

¿Existen rizobios simbiotes de *L. tenuis* que no emiten N₂O en la Pampa Deprimida?

Busto, M.¹, Zilli, J.E.², Estrella, M.J.³, Sannazzaro, A.³, Simões de Araújo, J.L.² Costantini, A.^{1,4} y Romaiuk, R.I.⁴

¹ Cátedra de Edafología, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (FAUBA)

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)

³ Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH)

⁴ Instituto de Suelos, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)

La Pampa Deprimida es una de las principales regiones del país destinadas a la producción forrajera para engorde bovino bajo pastoreo. Esta región se caracteriza por el predominio de suelos hidro-halomórficos que limitan el crecimiento vegetal. Para aumentar la productividad primaria neta y la calidad de las pasturas en estos suelos, se utilizan pasturas mixtas con *Lotus tenuis*, debido a la capacidad de esta leguminosa para prosperar en ambientes edáficos afectados por excesos de sales y agua, sus óptimas características nutricionales y a su capacidad para interactuar con bacterias que realizan el proceso de fijación biológica del nitrógeno (FBN). En estos sistemas se pueden generar emisiones de N₂O directas desde los nódulos de las especies leguminosas e indirectas desde el suelo, a través del proceso de desnitrificación. Las bacterias del género *Rhizobium*, responsables de la nodulación y del proceso de FBN, pueden también generar pérdidas de N como N₂O (emisiones directas). Esto dependerá de la existencia del set completo de genes que codifican a las enzimas que intervienen en la desnitrificación, y de su capacidad para expresar dichos genes en diferentes ambientes edáficos. Debido a que el N₂O es uno de los principales gases de efecto invernadero, mitigar sus emisiones contribuye a lograr producciones ganaderas sustentables. Es por ello que el presente trabajo tuvo como objetivo caracterizar el *pool* de genes relacionados con el proceso de desnitrificación en cepas de rizobios simbiotes de *L. tenuis*, para su uso potencial en inoculantes de semillas de dicha leguminosa. Se seleccionaron cepas de rizobios con alta capacidad de realizar el proceso de FBN, aisladas de suelos de la Chacra Experimental Integrada Manantiales de Chascomús, provincia de Buenos Aires (35° 44' 52.44" S; 58° 02' 56.48 W). Se realizó la secuenciación de genomas de *Mesorhizobium sanjuanii* BSA136 y de *Mesorhizobium intechi* BD68 mediante análisis *in silico*. Se encontró que ambas cepas poseen sólo tres genes asociados a la ruta de desnitrificación (*NnrA*, *NirV* y *NirK*). De estos, sólo *NirK* es esencial en el proceso de desnitrificación al codificar a la enzima nitrito reductasa (reduce NO₂⁻ a NO), faltando los genes *NapA* y *NorC*, que codifican a las enzimas nitrato reductasa (que reducen el NO₃⁻ a NO₂⁻) y óxido nítrico reductasa (que reduce NO a N₂O), respectivamente. Es por ello que estas cepas no poseen la capacidad de emitir N₂O y, por tanto, presentan el potencial para ser utilizadas en inoculantes de semillas de *L. tenuis*. Su uso podría contribuir a la producción de pasturas sustentables, asegurando no sólo obtener grandes ingresos de N al sistema a través de la FBN sino que también mitigando la emisión directa de N₂O desde las cepas de rizobios.