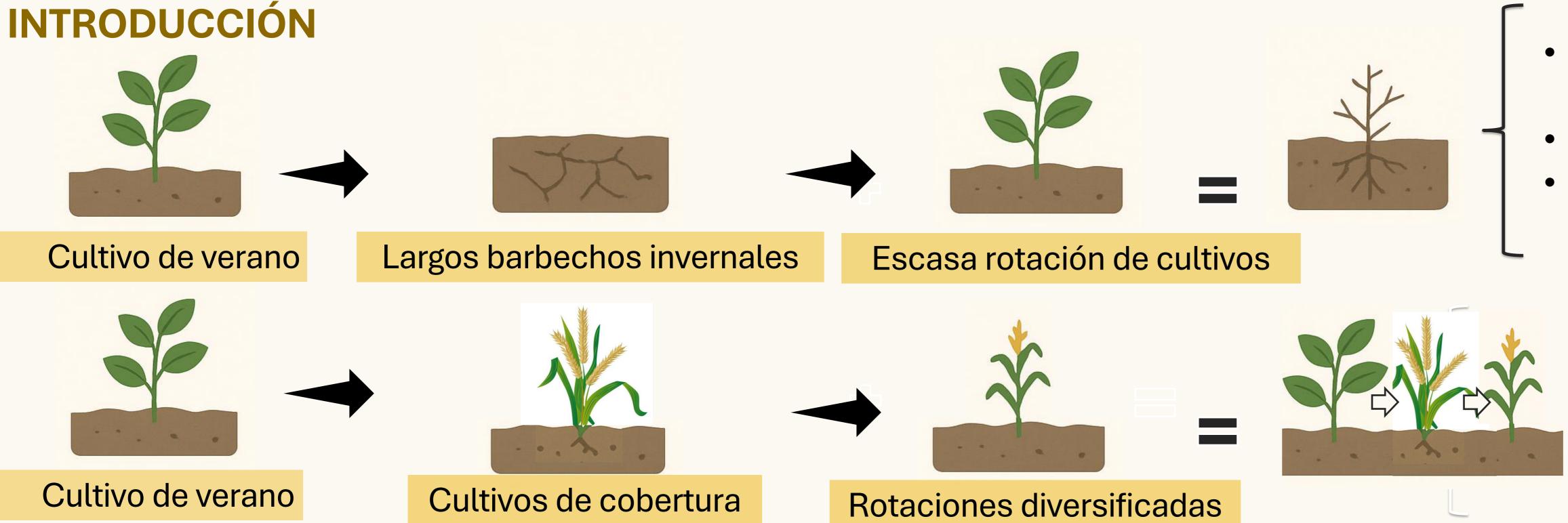
## CULTIVOS QUE DEJAN HUELLA: EL CENTENO IMPULSA LA BIOMASA MICROBIANA EN SUELOS CON MANÍ



Ernesto Javier Campilongo · Dannae Serri · Nelson Bernardi Lima · Maria Quiroga · Juan Paredes · Alejandro Rago · Juan Manuel Meriles · Silvina Vargas Gil







- Degradación del suelo: perdida MO, compactación
- Pérdida de biodiversidad
- Alteración de comunidades microbianas y funciones biológicas
  - Restablecimiento del equilibrio del sistema
  - Ambientes más heterogéneos
  - Estímulo de la diversidad microbiana funcional

Evaluar el efecto del uso de centeno como cultivo de cobertura sobre la biomasa y la composición funcional de la comunidad microbiana del suelo en lotes agrícolas cultivados con maní en el sur de Córdoba, mediante el análisis de los fosfolípidos de membrana celular (PLFA).

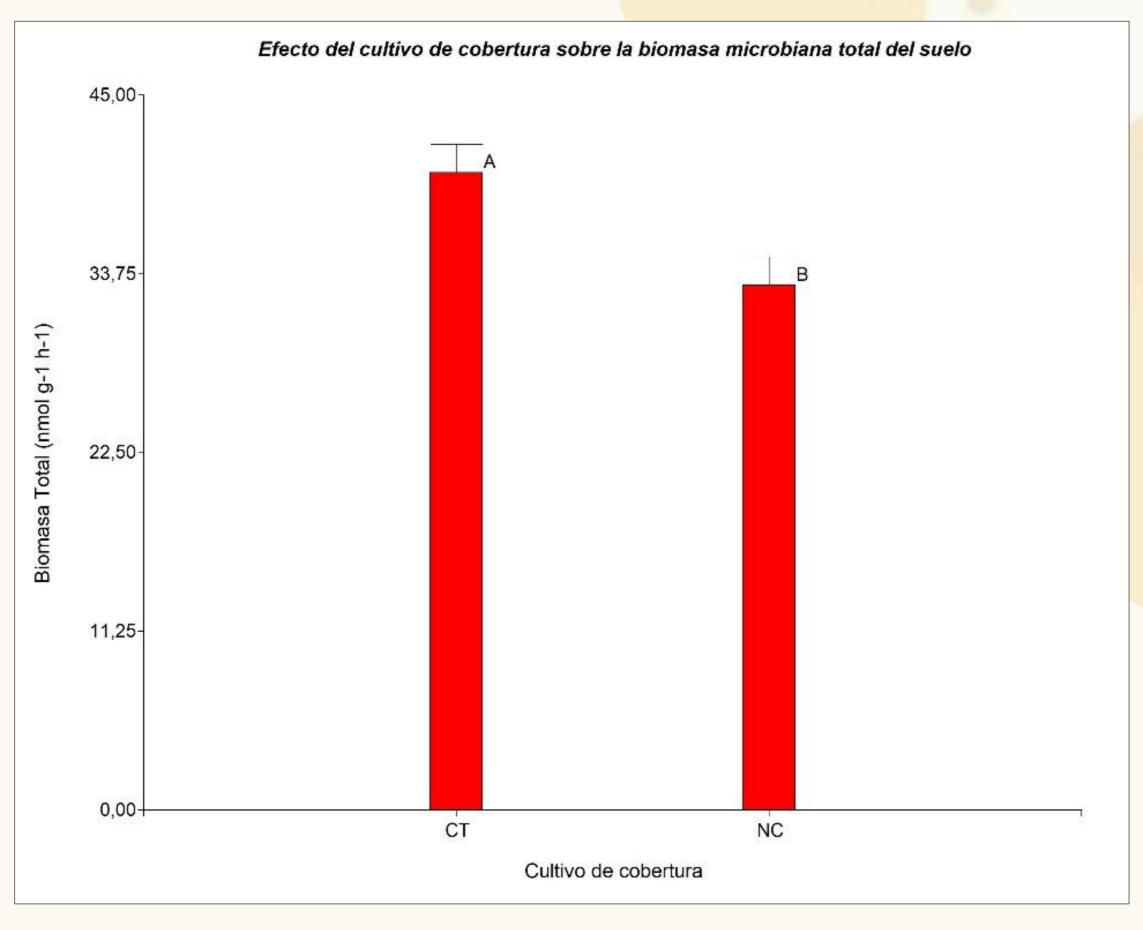
## **MATERIALES Y METODOS**

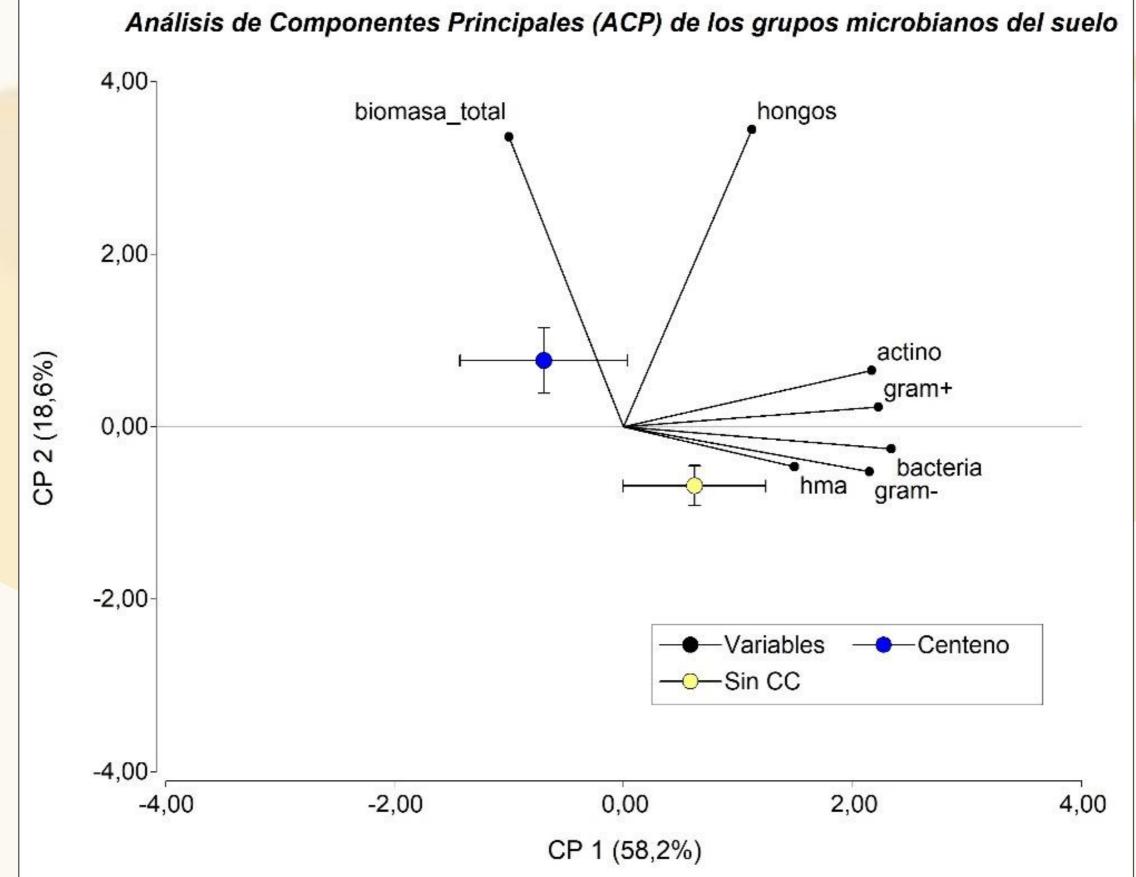
En la campaña 2020/21, se tomaron muestras de suelo de lotes comerciales de maní ubicados en la zona manisera de la provincia de Córdoba. Las muestras corresponden al "horizonte A" del suelo a una profundidad de 10 cm próximo a la raíz. Posteriormente, las muestras de suelo fueron tamizadas (2 mm) y se continuo a la determinación de las variables edáficas. ). La cuantificación de Biomasa microbiana total, Bacterias Gram Positivas y Gram Negativas, Hongos Totales, Bacterias Totales, Actinomicetes y Hongos Micorrícicos Arbusculares se realizó mediante la determinación de ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME).

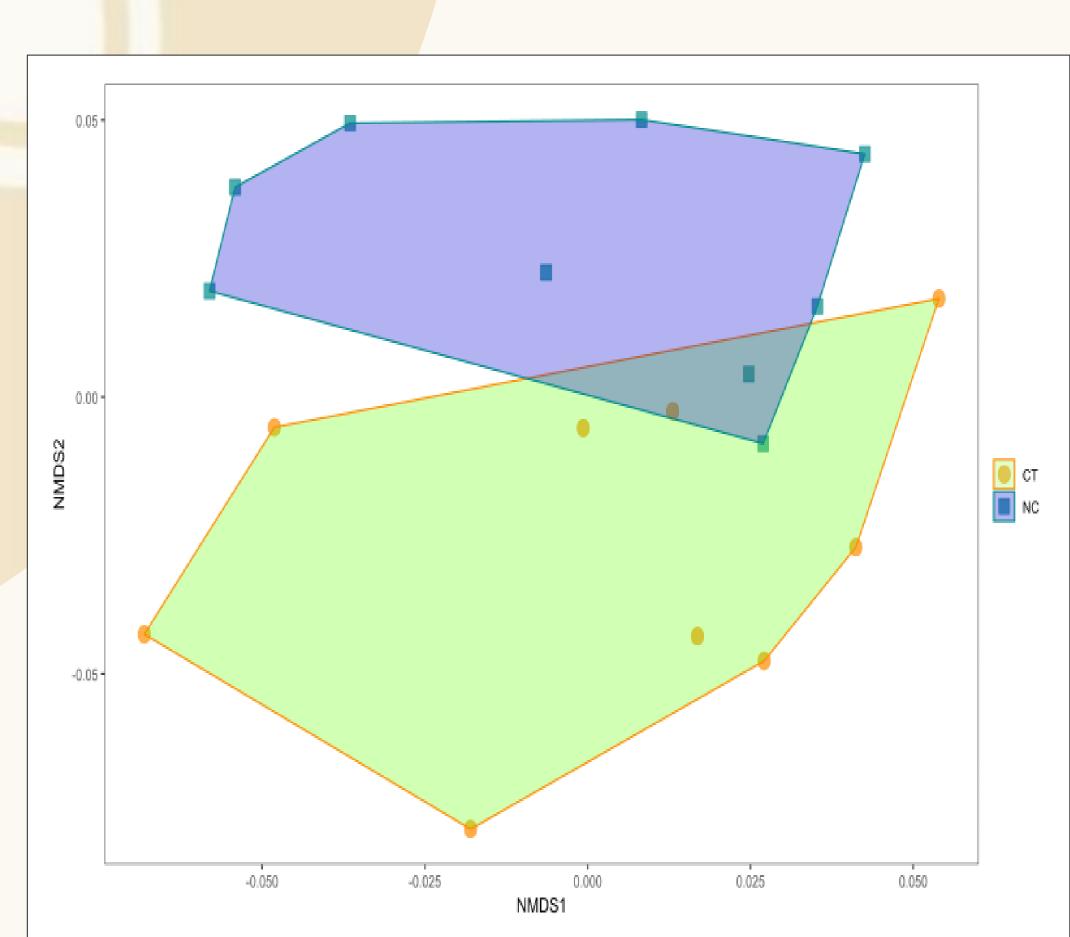
## **RESULTADOS**

**OBJETIVO** 

El análisis de biomarcadores PLFA reveló que la inclusión de centeno como cultivo de cobertura invernal no generó diferencias significativas en la abundancia relativa de grupos microbianos como bacterias Gram+, Gram-, actinobacterias, hongos o micorrizas arbusculares (p > 0.05). La biomasa microbiana total fue significativamente (p = 0,0481) mayor en los lotes con centeno (40,12 nmol g<sup>-1</sup> h<sup>-1</sup>) en comparación con los lotes sin cobertura (33,05 nmol g<sup>-1</sup> h<sup>-1</sup>) (Figura 1). Esta diferencia indica que la incorporación de centeno favoreció el desarrollo de una comunidad microbiana abundante en suelos cultivados con maní. Estos patrones son consistentes con lo observado en el análisis de componentes principales (ACP) (Figura 2), donde la biomasa y hongos totales se asociaron estrechamente a los lotes con cultivo de cobertura, mientras que la comunidad bacteriana (especialmente Gram- y HMA) se proyectó hacia los lotes sin cobertura. La separación en el espacio multivariado también sugiere que las comunidades microbianas responden al manejo del suelo en términos funcionales más que composicionales (Figura 3). Es posible que los residuos de centeno hayan favorecido el desarrollo de comunidades más ricas en hongos y con mayor capacidad de descomposición de materia orgánica compleja, lo cual se traduce en mayor biomasa total, sin necesariamente modificar la proporción relativa entre grupos.







**Figura 1.** Biomasa microbiana total del suelo (nmol  $g^{-1} h^{-1}$ ) en lotes con (CT) y sin (NC) cultivo de cobertura (centeno) en rotación con maní. Las barras representan la media ajustada  $\pm$  error estándar. Letras distintas indican diferencias significativas entre tratamientos (p < 0,05) según prueba LSD de Fisher.

**Figura 2.** ACP basado en los perfiles PLFA de seis lotes agrícolas con maní en el sur de Córdoba. Se incluyen vectores para los principales grupos microbianos identificados: bacterias Gram+ (gram+), Gram- (gram-), actinobacterias (actino), hongos, micorrizas arbusculares (hma) y biomasa microbiana total.

**Figura 3.** Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en la distancia de Bray-Curtis comparando las comunidades microbianas con inclusión de cultivo de cobertura y sin inclusión de cultivos de cobertura.

## **CONCLUSIONES**

Los resultados de este estudio evidencian que la inclusión de centeno como cultivo de cobertura invernal en rotación con maní en el sur de Córdoba, promueve un aumento significativo de la biomasa microbiana total del suelo, sin alterar de manera significativa la composición relativa de los principales grupos funcionales microbianos (bacterias Gram+, Gram-, actinobacterias, hongos y micorrizas arbusculares).