

“Efecto de sistemas de labranza contrastantes sobre parámetros de sustentabilidad edáfica”

Resumen

Aproximadamente una cuarta parte de las tierras cultivables a nivel mundial muestran signos de erosión y degradación, principalmente debido a prácticas de manejo inadecuadas. En la Región Pampeana la intensificación de la producción agrícola ha llevado a un deterioro de la calidad del suelo. Es por ello que resulta fundamental promover el uso de prácticas de manejo que preserven los recursos naturales y sean sustentables, tanto para el medio ambiente como para la sociedad.

Se propuso evaluar el impacto de dos sistemas de labranza, siembra directa (SD) y labranza convencional (LC), sobre un suelo Argiudol localizado en la Chacra Experimental Integrada de Chascomús (CEICh), provincia de Buenos Aires, en la cual se practica desde hace más de 20 años agricultura, donde sólo difieren en el sistema de labranza utilizado. Se analizaron los parámetros físico-químicos y edáficos a dos profundidades de muestreo, 0-10 (capa superficial) y 10-30 cm (capa subsuperficial), y a su vez se utilizó la tecnología de secuenciación masiva Illumina MiSeq para caracterizar la composición y diversidad de las comunidades microbianas en ambas profundidades y sistemas de labranza. El análisis solo de los datos físico-químicos no permitió concluir que los suelos bajo SD presentaran mejores cualidades físico-químicas. En los sitios bajo SD se registraron valores más altos de resistencia a la penetración, y estuvieron por encima de los 2000 Kpa entre los 5 cm y 30 cm del perfil. Por otro lado, el stock de Carbono Orgánico Total (COT) resultó superior en la capa superficial en SD respecto al stock de COT encontrado bajo LC. Comparado con el stock de COT del sistema de referencia no agrícola (27.43 Mg.ha⁻¹ en la capa superficial, 39.41 Mg.ha⁻¹ en la capa subsuperficial), el mismo resultó mayor bajo ambos sistemas de labranza y en ambas profundidades. El stock de Carbono Orgánico Particulado (COP) no presentó diferencias entre sistemas de labranza y en ambos sistemas, los valores fueron menores respecto al sistema de referencia. No se encontraron diferencias en el stock de Nitrógeno Total (NT) entre SD y LC y en ambos casos los valores fueron superiores respecto al sistema de referencia. El factor de cambio del stock de COT y NT presentó un incremento en los sistemas de labranza respecto al sistema de referencia, mientras que el factor de cambio del stock de COP disminuyó en SD y LC. Los valores de Nitrógeno de nitratos (N_{NO₃}) fueron superiores en LC respecto a los encontrados en SD y a los del sistema de referencia. Por otro lado, los valores de Nitrógeno de amonio (N_{NH₄}) y de la relación Carbono/Nitrógeno (CN) no presentaron diferencias entre SD y LC, mientras que en ambos casos fueron superiores respecto a los valores del sistema de referencia.

Respecto a las comunidades microbianas se determinó que los filos bacterianos y fúngicos dominantes en ambos sistemas de labranza, fueron *Actinobacteria*, *Proteobacteria* y los filos *Basidiomycota* y *Ascomycota* respectivamente. En ciertos géneros bacterianos (*Blastococcus*, *Geodermatophilus*, *WD2001_soil_group*, *Nocardioides*, *Candidatus_Udaeobacter*, *Sphingomonas*, *Nitrospira*, *Streptosporangium*, *Subgroup_7* y el género *Kribbella*) y en ciertas clases y géneros fúngicos (las clases *Saccharomycetes*, *Pezizomycetes* y *Archaeorhizomycetes* y los géneros

Sporidesmajora, *Aspiciliella*, *Sphaerobolus*, en 3 géneros no identificados, *Protoblastenia*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Ramalina*, *Candida*, *Lactarius*, *Pseudotomentella*, *Pseudochaetosphaeronema*, *Archaeorhizomyces*, *Millerozyma*, *Ganoderma*, *Syncephalis* y el género *Dinemasporium*), se observaron diferencias respecto a su abundancia relativa (%) entre SD y LC. En relación a estos géneros bacterianos, clases fúngicas y géneros fúngicos mencionados anteriormente, con excepción del género *Dinemasporium*, sus abundancias relativas resultaron significativamente mayores bajo LC. Simultáneamente se observó que el género fúngico *Dinemasporium* resultó más abundante en SD. Los géneros bacterianos, las clases fúngicas y ciertos géneros fúngicos (*Sphaerobolus*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Lactarius* y *Pseudotomentella*), que resultaron más abundantes en LC, aportan diversas funciones al suelo como la descomposición de la materia orgánica (MO), el ciclado de nutrientes, control biológico de patógenos, simbiosis con plantas, interacciones microbianas, estabilización del suelo, entre otras. Por otro lado, 2 de los géneros fúngicos con mayor abundancia en LC (*Candida* y *Ganoderma*) incluyen diversas especies que pueden tener roles beneficiosos (descomposición de la MO, promoción del crecimiento vegetal, control de enfermedades) así como también otras que pueden ser perjudiciales y patógenas para los cultivos. Asimismo, se detectó una mayor abundancia en el sistema de SD del género fúngico *Dinemasporium*, el cual es reconocido por contribuir a la sanidad de ciertas especies vegetales. Esto se debe a su capacidad para producir metabolitos bioactivos dentro de los tejidos vegetales, los cuales poseen propiedades antibacterianas y antifúngicas. Sin embargo, aún no se comprende completamente su función específica en el suelo. Interesantemente, no se encontraron diferencias en los distintos índices de diversidad alfa evaluados entre SD y LC para ambas comunidades microbianas, mientras que la diversidad beta sí presentó diferencias en la estructura de la comunidad fúngica entre ambos sistemas de labranza. Además, se observó una disminución de la diversidad y una mayor homogeneidad de las muestras en LC, es decir, una mayor similitud de las comunidades fúngicas dentro de ese sistema.

Si bien se sugiere que la SD resulta beneficiosa para el sostenimiento de mejores cualidades del suelo, nuestros resultados indican que esta aseveración depende del parámetro analizado. Las diferencias encontradas en la estructura de las comunidades fúngicas demuestran su sensibilidad a los diferentes sistemas de labranza analizados, sugiriendo que, en los suelos bajo SD, al presentar una mayor diversidad beta, existe una mayor variación en las respuestas de las especies contenidas en la comunidad y por ende estos ambientes estarían más protegidos frente a perturbaciones ambientales. En este contexto, nuestros resultados sugieren que resulta necesario incorporar parámetros biológicos para tener una evaluación más precisa de la calidad edáfica. Estos hallazgos subrayan la necesidad de abordar de manera integral la gestión agrícola para promover sistemas sostenibles que optimicen tanto los aspectos físico-químicos como biológicos del suelo.

Palabras clave: sistemas de labranza, calidad del suelo, comunidades microbianas, cualidades físico-químicas.

“Effect of contrasting tillage systems on edaphic sustainability parameters”

Abstract

Approximately one-quarter of the world's arable land shows signs of erosion and degradation, mainly due to inadequate management practices. In the Pampas Region, the intensification of agricultural production has led to a deterioration in soil quality. Therefore, it is crucial to promote the use of management practices that preserve natural resources and are sustainable for both, the environment and the society.

The impact of two tillage systems, direct sowing (SD) and conventional tillage (CT), was proposed to be evaluated on an Argiudol soil located at the Integrated Experimental Farm of Chascomús (CEICH), Buenos Aires province, where agriculture has been practiced for over 20 years, differing only in the tillage system used. Physical-chemical and edaphic parameters were analyzed at two sampling depths, 0-10 cm (surface layer) and 10-30 cm (subsurface layer). Additionally, Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was used to characterize the composition and diversity of microbial communities at both depths and under both tillage systems. Analyzing only the physical-chemical data did not allow us to conclude that soils under SD had better qualities. Higher penetration resistance values were recorded under SD, exceeding 2000 kPa between 5 cm and 30 cm of the profile. On the other hand, the total organic carbon (TOC) stock was higher in the surface layer under SD compared to the TOC stock found under CT. Compared to the TOC stock of the non-agricultural reference system (27.43 Mg ha.⁻¹ in the surface layer, 39.41 Mg ha.⁻¹ in the subsurface layer), the TOC stock was higher under both tillage systems and in both depths. The particulate organic carbon (POC) stock showed no differences between tillage systems and was lower in both systems compared to the reference system. No differences were found in total nitrogen (TN) stock between SD and CT, and in both cases, the values were higher than the reference system. The change factor for TOC and TN stock showed an increase in the tillage systems compared to the reference system, while the change factor for POC stock decreased in SD and CT. Nitrate nitrogen (N_{NO₃}) values were higher in CT compared to those found in SD and the reference system. Ammonium nitrogen (N_{NH₄}) values and the carbon/nitrogen (CN) ratio showed no differences between SD and CT, while in both cases, they were higher than the values found in the reference system.

Regarding microbial communities, it was determined that the dominant bacterial and fungal phyla in both tillage systems were *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, and the phyla *Basidiomycota* and *Ascomycota*, respectively. Differences in relative abundance (%) between SD and CT were observed in certain bacterial genera (*Blastococcus*, *Geodermatophilus*, *WD2001_soil_group*, *Nocardioideis*, *Candidatus_Udaeobacter*, *Sphingomonas*, *Nitrospira*, *Streptosporangium*, *Subgroup_7*, and the genus *Kribbella*) and certain fungal classes and genera (classes *Saccharomycetes*, *Pezizomycetes*, and *Archaeorhizomycetes*, and the genera *Sporidesmajora*, *Aspiciliella*, *Sphaerobolus*, three unidentified genera, *Protoblastenia*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Ramalina*, *Candida*, *Lactarius*, *Pseudotomentella*, *Pseudochaetosphaeronema*, *Archaeorhizomyces*, *Millerozyma*, *Ganoderma*, *Syncephalis*, and the genus *Dinemasporium*). Relative abundances were significantly higher under CT

for the aforementioned bacterial genera, fungal classes, and fungal genera, with the exception of the genus *Dinemasporium*, which was more abundant under SD. The bacterial genera, fungal classes, and certain fungal genera (*Sphaerobolus*, *Morchella*, *Metschnikowia*, *Iodophanus*, *Lactarius*, and *Pseudotomentella*) that were more abundant under CT contribute various functions to the soil, such as organic matter (OM) decomposition, nutrient cycling, biological pathogen control, plant symbiosis, microbial interactions, and soil stabilization. Additionally, two of the fungal genera with higher abundance under CT (*Candida* and *Ganoderma*) include several species that can have beneficial roles (OM decomposition, plant growth promotion, disease control) as well as others that can be harmful and pathogenic to crops. Moreover, a higher abundance of the fungal genus *Dinemasporium* was detected in the SD system, which is known for contributing to the health of certain plant species. This is due to its ability to produce bioactive metabolites within plant tissues, which have antibacterial and antifungal properties. However, its specific function in the soil is still not fully understood. Interestingly, no differences were found in the various alpha diversity indices evaluated between SD and CT for both microbial communities, whereas beta diversity showed differences in fungal community structure between the two tillage systems. Additionally, a decrease in diversity and greater homogeneity of samples were observed under CT, indicating a higher similarity of fungal communities within that system.

Although it is suggested that SD is beneficial for maintaining better soil quality, our results indicate that this assertion depends on the parameter analyzed. The differences found in the structure of fungal communities demonstrate their sensitivity to the different tillage systems analyzed, suggesting that in soils under SD with greater beta diversity, there is a greater variation in the responses of the species within the community and, therefore, these environments would be more protected against environmental disturbances. In this context, our results suggest that it is necessary to incorporate biological parameters for a more accurate assessment of soil quality. These findings highlight the need to comprehensively address agricultural management to promote sustainable systems that optimize both the physico-chemical and biological components of the soil.

Keywords: tillage systems, soil quality, microbial communities, physico-chemical properties.