

## **La Metagenómica: nuevo abordaje para el estudio de la diversidad microbiana como indicador de calidad de suelos agrícolas y prospección de nuevas cepas y genes**

### **Evaluación de la diversidad microbiana en suelos agrícolas y rizósfera de maíz transgénico.**

Federici, M.T.<sup>1</sup>, Bajsa, N.<sup>4</sup>, Laugurara, P.<sup>4</sup>, Garaycochea, S.<sup>1</sup>, Giannone, N.<sup>5</sup>, Zerbino, S.<sup>2</sup>, García, C.<sup>1</sup>, Leoni, C.<sup>1</sup>, Terra, J.<sup>3</sup>, Dalla Rizza, M.<sup>1</sup>

- 1- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental Las Brujas
- 2- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental La Estanzuela
- 3- Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental Treinta y Tres.
- 4- Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE)
- 5- Facultad de Ciencias

Dada la importancia de los microorganismos para el funcionamiento de los ecosistemas naturales y sistemas agrícolas, la evaluación del impacto de la agricultura sobre su biodiversidad se hace esencial para su conservación. La metagenómica tiene el potencial de responder algunas preguntas fundamentales de ecología microbiana y es especialmente útil para estudios de suelos. Entre los ecosistemas de la tierra, los suelos presentan la mayor diversidad microbiológica, estimándose de 5.000 a 10.000 especies de microorganismos por gramo de suelo. Además, permite determinar el potencial genético y bioquímico de microorganismos no cultivables identificando genes desconocidos directamente relacionados con la biosíntesis de numerosos compuestos bioactivos. En particular, en los últimos años las técnicas "Next Generation Sequencing" han revolucionado esta disciplina.

En 2011, en INIA Las Brujas se instaló un ensayo con maíz transgénico con el objetivo de iniciar estimaciones sobre el impacto ambiental a nivel local. Además, desarrollar e implementar nuevas técnicas y herramientas de análisis de la estructura de las comunidades microbianas a través de la metagenómica y la bioinformática. Este ensayo evalúa los eventos transgénicos de maíz MON810xNK603 (resistencia a lepidópteros y con tolerancia a glifosato) y NK603 (tolerancia a glifosato) en un diseño en bloques distribuidos al azar con 4 repeticiones.

Diferentes muestras de suelo se tomaron previo a la siembra, de suelos cultivados y de suelos con vegetación natural (debajo del alambrado). A su vez, también se tomaron muestras de rizósfera de maíz en los distintos estadios fenológicos del cultivo: elongación, floración y madurez. Se extrajo el ADN metagenómico de todas ellas y actualmente se están analizando por la técnica de DGGE en el Laboratorio de Ecología Microbiana (IIBCE). También se han enviado algunas muestras al servicio de pirosecuenciación ("amplicon sequencing") del Instituto de Agrobiotecnologías (INDEAR) en Rosario (Argentina). Los datos obtenidos serán utilizados para analizar la diversidad microbiana y su relación con la variedad de maíz, estadio fenológico o manejo agrícola, así como para la prospección de grupos de microorganismos benéficos con potencial uso en el desarrollo de bioinsumos, o de genes con potencial biotecnológico. Esta información también será utilizada para buscar posibles indicadores biológicos de impacto ambiental contribuyendo de este modo a la búsqueda de alternativas de manejo para un desarrollo sustentable.