

EFECTO DE LA AGRICULTURA DE CONSERVACIÓN Y CONVENCIONAL SOBRE LAS COMUNIDADES BACTERIANAS EN SUELO AGRÍCOLA

Javier A. Ceja*, Leonardo Patiño, Flor N. Rivera, Luc Dendooven y Rodolfo Marsch.

*Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, Centro de Investigación y Estudios Avanzados del I.P.N, Av. Instituto Politécnico Nacional 2508 Col. San Pedro Zacatenco, México, D.F., Tel: 01(55)50613800 Ext. 4345, Fax: 01(55)50613313

Correo electrónico: javiercnav@gmail.com

Palabras Clave: Labranza, rDNA, DGGE

Introducción. El suelo es un recurso natural tan esencial para la vida como lo es el aire y el agua, de allí la necesidad de mantener su productividad para que a través de él y las prácticas agrícolas adecuadas se establezca un equilibrio entre la explotación del medio ambiente, la producción de alimentos y el acelerado crecimiento de la población mundial. Por esto al buscar un desarrollo agrícola sostenible se han propuesto las prácticas de agricultura de conservación; que consisten en la alteración mínima de la estructura del suelo, cobertura de la superficie con residuos de cosecha y rotaciones de cultivo. Estas actividades han demostrado generar beneficios como son incrementos en rendimientos de cosecha (1), mejoras en contenido de humedad, materia orgánica (2) y aireación a través del perfil del suelo, todo esto en comparación a la agricultura convencional. Sin embargo, aún se desconoce si estas prácticas de agricultura tienen un efecto sobre las comunidades microbianas que pueda relacionarse con los rendimientos de cosecha y con parámetros de importancia ambiental como la emisión de gases de efecto invernadero. Por tanto, el objetivo de este estudio es determinar si las prácticas de agricultura de conservación y convencionales generan algún impacto sobre las comunidades bacterianas y la identificación de las mismas.

Metodología. Los suelos analizados han sido sometidos a una combinación de tratamientos entre cero labranza (ZT) y labranza convencional (CT), retención (KR) o remoción (RR) de residuos de cosecha y rotación de cultivo maíz(M)/trigo(W). Para el análisis de las comunidades bacterianas se realizó extracción de DNA directo de suelo empleando el protocolo modificado de Zhou (3), purificación de DNA por medio de un floculante químico para remover materiales húmicos que pueden inhibir la actividad de enzimas como DNA polimerasa y amplificación por PCR del gen rDNA 16S; a partir del cual se realizó una PCR anidada para un fragmento de 500 pb en el que se introduce un ancla de GC necesaria para una buena resolución en la electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGEE). Adicionalmente, los amplificados fueron sometidos a la construcción de librerías génicas para estudios filogenéticos.

Resultados y Discusión. El DNA obtenido por extracción directa de suelo y purificación con un agente floculante fue adecuado como molde para la amplificación del gen rDNA 16S. En la figura 1 se analiza el patrón de bandeo de la DGGE correspondiente a los suelos analizados para

determinar variaciones en comunidades microbianas ya que el número, la posición precisa y la intensidad de las bandas en la figura dan un número estimado y la abundancia relativa de ribotipos predominantes. Podemos observar un patrón diferencial entre los suelos sometidos a cero labranza y labranza convencional, así como entre los suelos de labranza convencional sometidos a retención o remoción de residuos y rotación de cultivo; sin embargo, este análisis habrá de complementarse con el estudio filogenético de la librería génica de cada suelo.

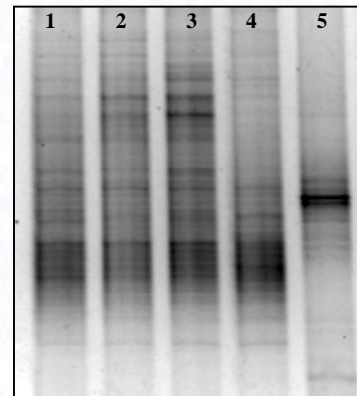


Fig.1. DGGE de productos de PCR. (1) CT,KR, M/W, (2) CT, RR, W/W, (3) CT, KR, W/M (4) ZT, RR, M/M, (5) Suelo Salino – Alcalino del Exlago de Texcoco (control externo)

Conclusiones. Las prácticas de agricultura inducen cambios en las comunidades microbianas de los suelos donde se aplican por modificación de las condiciones de humedad, contenido de materia orgánica y aireación lo que lleva a la predominancia de algunos grupos bacterianos sobre otros.

Agradecimiento. Agradecemos a CONACYT y al CIMMYT por el financiamiento de esta investigación.

Bibliografía.

1. Aquino, P. 1998. The adoption of bed planning of wheat in the Yaqui Valley, Sonora, México. Wheat Special Report. CIMMYT. México, D.F. 17A.
2. Lal, R. 1997. Residue management, conservation tillage and soil restoration for mitigating greenhouse effect by CO₂ enrichment. Soil Tillage Res. 43, 81-107.
3. Zhou, J., Bruns, M., Tdieje, J. 1996. DNA recovery from soils of diverse composition. Appl. Environ. Microbiol. 62(2): 316-322.