

**RELAR
PGPR
2021**

4 ——— 8
OCTUBRE
UY

XXX REUNION LATINOAMERICANA DE RIZOBIOLÓGIA
V CONFERENCIA LATINOAMERICANA
DE MICROORGANISMOS PROMOTORES DEL CRECIMIENTO VEGETAL

Índice

Introducción

Objetivos relar-pgpr2021

Pág 03

Sobre ALAR

Pág 04

Sobre PGPR

Pág 05

Comité Organizador

Pág 06

Programa

Pág 10

Modalidades de participación

Pág 12

Discurso apertura

Pág 14

Conferencia Apertura

Pág 16

Conferencia Clausura

Pág 17

Sesiones de trabajo

Sesión 01 — El microbioma agrícola

Pág 20

Sesión 02 — PROMOCIÓN INDIRECTA DEL CRECIMIENTO VEGETAL

Pág 37

Sesión 03 — PROMOCIÓN DIRECTA DEL CRECIMIENTO VEGETAL

Pág 54

Sesión 04 — EVOLUCIÓN Y DIVERSIDAD DE MICROORGANISMOS PROMOTORES DE CRECIMIENTO VEGETAL (MPCV)

Pág 91

Sesión 05 — EL HOLOBIONTE PLANTA

Pág 116

Sesión 06 — CONSERVACIÓN Y MANEJO MICROBIANO EN SISTEMAS NATURALES Y AGROECOSISTEMAS

Pág 130

Sesión 08 — LEGISLACIÓN SOBRE REGISTRO Y EMPLEO DE PRODUCTOS MICROBIANOS

Pág 145

Sesión 07 — DEL LABORATORIO AL CAMPO

Pág 159

Mesas Redondas

Mesa 01

Pág 165

Mujeres en la ciencia

Mesa 02

Pág 166

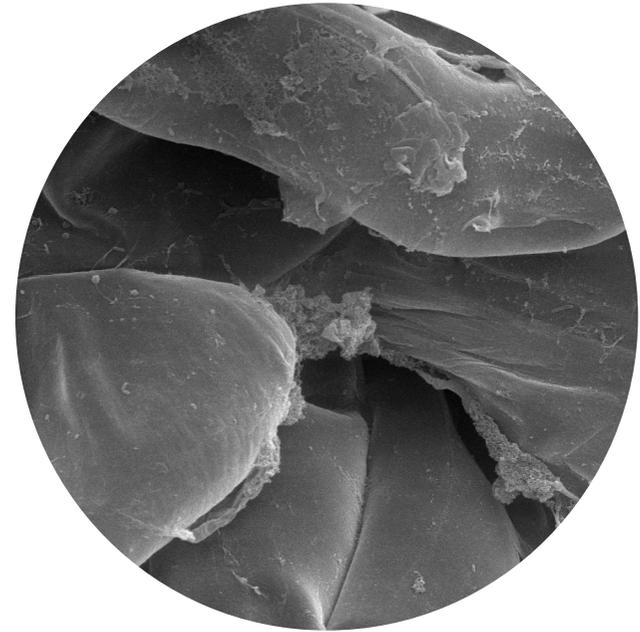
Actores involucrados en el desarrollo y aplicación de bioinsumos: ¿es posible un modelo alternativo de producción?

Índice de autores

Pág 167

Introducción

Durante la semana del 4 al 8 de octubre se realizó la XXX Reunión Latinoamericana de Rizobiología y la V Conferencia Latinoamericana de Microorganismos Promotores del Crecimiento Vegetal, un evento internacional que contó con participantes pertenecientes a institutos de investigación, de enseñanza, asociaciones de productores agrícolas y empresas proveedoras de bioinsumos.



La RELAR PGPR 2021 tuvo por objetivo el intercambio de conocimientos y experiencias a través de una mirada transversal sobre el estado del arte actual en el área de estudio suelo - planta - microorganismo - ambiente, de vital importancia para la producción agrícola.

El programa propuesto comprendió al estudio de la microbiota del suelo y de la planta como un todo, centrándose en el rol que cumplen los microorganismos en el óptimo desarrollo vegetal y por tanto, en la salud de los sistemas agrícolas. Se realizaron sesiones focalizadas en el estudio de la ecología y biodiversidad de microorganismos promotores del crecimiento vegetal (MPCV), contemplando sus mecanismos de acción; el uso de MPCV en diferentes prácticas de manejo; el desarrollo de productos Biotecnológicos basados en MPCV y su transferencia a la industria, así como su reglamentación y registro. Asimismo, se realizaron dos mesas redondas para dialogar sobre el rol de las mujeres en la ciencia y sobre los actores involucrados en el desarrollo y aplicación de bioinsumos.

Sobre ALAR

La Asociación Latinoamericana de Rizobiología (ALAR) es una asociación científica sin fines de lucro cuyo objetivo es promover las actividades relacionadas al estudio y aplicación de microorganismos promotores del crecimiento vegetal (MPCV) en los países de América Latina y el Caribe.

Su fundación se concreta durante la primera Reunión de la ALAR (RELAR) en 1964, en Montevideo-Uruguay, formalizándose la misma durante la X RELAR en 1980, Maracay-Venezuela.

La estructura organizativa actual está formada por una Secretaría Ejecutiva con sede en Montevideo, Uruguay y un Presidente y Vice-Presidente que alternan entre los integrantes de la Asociación.

Una de las principales actividades ha sido la coordinación de las Reuniones Latinoamericanas de Rizobiología (RELAR) cuyo objetivo es mantener un ámbito de actualización e intercambio de experiencias y conocimientos sobre los aspectos básicos y aplicados del uso de MPCV. Con cerca de 30 reuniones realizadas, la RELAR se ha transformado en un foro internacional significativo y en una excelente oportunidad para que los investigadores Latinoamericanos generen redes de trabajo.

En esta edición 2021, la XXX RELAR se hará conjuntamente con el V Congreso Latinoamericano de Microorganismos Promotores del Crecimiento Vegetal (PGPR), con el fin de unificar esfuerzos.

Sobre PGPR

Las bacterias que habitan la rizosfera y promueven el crecimiento de las plantas se conocen como PGPR, sigla tomada del inglés que hace referencia a plant growth-promoting rhizobacteria. Comprender las bases mecánísticas relacionadas con su capacidad de promover el crecimiento ha tenido relevancia científica y económica directa ya que tales microorganismos se han utilizado como bioinsumos para aumentar el rendimiento de numerosos cultivos en las últimas décadas en todo el mundo. En particular, un número significativo de empresas desarrollaron y comercializaron sus productos en países de Latinoamérica lo que generó un mayor nivel de interacción. Este proceso ha motivado a la comunidad científica a estudiar en detalle el impacto de éstos microorganismos en la interacción planta-bacteria y su rol en la configuración de la comunidad microbiana de la rizosfera. Con estos intereses como guía, desde 1987 se desarrolla cada 3 años el Taller Internacional PGPR. En coincidencia con la edición 2012 desarrollada en Colombia y conscientes de la riqueza de recursos microbiológicos y de la diversidad de cultivos de nuestro continente, se gestó la rama Latinoamericana del Taller PGPR apoyada en una demanda regional de intercambio de información básica y aplicada sobre la biología del PGPR y sus aplicaciones. Así, Quirama (Medellín, Colombia); La Falda (Córdoba, Argentina); Foz de Iguazú (Paraná, Brasil) y Pucón (Araucanía, Chile) fueron sedes de PGPR-Lat en 2014, 2016 y 2018 respectivamente. Luego de la edición 2018 del evento se decidió la realización conjunta del congreso RELAR y el PGPR-Lat, lo que ha quedado plasmado en esta actividad.



COMITÉ ORGANIZADOR

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE).

Dr. Federico Battistoni. Presidente.

Dr. Raúl Platero. Secretaria.

Dra. Natalia Bajsa. Tesorera.

Dra. Patricia Vaz. (IIBCE - FCIEN).

Dra. Elena Fabiano.

Dra. Cecilia Taulé.

Facultad de Agronomía (FAgro),
Universidad de la República (UdelaR).

Dra. Fabiana Pezzani.

Dr. Gastón Azziz.

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria y (INIA)

Dr. Federico Rivas

Facultad de Ciencias (FCIEN), UdelaR.

Dra. Susana Castro.

Dra. Adriana Montañez.

Facultad de Química (FQ), UdelaR.

Dra. Ana Fernández.

Dra. Lucía Ferrando.

Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca (MGAP).

Lic. Bioquímica María Mayans.

LALLEMAND INC. (Lage & cía).

Ing. Pedro Lage.

COMITÉ CIENTÍFICO INTERNACIONAL

Argentina

Dr. Claudio Valverde: Universidad Nacional de Quilmes (UNQ).

Dr. Antonio Lagares: Universidad Nacional de la Plata (UNLP).

Dr. Fabricio Cassán: Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC).

Dr. Mario Pistorino: Universidad Nacional de la Plata (UNLP).

Bolivia

Dr. Renato Valenzuela. Agroindustrias Lucano.

Brasil

Dra. Verónica Reis: EMBRAPA Agroecología.

Dra. Mariángela Hungría: EMBRAPA Soja.

Dr. Emanuel de Souza: Universidad Federal de Paraná.

Dra. Adriana Hemerly: Universidade Federal do Rio de Janeiro.

Dr. Pablo Hardoim: Universidade do Rio de Janeiro.

Chile

Dra. Maribel Parada: Universidad de la Frontera. (Vice-Presidenta ALAR).

Dra. Alexandra Stoll: Centro de Estudios Avanzados de Zona Áridas (CEAZA).

Colombia

Dra. Marina Sánchez De Prager: Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira.

Dr. Germán Estrada: Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria.

Cuba

Dra. María Teresa Caridad: Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas.

Ecuador

Dra. María Luiza Izaguirre. Universidad técnica de Manabí.

Escocia

Dr. Euan James: The James Hutton Institute.

México

Dra. Paulina Estrada de los Santos: Escuela Nacional de Ciencias Biológicas.

Dra. Esperanza Martínez Romero: Universidad Nacional Autónoma de México.

Paraguay

Prof. Ing. Agr. Pilar Galeano: Universidad Nacional de Asunción.

Perú

Dra. Doris Zúñiga: Universidad Nacional Agraria La Molina.

Uruguay

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE).

Dr. Federico Battistoni. Presidente de ALAR.

Dr. Raúl Platero. Secretario.

Dra. Natalia Bajsá. Tesorera.

Dra. Patricia Vaz. (IIBCE-FCien).

Dra. Elena Fabiano.

Dra. Silvia Batista.

Dra. Cecilia Taulé.

Facultad de Agronomía (FAgro), Universidad de la República (UdelaR).

Dra. Fabiana Pezzani.

Dr. Jorge Monza.

Dr. Gastón Azziz.

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA).

Dra. Nora Altier.

Dr. Federico Rivas.

Dra. Carolina Leoni.

Facultad de Ciencias (FCien), UdelaR.

Dra. Susana Castro.

Dra. Adriana Montañez.

Facultad de Química (FQ), UdelaR.

Dra. Ana Fernadez.

Dra. Lucía Ferrando.

Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca (MGAP).

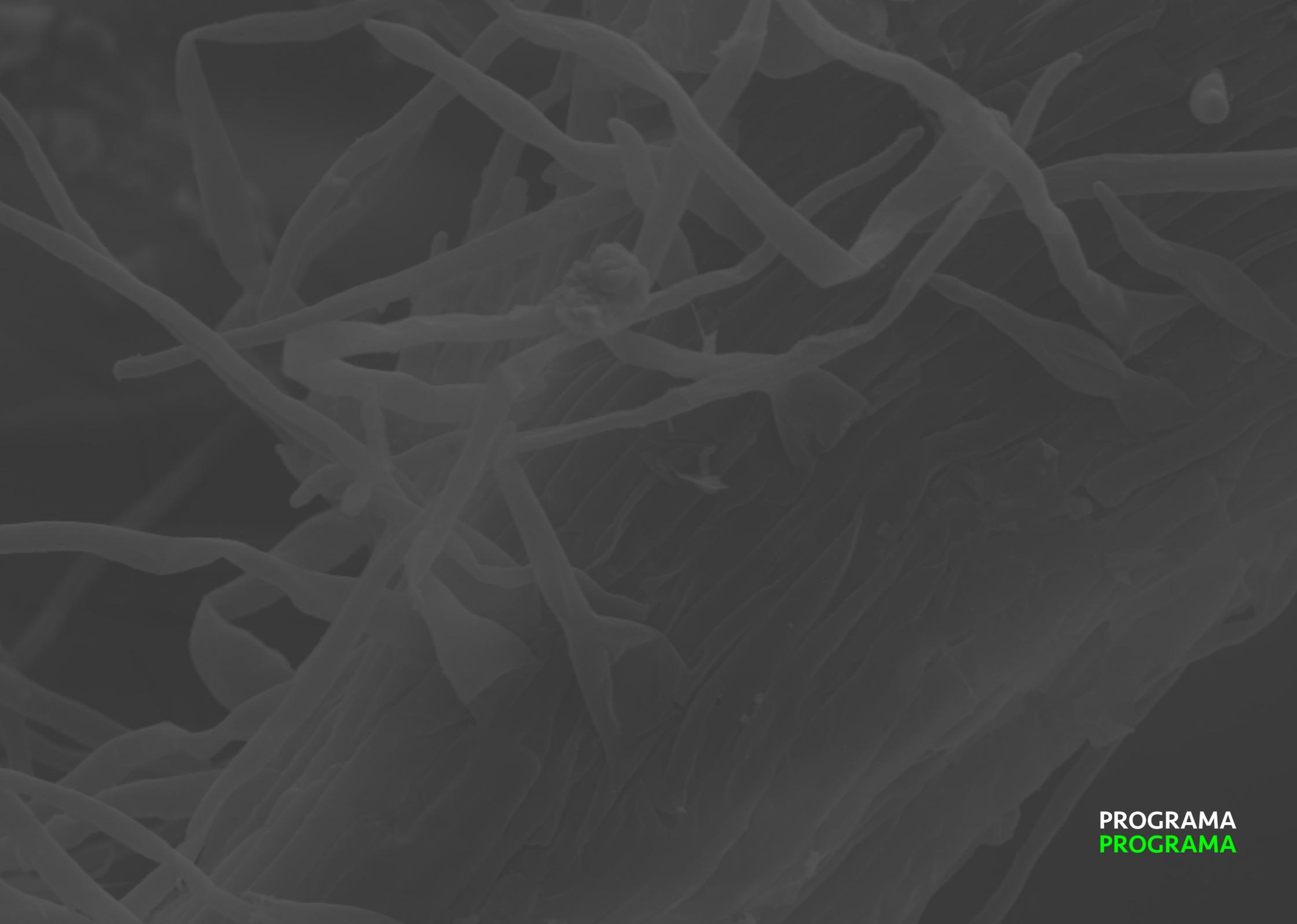
Lic. Bioq. María Mayans.

Lallemand Inc. (Lage y Cía).

Ing. Pedro Lage.

Venezuela

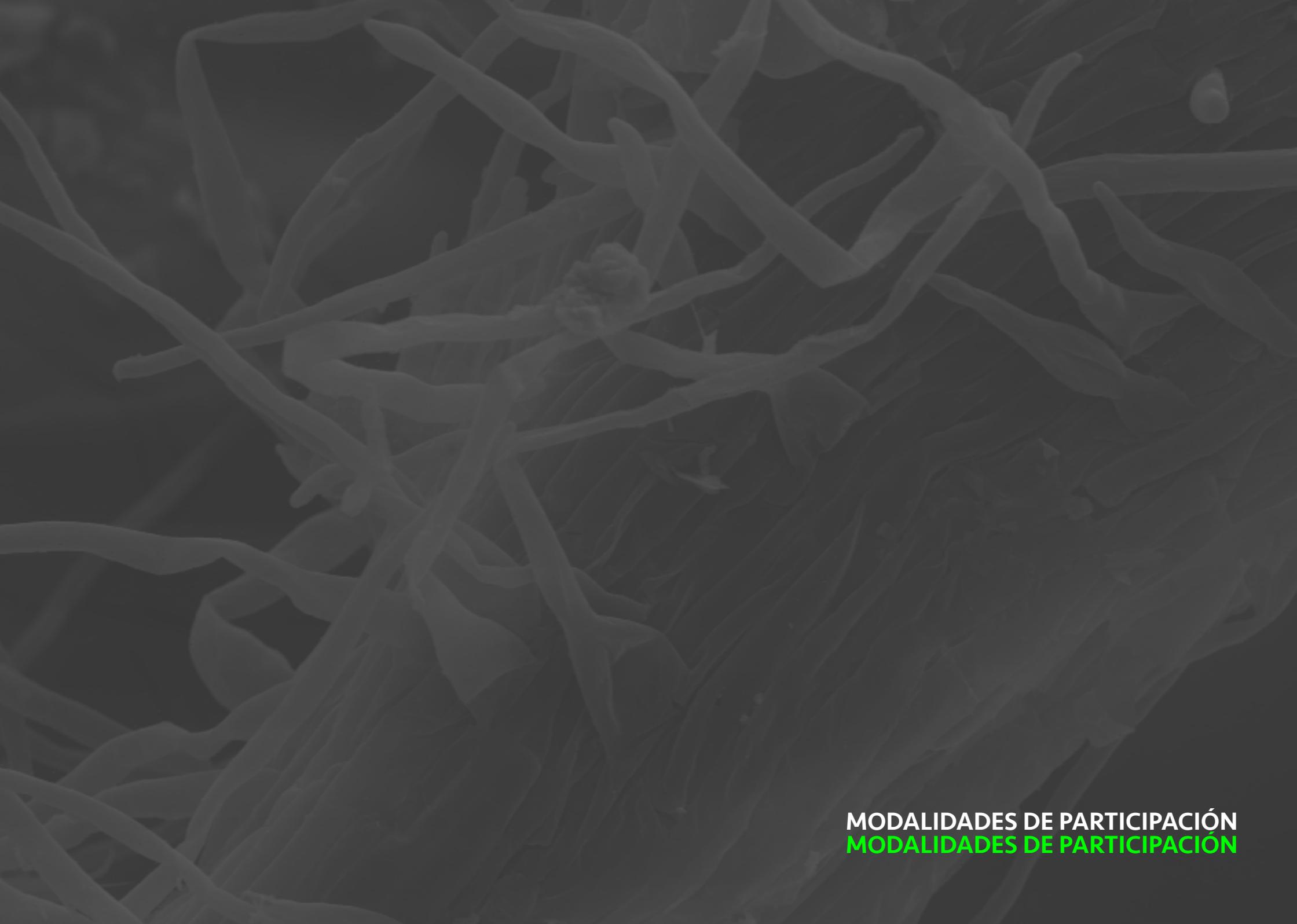
Dra. Marcia Toro. Universidad Central de Venezuela.



PROGRAMA
PROGRAMA

PROGRAMA

	LUNES 4	MARTES 5	MIÉRCOLES 6	JUEVES 7	VIERNES 8
		SESIONES			
		PROMOCIÓN INDIRECTA DEL CRECIMIENTO VEGETAL	EVOLUCIÓN Y DIVERSIDAD DE MPCV	CONSERVACIÓN Y MANEJO MICROBIANO EN SISTEMAS NATURALES Y AGROECOSISTEMAS	LEGISLACIÓN SOBRE REGISTRO Y EMPLEO DE PRODUCTOS MICROBIANOS
10:00	BIENVENIDA 10:00-10:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 10:00-10:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 10:00-10:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 10:00-10:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 10:00-10:45
10:30	CONFERENCIA DE APERTURA 10:30-11:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 10:45-11:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 10:45-11:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 10:45-11:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 10:45-11:30
11:30		POSTER TALK 11:30-12:00	POSTER TALK 11:30-12:00	POSTER TALK 11:30-12:00	POSTER TALK 11:30-12:00
12:30	MESA REDONDA 1: MUJERES EN LA CIENCIA 12:00-13:30	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 12:00-13:00	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 12:00-13:00	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 12:00-13:00	MESA REDONDA 2: ACTORES INVOLUCRADOS EN EL DESARROLLO Y APLICACIÓN DE BIOINSUMOS: ¿ES POSIBLE UN MODELO ALTERNATIVO DE PRODUCCIÓN? 12:00-13:30
	SESIONES				
	EL MICROBIOMA AGRÍCOLA	PROMOCIÓN DIRECTA DEL CRECIMIENTO VEGETAL	EL HOLOBIONTE PLANTA	DEL LABORATORIO AL CAMPO	
15:00	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 15:00-15:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 15:00-15:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 15:00-15:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #1 15:00-15:45	ASAMBLEA 15:00-16:30
15:45	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 15:45-16:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 15:45-16:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 15:45-16:30	CONFERENCIA MAGISTRAL #2 15:45-16:30	
16:30	POSTER TALK 16:30-17:00	POSTER TALK 16:30-17:00	POSTER TALK 16:30-17:00	POSTER TALK 16:30-17:00	
17:00	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 17:00-18:00	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 17:00-18:00	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 17:00-18:00	DIÁLOGOS DE INVESTIGACIÓN 17:00-18:00	CONFERENCIA DE CLAUSURA 17:00-18:00
18:00	SESIÓN DE POSTER 18:00-20:00	SESIÓN DE POSTER 18:00-20:00	SESIÓN DE POSTER 18:00-20:00	SESIÓN DE POSTER 18:00-20:00	SALUDO



MODALIDADES DE PARTICIPACIÓN
MODALIDADES DE PARTICIPACIÓN

formatos de participación

Conferencias magistrales

Cada sesión de trabajo contó con dos conferencias magistrales. Cada conferencista dispuso de un tiempo de exposición de 30 minutos y otros 15 minutos finales para responder preguntas de participantes recolectadas a través de mensajes directos vía chat.

Poster-Talk

Compilación de videominutos que abarcaron la diversidad de resúmenes postulados en las ocho sesiones de trabajo. Cada compilación fue exhibida durante el congreso al culminar las charlas magistrales de la sesión de trabajo correspondiente.

Poster-Hall

Galería de pósters localizada y disponible en la plataforma web con sistema de búsqueda por sesión de trabajo y/o palabra clave.

Sesión de pósters

Encuentros en directo entre autoras y autores de pósters y la comunidad participante del evento. Espacio en el que se pudo profundizar y/o consultar sobre las investigaciones de los trabajos presentados en cada una de las sesiones de trabajo.

Diálogos de investigación

Un nuevo formato de presentación oral ampliada. A partir de los trabajos postulados a la RELAR-PGPR 2021 se seleccionaron tres de ellos. A cada autor/a responsable se le solicitó la realización de un video de hasta 15 minutos de duración cada uno. Estos videos estuvieron accesibles en la plataforma web antes y durante el congreso y conformaron los insumos para provocar los diálogos de intercambio entre toda la comunidad participante del evento.

Mesas redondas

Espacios de reflexión y visibilidad en torno a temáticas específicas de la RELAR-PGPR 2021: 1) Mujeres en la ciencia y 2) Actores involucrados en el desarrollo y aplicación de bioinsumos: ¿un modelo alternativo de producción es posible? En estas mesas redondas toda la comunidad participante tuvo la oportunidad de intercambiar opiniones y reflexiones con reconocidos panelistas internacionales.

Puntos de encuentro

Espacio de encuentros informales que tuvo por objetivo fortalecer vínculos, compartir impresiones de las diferentes jornadas del congreso, disfrutar de performances de artistas del Uruguay, así como también, de una sesión de yoga focalizada en el bienestar de los participantes.

08 SESIONES DE TRABAJO

SESIÓN 01
EL MICROBIOMA AGRÍCOLA

SESIÓN 02
PROMOCIÓN INDIRECTA DEL
CRECIMIENTO VEGETAL

SESIÓN 03
PROMOCIÓN DIRECTA DEL
CRECIMIENTO VEGETAL

SESIÓN 04
EVOLUCIÓN Y DIVERSIDAD
DE MICROORGANISMOS
PROMOTORES DEL
CRECIMIENTO VEGETAL

SESIÓN 05
EL HOLOBIONTE PLANTA

SESIÓN 06
CONSERVACIÓN Y MANEJO
MICROBIANO EN
SISTEMAS NATURALES Y
AGROECOSISTEMAS

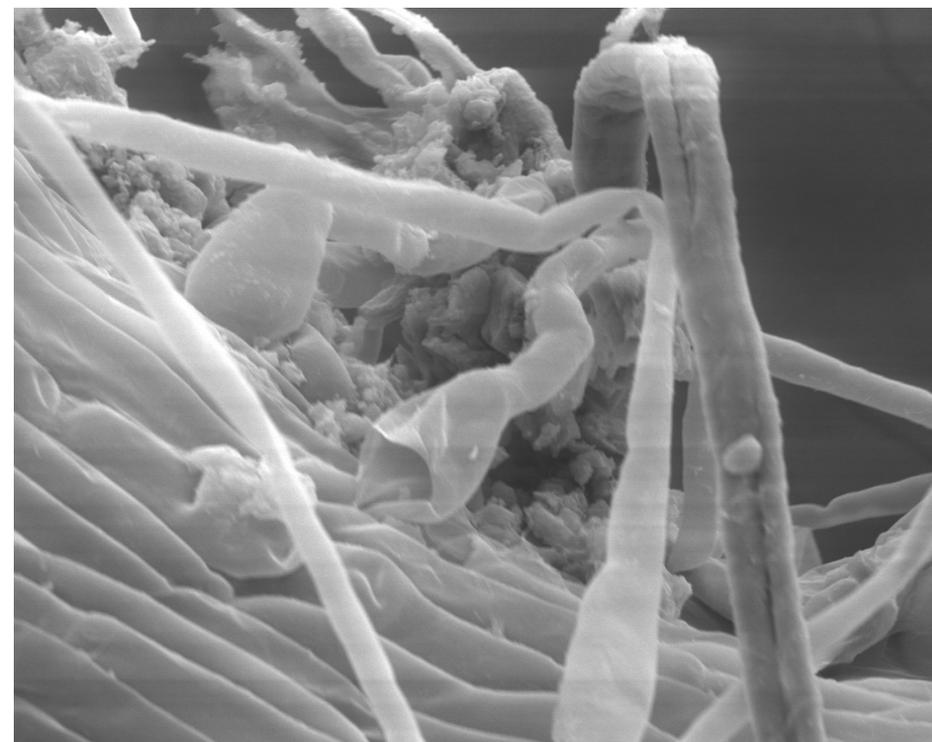
SESIÓN 07
DEL LABORATORIO AL CAMPO

SESIÓN 08
LEGISLACIÓN SOBRE REGISTRO
Y EMPLEO DE PRODUCTOS
MICROBIANOS

02 MESAS REDONDAS

El rol de las mujeres en la ciencia

Actores involucrados en el desarrollo y aplicación de bioinsumos: ¿un modelo alternativo de producción es posible?



Discurso apertura

Estimadas y estimados participantes, es una alegría saludarles desde Montevideo, Uruguay.

En nombre del Comité Organizador de la XXX (treinta) Reunión Latinoamericana de Rizobiología y la V (quinta) Conferencia Latinoamericana de Microorganismos Promotores del Crecimiento Vegetal; edición conjunta 2021 denominada "Promoviendo la integración latinoamericana", les doy una afectuosa bienvenida.

Llegamos a esta nueva edición 2021, gracias al esfuerzo realizado por el comité organizador y científico nacional e internacional, en tiempos muy complejos, que llevaron a posponer este evento en el año 2020.

Este contexto pandémico nos hizo innovar en la manera de como llevar a cabo un congreso amigable, original, participativo y provechoso.

En ese sentido se decidió la realización de esta edición 2021 en modalidad virtual, para la cual se creó, desarrolló y se pone a disposición de la comunidad, una plataforma web específica. Las misma permitió que el congreso comenzara antes, al visualizarse todos los resúmenes de los trabajos presentados, así como los posters y los posters talks.

También innovamos en las metodologías de las actividades a realizarse, teniendo en cuenta un tiempo amigable, y el rol de las personas participantes como un activo protagonista, interaccionando en todo momento, intercambiando.

El centro son uds y las interacciones que se produzcan en este encuentro, las herramientas son suyas.

Escogimos el slogan "Promoviendo la integración latinoamericana", y esta vez nos faltan los abrazos, deseamos que lleguen pronto.



Dr Federico J. Battistoni Urrutia

Presidente del Comité Organizador y Científico RELAR-PGPR2021
 Profesor Agregado de Investigación
 Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo
 Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas
 Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable
 Ministerio de Educación y Cultura. Uruguay.

Esta edición RELAR-PGPR-2021 nuclea y articula, dos congresos Latinoamericanos referentes en la temática, contemplándose los perfiles propios de cada uno.

Contamos con participantes pertenecientes a institutos de investigación, de enseñanza, empresas productoras de bioinsumos agropecuarios, y asociaciones de productores agrícolas de toda Latinoamérica.

Este evento tiene como objetivo principal, intercambiar sobre el estado del arte, del rol de los microorganismos en el sistema suelo-planta-ambiente y su aplicación biotecnológica.

Los paquetes tecnológicos aplicados en los sistemas productivos agrícolas actuales, presentan grandes limitaciones de sustentabilidad económica y ambiental ampliamente demostradas. Estas problemáticas demandan urgentemente la necesidad de recursos y políticas públicas, focalizadas a la investigación y al desarrollo de nuevas tecnologías productivas más sustentables.

Esperamos que en este evento se generen insumos, basados en evidencia científica, que aporten al desarrollo de estas políticas públicas, tendientes a promover el uso de bioinsumos basados en microorganismos promotores del crecimiento vegetal.

Este congreso mostrará que se dispone del conocimiento, la tecnología y la experiencia necesaria para recorrer este camino.

En este contexto, el rol protagónico activo de quienes estamos aquí y ahora, integrantes de la academia, empresas, productores y tomadores de decisiones; se hace fundamental y clave. Aportando e intercambiando, construyendo juntos con una mirada Latinoamericana.

El programa comprende actividades incluyendo charlas magistrales, diálogos de intercambio y sesiones de posters, focalizados en el estudio de la microbiota del suelo y de la planta como un todo, centrándose en el rol que cumplen los microorganismos en el óptimo desarrollo vegetal y en la salud de los sistemas agrícolas.

Se realizarán dos mesas redondas en donde las y los panelistas reflexionarán por un lado sobre el rol de las Mujeres en la ciencia en el contexto Latinoamericano; y por otra parte sobre las posibilidades de desarrollar un modelo productivo alternativo aplicando bioinsumos basados en microorganismos en Latinoamérica.

Esta edición contará con 250 participantes provenientes de 10 países latinoamericanos y 5 países europeos; se presentarán 108 resúmenes de trabajos, y se exhibirán 16 charlas magistrales de expertos internacionales, posicionando a este evento como REFERENTE en la temática.

Quisiera agradecer a las instituciones organizadoras:

Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), así como a las Facultades de Ciencias (FCien), de Química (FQ), de Agronomía (FAgro), de la Universidad de la República de Uruguay (UdelaR).

Agradecer muy especialmente a la empresa Patrocinante que hizo posible la realización del evento Lage y Cía (Lallemand), así como el apoyo financiero del Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA) de Uruguay y de la Asociación de Universidades del Grupo Montevideo (AUGM).

Contamos con las declaraciones de interés de:

La Agencia Nacional de Innovación e Investigación del Uruguay (ANII) y la ORT. Asimismo, agradecemos especialmente la declaración de interés de la Presidencia de la República de Uruguay, los Ministerios de Educación y Cultura; Turismo; Ganadería Agricultura y Pesca; Industria, Energía y Minería; de Vivienda y Ordenamiento Territorial,

Agradecemos a los artistas que nos acompañarán en la programación especial de los Puntos de Encuentro.

Por último, al comité organizador sin el cual este evento no hubiese sido posible y a Santiago Turenne por su compromiso en la realización de este congreso.

Les deseo unos días de intercambio fructífero y de muchos éxitos.

Bienvenidas y bienvenidos a Montevideo, Uruguay. Disfruten. Gracias.

Dra. Mariangela Hungria

Una nueva mirada a la multifuncionalidad de los inoculantes: Impacto en la producción, sostenibilidad y ciclo de nutrientes.

Por un siglo los inoculantes se limitaron a los rizobios y su contribución a la fijación biológica de nitrógeno (FBN) con diversas leguminosas. América del Sur tomó la delantera en el uso de FBN en cultivos de granos relevantes para la agroindustria como la soja, en forrajes como la alfalfa, en granos de seguridad alimentaria como el frijol. En los últimos años, una nueva mirada a los microorganismos en la agricultura ha ganado una visibilidad cada vez mayor. Nuevos microorganismos que actúan en procesos multifuncionales, como *Azospirillum brasilense*, *Pseudomonas fluorescens* y *Bacillus* spp. ganan mercado. Una nueva visión debe tener en cuenta no solo los impactos en la producción, sino también los beneficios de reciclaje de otros nutrientes además del nitrógeno, de restauración de la fertilidad del suelo y de mitigación de los impactos ambientales al reducir la lixiviación de residuos químicos y la emisión de gases de efecto invernadero (GEI). Nuevos mercados como los créditos de carbono, las contribuciones a los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) y las estimativas de reducción de emisiones de GEI aparecen como grandes oportunidades. Pero es necesario no perder el foco en los avances tecnológicos logrados a lo largo de décadas, con la oferta de microorganismos de élite y bioinsumos de calidad, traduciendo los resultados de la investigación en beneficios en el campo.



Agrónoma, microbióloga, investigadora de Embrapa Soja y profesora de posgrado de la Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil. Especialista en fijación biológica de nitrógeno y otros procesos microbianos relacionados con bacterias promotoras del crecimiento vegetal. Tiene más de 700 tipos de publicación y ha lanzado más de 30 cepas tecnológicas y de inoculantes. CV <http://lattes.cnpq.br/7355162785040506>

Dra. Esperanza Martinez

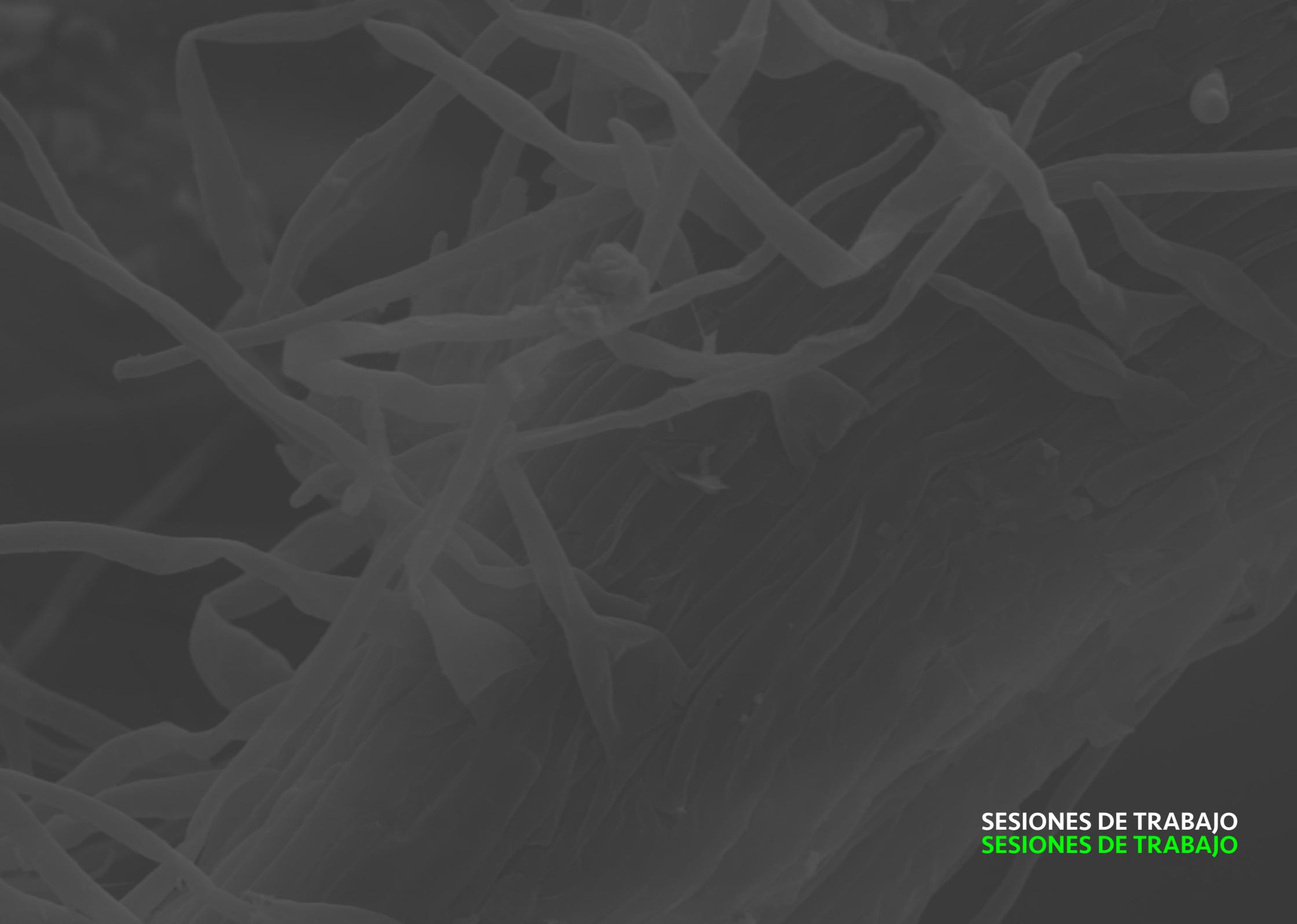
Genómica y genómica funcional de rizobios.

En general, las bacterias del suelo que pueden colonizar plantas tienen genomas grandes, con una capacidad amplia para degradar distintos sustratos. En particular, estudiamos los genomas de *Bradyrhizobium* y *Rhizobium*. Mientras que en *Bradyrhizobium* la información para la inducción de nódulos y fijación es cromosomal, en *Rhizobium* se encuentra en plásmidos de alto peso molecular, los cuales pueden transferirse entre bacterias. En *Bradyrhizobium* existen islas genómicas, que al igual que los plásmidos simbióticos tienen un bajo contenido de GC en comparación con el resto del genoma. Las incongruencias filogenéticas entre genes de simbiosis y genes del metabolismo celular se han considerado como evidencia de transferencia lateral de la información genética entre rizobios. En plásmidos y en islas se encuentran genes que se expresan en nódulos en simbiosis. Estudiamos *Bradyrhizobium* de árboles nativos de México: *Lysiloma* e *Inga*. Destaca la alta capacidad de fijación biológica de nitrógeno en árboles de leguminosas. En la selva de los Tuxtlas encontramos 22 nuevos linajes de *Bradyrhizobium* algunos de los cuales son capaces de nodular *Inga* de manera efectiva. Un estudio genotaxonómico nos permitió calcular que deben existir en la naturaleza más de mil especies de *Bradyrhizobium*.

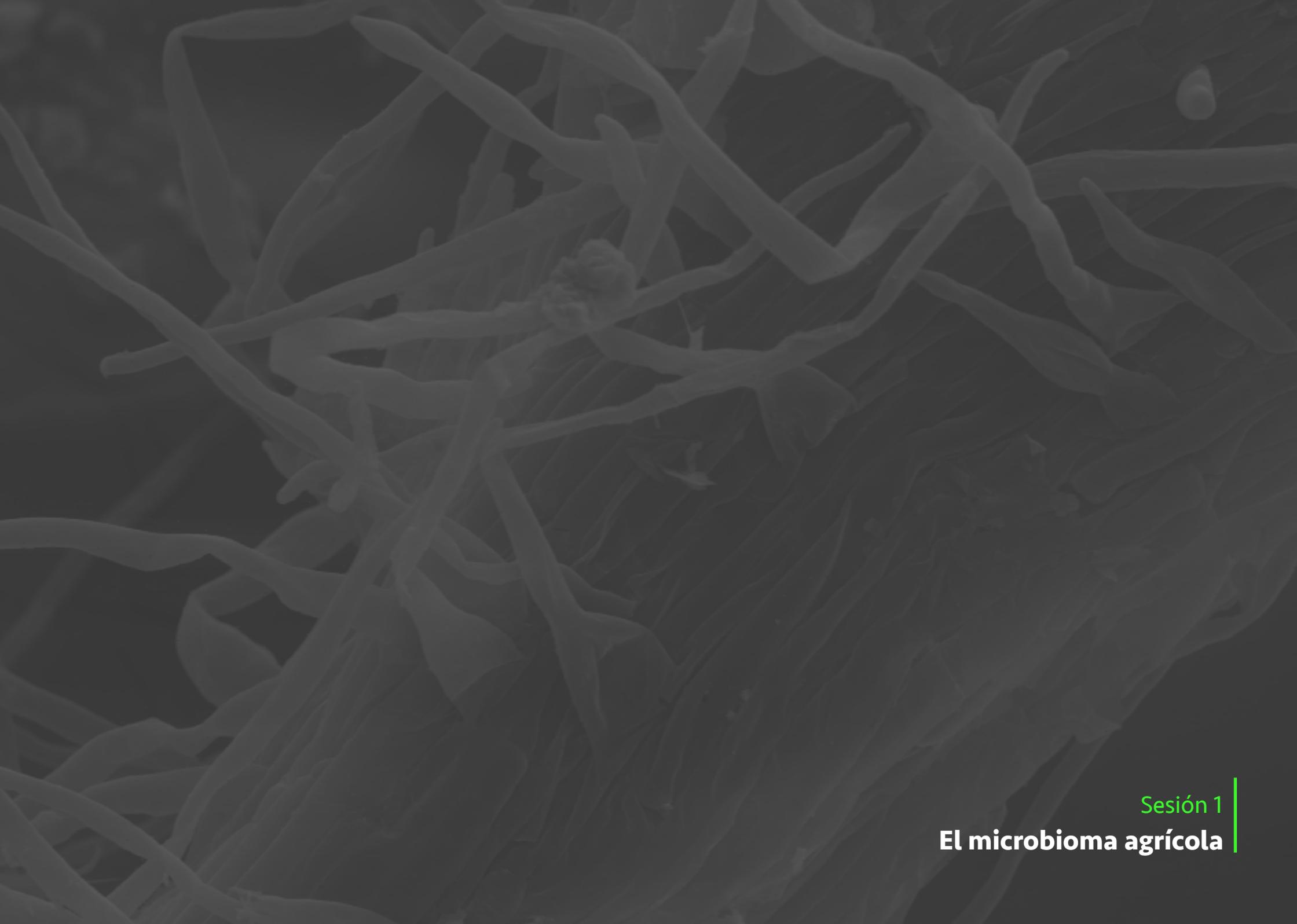
Por otro lado, con un enfoque diferente utilizamos inóculos multiespecie que han probado ser mejores promotores de crecimiento vegetal que inóculos de una sola especie bacteriana. Esto imitaría más las interacciones que se dan en plantas en condiciones naturales y nos han permitido explorar la expresión de genes bacterianos en plantas, no solo frijol sino también maíz. Además, con *Rhizobium phaseoli* hemos estudiado la expresión de genes en presencia de exudados de maíz y frijol en conjunto, que reflejarían lo que ocurre en la milpa, que es una práctica agrícola ancestral en algunos países de Latinoamérica.



Es investigadora Titular C del Centro de Ciencias Genómicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) en Cuernavaca, México. Investiga la convivencia pacífica entre especies: simbiosis mutualistas de bacterias con plantas y animales nativos de México con enfoques metagenómicos y de genómica funcional.



SESIONES DE TRABAJO
SESIONES DE TRABAJO



Sesión 1

El microbioma agrícola

SESIÓN 01

EL MICROBIOMA AGRÍCOLA

**Coordinadores: Dra. Carolina Leoni (Uruguay) -
Dr. Rodrigo Mendes (Brasil)**

La agricultura moderna convencional ha experimentado procesos de intensificación y especialización asociados a un aumento del uso de energía fósil por el incremento en el uso de agroquímicos, mecanización y riego. Como consecuencia, se constatan importantes pérdidas en la salud del suelo y los agroecosistemas, con sistemas de producción no sustentables. Por ello es necesario transitar hacia sistemas de producción alternativos, que aseguren la productividad en el mediano y largo plazo mediante el fortalecimiento de los ciclos ecológicos, la reducción de la dependencia de insumos externos no renovables y la optimización del uso del agua y la energía. El microbioma agrícola es clave en la transición hacia sistemas agrícolas sostenibles. Es necesario explorar y conocer la gran diversidad taxonómica y funcional de los microorganismos del suelo, así como las interacciones planta-microorganismo en la multiplicidad de ambientes agrícolas y manejos agronómicos existentes, de forma de abrir nuevos caminos para una producción sostenible desde una perspectiva ambiental, económica y social. En esta sección se presentarán algunos avances de la comunidad científica en el estudio y comprensión del microbioma agrícola.



Kornelia Smalla (Alemania)

Soil microbiome modulation for improved plant growth and health

Sustainable agricultural production aims to meet future food, feed and fibre demands with the given natural resources and without adverse environmental impact or greater land consumption. Modern conventional agricultural practices with the ultimate aim of higher yields widely ignored environmental consequences – in particular with respect to soils. This resulted over the last decades in reduced soil fertility and biodiversity, accumulation of plant pathogens, environmental contamination with agrochemicals and soil erosion jeopardizing soil health. In view of the limited arable land, soil microbiome modulation through changes in farming practices but also the use of beneficial microorganisms (BMs) might be important strategies to ensure agricultural productivity for future generations. In my talk, I will present research insights from different collaboration projects performed under greenhouse and field conditions. Long-term farming practices can result in a soil biotic legacy modulating the rhizosphere microbiome and affecting the performance of subsequent crops via altered plant-microbe interactions in the rhizosphere. We provided evidence in another greenhouse experiment for the effect of the soil microbiome on the plant defense response towards *Blumeria graminis* when comparing differently managed agricultural to potting soils. BMs present an alternative measure to improve plant health and performance. We observed under field conditions that the inoculation with BMs resulted in a modulation of the rhizosphere microbiome but also of plant hormones and stress protection and most importantly in an increased maize growth in presence of a natural abiotic stressor (drought). In another experiment, bacterial inoculants

were also shown to be effective in controlling bacterial wilt disease of tomato plants caused by *Ralstonia solanacearum* and microbiome modulation seemed to be important. Soil microorganisms are critical for soil-related ecosystem services. Harnessing their huge untapped and largely unexplored taxonomic and functional diversity and gaining a better mechanistic understanding of plant-microbe interactions under various agricultural management practices can open up new ways to support an economically and environmentally benign plant production. Microbiome modulations achieved by management-dependent support of the indigenous microbiome, or by inoculation of soils or plants with beneficial microbial strains or multi-species consortia hold great promise for a more sustainable agriculture.



Biografía

El profesor Dr. hc Kornelia Smalla es el jefe del grupo de ecología microbiana en el Instituto de Epidemiología y Diagnóstico de Patógenos del Julius Kühn-Institut (JKI), Centro Federal de Investigación de Plantas Cultivadas, en Braunschweig. Estudió química e hizo su doctorado en bioquímica en la Universidad Martin-Luther en Halle. La venia legendi para microbiología se obtuvo en la Universidad Técnica de Braunschweig, donde es profesora adjunta de microbiología.

Dr. Jorge Mazza Rodrigues (Brasil)

CHARLA MAGISTRAL
15:45 HRS.

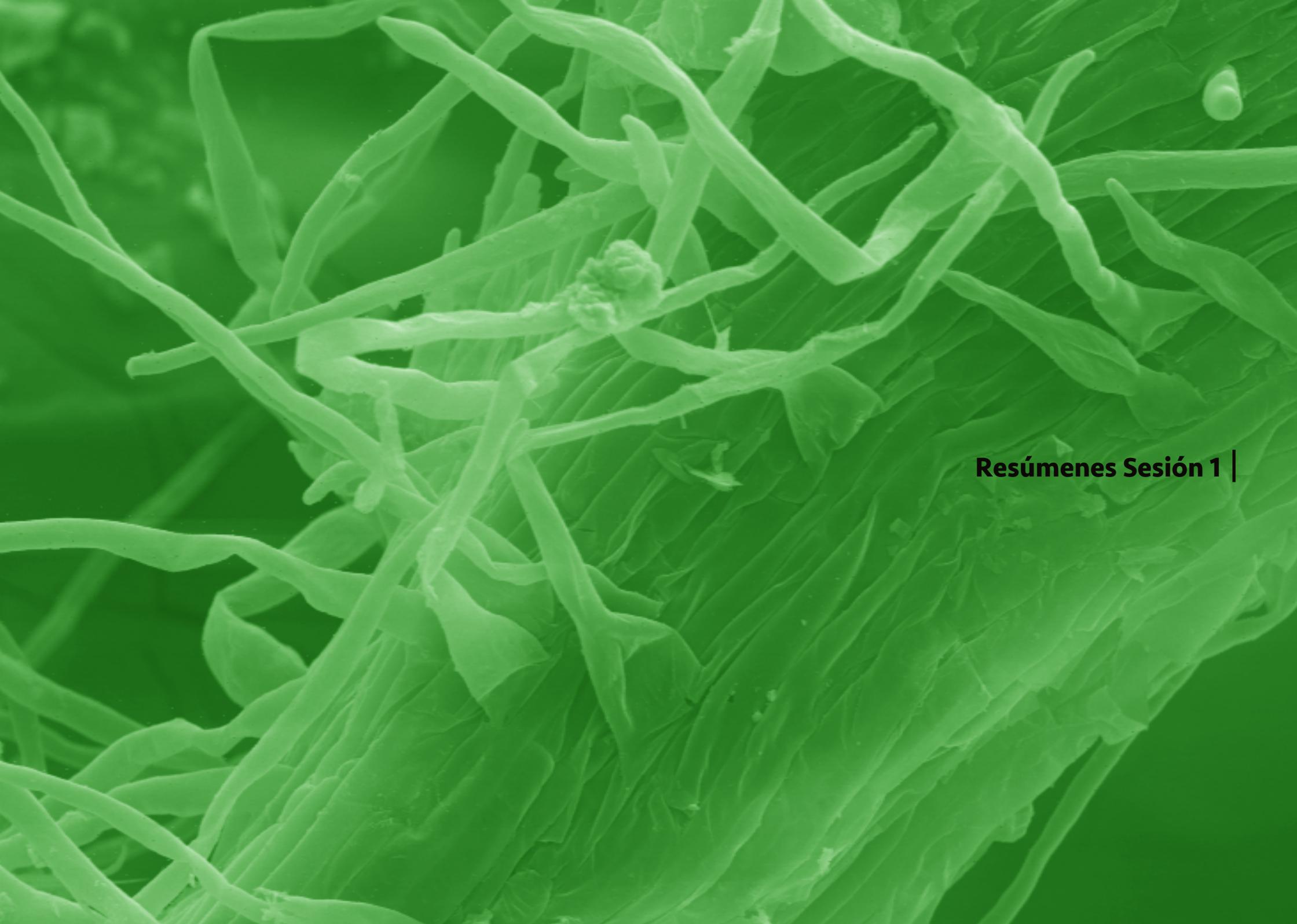
The soil-plant-ecosystem health connection

A critical component of any self-sustainable ecosystem is its microbiome, the collection of all microorganisms and the genomic make-up that they carry to mediate important environmental services and biogeochemical processes. This is not different in agricultural systems, where microorganisms mediate the cycling of carbon and nutrients, protection against pathogens, and other beneficial interactions with plants. Significant efforts for soil conservation and sustainable management practices have led to the concept of soil health, which is directly linked to the overall health of cultivated plants through their rhizosphere microbiomes. In this presentation, I will provide data on how losses in microbial community diversity (taxa abundance and structure) in soils have a direct effect on plants. Using a combination of high-throughput omics technologies and soil physico-chemical properties, our group has observed that forest-to-pasture conversion resulted in genomic losses that were translated into ecosystem processes related to the C and N cycles. The metabolite profiles of soils were also altered with easier-to-degrade compounds such as beta-gentiobiose and glutamic acid being detected in grasses, while aromatic compounds, like 4-hydroxybenzoic acid, were detected in pristine environments. At the microbiome level, stress-related functions controlled by transcriptional regulator genes that act as master switches of cell metabolism were also altered. Functions associated with heat stress, carbon starvation and microbial motility were altered under different soil management practices. Taken together, our results show the potential for transcriptional regulators to be used as biological indicators of soil -plant-ecosystem health.



Biografía

Jorge L. Mazza Rodrigues is currently a Professor in the Department of Land, Air and Water Resources at University of California – Davis. He has an Agronomical Engineering degree from the University of Sao Paulo, Brazil, and a dual PhD from Michigan State University, USA. His laboratory research focuses on the ecology of soil microorganisms and their importance as biological regulators of biogeochemical cycles in natural and agricultural ecosystems.



Resúmenes Sesión 1 |

Efecto de la aplicación de inoculantes biológicos y fertilizantes sobre la estructura de las comunidades bacterianas rizosféricas asociadas a plantas de maní y maíz

Autores: Anzuay, M. S.¹; Pin Viso, N.²; Ludueña, L. M.¹; Morla, F.¹; Angelini, J. G.¹; Taurian, T.¹

Expone: Anzuay, M. S.

Contacto: manzuay@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: ¹ Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas INIAB, CONICET-UNRC, Ruta Nacional 36, Km 601, Río Cuarto, CP 5800, Argentina. ² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Nicolás Repetto y de los Reseros s/n, Hurlingham, CP 1686, Argentina.

Resumen: El cultivo de maní (*Arachis hypogaea* L.) es de gran importancia económica en Argentina. La rotación de esta leguminosa con otros cultivos, como maíz (*Zea mays* L.), es fundamental para obtener un buen rendimiento. En los suelos la microbiota presente puede ejercer efectos beneficiosos sobre el crecimiento de las plantas. Sin embargo, ha sido descrito que la estructura de dicha comunidad microbiana puede verse afectada por diferentes factores tales como el tipo de suelo y las prácticas agrícolas. El objetivo de este estudio fue analizar el efecto de la aplicación de inoculantes biológicos y fertilizantes químicos utilizados en la zona agrícola manisera sobre la estructura de la comunidad bacteriana rizosférica asociada a estos cultivos. Para ello, se realizaron ensayos de microcosmos utilizando suelo no estéril del área manisera argentina como soporte para el crecimiento de las plantas. Los tratamientos fueron plantas de maní y maíz fertilizadas o inoculadas de manera individual con las cepas nativas de maní *Serratia* sp. S119 o *Enterobacter* sp. J49. Además, se incluyeron plantas de maní inoculadas con la cepa comercial *Bradyrhizobium* sp. SEMIA 6144 (IPAGRO, Brasil) y plantas de maíz inoculadas con los productos comerciales "Rizofosliq Maíz" y Nodumax® Azo maíz. Como control se emplearon plantas sin fertilizar y sin inocular. Las plantas se mantuvieron en condiciones controladas durante 120 y 100 días para maní y maíz, respectivamente, momento en el cual se realizó extracción de ADN del suelo rizosférico. La estructura de la microbiota de los diferentes tratamientos se realizó mediante el análisis del gen ARNr 16S empleando la plataforma IlluminaMiSeq. Los resultados indicaron que si bien en la rizósfera del maní y maíz los filos más abundantes fueron Proteobacteria, Acidobacteria y Actinobacteria, las estructuras de las comunidades bacterianas rizosféricas fueron diferentes. Fue posible observar cambios asociados a los tratamientos en los niveles de filo, familia y género. En conclusión, la aplicación de fertilizantes químicos e inoculación bacteriana modifica la estructura de la microbiota rizosférica de maní y maíz.

Cepas parásitas de alfalfa en suelos ácidos de la cuenca lechera del Uruguay: confirmación de su presencia y competitividad frente al inoculante comercial

Autores: Berais, A.¹; Morel, M.¹; Giménez, M.²; Delpino, J.¹; y Monza, J.¹.

Expone: Berais Rubio, A.

Contacto: and.berais@hotmail.com

Afiliación: ¹ Laboratorio de Bioquímica, Facultad de Agronomía, UdelaR. ² Laboratorio de Microbiología Molecular, BIOGEM, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, MEC.

Resumen: Los fallos en la nodulación de alfalfa en Uruguay se atribuyen principalmente al pH del suelo y a la toxicidad por aluminio. Menos estudiado ha sido el riesgo potencial que constituyen las cepas parásitas presentes en algunos suelos ácidos para la simbiosis alfalfa-*Ensifer meliloti*. Estas cepas parásitas, denominadas tipo Oregón, se identificaron en suelos de Estados Unidos, Argentina, Canadá y Francia. En Uruguay se ha propuesto su presencia. En este trabajo se aislaron rizobios de nódulos de plantas de alfalfa crecidas en suelos de la cuenca lechera, se identificaron según sus perfiles ERIC, se determinó su eficiencia simbiótica y se evaluó la competitividad de una cepa parásita (ORY1) respecto a la cepa usada como inoculante comercial (U143). De 6 aislamientos que presentaron baja eficiencia simbiótica, se identificaron dos tipos de perfiles ERIC. La secuencia del gen 16sRNAr de los aislamientos presentó un porcentaje de similitud entre 94.9 y 100% con la cepa parásita tipo LPU83 de *Rhizobium favelukesii*, aislada en Argentina. El genoma de la cepa ORY1 (JAIRAY000000000) se secuenció, anotó y analizó comparativamente con la herramienta TYGS (Type Strain Genome Server) e índices ANI y TETRA. El genoma, de 7,44 Mb, con contenido GC del 59,7%, 8.400 secuencias codificantes y 51 genes de ARN, comparte una identidad mayor al 99,95% con el genoma de LPU83, lo que confirma la presencia de *R. favelukesii* en suelos de Uruguay. De acuerdo con su fenotipo parásito, ORY1 presenta dominios de peptidasas de la familia M16, involucradas en la supresión de la fijación de nitrógeno. Resultados preliminares de ocupación de nódulos por las cepas U143 y ORY1, usando marcaje con el gen delator *gusA*, evidenciaron una alta competitividad de la cepa parásita y coocupación de los nódulos. Estos resultados constituyen un avance en la identificación de los problemas de implantación de alfalfa asociada a rizobios parásitos, en suelos con pH ácido.

Efecto del déficit hídrico sobre el microbioma fúngico presente en suelo, rizosfera y raíz de la vid

Autores: Carbone, M. J.¹; Gelabert, M.¹; Moreira, V.¹; Eichmeier, A.²; Tekielska, D.²; Bujanda, R.³; Gramaje, D.³; Mondino, P.¹; Alaniz, S.¹

Expone: Carbone, M. J.

Contacto: mjcarbone@fagro.edu.uy

Afiliación: ¹Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Udelar;

²Mendeleum - Institute of Genetics, Faculty of Horticulturae, Mendel University

in Brno; ³Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino, Consejo Superior de Investigaciones Científicas – Universidad de la Rioja – Gobierno de la Rioja.

Resumen: Las plantas están íntimamente relacionadas con el microbioma presente en el continuo suelo-rizosfera-raíz. Estos microorganismos contribuyen con la nutrición, promoción del crecimiento, protección contra patógenos y tolerancia al estrés abiótico. La viticultura es uno de los principales sectores agroeconómicos del mundo, sin embargo, poco se conoce sobre el impacto de estreses abióticos, como la sequía, sobre el microbioma asociado a este cultivo. En este trabajo se estudió el efecto del déficit hídrico sobre la composición del microbioma fúngico de la endosfera de la raíz, rizosfera y suelo, a través de la secuenciación masiva de amplicones de la región ITS. Se impusieron tres regímenes de riego (100%, 50% y 25% de la capacidad de campo (cc)) sobre plantines del portainjerto SO₄ mantenidos en macetas con suelo de un vivero vitícola comercial. A los 6 y 12 meses del establecimiento de los regímenes de riego se analizaron muestras de raíz, rizosfera y suelo. La diversidad de la comunidad fúngica (diversidad alfa) fue mayor en el suelo y la rizosfera que en la raíz, independientemente del régimen de riego. El déficit hídrico severo (25%) disminuyó significativamente la diversidad del microbioma fúngico en los tres compartimentos respecto al régimen sin déficit hídrico (100%), siendo la endosfera de la raíz la que mostró mayores diferencias en ambos momentos de muestreo. El *Linear Discriminant Analysis Effect Size* indicó que las diferencias entre los tres regímenes de riego en la raíz a los 6 y 12 meses se explican por 50 y 20 géneros, respectivamente. Entre ellos *Funneliformis*, una micorriza arbuscular, y *Trichoderma*, un hongo conocido por su actividad biocontroladora. Nuestros resultados indican que el déficit hídrico es capaz de alterar el microbioma fúngico asociado a las raíces de la vid, por lo que futuros estudios serán necesarios para comprender el impacto de estos cambios sobre el cultivo de la vid.

Soil Conservation Measures Affect the Soil and Rhizosphere Microbiota and Improve Soil Health in Vegetable and Grain Crop Systems in Uruguay

Autores: Cerecetto, V.^{1,2}; Babin, D.¹; Smalla, K.¹; Leoni, C.².

Expone: Cerecetto, V.

Contacto: victoria.cerecetto@julius-kuehn.de

Afiliación:¹ Institute for Epidemiology and Pathogen Diagnostics, Julius Kühn-Institute (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig, Germany. ² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Programa de Producción y Sustentabilidad Ambiental, Estación Experimental INIA Las Brujas, Ruta 48 Km 10, 90200 Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Currently, it is still unclear how agriculture intensification changes the soil microbiome and soil properties with implications for plant performance. Two Uruguayan long-term field experiments (LTEs) were studied, where we measured soil physicochemical properties, plant performance and soil and rhizosphere microbiota, by high-throughput amplicon sequencing. LTE1 allows to assess the soil restoration potential of organic fertilization (compost, poultry manure, cover crop) combined with conventional tillage (CTOF) or reduced tillage (RTOF) in a vegetable farming system. CTOF and RTOF were compared with conventional tillage combined with mineral fertilization (CTMF), and with an adjacent undisturbed site (UND; reference of healthy soil). LTE2 allows to study the effects of soil use intensity on soil health in a grain cropping system with no-tillage. Continuous grain cropping (CC), a short rotation (SR; two years crops-two years pastures) and a long rotation (LR; two years crops-four years pastures), were compared with an adjacent natural grassland (NG; reference). In LTE1, the fertilization source strongly shaped the soil and table beet rhizosphere microbiota, with e.g. *Bacillus* and *Nitrososphaeraceae* being more abundant in CTMF than RTOF soils. RTOF exhibited higher table beet yields than CTMF, also a significantly higher proportion of large soil aggregates (>2mm), soil organic C, nutrient availability and microbial alpha-diversity than CTMF and became more similar to UND. In LTE2, SR and LR exhibited significantly higher oat and soybean yields than CC. The proportion of large soil aggregates and labile C in SR and LR approached to NG levels. The soil and rhizosphere microbiota were shaped by the rotation, with e.g. *Xanthobacteraceae*, *Pseudomonas* and *Bacillus* being more abundant in SR and LR than CC rhizospheres. Our results suggest that reduced tillage combined with organic fertilization and crop-pasture rotations have the potential to improve soil health mediated by soil and rhizosphere microbiota, in vegetable systems and no-till cropping systems, respectively.

Efecto de *Azospirillum sp.* sobre el desempeño agronómico del maíz dulce cv. pardo en Huacho, Perú

Autores: Contreras Liza, S.; Yasiel Villadeza, C.

Expone: Contreras Liza, S.

Contacto: scontreras@unjfsc.edu.pe

Resumen: Objetivos: Determinar la influencia de la inoculación con *Azospirillum sp.* en la producción de maíz dulce cv. pardo en la costa central del Perú. Metodología: Se utilizó el diseño de bloques completos al azar con 4 repeticiones en un experimento agronómico desarrollado en un campo de cultivo eriazo bajo riego por goteo en la localidad de El Paraíso, Huacho, Perú, utilizando la variedad comercial de maíz dulce "pardo". Los tratamientos fueron dos niveles de nitrógeno (90 y 180 k N/ha), más una o dos aplicaciones al follaje de una cepa nativa de *Azospirillum sp.*, y un tratamiento control sin inoculación (con fertilizante nitrogenado). Se evaluaron 10 variables agronómicas relacionadas a aspectos productivos, realizándose el análisis estadístico y la comparación de tratamientos con la prueba de Scott Knott al nivel $\alpha = 0,05$ mediante el programa Infostat. Resultados: La inoculación con *Azospirillum sp.* no afectó significativamente ($p > 0,05$) el peso de mazorcas total por parcela, número de mazorcas por planta, sobrevivencia de plantas a la cosecha y el número de flores masculinas, pero sí influyó significativamente ($p < 0,05$) algunos caracteres productivos como el rendimiento de grano por hectárea, peso de grano por planta, diámetro de la mazorca y la longitud de mazorca. Conclusiones: Se halló un efecto significativo de la inoculación con *Azospirillum sp.* en algunas características productivas del maíz dulce cv. pardo, superando en rendimiento de grano al control solo con fertilización nitrogenada.

Afiliación: Universidad Nacional José Faustino Sanchez Carrion.

***Stable Isotope Probing* para estudiar la comunidad metanótrofa activa en rizósfera de arroz de diferentes rotaciones agrícolas: optimización y resultados preliminares**

Autores: Croci, S.^{1,2}; Ferrando, L.¹.

Expone: Croci, S.

Contacto: scroci@fq.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Ecología Microbiana Medioambiental, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar. ²Programa de Posgrados de la Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay.

Resumen: El arroz es un cultivo de gran relevancia económica y ambiental. Las condiciones del suelo que se establecen al ser inundado hacen de este ecosistema una de las principales fuentes antropogénicas de metano, un potente gas de efecto invernadero. La actividad de las bacterias aerobias oxidantes de metano es crucial para mitigar estas emisiones hacia la atmósfera. Para contribuir a la caracterización de las comunidades de metanótrofas asociadas a la planta de arroz y a la evaluación del impacto de la intensificación en ellas, se optimizó la técnica ADN-SIP, que permite estudiar las metanótrofas activas que crecen a partir de metano marcado con un isótopo estable (¹³CH₄), incorporando ¹³C en su ADN y haciéndolo más pesado. A partir de suelo rizosférico de plantas de arroz en floración provenientes de dos rotaciones arroceras con diferente grado de intensificación (arroz continuo y rotación arroz-pasturas) de un ensayo de campo de largo plazo (INIA, Treinta y Tres), se realizaron experimentos de microcosmos (por duplicado). Se incubaron las muestras con 7% (v/v) de ¹³CH₄ y se realizaron controles con metano sin marcar (¹²CH₄), monitoreándose el consumo de metano mediante GC/FID. Se extrajo el ADN total y se realizó la ultracentrifugación en gradiente de CsCl y posterior fraccionamiento. Durante la optimización los parámetros evaluados fueron el tiempo de incubación, la cantidad de ADN a utilizar y el flujo de elución durante el fraccionamiento del gradiente. Como resultado se obtuvo el gradiente de densidades esperado en las distintas fracciones, se constató presencia de ADN y el enriquecimiento de metanótrofos en la fracción pesada (ADN con ¹³C) mediante qPCR del gen marcador funcional pmoA. Las fracciones seleccionadas fueron enviadas para la secuenciación del gen 16S rRNA (Illumina MiSeq) lo que permitirá determinar qué metanótrofos se encuentran activos en rizósfera de arroz.

Respuesta de *Azospirillum spp.*- *Opuntia spp.*, en la rizorremediación de suelos contaminados con petróleo crudo

Autores: Severiano Hernández, B.¹, Hernández Sánchez, K.¹; Rosas Morales, M.²; Tapia Hernández, R. A.¹; y Jiménez Salgado, T.¹.

Expone: Jiménez Salgado, T.

Contacto: terjimensal@yahoo.com.mx

Afiliación: ¹Universidad Autónoma de Puebla-ICUAP. ²IPN-Centro de Investigación de Biotecnología Aplicada.

Resumen: Hasta el 2018 Puebla, México, estaba entre los estados con el mayor número de derrames por robo de combustible lo que ha provocado daños ambientales principalmente al suelo. La rizorremediación es considerada una técnica efectiva para la remoción y/o degradación de contaminantes orgánicos, usando cultivos tolerantes y microorganismos degradadores de hidrocarburos. Algunos géneros de bacterias promotoras de crecimiento vegetal (BPCV) han demostrado la capacidad de asimilar y/o cometabolizar los contaminantes xenobióticos. En esta investigación se evaluó la respuesta de *Opuntia spp.* inoculado con cepas de BPCV del género *Azospirillum spp.* en condiciones de invernadero. Doce tratamientos fueron realizados por triplicado en macetas con 1.5 Kg de suelo contaminado intencionalmente con petróleo crudo a una concentración inicial de 12,000 ppm. El proceso de rizorremediación fue evaluado con las determinaciones de: hidrocarburos totales del petróleo (TPHs), propiedades fisicoquímicas del suelo e índice morfológico de calidad en las plantas (biomasa en tallo y raíz del nopal), en un período de 30, 60 y 150 días. Los resultados demuestran que el uso de cepas de *Azospirillum* presentan mayor degradación del hidrocarburo en comparación a los testigos que solo incluían la planta, siendo la cepa *Azospirillum brasilense* (A5) y *Azospirillum rugosum* (BSH-1) las que presentaron mejor respuesta con 78.31% y 76.01% de degradación de TPHs respectivamente. En relación a la biomasa se observó incremento en el desarrollo de brotes, grosor de los cladodios, longitud de las raíces y pelos radiculares, los tratamientos con las cepas A5 y BSH-10 presentaron los mayores pesos secos en raíz (14.78 g y 13.03 g respectivamente) y diferencia estadísticamente significativa en relación al testigo. La mayor degradación y aumento de la biomasa pudo deberse a la interacción planta-bacteria como resultado de la rizorremediación en comparación a los testigos.

Impacto de la variedad de arroz y la rotación de cultivos sobre el microbioma y grupos microbianos involucrados en el consumo de CH₄ y N₂O asociados a raíces de arroz

Autores: Martínez, A.*; Ghiazza, C.*; Balestena, D.; Ferrando, L. (*igual contribución a este trabajo).

Expone: Martínez, A.

Contacto: amartinez@fq.edu.uy

Afiliación: Laboratorio de Ecología Microbiana Medioambiental, Área Microbiología, Departamento de Biociencias. Facultad de Química, Universidad de la República.

*igual contribución a este trabajo.

Resumen: Los arrozales presentan relevancia no solo porque el arroz es uno de los principales alimentos a nivel mundial sino también porque constituyen una de las mayores fuentes antropogénicas de gases de efecto invernadero (GEI). Los procesos de reducción microbiana de N₂O y de oxidación biológica de CH₄, ambos GEI producto de procesos biogeoquímicos que tienen lugar en arrozales, presentan gran interés en el desarrollo de estrategias de mitigación de emisiones. En Uruguay, la búsqueda de una mayor productividad ha llevado a hacer un uso más intensivo del suelo modificando la tradicional rotación arroz-pasturas. En este trabajo se evaluó la influencia de la variedad de arroz y de la historia agrícola, sobre el microbioma y las comunidades microbianas de reductores de óxido nitroso y oxidantes de metano asociadas a plantas de arroz. A partir de un ensayo de crecimiento de plantas de arroz en condiciones controladas (dos variedades, suelo de rotaciones arroz-pastura y arroz-soja, dos etapas del ciclo de cultivo) se cuantificaron (qPCR) los dominios bacteria y archaea así como genes marcadores funcionales de la oxidación de metano (*pmoA*) y reducción de óxido nitroso (*nosZI* y *nosZII*), presentes en rizósfera y como endófitos de raíces de arroz. Ambas variantes de los genes *nosZ* fueron detectadas y cuantificadas en rizósfera y tejidos radiculares mientras que el gen *pmoA* solo pudo ser cuantificado a nivel rizosférico. La etapa del cultivo afectó significativamente la abundancia de genes marcadores funcionales (rizósfera y raíces de arroz), no observándose efecto de la variedad de arroz ni el cultivo previo. El estudio del microbioma de rizósfera de arroz reveló que tanto la etapa del cultivo como la rotación moldearon las comunidades de bacteria, archaea y de reductores de N₂O (*nosZI*). Metanótrofos diazotrofos del género *Methylocystis* dominaron las comunidades metanótrofas rizosféricas.

Azospirillum brasilense Az39 inoculation effect on maize rhizosphere microbiome composition

Autores: Coniglio, A. ¹; Molina, R. ¹; Larama, G. ²; Mora, V. ¹; Torres, D. ¹; Marin, A. ³; Ávila, A. ²; de Souza, E. ³; Cassán, F. ¹.

Expone: Molina, R.

Contacto: rmolina@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: ¹Laboratorio de Fisiología Vegetal y la Interacción Planta-microorganismo (INIAB-CONICET), UNRC, Argentina. ²Centro de Modelación y Computación Científica, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. ³Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Brasil.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: *Azospirillum* genus is used in agriculture bio-inoculants production for non-legumes inoculation and co-inoculation of legumes. Despite the fact inoculation with beneficial bacteria modifies the microbial communities associated with plants, few reports are available describing the effects of *Azospirillum* genus on the inoculated plant microbiome to date. *A. brasilense* Az39 is the preferred strain for maize inoculation in Argentina. In order to determine whether the *A. brasilense* Az39 inoculation modifies the bacterial microbiome associated with maize rhizosphere, a sequence analysis of the 16S rRNA gene was performed under controlled experimental conditions. Rhizosphere metagenomic DNA was obtained from plants inoculated and not inoculated with *A. brasilense* Az39 and bulk soil was used as a reference treatment. Biodiversity and microbial composition were analysed, a co-occurrence network was built and a FAPROTAX analysis was performed to predict metabolic functions based on the abundance of 16s rRNA sequences. Results showed that *Azospirillum* was the most abundant genus in inoculated plants rhizosphere. Regarding alpha diversity, only a significant difference was observed for the Pielou index. Beta diversity showed a defined structure for each rhizosphere communities, in comparison to the communities of non-rhizospheric soils. According to the LEfSe index, the three most abundant genera associated with Az39 inoculation were *Burkholderia*, *Massilia* and *Sphingobium*. Additionally, an increase in the relative abundance of some members of the Rhizobiales order was observed in inoculated plants. The co-occurrence networks showed a positive interaction between *Azospirillum* and *Pseudomonas*, and a negative correlation with *Hyphomicrobium*. FAPROTAX analysis showed some functions related to chemoheterotrophy, phototrophy and the nitrogen cycle. In conclusion, our results confirm that *Azospirillum* is able to colonizing the maize rhizosphere after inoculation and could induce an increase in relative abundance of some beneficial bacterial genera, also commonly used as biofertilizers in agriculture.

La microbiota rizosférica ¿puede relacionarse a la sustentabilidad de los cultivos?

Autores: Pereira Mora, L. ^{1,2}; Fernández Scavino, A. ¹.

Expone: Pereira Mora, L.

Contacto: lupereira@fq.edu.uy

Afiliación: ¹Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ²Programa de Posgrados de la Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La agricultura sustentable procura mantener la calidad y productividad de los cultivos, reduciendo el uso de insumos y minimizando el impacto ambiental. El cultivo de arroz tiene un ciclo biológico particular, con una fase prolongada de inundación durante el cual las raíces permanecen en una interfase aerobia/anaerobia. En ese período se activa la microbiota anaerobia responsable de la producción de metano, gas de efecto invernadero y uno de los principales contaminantes producidos durante el cultivo. Para minimizar el impacto ambiental es necesario conocer los factores que regulan la composición y actividad de los microorganismos involucrados en la metanogénesis. En este trabajo se compararon los efectos del tipo de suelo y la variedad vegetal en la composición y actividad de la microbiota metanogénica rizosférica. Se utilizaron plantas de dos variedades (de sps. indica y japónica), cultivadas en dos suelos limo-arcillosos del norte y del este del país, que tienen diferentes propiedades fisicoquímicas. Se analizó la estructura de las comunidades de bacterias y de archaeas metanogénicas mediante secuenciación de amplicones del gen ARNr 16S y su respuesta fisiológica medida como velocidad de producción de metano. Se observó que la estructura de las comunidades de los dominios bacteria y archaea difiere según las características del suelo. Las archaeas metanogénicas en cambio, responden tanto al tipo de suelo como a la variedad. La microbiota asociada a la variedad Olimar (sps. indica) y a suelos del este, condiciones en que los géneros metanogénicos *Methanocella* y *Rice Cluster* / tienen mayor abundancia diferencial, produce metano a velocidades menores a partir de algunos sustratos radiculares que la microbiota de otras combinaciones suelo-variedad. Este trabajo permite seleccionar parámetros de manejo del cultivo con menor potencial de contaminación por emisión de metano. Además, sugiere que ciertos géneros de archaeas metanogénicas podrían ser indicadores de una producción arrocería más sustentable.

Efecto de la implementación de tres prácticas agrícolas sostenibles en la abundancia relativa de genes relacionados al ciclo del nitrógeno en suelo

Autores: Rodríguez, V.¹; Rojas Tapias, D. F.¹; Caro, A.²; Estrada Bonilla, G.¹

Expone: Rodríguez, V.

Contacto: vrodriguez@agrosavia.co

Afiliación: ¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia.

²Universidad Nacional de Colombia – UNAL.

Resumen: La degradación del suelo causa disminución de la biomasa de las plantas y de la funcionalidad del microbioma presente, afectando su capacidad productiva. La restauración de suelos mediante prácticas agrícolas sostenibles promueve la recuperación de los sistemas productivos, posiblemente, mediante el restablecimiento de grupos funcionales microbianos esenciales. Por ello, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de tres de estas prácticas sobre la abundancia relativa de genes relacionados al ciclo del nitrógeno. Para esto, se estableció un diseño experimental de tipo factorial (i.e. 3 x 2 x 3). El primer factor fueron los sistemas vegetales (i.e. kikuyo, trébol o su interseembra), el segundo factor, adición de biofertilizante (i.e. adición o no de una mezcla de bacterias promotoras de crecimiento vegetal), y el tercer factor, adición de materia orgánica (i.e. adición o no de compost). Un total de doce tratamientos fueron evaluados. Se extrajo ADN total de muestras de suelo después de 6 y 18 meses. Se cuantificó la abundancia de genes relacionados a la enzima nitrito reductasa (*nirK* y *nirS*) y amonio monooxigenasa (*amoA*) como marcadores funcionales de la diversidad de bacterias desnitrificantes y oxidadoras de amonio dentro de la comunidad mediante qPCR. El gen *nirK* mostró un cambio en la abundancia en la interseembra con adición de materia orgánica de 442,9 veces más con respecto al control de interseembra sin manejo. Mientras que el gen *nirS* incrementó aprox. 8800 veces en el sistema de interseembra con adición de materia orgánica comparado con el control. Para el gen *amoA* la interseembra resultó en un incremento de 45 veces comparado con la interseembra con adición de materia orgánica y biofertilizante. Estos resultados sugieren que la implementación de prácticas sostenibles es una alternativa potencial para modular las poblaciones desnitrificantes y oxidadoras de amonio en el sistema de pasto kikuyo.

O sistema plantio direto favorece a manutenção da biodiversidade microbiana e o ciclo do nitrogênio no solo

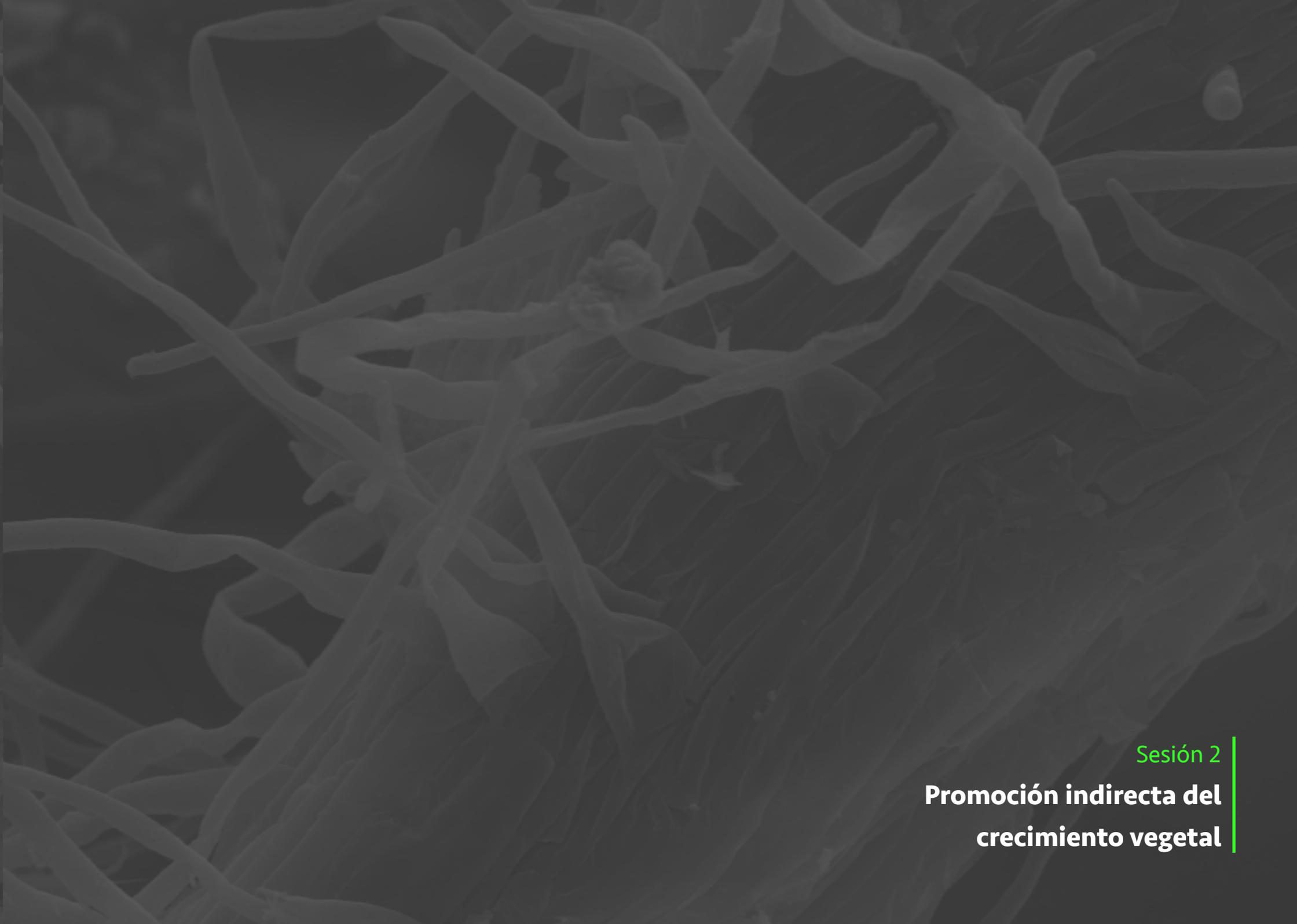
Autores: Urrea-Valencia, S. ^{1,2}; Karas, L. P. ²; Etto, R. M. ²; Gonçalves, D. R. P. ²; Caires, E. F. ³; Bini, A. R. ³; Takahashi, W. Y. ²; Galvão, C. W. ²

Expone: Urrea Valencia, S.

Contacto: salomeuv@gmail.com

Afiliación: ¹3M Experimentação Agrícola, Ponta Grossa – PR, Brasil. ²LABMOM – UEFG, Ponta Grossa – PR, Brasil. ³LABFER – UEFG, Ponta Grossa – PR, Brasil

Resumen: A diversidade do microbioma de solos agricultáveis permanece pouco explorada em áreas tropicais e poderia ser um indicador de alta produtividade. O Brasil é destaque mundial na utilização de bactérias promotoras do crescimento vegetal na agricultura, contudo, o impacto dos inoculantes e a resiliência da comunidade nativa dos solos ainda são pouco estudados. Variações na composição microbiana do solo podem ser explicadas pela teoria do nicho, na qual, existe interação espécie-ambiente e espécie-espécie, assim, o solo representa um sistema de múltiplas interações em várias escalas. No presente estudo foi analisado o impacto da inoculação de *Azospirillum brasilense* e da adubação nitrogenada na composição da comunidade bacteriana do solo não rizosférico (0-10 cm), das culturas de aveia preta e do milho cultivadas em sistema plantio direto de longa duração. Para tal fim, foi realizado o sequenciamento parcial do gene 16S rRNA na plataforma Illumina MiSeq e quantificada por qPCR a abundância dos genes *nifH* (chave na conversão de N_2 a NH_3) e *nosZ* (chave na conversão N_2O a N_2). Foi observado que a inoculação e a adubação nitrogenada não impactaram a composição bacteriana das duas culturas. No entanto, a abundância do gene *nifH* foi negativamente influenciada pela adubação nitrogenada e pela inoculação com *A. brasilense* na cultura do milho. Por outro lado, o gene *nosZ* apresentou baixa abundância e foi estável nas duas culturas. Estes resultados apontam para a interação espécie-ambiente evidenciando que embora não houve alterações na composição ao nível de filo, há variação em níveis taxonômicos inferiores, especificamente em grupos bacterianos que participam de funções específicas como a fixação de nitrogênio. Os resultados obtidos indicam que práticas mais conservacionistas na agricultura contribuem para a estabilidade da comunidade microbiana. Estudos futuros avaliando a composição microbiana do solo em diferentes escalas, podem ajudar esclarecer o comportamento de grupos funcionais.



Sesión 2

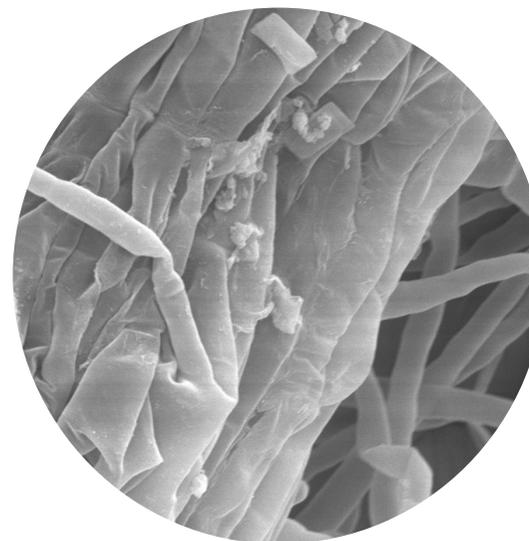
**Promoción indirecta del
crecimiento vegetal**

SESIÓN 02

PROMOCIÓN INDIRECTA DEL CRECIMIENTO VEGETAL

**Coordinadores: Dr. Federico Rivas (Uruguay) -
Dr. Claudio Valverde (Argentina)**

Una fracción sustantiva de la diversidad microbiana está íntimamente asociada a distintos órganos o compartimentos vegetales y contribuyen significativamente al crecimiento saludable de la planta por medio de mecanismos que reducen el impacto negativo de fitopatógenos. Entre estos mecanismos, se destacan la antibiosis, la inducción de la resistencia sistémica y la competencia por nutrientes y por nicho. Identificar los actores responsables y comprender las bases moleculares de estos mecanismos permite avanzar en el entendimiento de la evolución del holobionte planta, a la vez que genera herramientas para el desarrollo de estrategias biotecnológicas para el mejoramiento de la producción agronómica. En esta sesión se ilustrarán estos conceptos con contribuciones sobre la potencialidad de los bacteriófagos para el control de infecciones en repollo por parte de *Xanthomonas campestris* (a cargo del Dr. Jeroen Wagemans, de KU-Leuven, Bélgica), y sobre el impacto a nivel severidad de infección por parte de *Botrytis* sp. y la respuesta transcriptómica del tomate inoculado con microorganismos benéficos: *Bacillus* sp. individualmente o en combinación con *Trichoderma* sp. (a cargo de la Dra. Alexandra Stoll, de CEAZA, Chile).



Dr. Jeroen Wagemans (Bélgica)

CHARLA MAGISTRAL
10:00 HRS.

Phage biocontrol against xanthomonas infections in cabbage

Bacterial infections in agriculture are estimated to cause losses up to 10%. One of the culprits is *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc). These bacteria are known to cause black rot in cabbage (*Brassica* spp.). Until recently, bacterial infections were treated using copper-based chemicals and antibiotics like streptomycin. However, the use of these compounds is not sustainable since they are prone to resistance development and have a detrimental impact on the environment. A valuable alternative is the use of biocontrol agents like bacteriophages to fight bacterial infections. In this regard, different phages were isolated to tackle Xcc infections. Our current Xcc phage collection can lyse about 85% of the strains relevant for agriculture in Belgium. These phages were investigated both genetically and microbiologically to determine their resistance potential, infection efficiency, biosafety and potential to be used in phage biocontrol using bioassays and field trials. Our promising results show that a strategy tailored to the pathosystem is key to implement phage biocontrol in integrated pest management strategies.



Biografía

Dr. Jeroen Wagemans (PhD, 2014) is research manager at the Laboratory of Gene Technology (PI: Prof. Rob Lavigne) at KU Leuven (Belgium). In his research, he focuses on the application of bacteriophages, bacteria's natural enemies, as biocontrol agents against phytopathogenic bacteria. Currently, he is working on phage biocontrol against several pathosystems such as black rot in cabbage (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) and hairy roots disease in hydroponically grown tomato and cucumber (rhizogenic *Agrobacterium*).

Dra. Alexandra Stoll (Chile)

CHARLA MAGISTRAL
10:45 HRS.

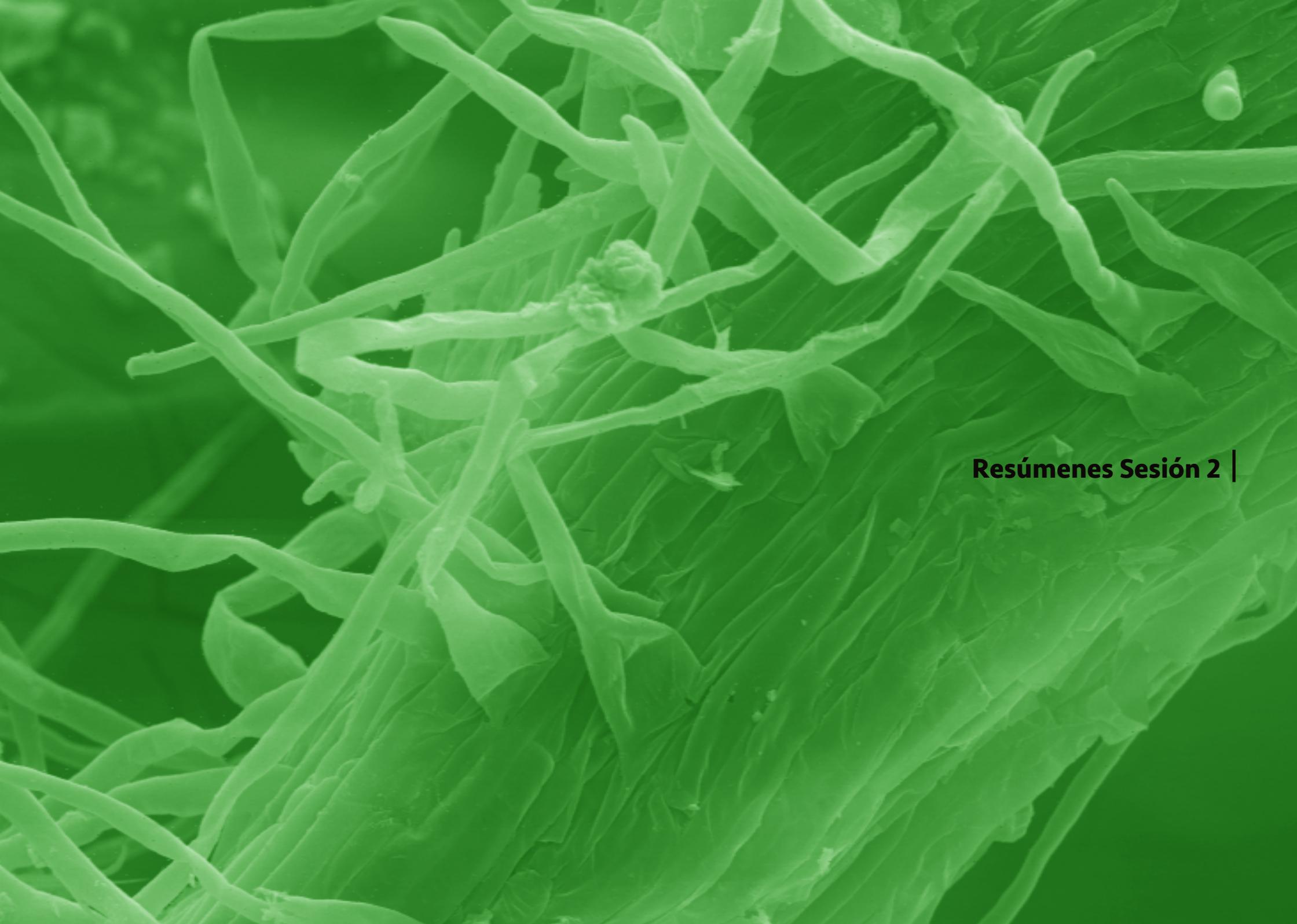
Modulación microbiana de la respuesta vegetal ante la infección con botrytis cinerea

En las últimas décadas, los mecanismos de elicitación de resistencia sistémica inducida (ISR) y de inhibición de infecciones fúngicas como p.ej. del hongo necrotrófico *Botrytis cinerea*, han sido estudiados desde distintas aproximaciones y aun así quedan diferentes aspectos por comprender. En nuestro trabajo comparamos los perfiles transcriptómicos de plantas de tomate tratadas con microorganismos benéficos, evaluando por un lado aplicaciones pre y post infección con *B. cinerea*, así también la influencia del tipo de microorganismo benéfico (*Bacillus*, *Trichoderma*) en la elicitación del ISR. Plantas que no fueron tratadas preinfección mostraron una marcada expresión de genes relacionados con las respuestas de las vías del SA. Según el enriquecimiento en los GO term en estas plantas más del 70% de los transcritos se pueden relacionar con respuestas inespecíficas a estímulos o patógenos. En plantas tratadas con *Bacillus* sp. preinfección se reconocieron respuestas ISR relacionadas con las vías del JA además una serie de transcritos relacionados con el reconocimiento de PAMPS/MAMPs y efectores ETS (PRRs y NBS-LRR) y un importante enriquecimiento en vías que favorecen sistemas de detoxificación y reparación celular. La inoculación combinada *Bacillus*-*Trichoderma* también activa una respuesta ISR, pero reflejando señales mixtas de reconocimiento de ambos microorganismos benéficos.



Biografía

La Dra. Alexandra Stoll obtuvo su título en Biología (2001) en la Universidad Técnica de Dresden, Alemania, donde también realizó su doctorado (2005). Desde 2008 se desempeña como investigadora titular del Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA, Chile) y desde 2012 lidera el Laboratorio de Microbiología Aplicada. Sus líneas principales de investigación se centran en la identificación y caracterización de microorganismos y comunidades asociadas a la raíz vegetal, los mecanismos involucrados en la interacción planta-bacteria, y aplicaciones para la agricultura en zonas áridas. En esta línea emplean un enfoque holístico de ecología vegetal y microbiana, incluida su interacción, en ecosistemas naturales y agrícolas de zonas áridas. Además, promueve la divulgación a la sociedad y socios empresariales (transferencia tecnológica), y realiza capacitaciones para agricultores regionales.



Resúmenes Sesión 2 |

Efecto de brasinoesteroides y bacterias promotoras de crecimiento de plantas en el crecimiento y rendimiento de *Lactuca sativa* en condiciones de hidroponía

Autores: Benavides, H.; Uribe, D.; Restrepo, H.

Expone: Benavides, H.

Contacto: hasbenavidescu@unal.edu.com

Afiliación: Universidad Nacional de Colombia

Resumen: *Lactuca sativa* es considerada como la hortaliza de hoja más importante y de mayor consumo a nivel mundial, gracias a sus bondades nutricionales y medicinales. Se ha informado que la aplicación de fitohormonas, como brasinoesteroides (BR) y bacterias promotoras de crecimiento de plantas (BPCP) promueven parámetros fisiológicos de crecimiento y rendimiento de plantas. Se evaluaron los efectos de brasinoesteroides ((25R)-3 β 5 α -dihidroxi-espirostan-6-ona), dos cepas de BPCP (*Bacillus velezensis* y *Azospirillum brasilense*) y las combinaciones entre cada uno de estos tratamientos, sobre el crecimiento y rendimiento de lechuga. Se midieron parámetros fisiológicos de la planta, como resultados se obtuvo que *Bacillus velezensis* y *Asosporillum brasilense* (1×10^6 cel ml⁻¹) y sus combinaciones, incrementaron el rendimiento de lechuga tanto en cultivo en sustrato como en sistema hidropónico, mientras que con la aplicación de BR (0.5 ppm) se obtuvo un incremento del rendimiento solo en cultivo en sustrato. Estos hallazgos sugieren que la aplicación de la fitohormona BR y las BPCP incrementan crecimiento y rendimiento de *Lactuca sativa*, en sustrato y en condiciones de hidroponía.

Análisis *in vitro* e *in silico* de la actividad antimicrobiana ejercida por la cepa *Paenibacillus sp.* UY79, aislada de nódulo de raíz de *Arachis villosa*

Autores: Costa, A.¹; Corallo, B.²; Amarelle, V.¹; Roldán, D.¹; Stewart, S.³; Pan, D.²; Tiscornia, S.²; Fabiano, E.¹

Expone: Costa, A.

Contacto: andrescosta1991@gmail.com

Afiliación: ¹ Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Ministerio de Educación y Cultura. Av. Italia 3318. Montevideo 11600, Uruguay. ² Sección Micología, Facultad de Ciencias-Universidad de la República. Iguá 4225. Montevideo 11400, Uruguay. ³ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Programa Cultivos de Secano. Estación Experimental La Estanzuela. Ruta 50 km 11, 70000, Colonia, Uruguay.

Resumen: Si bien los nódulos están principalmente ocupados por rizobios, se ha demostrado la presencia de otras bacterias en su interior quizás como endófitas. En este trabajo se caracterizó una cepa de *Paenibacillus sp.* UY79, aislada de un nódulo de *Arachis villosa* colectado en el Parque Nacional de Esteros de Farrapos. El análisis de la secuencia del gen 16SrRNA mostró que la cepa UY79 está relacionada estrechamente con otras especies del género *Paenibacillus*, muchas de las cuales son capaces de antagonizar diversos fitopatógenos. Tomando en cuenta que los microorganismos fitopatógenos son responsables de causar pérdidas devastadoras en cultivos agrícolas, nos propusimos evaluar el potencial de UY79 como biofungicida. Los resultados obtenidos muestran que UY79 produce compuestos difusibles y compuestos volátiles capaces de inhibir el crecimiento de hongos y oomicetes fitopatógenos. Encontramos que presenta actividad celulasa, β -glucosidasa, xilanasas y proteasa. Cuando investigamos su capacidad de inhibir el crecimiento o de coexistir con diversas bacterias del suelo, se obtuvieron diversos fenotipos de antibiosis dependientes de la cepa enfrentada y del medio de cultivo utilizado. El genoma de UY79 fue secuenciado y ensamblado en 167 *contigs* con una profundidad promedio de 235.7X resultando un genoma de 4.9Mb y 46.4% de contenido de GC. Utilizando los servidores RAST y antiSMASH, se identificaron varios genes probablemente involucrados en el control biológico de fitopatógenos: celulasas, β -glucosidasas, xilanasas, quitinasas, proteasas así como diferentes módulos para la síntesis de policétidos y de proteínas de síntesis no ribosomal (PKS y NRPS), alguno de ellos presumiblemente involucrados en la síntesis de *Tridecaptina*, *Fusaricidina B* y *Paeninodina*. Los resultados aquí presentados muestran que esta novedosa cepa de *Paenibacillus sp.* posee gran actividad antimicrobiana con un amplio espectro de acción frente a patógenos y puede ser una potencial y valiosa cepa para ser considerada en el desarrollo de bio fungicidas.

Efecto de la inoculación de bacterias promotoras de crecimiento vegetal en pasto Ryegrass bajo déficit hídrico en el altiplano cundiboyacense

Autores: Estrada Bonilla, G.¹; Cortes Patiño, S.¹; Álvarez Flórez, F.².

Expone: Estrada Bonilla, G.

Contacto: gaestrada@agrosavia.co

Resumen: El Ryegrass perenne es un pasto comúnmente utilizado para alimentación ganadera en el altiplano cundiboyacense. Cuenta con buenas cualidades nutricionales, sin embargo, requiere altas cantidades de agua para un óptimo desarrollo. El objetivo de este trabajo fue evaluar si el uso de bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB), en forma individual o en coinoculaciones duales, mejora la respuesta de este pasto al déficit hídrico. Se realizó un ensayo inicial con 17 tratamientos y, luego de 10 días sin agua, se seleccionaron tres coinoculaciones debido a su capacidad promotora de crecimiento vegetal ($p < 0,05$): 1) *Herbaspirillum* sp. AP02 y *Herbaspirillum* sp. AP21, 2) *Herbaspirillum* sp. AP02 y *Pseudomonas* sp. N7, y 3) *Herbaspirillum* sp. AP21 y *Azospirillum* sp. D7. Seguidamente, estos tres tratamientos fueron evaluados en condiciones *in vitro* y se observó que algunas coinoculaciones duales resultaron en un aumento de la producción de compuestos indólicos *in vitro* y la disminución de la producción de exopolisacáridos ($p < 0,05$). Además, ensayos de colonización mostraron la capacidad de estas bacterias de colonizar el tejido vegetal. Las tres coinoculaciones seleccionadas se sometieron a una evaluación en invernadero para verificar su capacidad de modificar algunas respuestas fisiológicas, bioquímicas y morfológicas de este pasto al estrés hídrico. Las bacterias mostraron un efecto en la biomasa, conductancia estomática, acumulación de prolina y pigmentos fotosintéticos durante los días de déficit hídrico ($p < 0,05$). Además, mejoraron el estado hídrico foliar luego de la rehidratación, 12% más que el testigo. Estos resultados sugieren que el uso de coinoculaciones de PGPB es una estrategia potencial para mejorar la resistencia del Ryegrass a condiciones de deficiencia de agua.

Afiliación: ¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia.

²Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia.

Modulación de la actividad de una bacteria endófitasimpátrica por parte de la cepa endófitas promotora del crecimiento vegetal, *Streptomyces albidoflavus* UYFA156

Autores: Fernández, B.¹; Vaz, P.¹; Rosconi, F.²; Battistoni, F.¹.

Expone: Fernández, B.

Contacto: bfernandez@fcien.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, IIBCE, Uruguay; ²Boston College, USA

Resumen: *Streptomyces albidoflavus* UYFA156 y *Microbacterium* sp. UYFA68 son actinobacterias endófitas aisladas de tejidos internos de *Festuca arundinaceae* cv. SFRO Don Tomás, en el que promueven el crecimiento vegetal (pcv). La secuenciación del genoma de la cepa UYFA156 mostró la presencia de diecinueve clusters que codifican para la producción de metabolitos secundarios y no mostró fijación biológica del N₂ ni solubilización de P, K, Fe. Asimismo, UYFA156 es capaz de inhibir el crecimiento de otras bacterias endófitas aisladas del mismo cultivar, y de estimular la producción de ácido indolacético (AIA) en la cepa UYFA68, dependiendo del medio de cultivo de origen. Se plantea la hipótesis de que uno de los mecanismos pcv por la cepa UYFA156 es la modulación de la microbiota endofítica. Este trabajo tuvo como objetivo identificar genes codificantes para las posibles señales involucradas en los cambios ejercidos sobre la cepa UYFA68 por la cepa UYFA156. Se realizó la secuenciación del ARNm (ARNseq) de la cepa UYFA156 en las condiciones estudiadas anteriormente, i.e. en los medios de cultivo TSB (inducción de AIA y sin inhibición de UYFA68) e ISP2 (no inducción de AIA e inhibición de UYFA68) sola y coinoculada con UYFA68. Los resultados mostraron que genes de los clusters de biosíntesis de butirolactona (FE30145), antimicina (FE29790) y herboxidieno (FE2959), se sobreexpresaron en medio TSB. A su vez, los genes FE2959 (herboxidieno) y FE29790 (antimicina) aumentaron su expresión x7 y x15 respectivamente en ISP2, y apenas x2,3 y x1,7 en TSB en condiciones de coinoculación. Las butirolactonas son moléculas de *quorum sensing* con diversos niveles de especificidad, haciendo de ellas buenas candidatas a ser señales. El herboxidieno y la antimicina son antibióticos comúnmente utilizados sobre eucariotas. Dados los antecedentes de los antibióticos como señales, estos también son candidatos a afectar el fenotipo de la cepa UYFA68. Financiación: ICGEB, DICYT, ANII, PEDECIBA.

The native strain *Paenibacillus* sp. A224 mitigates stress caused by high temperatures and by the pathogen *Sclerotium rolfsii* in peanut plants by inducing systemic tolerance

Autores: Figueredo, M. S.; Álamo, T.; Tonelli, M. L.; Fabra, A.

Expone: Figueredo, M. S.

Contacto: mfigueredo@exa.unrc.edu.ar

Resumen: The frequency of the occurrence of combined biotic and abiotic stresses is likely to increase in the future. Therefore, the need to develop strategies to enhance the tolerance of crop to combined stresses is evident. Peanut production is one of the most important agricultural activities in the province of Córdoba, Argentina. Different biotic and abiotic factors negatively affect the yield of this crop. We proposed to identify, in the available collection of bacteria isolated from the peanut rhizosphere or phyllosphere, those whose inoculation protect against the simultaneous effects of abiotic (high temperature, 35 °C for 6 days) and biotic (*Sclerotium rolfsii*) stresses. The plantlet's radicles were inoculated with the peanut microsymbiont and pure cultures of 8 different bacterial isolates and, after 7 days, the shoots were challenged with *S. rolfsii* and exposed to 35 °C for 6 days. At 30 days post-bacterial inoculation, the incidence of the disease, the plant biomass and number and dry weight of nodules were determined. In plants co-inoculated with peanut microsymbiont and the native isolated *Paenibacillus* sp. A224 disease decreased and plant biomass increased compared to control plants inoculated only with microsymbiont, challenged with *S. rolfsii* and exposed to 35 °C for 6 days. Furthermore, we found that bacterial metabolites secreted to culture medium were unable to protect plants from these stresses. We also determined that a foliar application of A224 at the beginning of colonization of the pathogen does not increase synergistically the plant tolerance. Regarding symbiosis, none of the isolates tested reversed the deleterious effect caused by the simultaneous stresses. In conclusion, A224, in co-inoculation with the peanut microsymbiont, would be able to mitigate the simultaneous stresses caused by high temperatures and *S. rolfsii* on the growth and health of plants when is inoculated in peanut radicles.

Afiliación: Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas

Degradación de las interacciones micorrícicas en pastizales como mecanismo de invasión de *Cynodon dactylon*

Autores: García, S.¹; Pezzani, F.¹; Guido, A.^{2,3}; Lattanzi, F. A.³.

Expone: García, S.

Contacto: sgarcia@fagro.edu.uy

Afiliación: ¹ Ecología. Departamento de Sistemas Ambientales. Facultad de Agronomía. Universidad de la República. Uruguay. ² Grupo Ecología de Pastizales. Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales. Facultad de Ciencias. Universidad de la República. Uruguay. ³ Programa de Pasturas y Forrajes. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA). Uruguay.

Resumen: En Uruguay el campo natural (CN) representa el sustento de la ganadería extensiva. Entre las prácticas de intensificación productiva, se encuentran los mejoramientos extensivos (CNM; fertilización con fósforo y siembra de leguminosas) para incrementar la calidad de forraje. Esta práctica ha mostrado tener impacto negativo sobre la diversidad vegetal nativa y sobre otros componentes del sistema como las micorrizas arbusculares. Los CNM aumentan la invasibilidad de los pastizales, asociándose a la invasión por *Cynodon dactylon*, la invasora con mayor rango de distribución en Uruguay. Un posible mecanismo para su establecimiento sería degradando las interacciones plantas nativas-micorrizas arbusculares, simbiosis que podría ser de gran relevancia en los pastizales por tener bajos niveles de P disponibles. *C. dactylon* es micorrícico, aunque muestra baja presencia de ovillos y arbusculos, estructuras responsables del intercambio planta-hongo, por lo que no dependería de esta interacción y podría reducir el potencial micorrícico del suelo donde se establece. Nuestro objetivo fue evaluar el efecto del grado de invasión por *C. dactylon* sobre la micorrización de *Paspalum notatum*, una de las principales gramíneas nativas del CN, muy micorrícica, en condiciones de CN y de CNM, como posible mecanismo de invasión. Se muestrearon panes de vegetación provenientes de CN y CNM con presencia de *P. notatum* y baja (0-10%), media (30-50%) o alta (70-90%) cobertura de *C. dactylon* y se cuantificó la colonización micorrícica arbuscular. *C. dactylon* afectó negativamente la micorrización de *P. notatum*. Los arbusculos fueron negativamente afectados debido a la invasión en CN pero no en CNM. Los ovillos (misma función que arbusculos) se registraron solo en situaciones de baja cobertura de *Cynodon*. Estos resultados apoyan la hipótesis de degradación de las micorrizas de plantas nativas como un mecanismo que explica el éxito de su invasión, teniendo en cuenta que las gramíneas nativas serían dependientes de las micorrizas.

Caracterización de diferentes especies de *Metarhizium spp.* compatibles con *Bradyrhizobium elkanii* para el desarrollo de un bioinsumo multifuncional

Autores: Iglesias, I.; Beyhaut, E.; Rivas, F.

Expone: Iglesias, I.

Contacto: iiglesias@inia.org.uy

Afiliación: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Las Brujas, Canelones.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Las enfermedades de implantación causan importantes pérdidas en el cultivo de soja y por este motivo las semillas son tratadas con fungicidas entre otros químicos. Entre los principales fitopatógenos se destacan *Pythium spp.* y *Fusarium spp.* El hongo entomopatógeno *Metarhizium spp.*, recientemente tomó notoriedad por su capacidad de inhibir a varios fitopatógenos, y además por asociarse a la rizosfera de las plantas promoviendo la absorción de nutrientes y la protección vegetal. El objetivo de este trabajo es desarrollar un bioinsumo multifuncional a base de *Metarhizium sp.* con funciones de protección y nutrición vegetal, y principalmente compatible con las cepas comerciales de *Bradyrhizobium elkanii*. A los efectos de lograr este objetivo se estudiaron: i) la compatibilidad de *Metarhizium spp.* con las cepas comerciales de *B. elkanii* U1301 y U1302; ii) la habilidad de varios aislamientos de *Metarhizium spp.* de inhibir *in vitro* a los fitopatógenos *Fusarium sp.*, *Pythium sp.* y *Rhizoctonia sp.*; iii) la capacidad de *Metarhizium spp.* de reducir enfermedades de implantación en estudios de germinación de semillas de soja; iv) la colonización de *Metarhizium spp.* de la rizosfera y raíces de soja; vi) el efecto *in planta* de la coinoculación de *Metarhizium spp.* y *B. elkanii*. Los resultados obtenidos *in vitro* permitieron identificar aislamientos de *Metarhizium* compatibles y no compatibles con las cepas comerciales de rizobios. Sin embargo, no se observaron diferencias *in vivo*, entre ambos grupos de hongos, en el peso seco de las plantas ni en el número y masa de los nódulos. Se determinó que *Metarhizium* es capaz de colonizar la rizosfera de la soja, pero muy pobre colonizando las raíces en forma endofítica. Finalmente, algunos aislamientos de *Metarhizium* fueron capaces *in vitro* de reducir el crecimiento de los fitopatógenos evaluados, destacándose los aislamientos ILB167 e ILB440 correspondientes a *Metarhizium robertsii*.

Análisis genómico de la cepa bacteriana SER3 como agente de control biológico de hongos patógenos postcosecha

Autores: Morales Cedeño, L. R.¹; de los Santos Villalobos, S.²; Santoyo, G.¹

Expone: Morales Cedeño, L. R.

Contacto: lmraquelmorales@gmail.com

Afiliación: ¹Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, ²Instituto Tecnológico de Sonora.

Resumen: La superficie de las frutas puede albergar microorganismos benéficos que brindan protección contra microorganismos patógenos, incluso estos microorganismos benéficos podrían utilizarse para el desarrollo de productos de control biológico. Para lograr esto, es importante conocer las características del microorganismo, así como los mecanismos de acción que puede utilizar. Los avances en la secuenciación del ADN han permitido mejorar la caracterización de microorganismos y brindar información más completa sobre los mecanismos de acción que utiliza. En este trabajo se aisló a la cepa bacteriana SER3 de la superficie de frutas de fresa y mostró capacidad de antagonizar *in vitro* géneros de patógenos fúngicos postcosecha como: *Penicillium*, *Fusarium*, *Botrytis* y *Alternaria* e *in vivo* reduce el crecimiento de *Fusarium* y *Botrytis* en fresas. Secuenciar el genoma de esta cepa antagonista nos reveló varias características; su genoma es de un tamaño de 5.08MB, tiene un contenido de GC de 52.8%. También se realizó la identificación de esta cepa utilizando los algoritmos Average Nucleotide Identity (ANI) y Genome to Genome Distance Calculator (GGDC), estas herramientas permiten realizar análisis *in silico* comparando genomas completos y arrojan un porcentaje de similitud con microorganismos ya caracterizados. Los resultados mostraron que la cepa SER3 corresponde a *Rouxiiella badensis* con un porcentaje de similitud del 100% de acuerdo con el gen ribosomal 16S, y comparando los genomas completos: 99.6% (ANI) y 98.2% (GGDC). Utilizando el programa antiSMASH se pudieron identificar grupos de genes relacionados con la producción de antibióticos y metabolitos secundarios, como sideróforos y aril polienos entre otros. Analizar el genoma de microorganismos antagonistas de patógenos permite una caracterización más completa, comprender sus mecanismos de acción y así poder mejorar su eficiencia en el control biológico de hongos en postcosecha.

Efecto en el crecimiento y desarrollo de *Spodoptera frugiperda* alimentada con *Ocimum basilicum* inoculada con rizobacterias

Autores: Palermo, T.; Chiappero, J.; Gil, S.; Meneguzzi, R.; Cappellari, L. y Banchio, E.

Expone: Palermo, T.

Contacto: tpalermo@exa.unrc.edu.ar



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Las rizobacterias benéficas tienen un efecto significativo en la interacción planta-insecto. Sin embargo, la comprensión del alcance de su impacto en los insectos se encuentra todavía en la etapa inicial del conocimiento. En la presente investigación se evaluó el papel de la inoculación con *Bacillus amiloliquefaciens* GB03 en albahaca (*Ocimum basilicum* L.) sobre el parámetro del crecimiento y desarrollo de *Spodoptera frugiperda*. Para determinar el efecto de la alimentación con plantas inoculadas, se colocó una larva por caja de petri y fueron alimentadas diariamente con plantas de albahaca de 45 días posterior a la inoculación. Como control se utilizaron plantas sin inocular. Diariamente se registró el peso de cada una de las larvas hasta su conversión al estado de pupa y la duración de cada periodo del ciclo del insecto. Se observó que las larvas de *S. frugiperda* alimentadas con hojas de albahaca inoculadas tuvieron un fuerte efecto negativo en el desarrollo y crecimiento del insecto. Los pesos de larvas y pupas se vieron significativamente afectados por el tratamiento, siendo 10 y 16% más pesados, respectivamente, en plantas no inoculadas en comparación con las inoculadas. Se encontraron diferencias significativas en el período larval, período prepupal y el período de vida de larva a adulto, mientras que en el desarrollo de la pupa los tiempos no difirieron. Los períodos de larva y pupa, y todo el período de desarrollo desde la larva hasta el adulto, fueron los más largos para *S. frugiperda* alimentados en plantas inoculadas.

Afiliación: INBIAS, Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (CONICET - Universidad Nacional de Río Cuarto).

Potential of bacteria metabolic extracts against *Rhizoctonia solani* in *Phaseolus vulgaris* var. Red Kidney

Autores: Ogata Gutiérrez, K.¹; Centeno Torres, J.¹; Memenza Zegarra, M.^{1,2}; Zúñiga Dávila, D.¹

Expone: Ogata Gutiérrez, K.

Contacto: kogata@lamolina.edu.pe

Afiliación: ¹Laboratorio de Ecología Microbiana y Biotecnología, Dpto. Biología, Fac. Ciencias, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú. ²Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

Resumen: *Phaseolus vulgaris* L. is one of the most cultivated legumes in the world and is an important source of protein, vitamins and minerals in a peruvian diet. The Red kidney variety is one of the most produced beans in the east of Peru, because of its adaptability to the high jungle climate. This crop is important for coffee production as it can be sown in an intercropped cultivation system to improve soil productivity and its microbial diversity. However, bean plants can be affected by many phytopathogenic fungi such as *Rhizoctonia solani*, being one of the most important. In this context the aim of this study is to test bacterial metabolic extracts obtained from coffee's phyllosphere bacteria as biofungicides against *R. solani*. Metabolic extracts from 26 phyllospheric bacteria were tested in its antifungal activity. Three of them were able to produce metabolic extracts with inhibition percentages of 30, 31, and 29% against *R. solani* in vitro. Metabolic extracts from two of the best bacteria were inoculated and tested in greenhouse assays. Three concentrations of the metabolic extracts were prepared in different proportions with water: 1:1, 1:2 and 1:4. Metabolic extracts from 22D and 23D strains with all the dilutions resulted with a survival of 100% in plants compared to the control inoculated only with the phytopathogen, where no plants survived. Furthermore, the data showed that all metabolites extracts except 1:4 dilution obtained from 23D strain, improved significantly the aerial and root dry weight of plant beans. These results are promising for obtaining a potential biological product with phytopathogenic activity and plant grow promoting abilities. Acknowledgement: 007-2016-INIA-PNIA/UPMSI/IE Project, Announcement E063-2019-1.BM Contract N.º 007-2020-FONDECYT-BM. Keywords: Metabolic extract, biofungicide, inhibition, antagonism, beans.

Efecto promotor de crecimiento vegetal de *Glomus macrocarpum* sobre *Baccharis inamoena* y el desarrollo de la estructura de relaves mineros.

Autores: Gutiérrez, V. J.¹; Ávila, E.²; Varon López, M.¹

Expone: Varon López, M.

Contacto: mvaronl@ut.edu.co

Resumen: Los relaves se caracterizan por presentar concentraciones elevadas de metales pesados y carecer de estructura de suelo; lo cual inhibe el crecimiento de cobertura vegetal, convirtiéndolos en áreas altamente susceptibles a procesos erosivos, generando alteraciones en el ecosistema. Frente a esta situación, se han implementado diversas estrategias, siendo el uso de microorganismos promotores de crecimiento vegetal (MPCV) una de las más novedosas y eficaces para estimular la remediación, de dichas zonas. En este contexto, el objetivo de esta investigación fue establecer el efecto promotor del hongo micorrízico arbuscular (HMA) *Glomus macrocarpum* Tul. & Tul. sobre el crecimiento de la planta nativa *Baccharis inamoena* Gardner y el desarrollo de la estructura de los relaves bajo condiciones de invernadero. Para ello se evaluó la germinación de la semilla en diferentes tratamientos, así como el establecimiento de *B. inamoena* en sustratos con compost y suelos mineros con y sin inoculación micorrízica. Los resultados obtenidos arrojaron diferencias estadísticamente significativas en los tratamientos donde las plantas crecieron en sustratos con compost y/o con inoculación de esporas del HMA, para los parámetros de biomasa, área foliar, crecimiento, índice de calidad de Dickson (ICD), intensidad de micorrización (%M) y cuantificación de Glomalina. Así mismo, se evidenció formación de microestructura y un incremento, tanto en el porcentaje de macroagregados, como en la retención de agua. Estos resultados demuestran el gran aporte que tiene la adición de HMA y compost en el establecimiento de *B. inamoena* y el desarrollo de macro y microestructura en los relaves, así como el incremento en la capacidad de retención de humedad.

Afiliación: ¹Universidad del Tolima. Grupo de investigación GEBIUT.

²Departamento de Suelos y Agua. Ibagué, Tolima-Colombia

Efecto protector de un consorcio de *Pseudomonas* sobre plantas de tomate bajo estrés por frío y estrés hídrico

Autores: Vega Celedón, P.; Bravo, G.; Quinet, M.; Lutts, S.; y Seeger, M.

Expone: Vega Celedón, P.

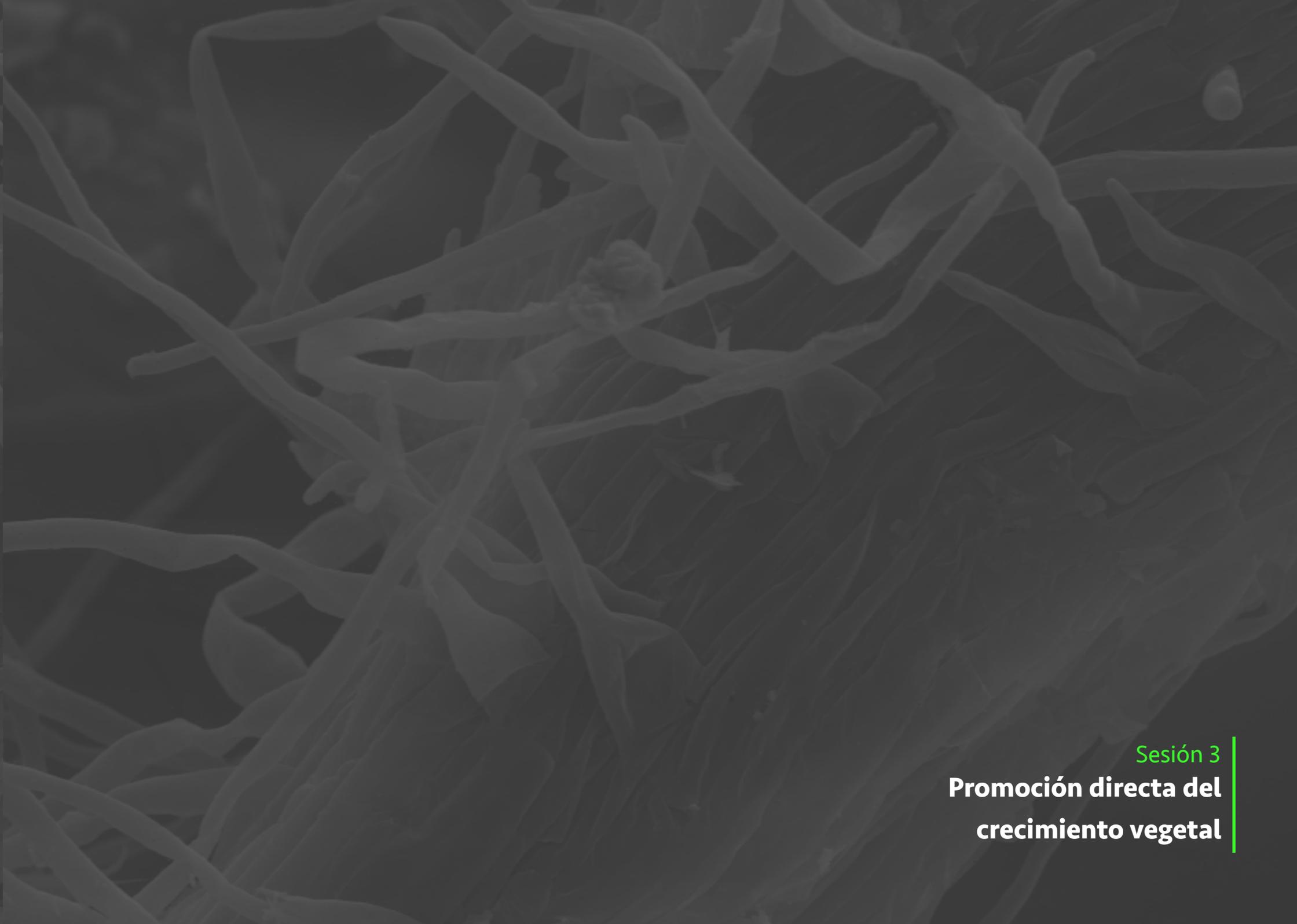
Contacto: pvegacedon@gmail.com



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La agricultura es una de las actividades más afectadas por el cambio climático, siendo la seguridad alimentaria un tema de gran preocupación. El tomate es la verdura más cultivada del mundo, y en Chile, es el tercer cultivo hortícola más relevante. Sin embargo, al igual que otros cultivos es altamente susceptible a sufrir daños por heladas y sequía. Para una agricultura sustentable, los cultivos deben estar equipados con resistencia a múltiples tipos de estrés abiótico, siendo la utilización de bacterias promotoras del crecimiento vegetal una de las estrategias más prometedoras. El objetivo de este estudio fue establecer el efecto protector de un consorcio de *Pseudomonas* sobre plantas de tomate sometidas a estrés por frío e hídrico. Plantas de tomate tratadas con el consorcio de *Pseudomonas* de forma foliar y radicular se sometieron a temperaturas de 14 °C (estrés por enfriamiento), -18 °C (estrés por congelamiento) y reducción en un 50% del porcentaje de contenido volumétrico de agua en el sustrato con respecto al control (estrés hídrico). Se observó con ambos tratamientos el efecto promotor del crecimiento de plantas de tomate bajo estrés por enfriamiento. En contraste con el control donde no hubo sobrevivencia bajo estrés por congelamiento, se determinó un 50 y 17% de sobrevivencia con el tratamiento foliar y radicular, respectivamente. Bajo estrés hídrico, se observó con ambos tratamientos una disminución significativa ($p < 0,05$) de contenido de malondialdehído y prolina como parámetros de estrés. Estos resultados demuestran el gran potencial de este consorcio de *Pseudomonas* para ser utilizado contra diferentes tipos de estrés ambiental. Agradecimientos: Becas PhD Conicyt, PUCV y USM (PV-C, GB), Fondef VIU20P0006 (PV-C, MS, GB), Programa de Cooperación Bilateral WBI-CHILE (PV-C, MQ, SL, MS), ANID PIA Ring GAMBIO ACT172128 Chile (MS, PV-C, GB), Fondecyt 1200756 (MS, PV-C), Fondecyt EQM 170194 (MS, GB), PIIC USM (PV-C, GB).

Afiliación: Universidad Técnica Federico Santa María



Sesión 3

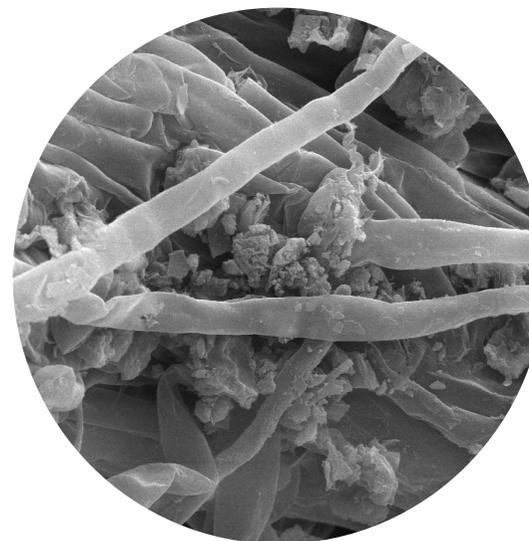
**Promoción directa del
crecimiento vegetal**

SESIÓN 03

PROMOCIÓN DIRECTA DEL CRECIMIENTO VEGETAL

**Coordinadores: Dra. Fabiana Pezzani (Uruguay) -
Dra. Verónica Reis (Brasil)**

La microbiota asociada al sistema suelo-planta ha recibido gran atención surgiendo el concepto “holobionte planta”. El mismo define a la planta como un macro-ser compuesto por todos los organismos que viven sobre o en la misma, incluyendo las microbiotas. Dichas microbiotas están compuestas por complejas comunidades microbianas que juegan un rol fundamental en la protección contra estreses bióticos y abióticos, así como en la promoción del crecimiento vegetal (PCV), mediante diferentes mecanismos incluyendo la bioestimulación o la biodisponibilización de nutrientes. El objetivo de esta sesión es intercambiar sobre el estado del arte de la PCV directa desde diferentes miradas. En ese sentido el Dr Agustín Grimoldi, expondrá sobre el rol de los hongos micorrizógenos en su interacción con gramíneas y leguminosas en sistemas con diferentes disponibilidad de fósforo. Asimismo, el Dr Euan James expondrá sobre la relevancia de la fijación biológica del nitrógeno por cepas de rizobios en cultivos de leguminosas, en suelos sin historia. La comprensión del papel de la microbiota en el holobionte planta acaba de comenzar, siendo esperable y fundamental que los conocimientos sobre la diversidad y actividad de la misma contribuyan al entendimiento de la PCV y su aplicación biotecnológica..



Dr. Euan James (Bélgica)

Rhizobial populations, diversity, nodulation, and its relevance to legume cropping

Faba bean (*Vicia faba* L.) and pea (*Pisum sativum* L.) form nitrogen (N)-fixing symbioses with *Rhizobium leguminosarum* sv. *viciae* (Rlv), but little is known about their capacity for biological N fixation (BNF) in northern Europe, especially after prolonged periods without legume cropping, and hence with potentially low populations of effective Rlv genotypes. This was tested on faba bean over a four-year period using the ¹⁵N natural abundance method in an experimental field-scale rotation with no history of legume cropping for more than 50 years. Soil rhizobial populations before crop sowing were determined using qPCR, and the nodulating rhizobia were typed via their 16S rRNA, *nodA* and *nodD* genes. Faba bean obtained most of its N through BNF (>80%) regardless of plant genotype or year (2012–2015). Soil rhizobial populations were c. 106 *R. leguminosarum* cells and c. 105 Rlv *nodD* gene copy numbers g⁻¹ soil dry weight regardless of field or treatment. The *nodA* and *nodD* genes of 157 strains of rhizobia grouped them into two large clades of Rlv, one consisting mainly of *V. faba* strains and the other of strains isolated from various hosts (*V. faba*, *P. sativum*, *Lens culinaris*, *Vicia* and *Lathyrus* spp.). It is concluded that faba bean (and pea) has a high reliance on BNF, but this is only possible due to the presence in the soil of sufficient numbers of effective Rlv strains; in the prolonged absence of legume cropping these may be derived from adjacent legume-cropped fields, and possibly also from native legumes in the field margins.



Biografía

Euan James is a researcher at the James Hutton Institute, Dundee, and has specialised in nitrogen fixation by legumes and non-legumes, particularly those from the tropics. His main techniques include high resolution microscopy (light and EM) and ¹⁵N-based methods, which in combination have been used to confirm the effectiveness of many novel nitrogen-fixing plant-bacterial interactions (leguminous and non-leguminous).

Dr. Agustín Grimoldi (Argentina)

CHARLA MAGISTRAL
15:45 HRS.

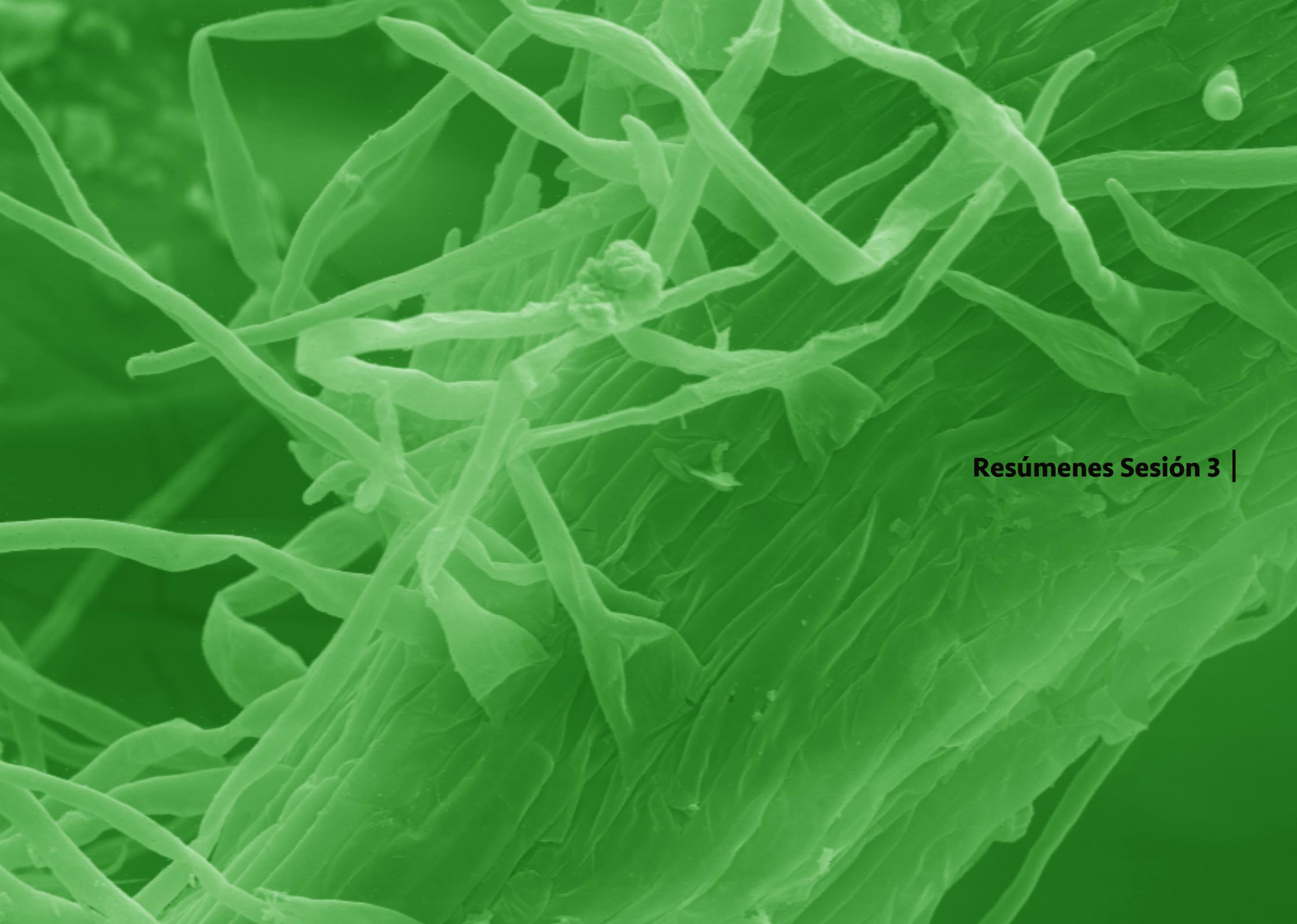
Promoción del crecimiento de plantas forrajeras por micorrizas

La simbiosis con hongos micorrícicos arbusculares (HMA) puede incrementar el estado nutritivo y el crecimiento de plantas forrajeras, especialmente debido a su efecto sobre la absorción de fósforo. Los HMA pueden consumir entre 4% y 20% de los fotoasimilados fijados diariamente por las plantas, lo cual los constituye en un importante componente en la economía de carbono. Por ende, el efecto neto de los HMA sobre la planta depende de la relación costo-beneficio en el contexto ambiental de fósforo en el suelo. Se presentarán resultados experimentales de promoción del crecimiento y del rebrote post-defoliación en plantas micorrícicas de gramíneas templadas (C3), gramíneas megatérmicas (C4) y leguminosas forrajeras en diferentes condiciones de disponibilidad de fósforo del suelo.



Biografía

Agustín Grimoldi es Ingeniero Agrónomo (Universidad de Buenos Aires, Argentina) y Doctor en Ciencias Agrarias (Universidad Técnica de Munich, Alemania). Ahora, Profesor en la Cátedra de Forrajicultura de la Facultad de Agronomía (UBA, Argentina) e Investigador en el IFEVA-CONICET (Argentina). Su área de trabajo se enmarca en la ecofisiología de gramíneas y leguminosas forrajeras tanto en pasturas cultivadas como en pastizales naturales. En particular, efectos del pastoreo y relaciones costo-beneficio de la simbiosis entre plantas forrajeras y microorganismos en diferentes escenarios ambientales.



Resúmenes Sesión 3 |

Inoculação de *Azospirillum brasilense* Abv5 e Abv6 suplementado com moléculas do metabolismo secundário extraídas de *Rhizobium tropici* CIAT899 aumenta a produtividade do trigo

Autores: Abreu Bomfim, C.¹; Ferreira Coelho, L. G.¹; de Carvalho Mendes,^{1,2}; Martins do Vale, H. M.³; Ollero, F. J.⁴; Megías, M.; Bueno dos Reis Junior, F.²

Expone: Abreu Bomfim, C.

Contacto: catharineabreu@gmail.com

Afiliación: ¹Programa de Biología Microbiana, UnB. ²Laboratorio de Microbiología dos Solos, Embrapa Cerrados, ³Departamento de Micología, UnB ⁴Departamento de Microbiología, Universidade de Sevilla

Resumen: *Azospirillum* é a bactéria promotora do crescimento vegetal (PGPR) mais estudada e atualmente é recomendada para inoculação de diversas culturas de interesse agrícola no Brasil, como o milho e o trigo. Uma nova geração de inoculantes tem emergido como uma estratégia promissora, contendo bactérias de uso comercial, como *Azospirillum brasilense* enriquecidas com moléculas bacterianas do metabolismo secundário, como fatores de nodulação ou lipoquitooligosacarídeos (LCOs), quitooligosacarídeos (CO) e exopolissacarídeos (EPS). O objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos do enriquecimento da inoculação padrão (IP) a base de *A. brasilense* com moléculas do metabolismo secundário de *Rhizobium tropici* CIAT899 em trigo. Foram testados o extrato metabólico total contendo LCO (ME - LCO) e as moléculas purificadas LCOP, COP e EPS. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso com sete tratamentos e cinco repetições avaliando parâmetros de crescimento vegetal em casa de vegetação e em campo. Em casa de vegetação foram avaliados as cultivares BRS264 e BRS394 e apenas cultivar BRS26 em campo. Em casa de vegetação, a cultivar BRS264 foi responsiva ao tratamento com SI com aumento de 32.7% na SDW em relação ao controle não inoculado. O tratamento SI + LCOP aumentou 22.4% e 62.5% o peso seco da parte aérea em relação ao tratamento IP e o controle, respectivamente. Não houve resposta da cultivar BRS394 aos tratamentos. Houve aumento de 10% da produtividade do trigo do tratamento IP + LCOP em relação ao tratamento SI em campo. Os resultados observados neste estudo apontam que o LCO extraídos de *R. tropici* CIAT899 é promissor para suplementação do inoculante a base de *A. brasilense* para a cultura do trigo, sendo esse o primeiro ensaio conduzido em casa de vegetação e em campo com inoculante suplementado com moléculas bacterianas para a cultura.

Insights from next-generation proteomics of bacterial endophytes response to chickpea root exudates and GacS role on plant growth-promoting traits regulation

Autores: Brígido, C. ¹; Paço, A. ¹; Torres, D. P. ¹; Steinmetz, G. ²; Armengaud, J. ².

Expone: Brígido, C.

Contacto: ccb@uevora.pt

Afiliación: ¹Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas, Universidade de Évora, Évora, Portugal. ²CEA, DRF, Lab technological Innovations for Detection and Diagnostics, Bagnols-sur-Cèze, France.

Resumen: Besides the beneficial association that legumes establish with rhizobia, these plants are also colonized by other endophytic bacteria. Although it is believed that these bacteria also have an important role on plant fitness, the molecular mechanisms of how non-rhizobial bacteria respond to the host-derived signals are poorly understood compared to the well-characterized N₂-fixing legumes-rhizobia symbioses. Here, a high-throughput proteomic analyses of two endophytic bacteria detected proteins involved in metabolism, cell envelope biosynthetic process, stress response, defense against oxidative stress, chemotaxis, nitrogen metabolic process, type IV secretion system and transmembrane transport as response to chickpea root exudates. One of the genes highly upregulated in cellular proteome of *Pseudomonas* sp. Q1 after exposition to chickpea root exudates is the gene on locus 4453. This gene (2,754 bp) encodes the GacS (global activator of antibiotic and cyanide synthesis), a membrane-bound sensor hybrid histidine kinase, member of the Gac two-component signal transduction system. To investigate the phenotypic traits under the regulation of the *Pseudomonas* sp. Q1 GacS protein, a knockout mutant for *gacS* gene was obtained. The swarming and swimming motility, biofilm production or phosphate solubilization were not affected by *gacS* gene deletion on $\Delta gacS$ mutant strain. On the other hand, the production and secretion of siderophores by $\Delta gacS$ mutant was reduced around 8.8% compared with the wild-type strain but the biosynthesis of antimicrobial metabolites in vitro was not affected. Our results showed that GacS of Q1 strain is only partially involved in the regulation of the mainly plant beneficial traits of *Pseudomonas* sp. Q1, suggesting that in this strain the role of this protein can be fulfilled by one or more additional two-component signal transduction systems. However, further studies are necessary to clarify the role of GacS in the regulation of surface motility, siderophore production and antifungal activity of Q1 strain.

Desenvolvimento radicular de plantas de milho inoculadas com bactérias diazotróficas

Autores: Carvalho Dias, A.¹; Cavalcanti Alves, G.¹; Ferreira Rodrigues da Silva, T.¹; Azevedo Santos, L.¹; Massena Reis, V.².

Expone: Carvalho Dias, A.

Contacto: albianedias@hotmail.com

Resumen: O presente estudo teve como objetivo avaliar a influência da inoculação de 4 estirpes de bactérias diazotróficas na arquitetura radicular de plantas de milho. O experimento foi desenvolvido em um fatorial 2x5, com 4 repetições, sendo o primeiro fator composto por duas doses de N (0,6 mM e 6,0 mM na solução de Hoagland modificada) e o segundo fator a inoculação: inoculado com a *Herbaspirillum seropedicae*-Hs (estirpe ZAE94); inoculado com *Azospirillum brasilense*-Ab (estirpes Ab-Sp245, FP2 e HM053) e não inoculado. Foram avaliadas de forma isoladas, as 4 estirpes supracitadas, dispostos em blocos casualizados em casa de vegetação. As sementes de milho híbrido SHS5050 foram esterilizadas superficialmente com solução de NaClO (0,5%) e Tween 20 (0,01%) por 5 min a 65 rpm; após foram realizadas 3 lavagens com solução tampão PO⁴⁻ (50 mM; pH 7) nas mesmas condições. As soluções inoculadoras com 10⁸ células mL⁻¹ foram aplicadas diretamente sobre as sementes no ato do plantio (2 mL por vaso), sendo no tratamento controle aplicado solução salina. Foram utilizados vasos contendo substrato areia+vermiculita (2:1 v/v) autoclavado. Três sementes foram semeadas por vaso e após cinco dias da emergência foi realizado desbaste, mantendo-se uma planta por vaso. A morfologia da raiz foi analisada através do software WinRhizo Pro™ considerando os seguintes parâmetros: comprimento, volume total, área superficial, diâmetro médio, número de pontas, bifurcações e cruzamentos. As plantas foram avaliadas em três coletas, sendo elas aos 8, 13 e 22 dias após o plantio (DAP). Diferenças significativas foram encontradas somente aos 22 DAP, no qual para dose alta de N o tratamento controle e o inoculado com Ab-HM053 diferiu dos demais apresentando as menores médias para os parâmetros comprimento, área e número de pontas. Enquanto, na dose baixa de N as estirpes de *A. brasilense* HM053 e Sp245 apresentaram as maiores médias para comprimento, número de pontas e cruzamentos.

Afiliación: ¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica-RJ/ Brasil;

²Embrapa Agrobiologia, Seropédica-RJ/ Brasil

Efeito da inoculação de bactérias diazotróficas no crescimento de plantas de milho submetidas a doses contrastantes de nitrogênio

Autores: Carvalho Dias, A. ¹; Cavalcanti Alves, G. ¹; Ferreira Rodrigues da Silva, T. ¹; Rodrigues Alves, B. J. ²; Azevedo Santos, L. ¹; e Massena Reis, V. ²

Expone: Carvalho Dias, A.

Contacto: albianedias@hotmail.com

Resumen: Estudos sobre a aplicação de bactérias diazotróficas têm demonstrado a capacidade desses microrganismos em estimular o crescimento das plantas, o que pode melhorar o rendimento e a eficiência do uso do nitrogênio (EUN) em diferentes culturas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a inoculação de duas espécies de bactérias diazotróficas na promoção de crescimento em plantas de milho. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com 4 repetições. Os tratamentos foram distribuídos em esquema fatorial 2x3, sendo o primeiro fator a dose de nitrogênio (0,3 e 3,0 mM de N) e o segundo a inoculação com *Herbaspirillum seropedicae* estirpe ZAE94, *Azospirillum brasilense* estirpe Sp245 e controle não inoculado. Para isso, as sementes de milho híbrido SHS5050 foram pré-germinadas em BOD a 30 °C com fotoperíodo de 12/12h. Após emissão da radícula, as plântulas foram inoculadas por imersão das raízes na solução inoculante com 10⁹ cel mL⁻¹ e o tratamento controle no mesmo processo em solução salina. Em seguida, foram transferidas para o sistema hidropônico conduzido em casa de vegetação com solução de Hoagland modificada. Aos 24 e 32 dias após a transferência para o sistema hidropônico (DAT) os seguintes parâmetros foram avaliados: arquitetura radicular, N mineral na solução nutritiva, metabólitos solúveis, atividade das enzimas nitrato redutase e glutamina sintetase, massa seca, acúmulo de N e a EUN. Somente sob alto N, a inoculação com Ab-Sp245 promoveu mudanças nos parâmetros de arquitetura radicular, resultando em maior acúmulo de massa seca e teor de N, o que nem sempre foi observado em ambas amostragens. A EUN também foi superior com Ab-Sp245 na dose baixa de N, com maior absorção de N após 48h de sua entrada no sistema. Em geral, a inoculação com *Azospirillum brasilense* influenciou positivamente o desenvolvimento das plantas de milho, principalmente na condição de alto suprimento de N.

Afiliación: ¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica-RJ/ Brasil;

²Embrapa Agrobiologia, Seropédica-RJ/ Brasil

Caracterización de aislamientos PGPBs con potencial uso en la formulación de agroinsumos destinados a la optimización de fitoremediación en suelos mineros

Autores: Castaño, C.; García, P.; Fernández, L.; Merini, L.; y Lorda, G.

Expone: Castaño, C.

Contacto: carolinacastanio@gmail.com

Afiliación: Facultad de Cs. Exactas y Naturales, Univ. Nacional de La Pampa- Argentina.

Resumen: La contaminación de los suelos con metales pesados es un gran problema ambiental, que tiene impacto negativo, principalmente, sobre la salud humana y la agricultura. Una alternativa para mitigar esta situación es el uso de tecnologías biológicas de descontaminación de suelos, entre las que se destaca la fitoremediación. Este proceso puede potenciarse con el uso de microorganismos adaptados a las condiciones del ambiente a remediar y capaces de estimular el crecimiento vegetal mediante diversos mecanismos, que actúan de manera directa o indirecta sobre las plantas. En este trabajo se aislaron y caracterizaron bacterias endófitas y/o rizosféricas de *Larrea divaricata* (jarilla hembra), en ensayos de microcosmos realizados con suelos artificialmente contaminados con 10 y 100 mg. Kg⁻¹ de Cd²⁺ y Pb²⁺ respectivamente. Se seleccionaron 12 aislamientos en base a su resistencia y adaptabilidad a estas condiciones. A continuación, se analizaron sus propiedades y/o capacidades promotoras del crecimiento vegetal. Además, se determinó producción de biofilm y moléculas acil homoserina lactonas (AHLs), que permiten inferir acerca de posibles interacciones entre bacterias, así como también entre planta-microorganismo. El 67% de las cepas seleccionadas, pertenecen al género *Bacillus*, y en menor proporción *Rhizobium*, *Rhodopseudomonas* y *Agrobacterium*. Todas las cepas presentaron capacidad de producción de fitohormonas, sideróforos, ACC desaminasa y solubilización de fosfatos, en diferentes proporciones. Todos los aislamientos fueron capaces de producir biofilm, lo que les confiere ventajas competitivas frente a diferentes tipos de estrés ambiental. Esta propiedad está relacionada además con la colonización de las plantas por parte de las bacterias. Por otra parte, ninguno de los microorganismos mostró producción de AHLs frente a los biosensores utilizados. Los resultados obtenidos, contribuyen al desarrollo de estrategias biotecnológicas para la formulación de agroinsumos, que optimicen y/o mejoren la productividad del proceso de fitorremediación en un contexto agroecológico.

Capacidad de bacterias del género *Rhizobium* para promover el crecimiento de trébol rojo en praderas del altiplano cundiboyacense

Autores: Criollo Campos, P.; Cortés Patiño, S. L.; Camelo Rusinque, M.; Estrada Bonilla, G.; Bonilla, R.

Expone: Criollo Campos, P.

Contacto: pcriollo@agrosavia.co

Afiliación: Agrosavia

Resumen: La interacción planta-microorganismo es clave para obtener biofertilizantes eficaces en la promoción de crecimiento vegetal en cultivos de importancia económica. El objetivo de este trabajo fue identificar las bacterias formadoras de nódulos con mayor potencial para promover el crecimiento de trébol rojo (*Trifolium pratense* L.), leguminosa comúnmente utilizada en praderas para alimentación ganadera. Se utilizaron 11 cepas bacterianas pertenecientes al género *Rhizobium*, aisladas en trabajos previos a partir de nódulos, por el grupo Sistemas Agropecuarios Sostenibles y que hacen parte del Banco de Germoplasma de Microorganismos de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Colección con Interés Biofertilizante. Para determinar su capacidad de promoción de crecimiento en ausencia de fertilización nitrogenada se realizó un ensayo en condiciones de invernadero, semillas previamente inoculadas con cada una de las cepas fueron sembradas en vasos con vermiculita: turba (2:1) estéril. Durante 45 días, las plantas fueron mantenidas a 80% de capacidad de campo y fertilizadas –sin nitrógeno– una vez por semana. Al finalizar este tiempo, se midieron las longitudes, pesos secos y número de plantas por vaso. Los resultados obtenidos mostraron diferencias significativas ($p < 0,05$) en las variables respuesta. La cepa T88, incrementó el número de semillas germinadas (92,0%), la altura (43,8%), pesos secos por planta (91%) y por unidad experimental (97,8%). En contraste, la cepa T11 tuvo un efecto negativo en el crecimiento de las plantas, que fue inferior al testigo sin nitrógeno en el peso seco foliar. Con este trabajo se resalta la importancia de la interacción específica planta-microorganismo en la selección de bacterias promotoras como principios activos para el desarrollo de biofertilizantes. Los resultados permiten vislumbrar que la cepa T88 es una candidata para un bioproducto. Las investigaciones continuarán a nivel de campo para verificar los resultados de las leguminosas como dinamizadoras del ciclo del nitrógeno.

Selección de cepas de *Streptomyces spp.* con potencial como promotoras de crecimiento vegetal

Autores: Croce, V.; Pérez Baldassari, M.; Freire, R. L.; Ferrando, L.; y Siri, M. I.

Expone: Croce, V.

Contacto: vcroce@fq.edu.uy

Afiliación: Laboratorio de Microbiología Molecular, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

Resumen: Los organismos del género *Streptomyces* son un grupo de actinobacterias considerados los habitantes más comunes del suelo y se caracterizan por su gran potencial de producción de metabolitos bioactivos, abarcando antibióticos, antifúngicos, antiparasitarios, antitumorales, y también compuestos involucrados en la promoción de crecimiento vegetal (PCV). En nuestro grupo, contamos con una colección de 235 cepas de actinobacterias aisladas a partir de suelos de cultivos de papa en Uruguay. Se realizó un *screening* de actividad antimicrobiana sobre esta colección, seleccionando 20 cepas con alta actividad frente a bacterias y hongos fitopatógenos. El objetivo principal de este trabajo consiste en complementar su caracterización mediante la evaluación de propiedades directas de PCV incluyendo la producción de fitohormonas, la capacidad de solubilizar fosfatos y la producción de sideróforos. La detección de fitohormonas se realizó por dos métodos: el colorimétrico (cuantificación de indoles totales) y por el método analítico mediante HPLC, que permite detectar específicamente la hormona ácido indol acético (IAA). Para evaluar la capacidad de solubilizar fosfatos, se utilizó el medio NBRIP con fosfato de calcio como única fuente de fósforo y se observó la presencia o ausencia del halo de solubilización alrededor de las colonias a los 14 días de incubación. Además, se está evaluando una alternativa a este ensayo utilizando fosfato orgánico (ácido fítico) como única fuente de fósforo en el medio. El ensayo de producción de sideróforos está en curso actualmente. Como resultado de este trabajo, se han puesto a punto metodologías de evaluación de propiedades PCV obteniéndose cepas positivas para las propiedades evaluadas. Como perspectiva, se espera evaluar las cepas de *Streptomyces* con mayor potencial en ensayos de PCV en diversos cultivos.

Aislamiento e inoculación de PGPR nativos útiles en la sostenibilidad de biorefinerías a pequeña escala de plantas aromáticas en Saboyá, Colombia

Autores: Cuadros Segura, F.^{1,2}; Arias Duque, N.²; Yáñez Prieto, C.¹.

Expone: Cuadros Segura, F.

Contacto: fabian.cuadros@pucv.cl

Afiliación:¹Laboratorio de Microbiología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile.² Grupo de investigación Núcleo, Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad de Boyacá, Colombia.

Resumen: La instalación de biorefinerías a pequeña escala de plantas aromáticas en Saboyá, Colombia, se ha propuesto como estrategia para la mitigación de índices de pobreza local y fomento de la economía. Con el fin de mejorar la disponibilidad de biomasa vegetal, se hace necesario la aplicación de biofertilizantes ecoamigables que aseguren el sostenimiento local e industrial. Este estudio se propuso caracterizar bacterias PGPR nativas que mejoren la producción de plantas aromáticas, garantizando la disponibilidad del sector. Para esto, se tomaron 15 muestras de suelos agrícolas cultivados con caléndula y tomillo. Se aislaron bacterias diazótrofes las cuales fueron diferenciadas mediante técnicas de ribotipificación (ARDRA) e identificadas por análisis filogenéticos encontrando un total de 104 bacterias donde los géneros *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Sinorhizobium* y *Rhizobium* fueron los más representativos. Además de esto, se caracterizaron cinco propiedades PGPR como producción de ácido 3-indolacético (AIA), sideróforos, solubilización de fosfato (índice de solubilización de fosfato ISF), presencia de genes codificantes para ACC deaminasa (*acdS*) y nitrogenasa (*nifH*) así como producción de exopolisacáridos y biopelículas. Del total de bacterias, 28 resultaron ser eficientes por presentar una amplia gama de propiedades con altos rendimientos, de las cuales se seleccionaron los aislados *Pseudomonas* GC3-6.2 y CN2.1-2.1, *Sinorhizobium* CNF3-6, *Rhizobium* TMF3-5 y *Bacillus* CN2F5-5 por producir AIA (hasta 28,95 µg mL⁻¹), ISF de hasta 1,67, poseer los genes *acdS* y *nifH*, sintetizar sideróforos, EPS y biopelículas. Estas bacterias fueron desafiadas mediante ensayos in vitro en plántulas de caléndula y tomillo observando un efecto significativamente positivo ($p \leq 0,05$) en donde se logró un crecimiento de hasta 5 veces con respecto al control. Basados en esto, es posible concluir que la aplicación de bacterias PGPR nativas del lugar es una herramienta que permite el rápido crecimiento de plantas aromáticas para el sustento de la biorefinería sin afectar el consumo diario de la población.

Variabilidad intra-especie de *Pantoea eucalypti* en la promoción de *Lotus tenuis* en suelos alcalino-sódicos de la Pampa Deprimida del Salado

Autores: Cumpa Velásquez, L. M.¹; Moriconi, J. ¹; Dip, D. ¹; Castagno, N. ¹; Puig, L. ¹; Maiale, S. ¹; Sannazzaro, A. ¹; Santa María, G. ¹; Estrella, M. J. ^{1,2}

Expone: Cumpa Velásquez, L. M.

Contacto: liz.marjory@gmail.com



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La región de la Pampa Deprimida del Salado concentra la mitad del stock de bovinos de la provincia de Buenos Aires. No obstante, aproximadamente el 60% de su superficie está dominada por “suelos bajos” cuyas altas concentraciones de sales y pH influyen en la disponibilidad de nutrientes, limitando severamente la producción de pasturas de calidad. Entre las estrategias propuestas para el aprovechamiento de estos suelos, se destaca el uso de leguminosas nativas o naturalizadas de alto valor forrajero como *Lotus tenuis*. Sin embargo, aunque se le puede encontrar naturalizada en estas zonas, su incorporación aún no es totalmente óptima. Con el fin de mejorar la implantación de *L. tenuis* en estos suelos, mediante el incremento de la biodisponibilidad de nutrientes, se realizó un análisis de prospección de bacterias solubilizadoras de fosfato (BSF). De un total de 310 BSF y usando como principal criterio la capacidad de solubilizar fosfato en condiciones alcalino-sódicas, se seleccionaron 6 cepas de *P. eucalypti* para evaluar su actividad promotora en *L. tenuis* en suelo restrictivo de los bajos salino-alcalinos, en coinoculación con el rizobio *Mesorhizobium sanjuanii* BA136. El ensayo reveló diferencias llamativamente contrastantes entre tratamientos, principalmente en las variables de peso seco de vástago, peso seco total y peso seco de nódulos. La misma tendencia fue hallada en la concentración de N, P, Zn y Mg, así como en la acumulación total de N, P y Zn. Tales resultados evidenciaron que, a pesar de las similitudes genéticas y funcionales que pueden existir entre cepas de la misma especie, estas pueden ejercer efectos diferenciales cuando se encuentran en coinoculación con un rizobio. Poniendo en manifiesto la complejidad de las interacciones planta-microorganismo y la importancia de las evaluaciones en sistemas tripartitos rizobio-BSF-leguminosa en la selección de cepas para la formulación de bioformulados.

Afiliación: ¹Instituto Tecnológico de Chascomús , CONICET-UNSAM; ²Consejo de Investigaciones Científicas

Caracterización de parte de la microbiota bacteriana endofítica asociada a plantas del género cannabis

Autores: de los Santos, C.; Platero, R.; Vaz, P.; Battistoni, F.

Expone: de los Santos, C.

Contacto: cdelossantos@iibce.edu.uy

Afiliación: Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable. Ministerio de Educación y Cultura. Montevideo, Uruguay.

Resumen: El uso indiscriminado de agroquímicos causa efectos negativos en el ambiente y en la salud animal. En Uruguay la mayoría de estos insumos son importados, aumentando los costos de producción. En ese contexto, el empleo de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (BPCV) surge como una alternativa biotecnológica sustentable, que permite la reducción del uso de agroquímicos en los sistemas productivos. El cultivo de plantas de *Cannabis sp.* está creciendo a nivel mundial, y particularmente en Uruguay, donde la legislación favorece el desarrollo de investigación en áreas relacionadas con su uso industrial, recreativo y medicinal. Por lo tanto es relevante la búsqueda de insumos biotecnológicos que contribuyan a la sustentabilidad económica y ambiental de su cultivo. El presente trabajo tuvo como objetivo construir y caracterizar una colección de bacterias asociadas a los tejidos internos de plantas de *Cannabis sp.*, con el fin de evaluar su uso como BPCV. Para esto, se aislaron bacterias a partir de semillas, tallos y raíces de plantas de *Cannabis sp.* esterilizados en su superficie. Los aislamientos fueron caracterizados mediante técnicas bioquímicas y moleculares, evaluándose la presencia de características asociadas a la promoción del crecimiento vegetal (PCV) y de infección de la planta hospedera. La colección construida está compuesta por 241 aislamientos, de los cuales el 66% fue positivo para al menos una de las características PCV ensayadas. Aislamientos de interés fueron identificados mediante la secuenciación del gen ADNr 16S, asociándose a 15 géneros diferentes. Dichos aislamientos serán evaluados como inoculantes en plantas de *Cannabis sp.* Los resultados obtenidos muestran la existencia de una amplia diversidad de bacterias asociadas a los tejidos internos de *Cannabis sp.* con potencial para su uso como BPCV, lo cual podría contribuir al diseño de sistemas productivos agrícolas sustentables para este cultivo.

Efecto de la coinoculación con cepas seleccionadas de rizobacterias en el rendimiento y calidad del grano de (*Phaseolus lunatus* L.) en Ica

Autores: Cullanco Huaraca, C. R.; y Espinoza de Arenas L. M.

Expone: Espinoza de Arenas, L. M.

Contacto: luz.espinoza@unica.edu.pe

Resumen: Con el objetivo de evaluar el efecto de la coinoculación con cepas seleccionadas de rizobacterias en el rendimiento y calidad del grano de una línea promisoría de pallar *Phaseolus lunatus* precoz, de patrón de crecimiento determinado, en condiciones edafoclimáticas de Subtanjalla, zona media del valle de Ica, se planificó el estudio en un suelo de textura franco arenoso, con contenido medio de materia orgánica, alto en fósforo, de reacción moderadamente alcalina, ligeramente salino, con alta capacidad de intercambio catiónico, en un diseño en bloques completamente al azar con cinco repeticiones. Los tratamientos fueron: 1 (coinoculación cepa 1 + cepa 2), 2 (coinoculación y reinoculación con cepa 1 + cepa 2), 3 (coinoculación con cepa 1 + cepa 2 y reinoculación con cepa 1), 4 (coinoculación con cepa 1 + cepa 2 y reinoculación con cepa 2), 5 (testigo NP+) y 6 (testigo NP-); siendo cepa 1 = *Bacillus* sp. y cepa 2 = *Bradyrhizobium yuanmingense*. La siembra se realizó en el mes de abril, época óptima para el cultivo de pallar, con riego tecnificado por goteo, la cosecha fue a los 137 días después de la siembra. Los tratamientos inoculados, coinoculados y reinoculados con las cepas seleccionadas de rizobacterias 1 (*Bacillus* sp.) y 2 (*Bradyrhizobium* sp.) alcanzaron similar rendimiento que el testigo fertilizado (NP+), superando significativamente al testigo absoluto (NP-) en la mayoría de variables evaluadas, destacando el número de nódulos por planta, el peso seco de la biomasa aérea, peso seco de biomasa radicular, peso de 100 semillas y rendimiento de grano por planta, no hubo diferencia significativa en el contenido de nitrógeno en el grano entre los tratamientos evaluados. Es posible reemplazar la fertilización sintética por la biológica, con la ventaja que significa no contaminar el suelo.

Afiliación: Universidad Nacional San Luis Gonzaga

Efecto de la inoculación con cepas de *Bacillus sp.* y fertilización NK en el rendimiento del maíz morado (*Zea mays L.*) PMV581, en Subtanjalla, Ica.

Autores: Espinoza de Arenas, L.; Cárdenas De la Cruz R.; Montero Vivanco, J. Y.; Espino Tipismana, G.; y Espinoza de Arenas, L.

Expone: Espinoza de Arenas, L. M.

Contacto: luz.espinoza@unica.edu.pe

Resumen: Con el objetivo de buscar la respuesta del maíz morado (*Zea mays L.*) PMV581, a la inoculación con cepas seleccionadas de *Bacillus sp.* y fertilización con NK, en el rendimiento y principales caracteres morfoproductivos, se planificó la presente investigación en condiciones edafoclimáticas del distrito de Subtanjalla, zona media del valle de Ica, siendo los tratamientos: inoculación con cepas seleccionadas de *Bacillus sp.* B13 y B5111, solas o combinadas, con la fertilización 150-00-120 o 120-00-100 de NPK, considerando testigos sin inoculación, fertilizados con cada una de las dosis NPK y un testigo absoluto; en diseño en bloques completamente al azar, con cuatro repeticiones. La adaptabilidad del cultivo fue buena, en siembra de junio, desarrollándose sin mayores limitaciones; las variables evaluadas fueron: longitud de la parte aérea y radicular, peso seco de la parte aérea y radicular, altura de planta a la cosecha, peso de la mazorca, peso del grano, rendimiento unitario y por parcela. Los resultados indican que las cepas de *Bacillus sp.* (B13 y B5111), mejoraron la disponibilidad del fósforo del suelo y junto con la fertilización NK en niveles alto y bajo, influyeron positivamente en la acumulación de mayor biomasa aérea y presentaron una mejor cabellera radicular, con respecto al testigo absoluto; las características morfoproductivas del maíz morado, respondieron positivamente a la inoculación con ambas cepas de *Bacillus sp.* (B13 + B5111) que actuaron mejorando la disponibilidad del fósforo del suelo, completando la nutrición con fertilización sintética NK en dosis baja y alta. Los resultados obtenidos indican que la aplicación combinada de inoculantes con cepas de *Bacillus sp.* y fertilización con 150-00-120 ó 120-00-100 de NPK de manera oportuna, lograron incrementar el rendimiento unitario y por unidad de superficie del cultivar PMV581 de maíz morado, con más de 8 ton.ha⁻¹ de mazorcas (grano y tusa), superando significativamente al testigo absoluto.

Afiliación: Universidad Nacional San Luis Gonzaga

Potencial da inoculação suplementar tardia com *Rhizobium tropici* e *Azospirillum brasilense* como estratégia para aumento da produtividade do feijoeiro

Autores: Ferreira Coelho, L. G.; Abreu Bomfim, C.; Martins do Vale, H. M.; de Carvalho Mendes, I.; Bueno dos Reis Junior, F.

Expone: Ferreira Coelho, L. G.

Contacto: lucasferrerc@gmail.com

Afiliación: Universidade de Brasília / Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados

Resumen: Apesar do feijoeiro ser capaz de realizar simbiose com bactérias diazotróficas, alguns fatores como a população de rizóbios nativos do solo, senescência precoce dos nódulos e susceptibilidade a estresses abióticos e bióticos podem comprometer a eficiência da fixação biológica de nitrogênio (FBN), resultando em respostas variáveis a inoculação com rizóbios selecionados. Como alternativa, novas estratégias de inoculação, como a coinoculação e inoculações suplementares, têm surgido a fim de aumentar a eficiência da FBN e reduzir o uso de fertilizantes nitrogenados. O objetivo desse trabalho foi avaliar a resposta da inoculação suplementar tardia e da coinoculação, com as bactérias *Rhizobium tropici* CIAT899 e *Azospirillum brasilense* Ab-V5 e Ab-V6, na produtividade de grãos. Para isso, foram conduzidos quatro experimentos em campo com as cultivares Pérola e BRS Estilo. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, compostos por seis tratamentos, com quatro repetições. Os tratamentos foram compostos por um controle absoluto (1), inoculação com *R. tropici* (2), coinoculação via semente com *R. tropici* e *A. brasilense* (3) e três tratamentos com inoculação suplementar tardia com *R. tropici* (4), *A. brasilense* (5) e *R. tropici* + *A. brasilense* (6). A inoculação suplementar tardia foi realizada por pulverização a jato no estágio de desenvolvimento V4. Os resultados foram submetidos a análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste Duncan 5%. Analisando os quatro experimentos em conjunto, a coinoculação via semente apresentou a maior produtividade (3580 kg ha⁻¹), sendo 10% superior a obtida com a inoculação padrão com *Rhizobium*. A inoculação suplementar tardia com *Azospirillum* não diferiu estatisticamente da coinoculação nas sementes e resultou em produtividade equivalente a 3490 kg ha⁻¹, sendo a única significativamente superior (7,7%) a inoculação padrão com *Rhizobium*. Esses resultados indicam que a estratégia de coinoculação no plantio continua sendo a mais indicada para o feijoeiro no Brasil.

Herramienta biotecnológica para el mejoramiento del cultivo de maní expuesto a déficit hídrico

Autores: Furlan, A.¹; Bianucci, E.¹; Morla, F.²; Peralta, J. M.¹; Villa, F.¹; Vincenti, J.².

Perrig, D.³; Castro, S.¹.

Expone: Furlan, A.

Contacto: afurlan@exa.unrc.edu.ar

Afiliación:¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB-CONICET), FCE, F-QyN, UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina. ²FAV, UNRC. Río Cuarto, Córdoba, Argentina. ³Indrasa Biotecnología S.A. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

Resumen: El déficit hídrico es uno de los estreses ambientales que más afecta la asociación simbiótica leguminosa-rizobio. Una herramienta biotecnológica para incrementar la tolerancia al estrés hídrico (EH) es el uso del aminoácido osmoprotector prolina (Pro). Así, este trabajo tiene como objetivo dilucidar el impacto de la adición de Pro sobre el crecimiento, la nodulación y el rendimiento de dos cultivares de maní con tolerancia diferencial al EH: Granoleico y EC-98 (sensible y tolerante, respectivamente). Inicialmente, cultivos de *Bradyrhizobium sp.* SEMIA6144 y C-145 se trataron con diferentes dosis de Pro y se aplicaron en semillas para evaluar la germinación. Luego, se estudió el efecto de la aplicación de inoculantes suplementados con Pro sobre el crecimiento y la nodulación en condiciones controladas de EH. Finalmente, se evaluó el rendimiento del cultivo en ensayos a campo. Los resultados mostraron que el agregado de Pro 30 mM al inoculante preparado con *Bradyrhizobium sp.* C-145 promovió la longitud de la radícula de semillas de maní. Este inoculante también incrementó el peso seco de la raíz en el cv. EC-98 en las condiciones control y EH; además, aumentó el peso seco de la parte aérea en el cv. EC-98 expuesto a EH. En EC-98, el número de nódulos (NN) disminuyó en respuesta a la exposición a EH; sin embargo, cuando se agregó Pro al medio de cultivo del inoculante, el EH no tuvo efecto significativo sobre estas variables. En Granoleico, el PSN no varió entre las plantas expuestas a EH y controles tratados con Pro. En los ensayos a campo, en la etapa fenológica R1, el NN, peso seco de nódulos y el contenido de nitrógeno de EC-98 aumentaron en respuesta al inoculante suplementado con Pro. Finalmente, los rendimientos en frutos y granos de ambos cultivares inoculados y tratados con Pro aumentaron entre un 3,5 y 8%. Así, la aplicación de Pro en la semilla de maní mejora el desarrollo de la leguminosa expuesta a EH, contribuyendo a una nodulación más efectiva y al rendimiento de los cultivos.

Efectos de *Azospirillum brasilense* sobre la germinación y desarrollo in vitro de plántulas de *Eustoma grandiflorum*

Autores: Larraburu, E.; Santos, M. P.; Martínez, S.; Yarte M.; Carletti, S.

Expone: Larraburu, E. (Investigador Adjunto CONICET)

Contacto: cultev@mail.unlu.edu.ar

Afiliación: Laboratorio de cultivo de tejidos vegetales (CULTEV). Departamento de Ciencias Básicas. Universidad Nacional de Luján. CC226. Luján (B) Argentina.

Resumen: *Eustoma grandiflorum* “*Lisianthus*” es una variedad de corte con dificultades en su cultivo mediante sistemas tradicionales en la que es posible la aplicación de herramientas biotecnológicas para mejorar el desarrollo de la especie. El objetivo fue evaluar aspectos anatómicos involucrados en la germinación y desarrollo in vitro de *E. grandiflorum* inoculado con *A. brasilense* Az39. Las semillas fueron desinfectadas, cultivadas en tubos con medio Murashige y Skoog e inoculadas con 0,1 mL de cultivo líquido de *A. brasilense* Az39 (10^6 o 10^7 ufc), semillas sin inocular se consideraron como controles. Los ensayos se realizaron por triplicado, con al menos 10 repeticiones por tratamiento. Se tomaron muestras histológicas a 60 días después de la siembra. Los órganos vegetales fueron fijados, incluidos en parafina, cortados con micrótopo rotatorio, coloreadas mediante safranina-fast-Green y montados en bálsamo sintético. Cortes transversales de raíces y hojas fueron observados mediante microscopio óptico. Los cortes transversales de la hojas permitieron determinar cambios importantes en la anatomía foliar de *Lisianthus* en las plantas inoculadas. Principalmente, se determinó un aumento en el espesor total de la hoja de entre 105 y 192% para tratamientos con 10^7 y 10^6 ufc respectivamente, respecto al control. Además, se observaron incrementos en el diámetro del cilindro vascular (150%), el espesor de la corteza y de la rizodermis, generando un aumento del diámetro total de la raíz (187-230%). El incremento de las características morfoanatómicas se correlacionó con mejoras en el desarrollo de *E. grandiflorum* generando plantines homogéneos, de mayor tamaño, sanos y vigorosos, con mayor resistencia al transplante principalmente al inocular con 10^6 ufc de *A. brasilense* Az39.

Efecto del *biopriming* de semillas de pepino (*Cucumis sativus*) sobre la germinación y crecimiento inicial plántulas bajo estrés salino

Autores: Larraburu, E.; Rodríguez, Y.; Castañares, J. L.

Expone: Larraburu, E.

Contacto: cultev@mail.unlu.edu.ar

Resumen: La salinización de los suelos es un problema que restringe las actividades agrícolas e impacta directamente sobre la capacidad productiva de los suelos y el rendimiento de los cultivos. El pepino (*Cucumis sativus* L.) es una especie sensible a la salinidad, fundamentalmente en las etapas iniciales. El *bio-priming* es un método pre-germinativo de hidratación controlada de semilla combinado con inoculación de agentes biológicos que actúan como promotores de crecimiento. El trabajo tuvo como objetivo estudiar el efecto del *bio-priming* en la germinación y el crecimiento inicial de plántulas de pepino en condiciones de salinidad. Los ensayos se realizaron con semillas de pepino variedad Poinsett 76. Se realizó una curva de respuesta de la germinación a diferentes niveles de NaCl para determinar la dosis inhibitoria del 50% de la germinación (DI50). El *bio-priming* se realizó con cultivo líquido *Azospirillum brasilense* Az39 o Cd (~108 ufc mL⁻¹). Luego del tratamiento, se sembraron en bandejas plásticas con papel Whatman N.º 1, a 25 °C y con luz. Se registró la germinación diaria durante 8 días y se determinó el porcentaje de semillas germinadas y tiempo medio de germinación. En una segunda etapa las semillas germinadas fueron trasplantadas a macetas de 500 cm³, rellenas con sustrato Turba: perlita (1:1). El riego se realizó con solución nutritiva en los tratamientos no salinos, y regadas con solución nutritiva con la adición de la DI50 de NaCl. La utilización de ambas cepas de *A. brasilense* fueron capaces de mitigar los efectos del estrés salino generando mayores pesos frescos de tallo y raíz. Además, se observó que la cepa Cd incrementó el contenido de clorofila tanto en tratamientos salinos como en no-salinos con menores contenidos relativos de agua (CRA). Los resultados obtenidos muestran que el *biopriming* es una herramienta promisoriosa para incrementar la tolerancia de los cultivos al estrés salino.

Afiliación: CULTEV. Departamento de Ciencias Básicas. Universidad Nacional de Luján. CC226. Luján (B) Argentina.

Participation of the type vi secretion system in the endophytic colonization of phosphate solubilizing bacteria

Autores: Lucero, C. T.¹; Lorda, G. S.¹; Ludueña, L. M.²; Nievas, F.³; Bogino, P. C.³; Angelini, J.²; Taurian, T.².

Expone: Lucero, C. T.

Contacto: ctlucero@exactas.unlpam.edu.ar

Afiliación: ¹Laboratorio de Microbiología Aplicada - Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de La Pampa. Ruta Nacional 35 km 330, Santa Rosa (CP 6300), Provincia de La Pampa, Argentina. ²Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto. Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET). ³Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto. Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS, CONICET).

Resumen: There are different types of secretion systems in bacteria that transfer molecules both to the extracellular medium and to the interior of adjacent cells. In mutualistic endophytic bacteria, type VI secretion system (T6SS) is related to important functions, such as interbacterial competition, stress response, quorum sensing, biofilm formation and symbiosis. The endophytic population associated with different plants has a high number of genes related to T6SS, which suggests that it would play an important role in its interaction with the plant. Phosphate solubilizing bacteria constitute a group of bacteria of great relevance in the rhizosphere as they provide phosphorus to plants. Among them, those with endophytic colonization capacity have adaptive and survival advantages. The aim of this study was to analyze if the T6SS of a native peanut bacterium with phosphate solubilizing capacity is involved in its endophytic colonization in this legume. *Enterobacter* sp. J49 strain was used due its efficient ability to solubilize significant amounts of insoluble phosphates and to promote the growth of peanut, corn and soybean plants. Initially, an *in silico* analysis looking for genes related to T6SS in the genome of the *Enterobacter* sp. J49 strain was developed. It was possible to identify, with the exception of the *tssE* gene, all the *tss* genes in its genome. Subsequently, a mutant of the *Enterobacter* sp. J49 strain was obtained by interrupting one of the essential *tss* genes. Then, the *Enterobacter* sp. J49 Δ *hcp* strain obtained was inoculated on peanut plants in order to analyze its colonization capacity. The results obtained indicated a significant decrease in the epiphytic and endophytic aerial and radical colonization of the mutant with respect to the wild strain. It is possible to conclude that T6SS, although not essential, would participate in bacterial colonization, either accelerating the infection, or promoting other mechanisms involved in it.

The phytochrome phy1 of *Azospirillum brasilense* Az39 is involved in bacteria response to red light under *in vitro* and *in planta* conditions

Autores: Molina, R.¹; Coniglio, A.¹; Nievas, S.¹; Torres, D.¹; López, G.¹; Mora, V.¹; Bogino, P.²; Cassán, F.¹

Expone: Molina, R.

Contacto: rmolina@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: ¹Laboratorio de Fisiología Vegetal y la Interacción Planta-Microorganismo (INIAB-CONICET). Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). ² Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS), CONICET. Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

Resumen: *A. brasilense* Az39 is a non-photosynthetic bacterium extensively used as active principle of inoculants formulated for both seeds and foliar treatment. In this work, we analyzed the *in vitro* and *in planta* behavior of Az39 and the phytochrome (phy1) deficient mutant *Az39Δphy1* exposed to red (RL), blue (BL) or day (DL) light. For *in vitro* assays, pure cultures of both bacteria with a titer of 1.10⁹cfu/ml were decimally diluted, spreaded on Luria Bertani or MMAB agar plates and individually exposed to RL, BL, DL or maintained in darkness (O) at 36 or 28 °C respectively. The *in planta* experiments were performed by foliar inoculation of soybean seedlings at V3 stage with 1.10⁵ cfu/ml of each bacterium. After inoculation, seedlings were exposed to RL, BL, DL or O until the end of the experiment. Periodically, the number of viable cells recovered from light-exposed soybean leaves was obtained. Our results demonstrated that DL and BL were lethal for both Az39 and *Az39Δphy1* when they grew in LB medium at 36 or 28°C. Furthermore, DL and BL were lethal for Az39 in both culture media at 28°C while the mutant was able to grow in similar experimental conditions. Contrary, *Az39Δphy1* was unable to grow in MMAB medium exposed to LR at 28°C while Az39 did. Under *in planta* conditions, a higher bacterial sensitivity was observed to RL for *Az39Δphy1* which was recovered from soybean leaves up to 24 h post-inoculation in comparison to Az39 recovered until 96 h post-inoculation. These results suggest that tolerance of Az39 to LR depends of the presence and functionality of the phytochrome coded by phy1. Additionally, both the nutritional composition of culture medium and incubation temperature were able to modify the bacterial tolerance to DL and BL.

La inoculación con micorrizas arbusculares reduce la acumulación de cadmio foliar en plantas de cacao bajo condiciones de invernadero

Autores: Patiño Torres, C.

Expone: Patiño Torres, C.

Contacto: copatinot@ut.edu.co



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: En los últimos años se ha hecho frecuente la contaminación de los suelos por cadmio, debido, entre otras razones, a los efectos de actividades agrícolas no sustentables. Esto plantea graves riesgos ambientales y para la salud humana, dado que la alta solubilidad y movilidad del cadmio, facilita su flujo a través de los ecosistemas y las cadenas tróficas. Cuando las plantas crecen en suelos contaminados con elementos pesados, estos son absorbidos por las raíces y transportados a los tejidos aéreos. Este es el caso del cacao. Entre las estrategias para reducir la absorción del cadmio en suelos contaminados se ha planteado el uso de hongos micorrízico arbusculares y la adición de enmiendas químicas basadas en magnesio. Este proyecto evaluó bajo condiciones de invernadero si este era el caso. Los tratamientos evaluaron el efecto de diferentes niveles de cadmio sobre el crecimiento y desarrollo de plantas de cacao inoculadas y no inoculadas con hongos micorrízico arbusculares, y el efecto de la adición al suelo de varias enmiendas agrícolas. Los resultados demostraron que el crecimiento de las plantas no se vio afectado por los niveles de cadmio en el suelo, independientemente de los tratamientos de remediación aplicados, lo que confirma el alto nivel de tolerancia de esta especie vegetal al cadmio, sin embargo, sí se observó un efecto de los tratamientos sobre el contenido en hojas de este elemento tóxico. El tratamiento con micorrizas solas o en combinación con cal dolomita llevó a una reducción en los niveles de cadmio foliar, estadísticamente equivalentes a los presentados por las plantas testigo. Por el contrario, la aplicación de cal agrícola o cal dolomita solas, produjeron un incremento en la concentración foliar de este elemento.

Afiliación: Universidad del Tolima

***Bacillus sp. ibun 2755* controls *Burkholderia glumae* in rice plants thanks to niche overlap and increased colonization capacity**

Autores: Perea Molina, P. A.¹; Pedraza, L. A.¹; Beauregard, P. B.²; and Uribe Vélez, D.¹

Expone: Perea Molina, P. A.

Contacto: ppeream@unal.edu.co

Afiliación: ¹Agricultural Microbiology research group, Biotechnology Institute, Universidad Nacional de Colombia; ²Centre SEVE, Department de Biologie, Faculté des Sciences, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Canada

Resumen: IBUN 2755 has biological control capacity against *Burkholderia glumae*, a limiting pathogen in rice crops. The biocontrol mechanism of this strain against *B. glumae* is unknown. The objective of this work was to know if the IBUN 2755 strain competes with *B. glumae* for space and nutrients in rice plants. We found that both microorganisms have chemotaxis toward the compounds present at root exudates of rice secreted at 7, 14, 21, and 28 days. IBUN 2755 shows marked attraction by alanine and serine, low by proline, and undetectable by leucine, while *B. glumae* is attracted by all the compounds present in the tested rice exudates. Both bacteria maintain a similar pattern of attraction towards these exudates, suggesting a possible niche overlap. We also observed that, IBUN 2755 is able to colonize rice plants as endophyte and epiphyte up to 28 days, both in root and shoot under controlled conditions. Additionally, the IBUN 2755 strain forms biofilm on LB broth after 24 hours of incubation, while *B. glumae* is not able to form biofilm up to 48 hours of evaluation. Rice seeds infected with *B. glumae* and treated with IBUN 2755 showed a reduction in disease symptoms, the plant showing health status similar to non-inoculated control. On the other hand, *B. glumae*'s infected plants show the bacteria during all phenological stages analyzed, while in plants treated with IBUN 2755 its population is reduced and is even undetectable at flowering stage. Additionally, plants treated with IBUN 2755 present attributes of plant growth promotion, showing a greater length despite being in the presence of the pathogen. The results suggest that the effect of the IBUN 2755 strain on the reduction of *B. glumae* populations in rice plants and its control strategy is associated with a greater capacity for colonization mediated by niche competition and biofilm formation.

Análisis bioinformático de los sistemas regulatorios del rizobio ácido tolerante *Rhizobium favelukesii*

Autores: Pistorio, M.; Sarmiento, L.; Nilsson, J.

Expone: Pistorio, M.

Contacto: lolasarmiento4@gmail.com

Afiliación: Inst. de Biotecnología y Biología Molecular. CCT La Plata. CONICET. Dto. Cs. Biológicas. FCE. UNLP. La Plata, Buenos Aires, Argentina.

Resumen: La alfalfa es una leguminosa forrajera de gran relevancia, y su asociación simbiótica con el rizobio eficiente, *Ensifer (Sinorhizobium) meliloti*, se ve afectada en suelos ácidos principalmente debido a la baja tolerancia a la acidez por parte de este rizobio. Hace algunos años se aisló un rizobio ácido-tolerante recientemente denominado *Rhizobium Favelukesii*, que es muy competitivo para la nodulación de alfalfa pero ineficiente en la fijación biológica de nitrógeno. Estas características, más parasíticas que simbióticas, lo convierten en un potencial factor de riesgo en suelos agrícolas donde coexiste y compite con *E. meliloti*. Estudios transcriptómicos demostraron que *R. favelukesii* comparte parte de la respuesta al estrés ácido con el rizobio ácido-sensible *E. meliloti*, sin embargo, los perfiles de expresión de un gran número de genes no son coincidentes entre las respuestas de ambos rizobios. Que la mayoría de los genes expresados diferencialmente estén presentes en ambos genomas conduce a la hipótesis de que la diferencia entre un fenotipo ácido-sensible y uno ácido-tolerante puede recaer principalmente en los patrones espacio-temporales de expresión de ambos rizobios frente al mismo estrés. En este contexto, en este trabajo se realizó un análisis bioinformático global de los sistemas regulatorios de *R. favelukesii*, y en particular de aquellos posiblemente asociados al fenotipo ácido tolerante. Se identificaron y caracterizaron 666 reguladores transcripcionales presentes en el genoma de *R. favelukesii* LPU83, que incluyen factores sigma, sistemas de dos componentes y sistemas de un componente. Su clasificación en familias mostró perfiles similares en cuanto a distribución y cantidades en relación a los previamente descritos para rizobios relacionados. A su vez, a partir de un análisis predictivo de los sitios de unión a factores de transcripción, se encontraron varios motivos que surgen como potenciales sitios de unión involucrados en la respuesta de *R. favelukesii* frente al estrés ácido.

Comparative metabolite analysis of *Delftia-Bradyrhizobium* co-inoculated soybean plants using UHPLC-HRMS-based metabolomic profiling

Autores: Riviezzi, B. ¹; Campmajó, G. ²; Cagide, C. ^{1,3}; Carrera, E. ⁴; Saurina, J. ²; Castro Sowinski, S. ^{1,3}; Olivaro, C. ⁶; Núñez, O. ²; Morel, M. A. ^{1,3}

Expone: Riviezzi, B.

Contacto: braulioriviezzi94@gmail.com

Afiliación: ¹Laboratorio Microbiología Molecular, Departamento BIOGEM, IIBCE; ² Department of Chemical Engineering and Analytical Chemistry, University of Barcelona; ³Sección Bioquímica, Facultad de Ciencias, UdelaR; ⁴Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Universidad Politécnica de Valencia; ⁵Laboratorio de Microbiología del Suelo, Facultad de Ciencias, UdelaR; ⁶Espacio de Ciencia y Tecnología Química, Centro Universitario de Tacuarembó, UdelaR

Resumen: *Delftia sp.* strain JD2 is a soil bacterium that produces auxins and acts as a nodulation-assisting bacterium in legumes inoculated with rhizobia. The co-inoculation of soybean (*Glycine max*) seeds with *Bradyrhizobium elkanii* and JD2 enhances plant growth, nitrogen fixation, and grain yield. This work aimed to characterize bioactive compounds in soybean plants under different inoculation treatments. Metabolomic profiling by UHPLC-HRMS was carried out on freeze-dried rhizospheric exudates and root extracts from hydroponic or greenhouse plants experiments, respectively. The differential metabolomic profiling between treatments was analyzed by pair-wise comparisons. Statistical results showed that both root and rhizospheric samples clustered according to the inoculation treatment and the sampling time of plants. This classification derives from the different production of cinnamic acids, coumarins, benzoic acids, and flavonoids, among other discriminant compounds between treatments. We observed the over-production of *nod* genes inducers in roots from inoculated plants with JD2. In contrast, a reduction in the discriminant flavonoids occurred in co-inoculated plants. JD2 positively influences the production of auxins. These changes in the composition of flavonoids and auxins are likely to explain the differences observed in the growth and nodulation of co-inoculated plants. This study emphasizes some metabolic changes that positively affect the co-inoculation of soybean seeds with bradyrhizobia and JD2.

Estudio de la fijación simbiótica de N₂ en cinco especies de leguminosas de grano crecidas en dos suelos contrastantes en la provincia de Manabí, Ecuador

Autores: Rodríguez Loor, M. E.; Velez Delgado, J. F.; Izaguirre Mayoral, M. L.

Expone: Rodríguez Loor, M. E.

Contacto: braulioriviezzi94@gmail.com

Resumen: Las leguminosas *Cajanus cajan*, *Phaseolus lunatus*, *P. vulgaris*, *Vigna unguiculata* y *Vicia faba* son parte integral de la dieta de los ecuatorianos, siendo cultivadas desde la costa hasta las serranías de los Andes. Sin embargo, es común la aplicación de grandes dosis de fertilizantes nitrogenados (FN) a estos cultivos, desconociéndose las bondades de la fijación simbiótica de N₂ (FSN) y los efectos negativos de los FN sobre las PGPRs y la FSN. El objetivo de esta investigación fue analizar las interacciones entre PGPRs de dos suelos con historial de exposición a radiación solar contrastantes y el desarrollo de las cinco especies de leguminosas en Ecuador. Las plantas crecieron bajo condiciones naturales en bolsas de plástico negro conteniendo 1 kg de suelo sin FN por décadas y colectados: (S1) bajo la sombra de árboles de limón y cacao; y, (S2) en el borde de una carretera rural, expuesto a la radiación solar. Plantas crecidas en estos suelos enmendados con cal, P, NPK y melaza enriquecida en micronutrientes sirvieron como controles. Resultados indican la ausencia en S1 y S2 de cepas de rizobios nodulantes de *V. faba* y *P. lunatus*. Mientras que abundantes nódulos indeterminados fueron observados en *C. cajan* y determinados en *P. vulgaris*, *V. unguiculata*, siendo las biomasas nodulares y aéreas mayores en S1 comparado con S2. El intenso color rojo interno en todos los nódulos indicó la efectividad de la FSN. La adición de FN redujo significativamente la nodulación en estas 3 especies. La adición de P, cal y melaza no promovieron la nodulación o el crecimiento de las plantas en S1 y S2 por encima de los valores en S1 sin enmiendas. Este es el 1er informe sobre la nodulación en estas 5 especies en Ecuador, confirmando el efecto de altas temperaturas en la microbiota de los suelos ecuatorianos.

Afiliación: Universidad Técnica de Manabí, Portoviejo, Ecuador.

Mapeo asociativo de la fijación biológica de nitrógeno en germoplasma avanzado del programa de mejoramiento genético de soja de INIA

Autores: Ruiz, S.¹; Rosas, J.^{1,2}; Beyhaut, E.¹

Expone: Ruiz, S.

Contacto: sruiz@inia.org.uy

Resumen: El marcado incremento en los últimos quince años del área sembrada con soja en Uruguay ha convertido a este cultivo en uno de los tres principales rubros de exportación. El cultivo puede cubrir mayoritariamente los requerimientos de nitrógeno mediante la asociación simbiótica con rizobios específicos a través de la fijación biológica de nitrógeno (FBN). La investigación sobre FBN históricamente ha priorizado la selección de cepas de rizobios de élite, dedicando menor atención a la genética de la planta huésped. El objetivo de este trabajo es identificar marcadores moleculares para la selección asistida de cultivares de soja con mayor aptitud para la FBN. Se realizó el fenotipado en invernáculo de una población de 190 líneas avanzadas del programa de mejoramiento genético de soja de INIA por características de FBN —número de nódulos, peso fresco y seco de los nódulos, peso seco de la parte aérea y $\delta^{15}\text{N}$ —, y un mapeo asociativo (GWAS) para la detección de quantitative trait loci (QTL) asociados a características simbióticas. El diseño experimental fue de bloques completamente aleatorizados con seis repeticiones. Los resultados preliminares, en base a tres repeticiones de la variable número de nódulos muestran una adecuada varianza genotípica y la identificación de dos QTL para esta característica en los cromosomas 10 y 13 que explican aproximadamente un 30% de la varianza fenotípica. Los trabajos en ejecución incluyen el análisis de las variables número de nódulos, peso de nódulos, peso seco de parte aérea usando las seis repeticiones. Posteriormente se harán determinaciones de $\delta^{15}\text{N}$ de tres bloques y detección de QTL asociados a esta característica mediante GWAS. Este trabajo apunta a contribuir a la sustentabilidad económica y ambiental del cultivo.

Afiliación: ¹Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Uruguay,

²Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay

Inoculation of *Acremonium alternatum* and *Bacillus simplex* as growth promoters in soybean crop

Autores: Senger, M.; Moresco, E.; Briega, A.; de Oliveira, L. S.; Cardozo, K.; Galdino, J. V.; Santos Silva, P. D.; da Luz, B. C.; Felde, R.

Expone: Senger, M.

Contacto: marina.senger@estacaoexperimental3m.com.br

Resumen: There is a consensus in the literature about the importance of microorganisms for agriculture with the objective to improve productivity and culture development in abiotic stress. New microorganisms have been isolated and tested in cultures and has been promoting promising results. Two microorganisms, *Acremonium alternatum* and *Bacillus simplex*, were tested in the soybean crop, in different concentrations, applied in seed inoculation, in four cities, Imbituva-PR, Lapa-PR, Dourados-MS and Uberlândia-MG, in 2017/2018. The statistical design used was randomized blocks, with seven treatments and four replications, using 63I64RSFIPRO cultivar in the cities of Dourados and Uberlândia; and M5947IPRO in Imbituva and Lapa. For the study with *A. alternatum* the concentrations used were $3,6 \times 10^4$; $3,6 \times 10^5$; $3,6 \times 10^6$; e $3,6 \times 10^7$ CFU.kg⁻¹. For *B. simplex*, concentrations were $6,0 \times 10^4$; $6,0 \times 10^5$; $6,0 \times 10^6$; and $6,0 \times 10^7$ CFU.kg⁻¹. The inoculants were added with polymer 1,0 mL.kg⁻¹. The microorganisms were compared with *Azospirillum brasilense* with $6,0 \times 10^8$ CFU.kg⁻¹; control without inoculation and control without inoculation with addition of polymer. Plant emergence and vigor were evaluated. The shoot, root and nodules dry weight, and number of nodules per plant were evaluated at the beginning of flowering, 30-45 days after emergence. The Yield was evaluated in the crop maturation. The data obtained were subjected to analysis of variance and the means were compared by Scott-Knott at 5% level of significance. Under the conditions which the study was developed, it is possible to conclude that concentrations of $3,6 \times 10^5$ to $3,6 \times 10^7$ UFC.kg⁻¹ of *A. alternatum* and $6,0 \times 10^4$ to $6,0 \times 10^7$ UFC.kg⁻¹ of the microorganism *B. simplex*, applied to soybean culture via seed inoculation were able to promote good germination, plant development through the increase in nodulation and shoot and root dry weight, with increased crop yield. However, the result seems to be related to the cultivar and the environmental conditions in which the plant is found.

Afiliación: 3M Experimentação Agrícola

Inoculation of *Streptomyces kathirae* as growth promoters in corn crop

Autores: Senger, M.; Moresco, E.; Briega, A. H.; de Oliveira, L. S.; Felde, R.; da Luz, B. C.; Cardozo, K.; Galdino, J. V.; Santos Silva, P. D.

Expone: Senger, M.

Contacto: marina.senger@estacaoexperimental3m.com.br

Resumen: Numerous studies around the world have been carried out in order to identify possible microorganisms that have benefits for agriculture, such as pest and disease control and to promote plant growth, resulting in greater productivity. New microorganisms have been isolated and tested in cultures and has been promoting promising results. One microorganism, *Streptomyces kathirae*, was tested in the Corn crop, in different concentrations, applied in seed inoculation, in four cities, Ponta Grossa-PR; Dourados-MS; Maracaju-MS; e Rio Verde-GO, in 2017/2018. The statistical design used was randomized blocks, with seven treatments and four replications, using Supremo Viptera hybrid. The *S. kathirae* concentrations used were $1,2 \times 10^5$; $1,2 \times 10^6$; $1,2 \times 10^7$; e $1,2 \times 10^8$ CFU.kg⁻¹. The inoculant was added polymer 2,5 mL.kg⁻¹. The microorganism was compared with *Azospirillum brasilense* with $8,0 \times 10^8$ CFU.kg⁻¹; control without inoculation and control without inoculation with addition of polymer. Plant emergence and vigor were evaluated. When corn plants had 10 leaves, it was evaluated the Normalized Difference Vegetation Index (NDVI). The shoot and root dry weight per plant were evaluated at 30-45 days after emergence. The Yield was evaluated in the crop maturation. The data obtained were subjected to analysis of variance and the means were compared by Scott-Knott at 5% level of significance. Under the conditions which the study was developed, it is possible to conclude that concentrations of $1,2 \times 10^6$; $1,2 \times 10^7$; e $1,2 \times 10^8$ CFU.kg⁻¹ of *S. kathirae*, applied to corn culture via seed inoculation was able to promote good germination, plant development through the increase NDVI number, shoot and root dry weight, with increased crop yield, when compared to the control without inoculation and control with addition of polymer. A positive result was also observed when compared to the microorganism *Azospirillum brasilense*. However, the result seems to be related to the environmental conditions in which the plant is found.

Afiliación: 3M Experimentação Agrícola

***Azospirillum brasilense* modifies *Arabidopsis* root architecture through indoleacetic acid-dependent and independent mechanisms**

Autores: Mora, V.; López, G.; Molina, R.; Coniglio, A.; Donadio, F.; Nievas, S., Torres, D., Cassán, F.

Expone: Torres, D.

Contacto: dtorres@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: Laboratorio de Fisiología Vegetal y la Interacción Planta-Microorganismo (INIAB-CONICET). Universidad Nacional de Río Cuarto. Río Cuarto. Córdoba, Argentina.

Resumen: *Azospirillum* is one of the most studied genus of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR). The positive effects of *A. brasilense* on plants have been mostly, but not exclusively, explained by the bacterial production of the phytohormone indole-3-acetic acid (IAA). The main objective of our study was to evaluate the role of the bacterial IAA as co-responsible of changes observed in morphology and architecture roots of *Arabidopsis thaliana* and to evaluate the nature of a putative IAA-independent mechanism. The root architecture of *A. thaliana* was evaluated after inoculation with *A. brasilense* Az39, other bacteria or the treatment with exogenous IAA. Seeds of *A. thaliana* Col-0 or its mutant tir 1.1 were germinated vertically in Petri dishes containing MS medium for 7 d (photoperiod 16/8h, 22 °C). Seedlings were then aseptically transferred to MS plates containing 10⁸ cfu·ml⁻¹ of Az39; the heat inactivated cells of this strain (Az39φ); the IAA-deficient mutant (Az39Δ*ipdC*); or *E. coli* DH5α, as negative control. After 5 d post-transplantation, the root architecture was evaluated using an image analysis system. Our results demonstrate the ability of Az39 to modify the primary root development through IAA biosynthesis, while other IAA-independent mechanisms were related to an increase in the lateral roots development and the root hairs number. The physical presence of the inactive bacteria (Az39φ) seems to mediate the development of root hairs, a mechanism common to other non-PGPR as *E. coli* DH5α. Our results suggest that Az39 inoculation induces morphological changes in root architecture through both IAA-independent and dependent mechanism. The IAA biosynthesis by Az39 reduces the primary root length; while the cells contact with the roots increases the root hairs production. Both the synthesis of active IAA and the presence of metabolically active Az39 cells increase the growth and development of lateral roots.

Incremento de la productividad del pasto kikuyo por efecto de la aplicación de bacterias solubilizadoras de fosfatos y fuentes fosfatadas

Autores: Torres Cuesta, D.; Romero Perdomo, F.; Vargas García, C.; y Estrada Bonilla, G. A.

Expone: Torres Cuesta D.

Contacto: datorrescu@unal.edu.co

Resumen: El pasto kikuyo, principal gramínea de pastoreo de los sistemas ganaderos de la Sabana de Bogotá (Colombia), presenta en la actualidad baja productividad originada por la alta retención de nutrientes esenciales como el fósforo (P) de los suelos andisoles en donde está establecido. El objetivo del presente estudio fue evaluar la respuesta productiva del pasto kikuyo a la inoculación de Bacterias Solubilizadoras de Fósforo (BSF) con diferentes fuentes de P. Se evaluaron tres fuentes de P [fosfato diamónico (DAP), roca fosfórica (RF) y compost (MO)] junto con la co-inoculación de tres BSF (*Herbaspirillum sp.*, *Azospirillum sp.*, *Rhizobium sp.*) sobre la producción de forraje, la disponibilidad de P foliar y sobre la dinámica del P en el suelo por la implementación de los tratamientos. Los resultados después de seis meses de evaluación mostraron que la inoculación con BSF incrementó la producción de forraje, la mayor ($P < 0,05$) acumulación de forraje se encontró con la aplicación de RF ($8523,1 \text{ kg ha}^{-1} \text{ MS}$), que además registró la mayor acumulación de P en el forraje ($84,4 \text{ kg ha}^{-1} \text{ de P}$). La inoculación con BSF junto al uso de DAP y MO aumentaron la productividad del kikuyo (8018 y $7956 \text{ kg ha}^{-1} \text{ de MS}$; respectivamente), pero solo la MO incrementó la disponibilidad de P inorgánico lábil ($4,6\%$) edáfico respecto a los tratamientos sin inoculación. La inoculación de BSF mejora la productividad del pasto kikuyo y la disponibilidad de P en el forraje con la aplicación de RF. Esto representa no solo una importante estrategia de manejo en praderas de kikuyo, sino un beneficio económico con la reducción del suministro de sales mineralizadas fosfatadas como suplemento alimenticio en la dieta de los rumiantes. Los resultados respaldan la sustitución de fuentes de P de síntesis química con alto impacto ambiental, por tecnologías precursoras de calidad y sostenibilidad edáfica.

Afiliación: Agrosavia / UNAL

Pseudomonas fluorescens como promotor de crescimento na cultura da alface

Autores: Senger, M.¹; Moresco, E.¹; Colognese, L.²; Oliveira, L. R.²; Cardozo, K.¹; Briega, A. H.¹; Oliveira, L. S.; Urrea Valencia, S.¹

Expone: Urrea Valencia, S.

Contacto: salome.valencia@estacaoexperimental3m.com.br

Afiliación: ¹3M Experimentação Agrícola, Ponta Grossa – PR, Brasil. ²SoluBio Tecnologias Agrícolas, Gurupi – TO, Brasil.

Resumen: Os microrganismos promotores do crescimento de plantas vêm sendo utilizados na agricultura com o objetivo de contribuir para a redução do uso de fertilizantes nitrogenados, como agentes de controle biológico e como promotores de crescimento. *Pseudomonas* (Gammaproteobacteria: Pseudomonadales) é um dos gêneros de bactérias Gram-negativas mais abundantes na rizosfera. As espécies do gênero podem produzir fitohormônios, suprimir o crescimento de patógenos do solo devido à indução de resistência sistêmica da planta bem como pela produção de antibióticos e sideróforos. Embora *Pseudomonas fluorescens* seja uma espécie amplamente estudada, são poucos os inoculantes comercializados com esse princípio ativo. Assim, a presente pesquisa foi conduzida com a finalidade de avaliar a eficiência agrônômica de diferentes doses de um inoculante formulado com *Pseudomonas fluorescens* (3×10^8 UFC.mL⁻¹) aplicado via sulco de plantio, na promoção do crescimento na cultura da alface. Para tal fim, foi instalado um ensaio em condições de casa de vegetação utilizando-se as cultivares crespa, lisa, americana e mimosa. O inoculante foi aplicado nas doses de 1,0; 2,0; 3,0 e 4,0 L.ha⁻¹. Foi avaliada a altura e número de folhas por planta aos 7, 14, 21, 28 e 35 dias após o transplante (DAT), a biomassa e a produtividade foram avaliadas aos 42 DAT. Os resultados evidenciaram que a inoculação de *P. fluorescens* via sulco de semeadura, impactou positivamente na altura e número de folhas por planta nas quatro variedades. As doses de 2,0 - 4,0 L.ha⁻¹, promoveram ganhos estatisticamente significativos em comparação com a testemunha (Duncan 5%) quando comparadas as médias da massa seca e fresca da parte aérea e da raiz, refletindo-se no aumento dos valores de produtividade. Estes resultados evidenciaram que o inoculante testado pode ser utilizado como promotor do crescimento na cultura da alface e estudos futuros são recomendados para verificar seu efeito em outras culturas agrícolas.

Coinoculación de bacterias endófitas de nódulos y *Bradyrhizobium yuanmingense* promueve el crecimiento en *Vigna unguiculata* L. (Walp)

Autores: Valdez Nuñez R. A.; Más Rojas, B.¹; Renzo, A.²; Ríos Ruiz Winston, F.³.

Expone: Valdez Nuñez R. A.

Contacto: rvaldez@unab.edu.pe

Afiliación:¹ Bachillerato en Ingeniería agrónoma. Escuela de Agronomía, Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto. ² Departamento de Ciencias Básicas y Afines. Universidad Nacional de Barranca. Lima, Perú. ³ Departamento Académico de Agrosilvopastoril, Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto.

Resumen: El nódulo rizobial de leguminosas constituye un nicho importante de nuevas bacterias con potencial biotecnológico. Las bacterias endófitas de nódulos presentan mecanismos promotores de crecimiento que al ser coinoculadas con rizobios eficientes logran incrementar el desarrollo de las leguminosas. El objetivo del estudio fue evaluar la habilidad de 13 bacterias endófitas aisladas de nódulos de caupí en coinoculación con *Bradyrhizobium* para promover el crecimiento y simbiosis en caupí. Las bacterias endófitas fueron caracterizadas por su capacidad de producir amonio y solubilizar fosfato tricálcico, resaltando *O. haematophilum* 5410F como la mayor productora de amonio (1226.20 $\mu\text{g L}^{-1}$) y *S. novella* 5740O fue superior al solubilizar 130.77 mg P L⁻¹. El experimento fue conducido a través de un diseño de bloques al azar con cuatro repeticiones en casa de malla por 30 días. Se emplearon: 13 tratamientos de coinoculación (bacterias endófitas con *B. yuanmingense* BR3267), un tratamiento inoculado con *B. yuanmingense* BR3267 y dos testigos, con nitrógeno mineral y sin nitrógeno. El parámetro empleado para la selección de cepas fue el peso seco de la parte aérea (PSPA), número de nódulos (NN), así como la eficacia y eficiencia simbiótica. El tratamiento coinoculado con *Labrys neptuniae* 5730K y *B. yuanmingense* BR3267 presentó los mejores valores de PSPA (1189.10 mg planta⁻¹) y NN (56.67 nódulos planta⁻¹), con una eficiencia (110.44) y eficacia superior (62.22) en comparación al tratamiento inoculado con *B. yuanmingense* BR3267. De esa manera, la cepa *Labrys neptuniae* 5730K al ser coinoculada con un rizobio efectivo podría brindar beneficios directos en comparación de la inoculación simple, por lo que será necesario realizar ensayos a nivel de campo para evaluar su potencial biotecnológico.

Evaluación de la tolerancia a cadmio y plomo y su capacidad promotora de crecimiento vegetal de microorganismos aislados de relaves mineros

Autores: Ortiz Ortiz, J. C.¹; Ramirez, R. A.¹; Pulido, X.²; Varon López, M.¹

Expone: Varon López, M.

Contacto: mvaronl@ut.edu.co

Afiliación: ¹Grupo de investigación en Genética y Biotecnología Vegetal y Microbiana (GEBIUT), Departamento de Biología, Universidad del Tolima, Ibagué-Colombia. ²Grupo de investigación en Química Aplicada a Procesos Ecológicos (QUAPE), Departamento de Química, Universidad del Tolima, Ibagué-Colombia.

Resumen: La minería es una de las actividades industriales que más contamina el suelo producto de los desechos que libera, afectando la productividad, fertilidad y ecología del suelo. Para solucionar este problema, el uso de microorganismos tolerantes a metales pesados y promotores de crecimiento vegetal (MPCV) asociados en la rizósfera de plantas nativas merece una atención particular al potenciar la bioacumulación, movilización e inmovilización de metales. Por lo tanto, el objetivo fue evaluar la tolerancia a cadmio (Cd^{2+}) y plomo (Pb^{2+}) y la capacidad promotora de crecimiento vegetal de microorganismos aislados de relaves mineros. Se aislaron e identificaron fenotípica y molecularmente 31 microorganismos; se les determinó el índice de tolerancia a diferentes concentraciones de cloruro de cadmio (CdCl_2); y nitrato de plomo $\text{Pb}(\text{NO}_3)_2$, y se evaluaron las actividades biológicas de solubilización de fosfatos, producción de AIA y NH_3 , actividad celulolítica y ACC desaminasa. Se evidenció que los hongos fueron más tolerantes que las bacterias para los dos metales evaluados. Se resaltan la bacteria *Delftia Lacustris* y el hongo *Penicillium chrysogenum* por tolerar hasta 2500 ppm de cada metal evaluado. En relación con las actividades de promoción, los mejores valores fueron obtenidos por los microorganismos *Pseudomonas orientalis*, *Bacillus subtilis*, *Paenibacillus taichungensis*, *Penicillium chrysogenum* y *Penicillium citrinum* los cuales se pueden proponer para mejorar el crecimiento vegetal de plantas sometidas a diferentes condiciones de estrés, por lo tanto este estudio constituye el punto de partida para el uso de microorganismos en conjunto con flora nativa para el establecimiento de plantas en suelos afectados por minería.

Efecto de diferentes inoculantes microbianos en el biocontrol de fitopatógenos y en la germinación de semillas de cultivos hortícolas

Autores: Zúñiga Dávila, D.; Sánchez, B.; Santos, R.; Verástegui, P.; Gonzalez, M.; Memenza, M.; Ogata, K.

Expone: Zúñiga Dávila, D.

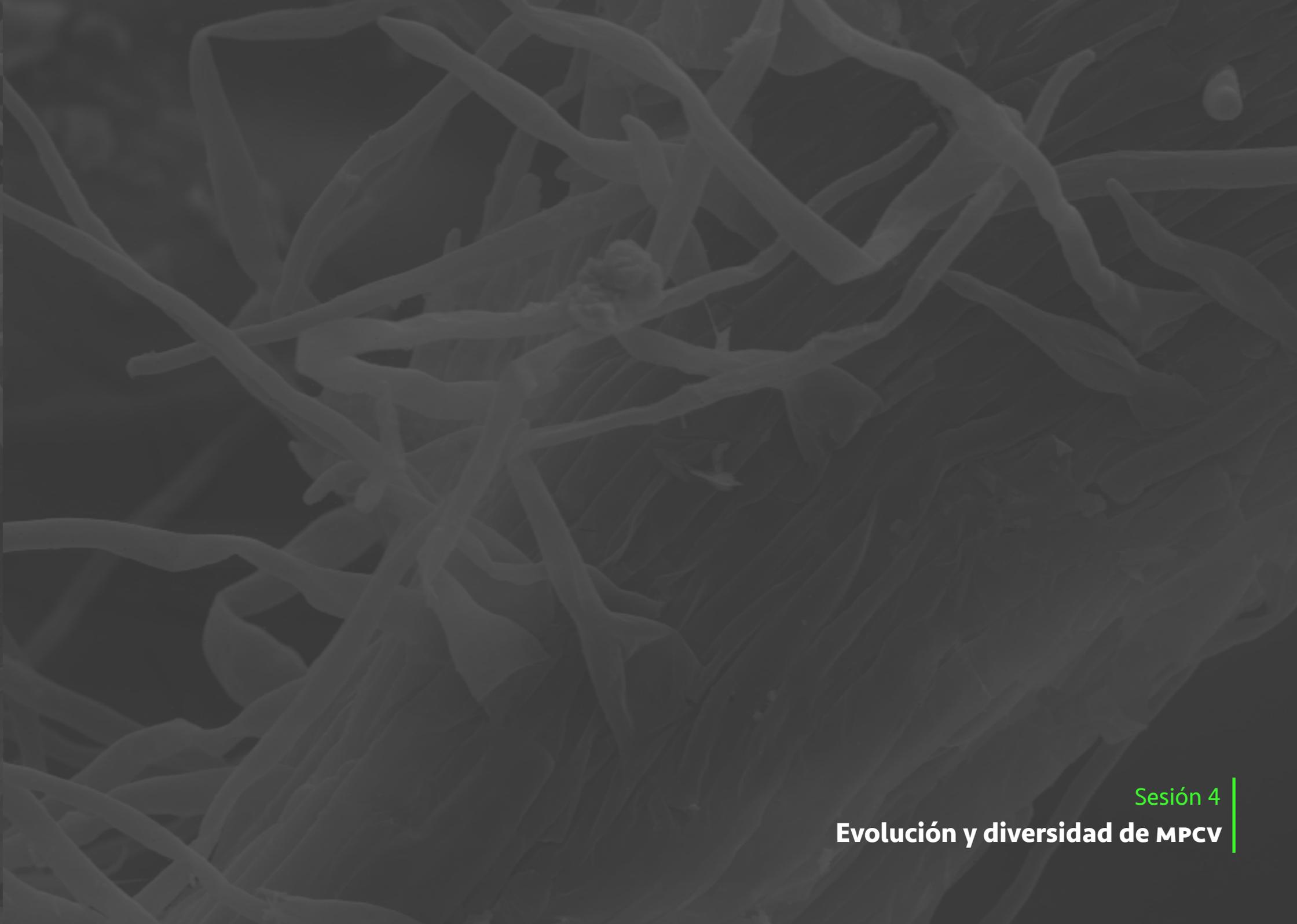
Contacto: dzuniga@lamolina.edu.pe

Afiliación: Laboratorio de Ecología Microbiana y Biotecnología, (LEMYB), Dpto. de Biología, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: El crecimiento de las plantas está influenciado por diversos factores, suelo, clima, cantidad y diversidad de microorganismos en el suelo. Entre toda la microflora existente, las bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPR) juegan un papel muy importante en la síntesis de AIA, solubilización de fosfatos, producción de sideróforos, y además, alguna de ellas pueden actuar como biocontroladoras de hongos fitopatógenos que merman la producción de diferentes cultivos. Diferentes PGPR son utilizados para la producción de bioinoculantes que pueden ser incorporados a la semilla previo a la siembra, reinoculados a la emergencia y en diferentes etapas del cultivo, para mejorar la producción dentro de un manejo sustentable. Por ello el objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de diferentes inoculantes desarrollados en el LEMYB en el biocontrol de *Rhizoctonia solani* y en la germinación de tres cultivos hortícolas a nivel in vitro. Los inoculantes fueron utilizados a una concentración de 1×10^8 cel/ml. Todos ellos inhibieron el crecimiento de *R. solani* entre 50 y 71% aproximadamente. Para la germinación (%G) se utilizó un diseño completamente al azar (DCA) con tres repeticiones, que incluyeron diferentes inoculantes y un control. Se utilizaron semillas de frijol Castilla (*Vigna unguiculata* L.), tomate (*Solanum lycopersicum*) var. Río grande y var. Galilea. Los diferentes inoculantes incrementaron el %G y la pubescencia radicular, en comparación al control. Por lo tanto, los diferentes inoculantes diseñados en el laboratorio, al tener un efecto significativo sobre el biocontrol de *R. solani* y mejorar la germinación de las diferentes semillas hortícolas a nivel in vitro, podrían ser utilizadas a nivel de invernadero y posteriormente a nivel de campo. Ello beneficiaría al agricultor y al consumidor, siendo una buena herramienta biotecnológica amigable con el ambiente. Agradecimientos: Proyectos 007-2020-FONDECYT-BM y 009-2017-FONDECYT. Palabras clave: PGPR, inoculantes, Germinación, Biocontrol.



Sesión 4

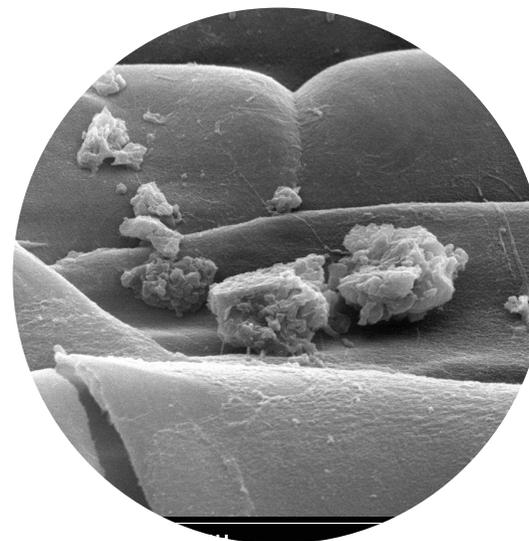
Evolución y diversidad de MPCV

SESIÓN 04

EVOLUCIÓN Y DIVERSIDAD DE MICROORGANISMOS PROMOTORES DEL CRECIMIENTO VEGETAL

Coordinadores: Dra. Ana Fernández Scavino (Uruguay) - Dr. Mariano Pistorino (Argentina)

Las plantas son sistemas altamente colonizados por microorganismos, cuya presencia determina el crecimiento y la sanidad de los cultivos. Debido al carácter ancestral de las asociaciones microbioma-planta se han observado distintos niveles de sofisticación en estas asociaciones, que incluyen tanto coevolución entre organismos como interacción de comunidades estructuradas complejas con el hospedero. Los cambios en la composición de la comunidad microbiana asociada pueden tener efectos positivos en la capacidad de adaptación a condiciones ambientales cambiantes o extremas y por tanto en la productividad de las plantas. Así, hospedadores y microbiomas constituyen sistemas biológicos complejos y dinámicos, en los cuales el mutualismo, por un lado, y el parasitismo y la patogenicidad por otro, están presentes como parte de un delgado equilibrio modulado fuertemente por el entorno y por las interacciones entre la comunidad microbiana asociada. La sesión Evolución y diversidad de Microorganismos Promotores del Crecimiento Vegetal (MPCV) está orientada a investigaciones relacionadas con la evolución y adaptación de los microorganismos al entorno y a su relación con las plantas. Además, se enfoca en la investigación de la interfaz microorganismo-hospedador, tanto las relaciones patógenas, parasíticas, como los mutualistas, así como también los estudios del microbioma.



Dr. Massimiliano Cardinale (Italia)

The microbiome of seeds and plant reproductive organs: diversity, co-evolution with the plant, and biotechnological potential for agriculture

The seed microbiome has received great attention in the last years, due to the intimate relationship with the plant and the possibility to be vertically transmitted to the next plant generation. Barley seeds are covered with abundant microbes on their surface and contain also an endophytic community showing stable members across genotypes, sites of collection and harvesting years (in particular, the genera *Pantoea*, *Paenibacillus* and *Pseudomonas*). These stable partners promoted barley growth in greenhouse experiments, inducing an increase in both chlorophyll content and concentration of K and Mg; moreover, they showed bio-control activity against the phytopathogenic fungus *Blumeria graminis*. Such close and beneficial association suggested a co-evolution between barley and its core seed endophytes. To confirm this hypothesis, we studied the seed endophytes of four cereals and their respective ancestors. Genetic differences between plants, assessed by RAPD, were compared with the differences between the respective seed microbiomes, and a co-evolution test showed significant coherence between them, thus indicating clues of the co-evolution. This study also demonstrated that domestication affected the cereal seed microbiome in a common way, by increasing the diversity in the modern crops but reducing the interaction network with respect to the wild ancestors. Vertical transmission studies in greenhouse trials showed that only a few OTUs were transmitted to the second-generation seeds

CHARLA MAGISTRAL
10:00 HRS.

in barley; however, they represented the larger fraction of the seed microbiome in terms of number of sequences. In field trials, the number of seed-originated rhizosphere members of four cereal species varied significantly depending on the site, the cereal species, and their interaction. Plant reproductive organs are the most suitable habitats to study the co-evolution between plants and microbes, and to understand the nature of the plant holobiont. Moreover, they are a source of candidate strains with relevant potential in sustainable, ecosystem-based agricultural biotechnology applications.



Biografía

Massimiliano Cardinale is a microbial ecologist interested in plant-microbe interactions and applications of beneficial microbes in agriculture. His research spreads from the study of specific beneficial symbioses, such as legume-rhizobia and mycorrhiza, to the exploration and exploitation of the plant associated microbiome, with a special focus on the less investigated plant habitats, such as the plant reproductive organs.

Dra. Laila Pamela Marínez (México)

CHARLA MAGISTRAL
10:45 HRS.

El microbioma de agaves y cactus como modelos para un planeta en calentamiento

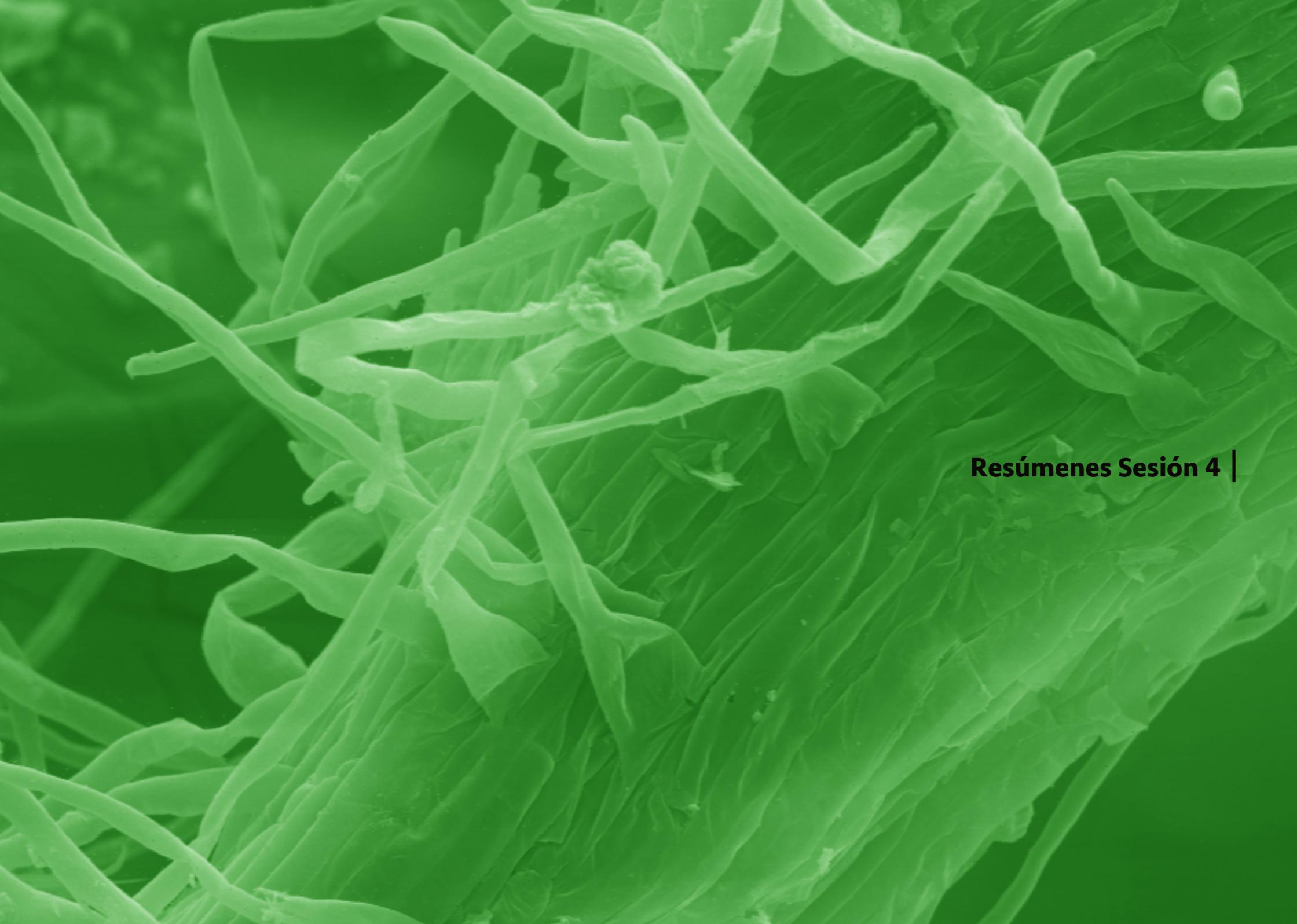
Los agaves y las cactáceas representan especies vegetales clave en los ambientes áridos. Estos linajes de plantas se originaron en el continente Americano y comparten el metabolismo ácido de las crasuláceas (CAM, por sus siglas en inglés). Estas plantas, como la mayoría de los organismos eucariotas, dependen de asociaciones con microorganismos para lidiar con la sequía, una alta radiación solar, suelos bajos en materia orgánica, y temperaturas extremas comunes en sus hábitats. Nuestros estudios de perfiles taxonómicos revelaron que las comunidades procariontes asociadas con agaves y cactus están principalmente influenciadas por el compartimento/nicho de la planta, mientras que las comunidades fúngicas estuvieron mayormente determinadas por la biogeografía de sus plantas huésped y luego por el compartimento. De forma notable, la diversidad alfa de las comunidades bacterianas epífitas, esto es de la rizósfera y la filósfera, tuvieron una alta y semejante diversidad en los agaves y cactus silvestres, pero una muy baja en la especie cultivada de Agave tequilana. Análisis metagenómicos comparando los suelos, las rizósferas y las filósferas asociadas a estas plantas confirmaron que A. tequilana alberga una menor diversidad funcional, especialmente en procesos microbianos relacionados con el metabolismo del carbono y la degradación de xenobióticos. Estos resultados sugieren que las prácticas agronómicas y el cultivo clonal de este Agave tienen efectos directos sobre la diversidad microbiana, con riesgos potenciales para su adaptación y productividad. A pesar de las diferencias en biogeografía, manejo agronómico y diversidad microbiana, las cinco especies de agaves y cactus estudiadas comparten un microbioma núcleo. Nuestras investigaciones, empleando miembros bacterianos y fúngicos de este microbioma núcleo, mostraron que estos microorganismos emiten una gran diversidad de compuestos

orgánicos volátiles (+ 120 mVOCs, 10 clases químicas). A través de ensayos con compuestos puros, solos o en mezclas, identificamos ocho mVOCs que promueven el crecimiento y desarrollo de plantas modelo y de las plantas huésped, incluyendo la especie económicamente importante A. tequilana. En suma, el microbioma de los agaves y cactus y sus metabolitos representan potentes herramientas biotecnológicas que apoyan el desarrollo de una agricultura sustentable en las zonas áridas. Estas zonas se encuentran actualmente en expansión a causa del cambio climático.



Biografía

Investigadora principal del Laboratorio de Interacciones Microbianas de la Unidad Irapuato del Cinvestav en México. Mi investigación se centra en descifrar los mecanismos, y las implicaciones ecológicas y evolutivas de las interacciones entre las plantas y los microorganismos en ambientes áridos, así como en la simbiosis hongo-bacteria-virus.



Resúmenes Sesión 4 |

Aislamiento de bacterias solubilizadoras de fosfato a partir de suelo con historia de cultivo de variedades criollas de maíz

Autores: Azziz, G.¹; Vázquez, E.¹; Trasante, T.²; Vidal, R.¹

Expone: Azziz, G.

Contacto: gazziz@fagro.edu.uy

Afiliación: ¹Dpto de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR; ²Laboratorio de Microbiología de Suelos, Facultad de Ciencias, UdelaR.

Resumen: El maíz (*Zea mays*) ha sido históricamente un importante cultivo como fuente de alimento humano y animal. A pesar de ser un cultivo tradicional de Uruguay, una porción importante del maíz consumido en el país es importado. La utilización de semillas propias por parte de productores familiares, mediante la continua selección y cultivo, resulta en la protección y fomento del acervo genético de la especie y de tradiciones. El cultivo de estas variedades criollas tiene diversos beneficios por su adaptación a las condiciones locales, menor costo y diversidad de usos como abono verde, forraje de ganado, cerdos y aves, y como alimento humano. El rendimiento obtenido está sujeto a manejos que pueden incluir, entre otras cosas, el agregado de fertilizantes, principalmente nitrogenados y fosforados. En agosto de 2020, se visitaron seis predios de productores familiares con historia de cultivo de variedades criollas de maíz; 3 en la zona sur del país y 3 en la zona este. Se realizaron entrevistas para conocer las características de la producción; se colectaron semillas, y se tomaron muestras de los suelos. De las muestras colectadas se analizó la abundancia de bacterias heterótrofas totales, solubilizadoras de fosfato y esporulados aerobios. Asimismo, se generó una colección de 13 aislamientos de bacterias solubilizadoras de fosfato con el objetivo de contar con microorganismos potencialmente promotores del crecimiento vegetal. Finalmente, se utilizaron las muestras de suelo para inocular plantas de maíz pregerminadas en medio Jensen modificado con Ca_3PO_4 como única fuente de fosfato. Se analizó el crecimiento de las plantas según el extracto de qué suelo se haya inoculado en ellas. De la rizósfera de estas plantas se generó una nueva colección de aislamientos (21) de los cuales un porcentaje significativo presentó buena capacidad solubilizadora. Los aislamientos se identificaron mediante secuenciación de su gen del ARNr 16S.

Evaluación de la producción de compuestos tipo auxinas y la solubilidad de fosfatos en levaduras patagónicas, tolerantes a estrés hídrico

Autores: Boenel, M.^{1,2}; Fontenla, S.¹; Solans, M.³; Mestre, M. C.^{1,2}.

Expone: Boenel, M.

Contacto: micaelaboenel@gmail.com

Afiliación:¹Laboratorio de Microbiología Aplicada y Biotecnología, Centro Regional Universitario Bariloche (CRUB), UNCO. ²IPATEC (Universidad Nacional del Comahue-CONICET). ³Laboratorio de Actinomicetes, INIBIOMA (Universidad Nacional del Comahue-CONICET). Quintral 1250, Bariloche (8400) Rio Negro, Argentina.

Resumen: Los microorganismos del suelo rizosférico pueden ser utilizados para mejorar la producción vegetal en ambientes sometidos a estrés hídrico. Los suelos andinos de la región, de origen volcánico, tienen alta retención de fósforo. El objetivo de este trabajo fue evaluar las características de promoción del crecimiento vegetal in vitro de levaduras rizosféricas tolerantes a estrés osmótico (hídrico y salino), aisladas de la estepa patagónica argentina. Se realizó la detección y cuantificación de compuestos tipo auxinas por el método de Salkowski, utilizando una curva patrón con ácido 3-indoleacético. También se analizó la solubilización de fosfato en medio sólido suplementado con CaHPO_4 , $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$, AlPO_4 y FePO_4 ; y se calculó el rendimiento utilizando el diámetro de la colonia y el halo de solubilización. De los 32 aislamientos probados, 2 levaduras fueron las mayores productoras de auxinas con un máximo de 0,73 $\mu\text{g}/\text{mL}$. Estos valores son similares a otros estudios de levaduras de la región. Ninguna de las levaduras presentó solubilización de AlPO_4 y FePO_4 , 22 levaduras produjeron halos con CaHPO_4 , con un rendimiento máximo de 238,9%; y 16 levaduras con $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ con un máximo de rendimiento de 112,3%. La mayoría de las levaduras capaces de solubilizar fosfatos fueron aisladas en un sitio de alta salinidad. El uso de levaduras adaptadas a condiciones ambientales locales, que produzcan auxinas, solubilicen fósforo y además sean tolerantes a déficit hídrico, aportarían beneficios a la adquisición de nutrientes y al desarrollo por parte de las plantas. Este trabajo pone valor a rasgos de promoción de crecimiento vegetal junto a tolerancia al estrés osmótico de levaduras patagónicas nativas. Estos microorganismos podrían mejorar la fertilidad y aportar a la recuperación de suelos en procesos de degradación de la región, fomentando una agricultura sustentable.

Reduced fitness of an *Ensifer meliloti* mutant deficient in the non-coding small RNA MmgR during its initial adaptation to the soil environment

Autores: Ariel Bravo, Claudio Valverde, Antonio Lagares (Jr.)

Expone: Ariel Bravo

Contacto: v.ariel.bravo@gmail.com

Resumen: Rhizobia are a diverse group of soil-dwelling bacteria able to establish symbiotic relationships with legumes. The interaction between these microorganisms and their compatible host plants leads to a series of complex metabolic and morphological changes in both organisms, which provide the rhizobia with a suitable environment to reduce atmospheric N₂ to ammonia (biological nitrogen fixation) in favor of the plant, in exchange of photosynthates that are supplied by the host. The rhizobium *Ensifer meliloti* and its cognate legume host *Medicago sativa* (alfalfa) constitute a reference model to study bacterial-legume symbioses. In *E. meliloti*, the small non-coding RNA MmgR regulates the accumulation of poly-β-hydroxybutyrate (PHB), a carbon and reducing power storage polymer. This regulation takes place in vitro upon cessation of balanced growth owing to nitrogen depletion in the presence of surplus carbon, to set the number and size of PHB granules that are stored within the bacterial cell. Nevertheless, little is known so far about the biological significance of this regulation in the natural environment that rhizobia inhabit. Given the fact that *mmgR* is highly conserved among phylogenetically related species, we hypothesized that MmgR might play an essential role at setting the rhizobial fitness under specific naturally occurring conditions, i.e. in the soil or the roots of its host plant, circumstances that may impose a natural form of selective pressure to preserve MmgR-dependent regulatory mechanisms. Through a series of co-inoculation assays in non-sterile soil with an *E. meliloti mmgR* deletional mutant and its isogenic wild-type strain, which were previously grown in vitro up to the stationary phase where the mutant strain is unable to fine-tune PHB storage, we revealed for the first time that the lack of MmgR activity in *E. meliloti* reduces –by mechanisms that remain unclear– the rhizobial fitness during their initial adaptation to the soil environment.

Afiliación: ILFGBBP, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes

Role of QseG membrane protein in beneficial enterobacterial interactions with plants and *Mesorhizobia*

Autores: Brígido, C.¹; Pereira Torres, D.¹; Paço, A.¹; Menéndez, E.¹; Mateos, P. M.².

Expone: Brígido, C.

Contacto: ccb@uevora.pt

Afiliación: ¹ MED – Mediterranean Institute for Agriculture, Environment and Development, Institute for Advanced Studies and Research, Universidade de Évora, Pólo da Mitra, Ap.94, 7006-554 Évora, Portugal. ² Departamento de Microbiología y Genética, Centro Hispano Luso de Investigaciones Agrarias, Unidad Asociada CSIC-USAL, Universidad de Salamanca, 37007 Salamanca, Spain.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Membrane protein Quorum sensing G (QseG) positively interferes in the process of colonization and infection of enteric pathogens in animals. Its gene is located between *qseE* and *qseF* genes and is co-transcribed with the two-component system. Homologs of *qseG* gene, along with *qseEF*, are present in many Enterobacteriaceae; however, its role in nonpathogenic strains is still unknown. To fill this knowledge gap, we investigated the role of QseG protein of a plant-associated enterobacterium in the interactions with its legume host and in the benefits induced by this enterobacterium in the *Mesorhizobium*-chickpea symbiosis. Here, we show that *Kosakonia* sp. MH5 $\Delta qseG$ mutant was defective in internal root colonization and inoculation of chickpea seedlings with this mutant increased the expression of the defence-related gene CaRBOH-like in host roots. Furthermore, we show that invasion and a proper establishment within the roots and/or root nodules are essential for MH5 strain to be able to exert beneficial effects on the symbiotic *Mesorhizobium*-chickpea association under salinity. This study demonstrates, for the first time, that the role of QseG is transversal to pathogenic and nonpathogenic enterobacteria and is a step forward to better understanding the molecular bases of plant-bacteria interactions established between legume and beneficial endophytic enterobacteria.

Productos naturales para una agricultura sustentable: Prospección de genes biosintéticos y péptidos antimicrobianos en genomas de rizobios

Autores: Charifeh, M. ¹; Cárdenas, C. ²; Yáñez, C. ¹

Expone: Charifeh Fernández, M.

Contacto: mariamcharifeh@gmail.com

Afiliación: ¹Laboratorio de Microbiología, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. ²Núcleo de Biotecnología Curauma, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Resumen: Los cultivos agrícolas están expuestos a diversos factores bióticos y abióticos que afectan negativamente su productividad. Tradicionalmente estos son controlados con compuestos químicos pero la preocupación por sus efectos dañinos ha fomentado la búsqueda de alternativas más sostenibles para controlar las enfermedades en los cultivos y mejorar sus rendimientos. Los microorganismos producen compuestos especializados para competir o comunicarse entre sí y con su entorno. Las bacterias pueden sintetizar variados productos naturales, tales como péptidos sintetizados ribosómicamente y modificados postraduccionalmente (RiPPs), péptidos no ribosómicos (NRP) y policétidos (PK). Por lo tanto, la búsqueda de estos compuestos en bacterias que viven en estrecha relación con plantas, como en la asociación simbiótica de rizobios y leguminosas, representa una estrategia novedosa para la prospección de productos naturales con potencial de ser utilizados en el control biológico de fitopatógenos. El objetivo de este trabajo fue explorar e identificar in silico clústers de genes biosintéticos de metabolitos secundarios (PKs, NRPs y RiPPs) en genomas de rizobios disponibles en bases de datos. Trabajos previos de nuestro laboratorio identificaron especies de *Mesorhizobium ciceri* y *Rhizobium leguminosarum* en nódulos de una leguminosa nativa. Entonces, se escogieron los siguientes genomas para la búsqueda: *M. ciceri* biovar *biserrulae* WSM1271, *M. ciceri* biovar *biserrulae* WSM1284 8, *M. ciceri* ca181, *R. leguminosarum* GLR17 y *R. leguminosarum* CB782. Los análisis bioinformáticos muestran que todos los genomas de rizobios estudiados presentan clústers de genes biosintéticos. Se encontraron genes relacionados con PKs del tipo 3, RiPPs como lasso peptide y ranthi peptide, y NRPs como vicibactina. Nuestros resultados revelan el enorme potencial de los rizobios para producir una diversidad de compuestos con potencial aplicación en biotecnología agrícola. Trabajos futuros se enfocarán en el aislamiento desde leguminosas nativas de rizobios productores de metabolitos secundarios para ensayos frente a bacterias y hongos fitopatógenos.

Genomic analysis of *Sinorhizobium meliloti* LPU63, an acid-tolerant and symbiotically efficient alfalfa-nodulating rhizobia

Autores: Cafiero, J. H.; Salvetti, M.; Lozano, M.; Vacca, C.; Lagares, A.; Del Papa, M. F.

Expone: Cafiero, J. H.

Contacto: hcafero@quimica.unlp.edu.ar

Afiliación: Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM), CONICET, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Argentina

Resumen: The growth and persistence of alfalfa (*Medicago sativa*), a perennial legume capable of producing high yields of high-quality forage, are both reduced in moderately acidic soils. The low performance of alfalfa in acidic soils is due to numerous factors that affect the host plant, their rhizobia and the symbiotic interaction. *Sinorhizobium meliloti* LPU63 was isolated from an acidic soil (Argentina) and it proved to be a highly competitive and efficient N₂-fixing rhizobium under neutral and moderately acidic soil conditions. In this study we obtained a draft of the LPU63 genome sequence using Illumina HiSeq4000. The whole genome phylogenetic analysis confirmed the taxonomic position of LPU63 as a *S. meliloti* strain. A multilocus sequence analysis confirmed that LPU63 is not related to any of the strains currently used in Argentina as inoculants. In addition to the canonical chromosome, *pSymA* and *pSymB*, LPU63 bears a putative accessory plasmid which codes for a *repABC* origin of replication and a conjugative T4SS, suggesting that this plasmid could be self-transmissible. The LPU63 genome codes for the complete denitrification pathway (i.e. the gene clusters *nap*, *nir*, *nor* and *nos*), including *napC* and *nosZ*, that could be used as an alternative respiration route under hypoxic conditions with moderate N₂O emissions. Also, genes associated with plant growth promoting activities (*pqqBCDE*, for phosphate solubilization, and *acdS* encoding ACC deaminase) were identified. LPU63 is a highly melanogenic strain, a property that could enhance its survival under soil conditions. The data suggest that *mcoA*, involved in melanin production, is split in two ORFs. The information regarding LPU63 activities that are compatible with plant-growth promotion phenotypes, together with other characteristics mentioned here (melanin production, potential moderate N₂O emissions), constitute the basis of future experiments toward the rational design of a novel bioinoculant for an environmentally sustainable production of alfalfa.

Diversidad y especificidad de rizobios simbiotes de especies nativas de lupinos

Autores: Costa, A.¹; Panzera, M.¹; Viera, F.¹; Zabaleta, M.²; Amarelle, V.¹; Fabiano, E.¹.

Expone: Costa, A.

Contacto: andrescosta1991@gmail.com

Afiliación: ¹Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, MEC. ²Licenciatura de Diseño de Paisaje. Facultad de Agronomía, UdelaR.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: *Lupinus* es un género de leguminosas que cuenta con más de 280 especies descritas, distribuidas mayormente en el continente americano. Varias especies han sido mejoradas a lo largo de los siglos convirtiéndose en un gran potencial para la alimentación humana y animal ya que sus granos pueden contener entre un 30 y 50% de su peso seco en proteínas. *Lupinus angustifolius* es un cultivar invernacional no nativo de Uruguay, que desde hace cuatro años se viene usando como alimento de ganado ovino y bovino. El ingreso de esta nueva especie conlleva el agregado de un inoculante de rizobio comercial. Considerando que prácticamente se desconocen las poblaciones de rizobios presentes en nuestros suelos capaces de asociarse a plantas de lupinos, nos propusimos en este trabajo relevar cuáles son las especies nativas de lupinos y aislar e identificar los microsimbiontes presentes en sus nódulos. Nuestro objetivo es luego evaluar su capacidad competitiva frente a los inoculantes comerciales de *L. angustifolius*. Se colectaron plantas y nódulos, en diferentes localidades de Canelones, Cerro Largo, Colonia, Lavalleja, Maldonado, Montevideo, Rivera, Rocha, Tacuarembó y Treinta y Tres. Mediante técnicas clásicas de botánica, se identificaron 6 especies de lupinos: *L. albescens*, *L. bracteolaris*, *L. gibertianus*, *L. lanatus*, *L. multiflorus* y *L. paraguayensis*. A partir de los nódulos colectados se aislaron los microsimbiontes allí presentes, generándose una colección de al menos 120 aislamientos que fueron identificados mediante el análisis de la secuencia del gen 16S rRNA. De acuerdo al análisis realizado, los aislamientos pertenecen a diversas especies del género *Bradyrhizobium*. Con el fin de seleccionar aislamientos representativos de diferentes grupos genómicos, se utilizó la técnica de BOX-PCR. Se realizaron ensayos preliminares con el fin de poner a punto las condiciones óptimas de germinación de semillas para evaluar luego en condiciones de gnotobiosis la especificidad de hospedero de los aislamientos seleccionados.

Nuevos actores involucrados en el establecimiento de la simbiosis entre rizobios y leguminosas

Autores: Eastman, I.¹; Rodríguez, C.¹; Garabato, F.¹; Sandes, L.¹; Battistoni, F.²; Platero, R.¹

Expone: Eastman, I.

Contacto: ignacio.eastman4@gmail.com

Afiliación:¹Laboratorio de Microbiología Ambiental. IIBCE-MEC. Montevideo, Uruguay.² Laboratorio de Interacciones Planta-Microorganismo. IIBCE-MEC. Montevideo, Uruguay.

Resumen: Muchas leguminosas tienen la capacidad de formar asociaciones simbióticas con rizobios, durante las cuales se realiza la fijación biológica del nitrógeno (FBN). Esta interacción comienza en la rizósfera mediante el intercambio de señales y reconocimiento mutuo, continúa con cambios en la expresión génica en la planta y en los rizobios, desembocando en la formación de nódulos funcionales donde ocurre la FBN. Mientras que los distintos pasos de la interacción han sido caracterizados en rizobios pertenecientes a las alfaproteobacterias (alfa-rizobios), existe poca información sobre lo que ocurre en rizobios pertenecientes a las betaproteobacterias o beta-rizobios. En Uruguay se han encontrado rizobios pertenecientes a los géneros *Cupriavidus* y *Paraburkholderia* asociados a diversas leguminosas nativas, en particular al clado *Mimosoideae* (1). Durante las primeras etapas de interacción entre el beta-rizobio *Cupriavidus sp.* UYMMa02A (2) y *Mimosa pudica*, identificamos diferentes genes y rutas metabólicas bacterianas inducidas, entre las que se encuentran vías implicadas en el metabolismo de cobre y arsénico. El cobre juega un papel fundamental en la FBN, siendo cofactor del citocromo, el cual media la transducción de energía tanto en la bacteria en vida libre como en el bacteroide. Por otro lado, el arsénico es tóxico para las células, generando especies reactivas del oxígeno y dañando las membranas. Este trabajo busca dilucidar la función que cumplen el metabolismo de cobre y arsénico en el establecimiento de la interacción simbiótica entre la planta y el beta-rizobio. Como primera aproximación, hemos comenzado con la construcción de mutantes deficientes en los genes *cueO*, *cueR*, *copA*, *copB*, *copZ*, *cusS*, *cusR*, *acr3*, *arsH* y *arsR*, involucrados en las rutas metabólicas antes mencionadas. Emplearemos técnicas de microbiología clásica, biología molecular, qPCR, ensayos gnotobióticos y microscopía para caracterizar estas mutantes y ahondar en la importancia de estas vías metabólicas durante la interacción. (1) Platero et al., 2016. (2) Pereira-Gomez et al., 2020.

Nodule associated bacteria from legumes in Mexico

Autores: Estrada de los Santos, P.; Tapia García, E. Y.

Expone: Estrada de los Santos, P.

Contacto: pestradadelossantos@gmail.com

Resumen: Central southern Mexico contains highly diverse legumes. In this study, nodule-associated bacteria (NAB) were isolated from wild legume nodules and from nodules on *Phaseolus vulgaris* plants used as a plant-trap in soils from the same areas as the wild legumes. The bacteria were identified through the 16S rRNA gene sequence analysis, tested for plant growth-promoting (PGP) activities and the production of antimicrobial compounds, and analyzed for potential nodulation by amplifying the nodC gene. Several genera with PGP activity were isolated from legume nodules, including *Achromobacter*, *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Brevibacillus*, *Brevibacterium*, *Burkholderia*, *Cupriavidus*, *Dyella*, *Ensifer*, *Enterobacter*, *Herbaspirillum*, *Kosakonia*, *Labrys*, *Microbacterium*, *Moraxella*, *Paraburkholderia*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Stenotrophomonas*; and *Aeromonas*, *Marinococcus* *Pseudarthrobacter* and *Pseudoxanthomonas* were found in plant legume nodules for the first time. *Pseudomonas* was the most common bacteria, and *Mimosa pudica* was colonized by the largest number of genera (6 different genera). A *Burkholderia* strain from the *Burkholderia cepacia* complex and a firmicutes strain harbor the *nodC* gene, identifying them as potential novel nodulating bacteria and showing that most of the strains isolated in this study were NAB. The most frequent PGP activity identified among the strains isolated from wild legumes was IAA synthesis. Two bacteria, *Stenotrophomonas* sp. and *Rhizobium* sp., synthesized more than 250 µg/ml, which is more than the level of synthesis reported in this study for *Azospirillum brasilense* Sp7 (59.77 µg/ml). Nitrogen fixation and antimicrobial compound production were not common, but the production of siderophores was frequently found among all the strains. This study shows that diverse NAB with PGP activity are very common in the legume nodules from central southern Mexico.

Afiliación: Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas.

Relaciones evolutivas entre rizobios eficientes y parásitos de trébol blanco: sumando evidencias de transferencia lateral de genes simbióticos

Autores: Morel, M.^{1,2}; Tartaglia, C.¹; Sanjuán, J.³; y Monza, J.¹.

Expone: Morel, M.

Contacto: mmorel@fcien.edu.uy

Afiliación: ¹ Bioquímica y Fisiología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR; Montevideo, Uruguay. ² Laboratorio de Microbiología de Suelos (LMS), Facultad de Ciencias, UdelaR. ³ Depto. de Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Granada, España.

Resumen: Los tréboles usados en praderas de Uruguay se inoculan desde hace más de 50 años con la cepa U-204 de *Rhizobium leguminosarum* sv. *trifolii*, introducida desde Estados Unidos. En algunos sitios se han detectado problemas de implantación y baja productividad de trébol después del primer año de siembra, que pueden deberse a la presencia de rizobios ineficientes-parásitos, cuya competitividad se desconoce. El objetivo de este trabajo fue determinar si existe una correlación entre la filogenia de cepas nativas o naturalizadas de rizobios de trébol y su diferente eficiencia simbiótica en trébol blanco. Para ello se estudiaron las cepas 314, 218 y 1116 con eficiencia intermedia respecto a las cepas P3, parásita, y U-204, de alta eficiencia fijadora de nitrógeno. A partir de lisados celulares se amplificaron por PCR y se determinaron las secuencias parciales de los genes 16S rRNA, la región ITS 23S-16SrRNA (ITS), de los genes *housekeeping atpD*, *glnII* y *recA*, y los genes simbióticos *nodA*, *nodC* y *nifH*. La secuencia del gen 16S rRNA evidenció que las cepas 314, 218 y 1116 pertenecen a *Rhizobium* sp., aunque en distintos grupos filogenéticos. Según los genes *housekeeping* e ITS, la cepa 1116 se agrupa con cepas nativas que nodulan *Trifolium polymorphum*, mientras que las cepas 314 y 218 son filogenéticamente distintas tanto de las ineficientes-parásitas como de las cepas eficientes. No obstante, todas las cepas poseen genes simbióticos con secuencias similares a los de cepas eficientes, como U-204. Los datos indican que la cepa 1116 es un rizobio nativo, parásito de tréboles mediterráneos, que adquirió genes simbióticos de una cepa eficiente como el inoculante comercial, lo que mejoró parcialmente su performance simbiótica en trébol blanco. Estos resultados, junto a los de competitividad entre cepas eficientes y parásitas, contribuyen a dimensionar los problemas agronómicos de algunas praderas de trébol blanco.

Genoma completo de *Rhizobium sophoriradicis* A6, simbiote aislado de frijol (*Phaseolus vulgaris*) en la costa central de Perú

Autores: Aguilar Cuba, Y.¹; Zúñiga Dávila, D.¹; Canchaya, C. A.²; Ormeño Orrillo, E.¹

Expone: Ormeño Orrillo, E.

Contacto: eormeno@lamolina.edu.pe

Resumen: La diversidad de rizobios asociados a *Phaseolus vulgaris* es muy amplia abarcando una veintena de especies solo en el género *Rhizobium*. Se conoce relativamente poco sobre los rizobios asociados a este cultivo en Perú que es parte de uno de sus centros de origen y domesticación. Previamente hemos reportado la presencia de 6 linajes del género *Rhizobium* en nódulos de frijol de diferentes zonas de Perú. Una especie predominante en la región costera es *Rhizobium sophoriradicis*. En este trabajo se reporta el genoma completo de la cepa A6 de *R. sophoriradicis* obtenida de un nódulo de frijol en la costa central de Perú. La secuencia se obtuvo mediante un ensamblaje mixto de lecturas Illumina y Oxford Nanopore que permitió recuperar completo cada replicón de la cepa. El genoma consta de 1 cromosoma de 4.53 Mb y 5 plásmidos de 662, 480, 441, 290 y 231 kb, respectivamente. El valor de ANIm entre las secuencias genómicas de la cepa A6 y la cepa tipo de *R. sophoriradicis* es de 97.78% lo que confirma su asignación a dicha especie que previamente se basó en el análisis de 2 genes *housekeeping*. Las funciones predichas para los 6633 genes de la cepa A6 que codifican para proteínas revelan una bacteria metabólicamente versátil con abundancia de genes para metabolismos de carbohidratos y aminoácidos. Los genes de nodulación y fijación de nitrógeno se ubicaron en el plásmido de 441 kb el cual es similar a otros plásmidos simbióticos (*pSim*) de tipo *sv. phaseoli*. Además de los genes *nod*, *nol*, *nif* y *fix*, el *pSim* de A6 codifica funciones de quimiotaxis, utilización de exudados radiculares, secreción tipo III, IV y VI. Este último sistema de secreción parece ser conservado en otros *pSim* de *R. sophoriradicis* pero no otras especies.

Afiliación:¹ Universidad Nacional Agraria La Molina. ² Universidad de Vigo.

VOCs emitidos por *Bacillus amyloliquefaciens* GB03 incrementan la biosíntesis de metabolitos secundarios en *Mentha piperita* cultivada bajo estrés salino

Autores: Cappellari, L.; Chiappero, J.; Palermo, T.; Meneguzzi, R.; Gil, S.; y Banchio, E.

Expone: Palermo, T.

Contacto: tpalermo@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: INBIAS Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (CONICET, Universidad Nacional de Río Cuarto)

Resumen: Las plantas aromáticas, como *Mentha piperita*, son fuentes de aceites esenciales (AE). La salinidad, la acumulación de sales en la superficie del suelo o cerca de ella, es un estrés abiótico que afecta el crecimiento y desarrollo de las plantas. Las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) son microorganismos benéficos del suelo capaces de colonizar la rizósfera de las plantas y beneficiarlas a través de diferentes mecanismos. Particularmente, los VOCs (del inglés, *Volatile Organic Compounds*) emitidos por PGPR tienen la capacidad de promover el crecimiento vegetal e inducir resistencia sistémica; por lo cual tienen una significativa participación en las interacciones microorganismos-plantas. En el presente trabajo, evaluamos el efecto de los VOCs emitidos por *Bacillus amyloliquefaciens* GB03 sobre la biosíntesis de metabolitos secundarios en plantas de *M. piperita* cultivadas bajo estrés salino. Estacas uninodales de *M. piperita* fueron crecidas in vitro en frascos conteniendo medio *Murashige and Skoog* suplementado con 0, 75 o 100 mM de NaCl y expuestas a los VOCs de GB03. Después de 30 días las plantas fueron cosechadas y se determinó el contenido de AE y de los principales monoterpenos por cromatografía gaseosa (GC) y de fenoles totales a través de la técnica del Reactivo Folin-Ciocalteu. La exposición a NaCl produjo una importante reducción en el rendimiento de AE. Sin embargo, este efecto fue contrarrestado en aquellas plántulas expuestas a los VOCs de GB03. Los principales componentes del AE mentona, mentol y pulegona presentaron la misma tendencia. Por el contrario, el contenido de compuestos fenólicos totales fue superior en plantas crecidas bajo estrés salino que en plantas control; observándose un incremento aún mayor en plantas estresadas y expuestas a VOCs que en plantas no expuestas.

Genomic, genotypic, and phenotypic characteristics of the *Bacillus velezensis* IBUN2755 PGPR strain

Autores: Pedraza Herrera, L. A.; Blanco, D. C.; Barreto, E.; Uribe, D.

Expone: Pedraza Herrera, L. A.

Contacto: lapedrazah@unal.edu.co

Resumen: *Bacillus* IBUN2755 is a promising strain for biocontrol in different pathosystems and growth promoter in rice and lettuce plants. To taxonomically locate this strain the entire genome had to be sequenced, because with the use of the 16s rRNA marker it is not possible to assign this strain to some species. The objective of this work was to sequence, characterize genetically and phenotypically, and taxonomically locate the strain IBUN2755. It was found that this strain has a circular genome of 4.02Kb with 4063 CDS, where 441 and 420 genes associated with amino acid and carbohydrate metabolism were identified, respectively, these being important for chemotaxis and competition in the rhizosphere. IBUN2755 contains 54 genes that participate in motility and biofilm formation, important in colonization where this strain is known to colonize rice (endophyte and epiphyte) and lettuce plants. This strain dedicates 8.8% of the genome size in the synthesis of secondary metabolites, finding 97 genes in 13 clusters and correspond to non-ribosomal synthesis peptides (surfactin, bacillibactin, fengycin, tyrocidine, gramicidin and bacillicin) polyketides (macrolactin, bacillaene and difficidin), ribosomal peptides (plantazocillin and a microcin) and terpenes. Through the use of mass-coupled HPLC and acid extraction were determined in the MOLP medium supernatant, the peptides surfactin, iturin and fengycin that could participate in the biocontroller activity. As PGPR, genes associated with the production of volatile organic compounds, phytohormones, polyamines, enzymes such as phosphatase, phytases, cellulases, xylanases, ureases and others related to oxidative stress were found. This strain phenotypically produces indo acetic acid, solubilizes phosphorus, mineralizes phytic acid and promotes plant growth. Through the use of the ANIb index, it was found that the IBUN2755 strain belongs to the *Bacillus velezensis* species. This strain should be better characterized phenotypically to know its attributes as PGPR and its biological control mechanisms.

Afiliación: Instituto de Biotecnología IBUN, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá.

Microbiota bacteriana endófitas asociada a raíces de plantas de tomate

Autores: Peirano, M.¹; Vio, S. A.¹; Paolini, S.¹; Pistorio, M.²; y Luna, M. F.^{1,3}.

Expone: Peirano, M.

Contacto: mafla@quimica.unlp.edu.ar

Afiliación: ¹ Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI), UNLP/CCT La Plata CONICET, Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP, La Plata, Argentina. ² Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM), UNLP/CCT La Plata CONICET, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP, La Plata, Argentina. ³ Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC-PBA), Argentina.

Resumen: Las plantas viven en estrecha asociación con microorganismos que habitan tanto en el exterior/interior de sus tejidos como en el espacio rizosférico, junto con los cuales han coevolucionado en el contexto de complejas comunidades que poseen un rol fundamental en la salud y la productividad vegetal. Estas comunidades microbianas se ven influenciadas por diversos factores como variables ambientales, características del suelo y manejo de los cultivos, así como también factores propios del vegetal, siendo la especie y el genotipo los principales determinantes de las comunidades bacterianas endófitas. En este trabajo se caracterizaron las comunidades bacterianas rizoendófitas de plantas de tomate híbrido Elpida cultivadas bajo cubierta en dos establecimientos del Cinturón Hortícola de La Plata (Argentina): Establecimiento-1, un lote con amplio historial productivo de tomate y Establecimiento-2 con un lote nunca antes cultivado y su primer cultivo de tomate. Se tomaron muestras por triplicado del sistema radical completo de la planta de ambos establecimientos y, previo lavado y desinfección superficial con NaCl (46g/L) al 15% durante 30 minutos en agitación a 150rpm, se realizó la extracción de ADN (FastDNA – MP.Biomedicals) y se secuenció (Illumina MySeq) la región v3-v4 del gen 16S rRNA. Se obtuvieron un total de 773 OTUs con una cobertura del 99,9%. Los índices de alfa y beta diversidad mostraron que en ambos establecimientos las comunidades bacterianas son muy diversas, aunque diferentes entre sí (matriz de disimilitud de Bray-Curtis): a pesar de compartir el 68% de los OTUs hallados y coincidir en los taxones más abundantes (*phylum* Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria y Firmicutes; y géneros *Pseudomonas* y *Acinetobacter*) —lo que demuestra la impronta de la especie y genotipo vegetal en la regulación de sus comunidades endófitas— se observaron diferencias en cuanto a la abundancia relativa de los taxones en cada establecimiento posiblemente debido a los rasgos característicos de cada establecimiento.

The novel *Beta-rhizobia Cupriavidus sp. UYMMa02A* strain employs nod-independent strategies to interact with *Mimosa sp.* host plants

Autores: Platero, R.¹; Sandes, L.¹; Eastman, I.¹; Croci, C.²; Garabato, F.¹; Rodríguez, C.¹;

Expone: Platero, R.

Contacto: rplatero@iibce.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Microbiología Ambiental. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas. IIBCE-MEC. Uruguay. ²Laboratorio de Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos. Departamento de Microbiología. IIBCE-MEC. Uruguay.

Resumen: UYMMa02A is a Beta-rhizobia strain of the *Cupriavidus* genus isolated from nodules of *Mimosa magentea* in Uruguay and able to form effective nodules with several *Mimosa* species, including its original host. Phylogenetic analyses indicated that UYMMa02A belongs to a novel *Cupriavidus* species, different to the previously characterized *C. taiwanensis* and *C. necator* rhizobial strains. However, the genome of UYMMa02A revealed the presence of *nod*, *nif* and *fix* genes highly syntenic to the model strain *C. taiwanensis* LMG19424, suggesting the presence of common mechanisms implicated in the symbiotic establishment with plant hosts. The objective of this work was to analyze the importance of nod genes during the *Cupriavidus-Mimosa* symbiotic interaction. For that, UYMMa02A was cultivated in the presence of different flavonoids and *Mimosa pudica* host plant, while the bacterial response was assessed using a combination of genomic and proteomic approaches. In order to determine the expression levels of the UYMMa02A *nod* operon, we constructed reporter plasmids containing transcriptional fusions between the promoter region of *nodB*, the first gene of the operon, and the *gfp* reporter gene. When cultures of UYMMa02A containing the *pnodB-gfp* were incubated with luteolin, apigenin or *M. pudica* root exudates, we could not detect any fluorescence, suggesting that UYMMa02A *nod* genes are not induced in these conditions. To further characterize the role of these genes, we constructed an UYMMa02A *nodD*- mutant and analyzed its symbiotic phenotype. Surprisingly, the *nodD* minus mutant strain was able to form symbiotically effective nodules on *M. pudica* plants, indicating the existence of a *nodD* independent infection mechanism. Finally, using a proteomic approach, we identified a total of 28 differentially expressed proteins in the presence of pure flavonoids or the host plant, *M. pudica*. The characterization of the identified proteins will certainly help to identify alternative mechanisms involved in the *Cupriavidus-mimosa* symbiosis.

Cupriavidus necator UYPR2.1512, un modelo único para entender el diálogo molecular entre beta-rizobios y leguminosas hospederas.

Autores: Rodríguez, C.¹; Eastman, G.²; Garabato, F.¹; Sandes, L.¹; Eastman, I.¹; Croci, C.¹; Iriarte, A.³; Sotelo, J.²; Fabiano, E.¹; y Platero, R.¹.

Expone: Rodríguez, C.

Contacto: crodriguez@iibce.edu.uy

Afiliación: ¹ Laboratorio de Microbiología Ambiental. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas. IIBCE-MEC. ² Departamento de Genómica. IIBCE-MEC.

³ Laboratorio de Desarrollo Biotecnológico. Instituto de Higiene. Facultad de Medicina. Montevideo. Uruguay.

Resumen: Los rizobios se caracterizan por establecer asociaciones simbióticas exitosas con leguminosas. En dicha interacción, flavonoides y otros compuestos presentes en los exudados radiculares de la planta hospedera, actúan como inductores de la expresión de genes nod bacterianos, responsables de la síntesis y secreción de moléculas cruciales para el mutuo reconocimiento. Este mecanismo estaría conservado en interacciones entre beta-rizobios y sus leguminosas hospederas, sin embargo, existe escasa información sobre sus bases moleculares. Con el fin de aportar en este sentido, aplicamos técnicas de metabolómica, genómica y transcriptómica al estudio de la interacción entre el beta-rizobio *Cupriavidus necator* UYPR2.512 y su par hospedero *Mimosa pudica*. Mediante metabolómica no dirigida sobre exudados radiculares, se detectaron 13 compuestos presentes únicamente en presencia del simbionte bacteriano, indicando su posible participación en la interacción, sin embargo, no fueron encontrados en las bases de datos disponibles. La secuenciación de UYPR2.512 mostró un genoma de 9,8Mb, incluyendo 4 repliconas circulares; dos cromosomas y dos plásmidos mayores a 300Kb, uno de ellos conteniendo los genes simbióticos *nod*, *nif* y *fix*. Finalmente se analizó la respuesta de UYPR2.512 a luteolina, flavonoide inductor de la expresión de los genes *nod*. Mediante RNA-seq, se identificaron 145 genes expresados diferencialmente, algunos de los cuales codifican para proteínas posiblemente implicadas en la interacción, tales como respuesta a estrés, homeostasis de distintos metales y remodelación de la superficie. Los resultados obtenidos indican que el beta-rizobio *Cupriavidus necator* UYPR2.512 conserva vías de señalización comunes con otros rizobios en respuesta a flavonoides. Sin embargo, sus características genómicas únicas, la remodelación metabólica observada en respuesta a luteolina y la falta de identificación de moléculas implicadas en la interacción in vivo con *Mimosa pudica*, indican que es un modelo muy interesante para determinar el diálogo molecular que existe entre beta-rizobios y leguminosas hospederas.

Molecular activation and regulation of *Bacillus subtilis* Spx under cell wall stress, and role of Spx in other microbes

Autores: Rojas-Tapias, D. F.^{1,2}; Helmann, J.D.¹

Expone: Rojas-Tapias, D. F.

Contacto: dfrojas@agrosavia.co

Resumen: Spx is a global transcriptional regulator present in low-GC Gram-positive bacteria, including the model bacterium *Bacillus subtilis* and other soil microbes. In *B. subtilis*, activation of Spx occurs in response to disulfide stress. Here, we report that induction of Spx also occurs in response to cell wall stress, and that the molecular events that result in its activation under both stress conditions are mechanistically different. First, transcriptional induction of the *spx* gene from a σ_M -dependent promoter is required for accumulation of Spx in response to cell wall stress. Second, activation of the Spx regulon during cell wall stress is not accompanied by oxidation of the Spx disulfide switch. Finally, we demonstrate that cells lacking Spx have increased sensitivity toward antibiotics inhibiting both early and late steps in peptidoglycan synthesis, suggesting that the Spx regulon plays an important adaptive role in the cell wall stress response. Next, we show that, in addition to up-regulation of *spx* transcription through the alternative sigma factor σ_M , full and timely activation of Spx-regulated genes by cell wall stress requires Spx stabilization by the anti-adaptor protein YirB. YirB is itself transcriptionally induced under cell wall stress, but not disulfide stress, and this induction requires the CssRS two-component system, which responds to both secretion stress and cell wall antibiotics. The *yirB* gene is repressed by YuxN, a divergently transcribed TetR family repressor, and CssR~P acts as an anti-repressor. Collectively, our results identify a complex series of pathways for the activation of Spx, and show that induction of the Spx regulon under disulfide and cell wall stress occurs through largely independent pathways. Interestingly, this protein is present in many microbes within Firmicutes, and the current evidence suggest its involvement in various processes, including virulence and biofilm formation.

Afiliación: ¹Department of Microbiology, Cornell University, NY, US. ²Department of Agricultural Microbiology, Agrosavia, Colombia.

***Paenibacillus farraposensis* sp. nov. presente en un nódulo de maní nativo (*Arachis villosa* Benth.) colectado en Esteros de Farrapos**

Autores: Roldán, D. M.^{1,2}; Costa, A.¹; Amarelle, V.¹; Králová, S.³; Menes, R. J.²; y Fabiano, E.¹

Expone: Roldán, D. M.

Contacto: droldan@fcien.edu.uy

Afiliación: ¹ Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Ministerio de Educación y Cultura, Montevideo, Uruguay. ² Laboratorio de Ecología Microbiana Medioambiental, Facultad de Química y Unidad Asociada del Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ³ Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms, Masaryk University, Brno, Czech Republic.

Resumen: La cepa UY79, del género *Paenibacillus*, fue aislada de un nódulo radicular de una planta de *Arachis villosa* colectada en un arenal del Parque Nacional Esteros de Farrapos e Islas del río Uruguay (EFIRU). EFIRU es uno de humedales más grandes de Uruguay, comprende una zona perteneciente al Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP) y posee una gran diversidad de ambientes. A la fecha, se reconocen 263 especies de *Paenibacillus*, incluyendo varias cepas aisladas de suelo, de rizósfera y de nódulos. El complejo *Paenibacillus polymyxa* comprende las especies *P. brasilensis*, *P. kribbensis*, *P. ottowii*, *P. peoriae*, *P. polymyxa* y *P. terrae* y, se caracteriza por poseer cepas con capacidad promotora del crecimiento vegetal, por mecanismos directos o indirectos. En el caso de la cepa UY79, esta se destacó por su capacidad para antagonizar el crecimiento de diversos hongos fitopatógenos. En este trabajo, presentamos la asignación taxonómica de la cepa UY79 utilizando un enfoque polifásico. Los datos obtenidos muestran que la cepa UY79 es un bacilo anaerobio facultativo que crece entre 15-42 °C (óptimo 30 °C), pH 5,0-9,0 (pH óptimo 7,0-8,0) y en presencia de 0-3,0% NaCl (óptimo 1,0-2,0%). Los ácidos grasos predominantes fueron anteiso-C15:0 (49,6%), iso-C15:0 (13,8%) y C16:0 (10,7%), resultado que concuerda con la descripción del género. La filogenia basada en el gen ARNr 16S ubicó la cepa dentro del complejo *P. polymyxa*, mostrando mayor similitud con *P. ottowii* MS2379(T) (99,4%), *P. peoriae* BD-57(T) (99,0%), *P. polymyxa* ATCC 842(T) (99,0%) y *P. brasilensis* PB172(T) (98,9%). Se determinaron valores de promedio de identidad de nucleótidos (ANI) <95% (84,0-88,6%) e hibridación ADN-ADN *in silico* (dDDH) <70% (27,8-48,7%). El análisis conjunto de nuestra cepa y las más cercanas, garantiza la coherencia genómica y fenotípica que hace a UY79 una nueva especie del género *Paenibacillus*, para la cual se propone el nombre *Paenibacillus farraposensis*.

El microbioma endofítico de semillas de variedades criollas de maíz en Uruguay: conservación del germoplasma nacional y prospección de estrategias PCV

Autores: Trasante, T.¹; Vidal, R.²; Montañez, A.¹; Silva, C.¹; Vaz, P.¹; Azziz, G.³

Expone: Trasante, T.

Contacto: taniatrasante@gmail.com

Afiliación: ¹Laboratorio de Microbiología de Suelos, FCIEN; ²Laboratorio de Fito-
tecnia y recursos fitogenéticos, FAGRO; ³Laboratorio de Microbiología, FAGRO.

Resumen: En Uruguay, el maíz (*Zea mays* L.) forma parte de los 10 cultivos más producidos, siendo uno de nuestros commodities más importantes a nivel socioeconómico y se identificaron 10 razas criollas que han sido conservadas tanto ex-situ en Bancos de Germoplasma, como in situ, por los agricultores en sus establecimientos. La conservación de la biodiversidad asociada a las semillas nativas y criollas es fundamental para la seguridad alimentaria, ya que permite una mejor resiliencia de los agroecosistemas frente a cambios bióticos y abióticos, debido a un proceso de coevolución modulada por las condiciones climáticas, el suelo y el manejo. Los microorganismos endofíticos de semilla son particularmente relevantes para la conservación de la biodiversidad, ya que son pioneros colonizadores de la planta emergente, siendo en ocasiones seleccionados y transferidos tanto horizontal como verticalmente. Algunos de estos microorganismos poseen capacidades de promoción del crecimiento vegetal (PCV) tales como la fijación biológica de nitrógeno (FBN), la solubilización de fósforo, y el control de fitopatógenos, por lo que confieren características adaptativas que son factibles de ser utilizadas en soluciones biotecnológicas. En el trabajo nos propusimos comparar la diversidad de comunidades bacterianas cultivables presentes en semillas de 5 variedades criollas obtenidas in situ y ex situ, una variedad de polinización abierta "Blanco Cangüe" y 5 variedades de semillas transgénicas. Los ensayos se realizaron en medios de cultivo rico/indefinido (TY) para evaluar la diversidad de bacterias mesófilas aerobias totales, y medios selectivos para bacterias diazótroficas (Jnfb/LGI/JMV) y mineralizadoras de fósforo (NBRIP). Los resultados confirman que la diversidad bacteriana es mayor en semillas criollas con respecto a sus pares híbridas comerciales. Este trabajo continuará en mi doctorado con un análisis exhaustivo mediante ensayos de biología molecular: secuenciación masiva de genes marcadores taxonómicos, y caracterización de la estructura poblacional de las comunidades bacterianas diazótroficas y mineralizadoras de fósforo.

Características genómicas de mesorizobios noduladores de *Desmanthus spp.* recuperados de diferentes regiones edafoclimáticas de Argentina

Autores: Zuber, N. E. ^{1,2}; Fornasero, L. V. ²; Erdozain Bagolín S. A. ¹; Del Papa, M. F. ¹ y Lagares, A. ¹.

Expone: Zuber N. E.

Contacto: zubernicolas@biol.unlp.edu.ar

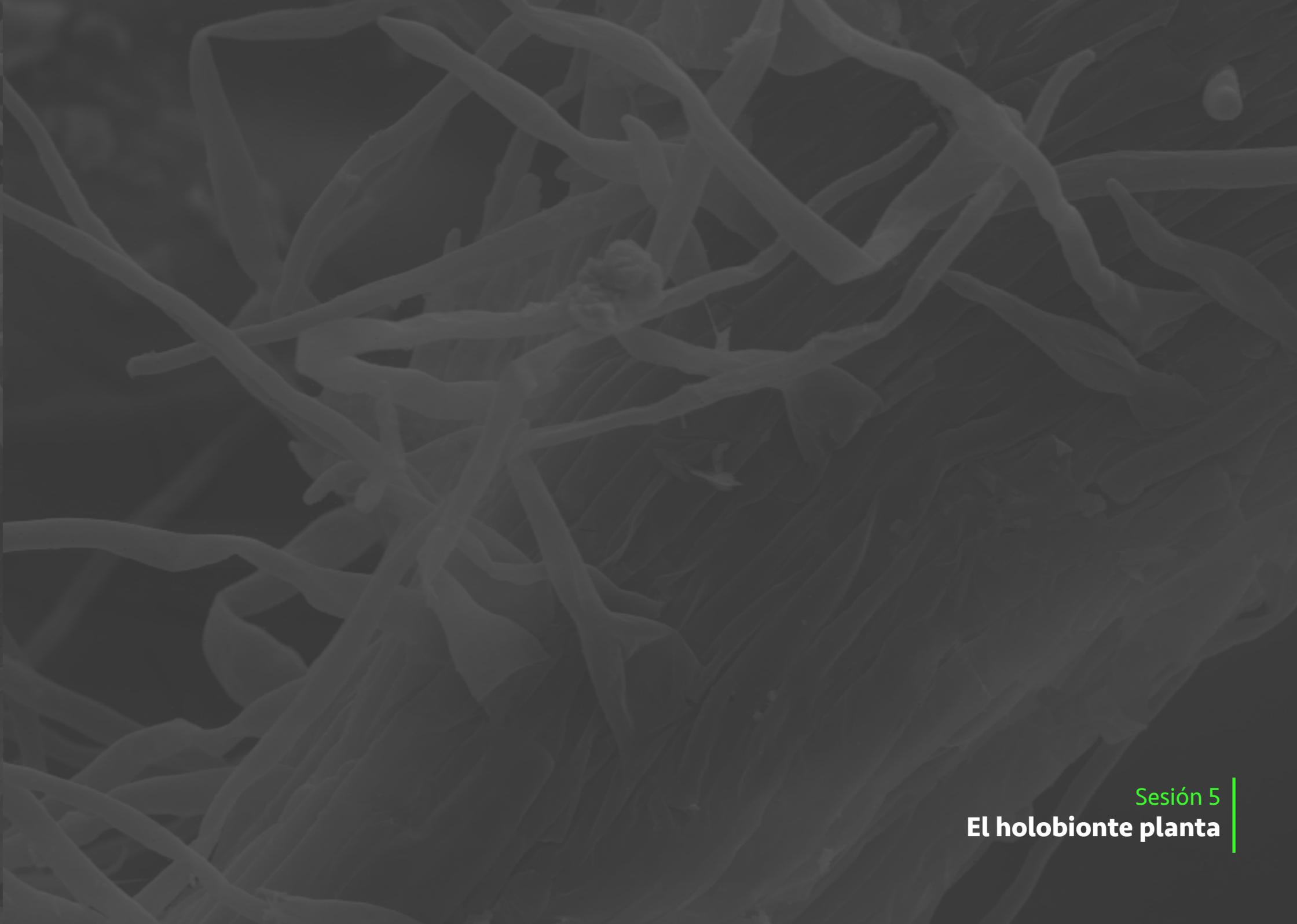
Afiliación: ¹Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM-UNLP-CONICET).

² Área de Microbiología Agrícola, Facultad de Ciencias Agrarias (UNL)



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Las plantas del género *Desmanthus* pertenecen a la familia de las leguminosas, se destacan por su alto contenido proteico y resistencia a la sequía, constituyéndose en una alternativa valiosa como forrajera para áreas productivas marginales. Resultados de nuestro laboratorio han mostrado que *Desmanthus virgatus* en Argentina es nodulado por rizobios muy diversos de los géneros *Rhizobium*, *Sinorhizobium* y *Mesorhizobium*. En este trabajo presentamos el análisis genómico de mesorizobios noduladores de *D. paspalaceus* y *D. acuminatus* recuperados de muestras de suelo recolectadas en 5 provincias de Argentina. De 46 aislamientos identificados como pertenecientes al género *Mesorhizobium* por análisis MALDI-TOF, 6 de ellos fueron seleccionados para su secuenciación genómica. Los tamaños de los genomas variaron entre 6,5 y 7.2 Mb, con marcada heterogeneidad entre sus valores de ANI (82,03% a 99,98%), y bajos ANIs frente a bases de datos (< 90,00%). Dicha información y análisis de rDNA 16S sirvieron para deducir la posición filogenética de los rizobios secuenciados. A pesar de heterogeneidad genómica observada, los aislamientos noduladores de *D. paspalaceus* se agruparon todos en un mismo clado dentro del género *Mesorhizobium*, y junto a otros mesorhizobios noduladores de *Acacia spp.* (dicha imagen contrasta con la filogenia mucho más dispersa de los mesorizobios noduladores de *Lotus spp.*). El único mesorizobio nodulador de *D. acuminatus* que secuenciamos se localizó en un clado diferente al mencionado previamente. Más allá de las características genómicas anteriores, destacó la muy alta homogeneidad del gen nodC en todos los aislamientos analizados de mesorizobios noduladores de *Desmanthus spp.*, hecho este que sugiere la posible dispersión horizontal de una misma/muy relacionada información simbiótica. A partir de los datos fenotípicos y genotípicos colectados, diseñaremos estrategias prácticas para la evaluación simbiótica de todo el germoplasma disponible hacia la selección de las mejores cepas con potencial uso en la elaboración de inoculantes para *D. paspalaceus*.



SESIÓN 05

EL HOLOBIONTE PLANTA

**Coordinadores: Dra. Elena Fabiano (Uruguay) -
Dr. Antonio Lagares (Argentina)**

«Todos somos comunidades de microbios. Cada planta y cada animal en la Tierra es hoy producto de la simbiosis» Lynn Margulis.

Justamente el concepto de “holobionte” hace referencia a esa estrecha asociación entre individuos de diferentes reinos, generando una unidad en sí misma con desarrollo y evolución propios, con características anatómicas y fisiológicas únicas.

En esta mesa nos vamos a centrar en el “holobionte planta”.

Las presentaciones de Emanuel de Souza y Pablo Hardoim nos van a mostrar una visión holística, integral, sobre la unidad planta-

microbiota. ¿Las plantas tendrían el mismo aroma, producirían los mismos compuestos, se alimentarían por igual sin su microbiota?

¿Podrían defenderse de las enfermedades, enfrentar a los patógenos estando solas? ¿Habrían tenido el mismo proceso evolutivo y desarrollo si no hubiesen estado estrechamente asociadas a su microbiota?



Dr. Pablo Hardoim (Brasil)

CHARLA MAGISTRAL
15:00 HRS.

Structural and functional plasticity in plants through microbial partners: a holistic approach

Plants evolve by interacting with prokaryotic and eukaryotic microorganisms. The association between algae and filamentous fungus allows the former to successfully recruit nutrients and water resources in the substrate, while the latter receives photoassimilates for its services. This mutualistic interaction between algal and mycorrhizal fungus, most likely, allowed ancestor Embryophyta (land plants) to colonize terrestrial ecosystems and diversify into more than 308 thousand vascular plant species currently known. This type of successful partnership is also occasionally observed in commercially cultivated plants. Latin-American soybean plants establish mutualistic interactions with rhizobia allowing the plant to directly assimilate ammonia (NH₃) fixed by bacteroid cells inside root nodules. In addition to these well-known symbioses, many other beneficial functions provided by microbial partners are being used in crop plants, especially now with challenges of food security under climate change and the pressure of consumers to obtain high-quality food and feed from sustainable/regenerative systems. To improve agricultural efficiency under this framework, scientists and farmers have the advantage to rely on microbiological partners to perform key functions in the production system.



Biografía

Agronomist from the Federal University of Lavras (UFLA), with M.Sc. in soil fertility and plant nutrition from the Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo (ESALQ-USP) and Ph.D. in microbial ecology from the University of Groningen (RUG), The Netherlands. He has nearly twenty years of experience in the studies of interaction between plants and microbial mutualisms with emphasis on endophytes. Today, he works as a consultant on the implementation of crop management for the development of sustainable agriculture

Dr. Emanuel de Souza (Brasil)

CHARLA MAGISTRAL
15:45 HRS.

Herbaspirillum seropedicae-rice interaction. what we learned, what we would like to know

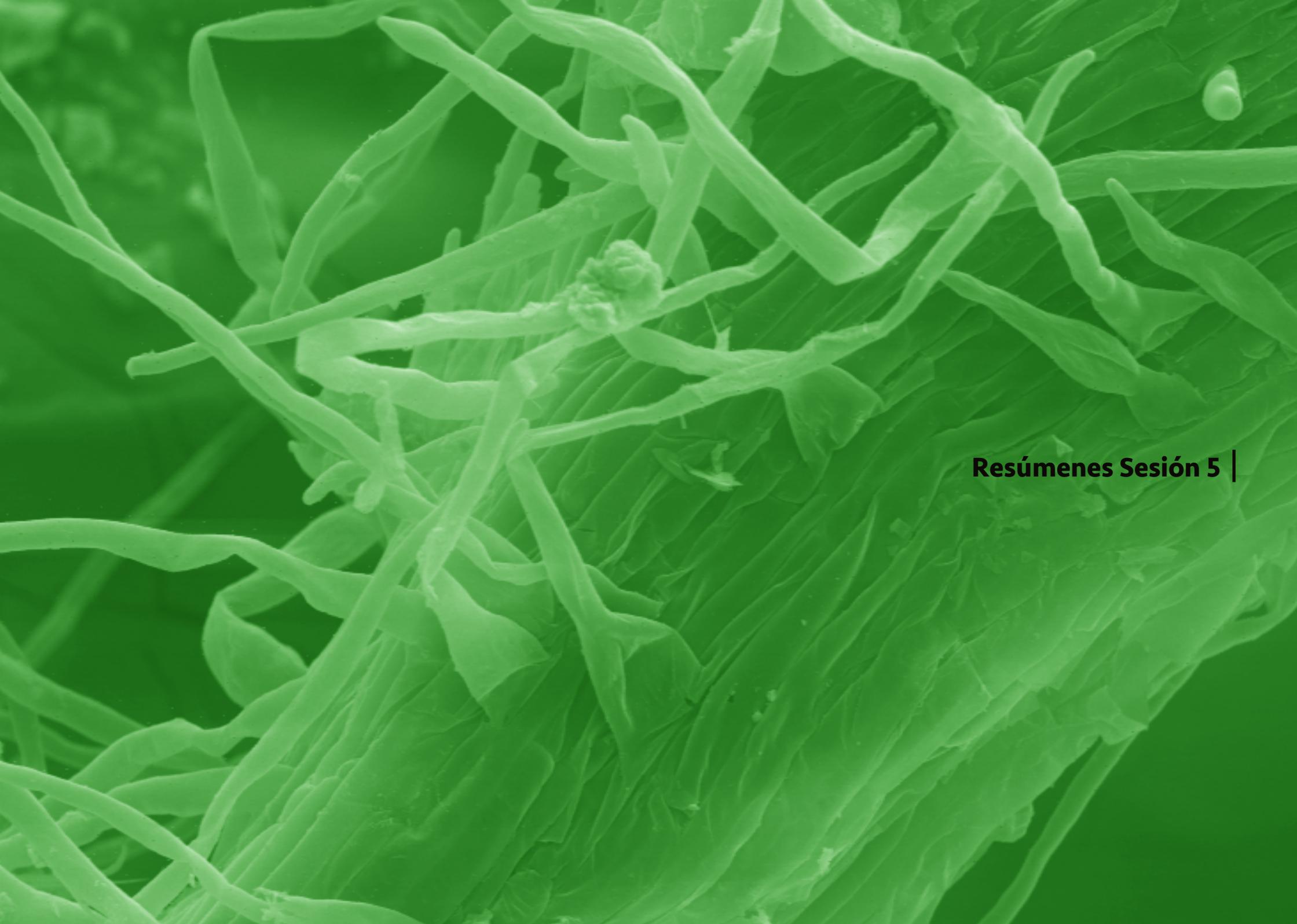
Cereals are the main energy source for humans and animals, and grain production is ever-increasing to feed larger populations. The increase in production, however, is heavily based on the use of nitrogenous fertilization which is both costly and damaging to the environment. By colonizing the roots of rice, maize and other cereals, diazotrophic rhizobacteria such as *Herbaspirillum seropedicae* stimulate plant growth and productivity, however, the mechanisms by which these bacteria benefit the plant are largely unknown. Transcription profiles of rice roots inoculated with *Herbaspirillum seropedicae* by RNA-seq were used to obtain insights of this interaction. Out of over 13,000 transcripts, >1,000 were differentially regulated. Genes for plant disease resistance and secondary metabolite biosynthesis were repressed, while genes related to the synthesis and efflux of phytosiderophores (PS) and transport of PS-iron complexes were induced by the bacteria, suggesting that the *H. seropedicae* modulates rice defense system in order to colonize the inner root tissues. Up-regulation of metal uptake indicate a possible route for increase the plant mineral nutrient content.



Biografia

Possui graduação em Farmácia e Bioquímica pela Universidade Federal do Paraná (1984) e doutorado em Ciências (Bioquímica) pela Universidade Federal do Paraná (1990). Atualmente é Professor Titular da Universidade Federal do Paraná. Tem experiência na área de Bioquímica, com ênfase em Biologia Molecular. Atua principalmente nos seguintes temas: fixação biológica de nitrogênio, regulação da

expressão gênica em *Azospirillum brasilense* e *Herbaspirillum seropedicae*, expressão e purificação de proteínas em *Escherichia coli* e mecanismos moleculares da interação planta-bactéria.



Resúmenes Sesión 5 |

Concentration and localization of arsenic in roots and nodules in peanut plants exposed to arsenic aggravated by flooding episodes

Autores: Furlan, A. ¹; Bianucci, E. ^{1,2}; Pongreac, P. ^{3,4}; Hrovat, K. ³; Vogel Mikuš, K. ^{3,4}; Pelicon, P. ⁴; Kelemen, M. ⁴; Vavpetič P. ⁴; Castro, S. ¹; Poschenrieder, C. ².

Expone: Furlan, A.

Contacto: afurlan@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: ¹Institute of Agrobiotechnological Research (INIAB-CONICET)-FCEFQyN – National University of Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. ²Department of Animal Biology, Vegetal and Ecology, Autonomus University of Barcelona, Barcelona, Spain. ³Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Slovenia. ⁴Jožef Stefan Institute, Ljubljana, Slovenia.

Resumen: Peanut is an agriculturally valuable plant with a world-wide distribution. In Argentina, arsenic (As) contamination constitutes a problem, since the production of peanut is in Córdoba province, where 90% of the groundwater contains high As which is accompanied by flooding episodes. The aim of this work was to determine i) the concentration of As and phosphorus (P), sulphur (S), chlorine (Cl), potassium (K), calcium (Ca), iron (Fe) and zinc (Zn) in roots and nodules of peanut plants using X-ray fluorescence, and ii) the localization of these elements at tissue level using quantitative micro-particle induced X-ray emission. Peanut plants were grown for 30 days in a sand-perlite (2:1) mixture devoid or containing 3 µM As. Seven days post-emergency, plants were inoculated. Then, plants were distributed in four different groups for 8 days before harvest: control (C), flooding (F), As, and the combination As/F. In roots, As concentrations were lower in the As/F treatment compared to As treatment, while the opposite was observed in nodules. As in roots was mainly allocated to the vascular tissue and rhizodermis. Within the vasculature, As was accumulated in the parenchyma cells, which contained less concentration of P, Cl, K and Ca but more S than xylem and phloem. Cl, Fe and Zn levels were increased in As-treated plants and P and S decreased. As/F treatment reduced K, Cl and Mn content. In nodules, As was equally distributed and most of the analysed essential elements were reduced while in As/F this result was reversed, except Fe, Mo and Mn whose concentration was severely affected in the As and the combined treatment. This detailed analysis of the concentration and the localisation in parts and tissues of peanuts will significantly contribute to the knowledge of the disturbances caused by As and flooding in this valuable crop.

Putative seed endophytes promote the growth of cuban rice cultivars

Autores: Hernández, I. ¹; Taulé, C. ²; Pérez Pérez, R. ¹; Battistoni, F. ²; Fabiano, E. ²; Nápoles, M. C. ¹; Rivero, D. ¹.

Expone: Hernández, I.

Contacto: ionel.hdez09@gmail.com

Afiliación: ¹National Institute of Agricultural Science, Plant Physiology and Biochemistry Department. Carretera a Tapaste Km 3 y ½, San José de las Lajas 32700, Mayabeque, Cuba ² Clemente Estable Biological Research Institute, Microbial Biochemistry and Genomics Department. Avenida Italia 3318, Montevideo 11600, Uruguay

Resumen: Cuban rice cultivars INCA LP-5 and INCA LP-7 are highly distributed in Cuba and Caribbean's countries due to their positive characteristics that ensure high grain yields and resistance to diseases. There are few studies about associated bacteria to both cultivars and there are not previous reports about the isolation, identification and characterization of bacteria from INCA LP-5 and INCA LP-7 seeds with potentialities for promoting their growth. In this work, we aimed to select promising bacteria from seed rice for crop inoculation. Nineteen bacteria were isolated from rice seeds previously disinfected and they were screened for their plant growth promoting traits. We found that some of them were able to produce indolic compounds, solubilize inorganic phosphate and potassium, produce siderophores and biofilm, have exocellulase, hemicellulase and protease activity and were able to inhibit *Pyricularia oryzae* growth, the principal rice phytopathogen in Cuba. The phylogenetic analysis using partial sequences of 16S rRNA gene showed that bacteria isolated from rice seeds belonged to *Pantoea*, *Bacillus*, *Paenibacillus* and *Pseudomonas* genera. Five strains analyzed, *Pantoea* sp. 5-1, *Pseudomonas* sp. 5-38; from rice cultivar INCA LP-5 and *Pseudomonas* sp. 7-1, *Pantoea* sp. 7-3 and *Pseudomonas* sp. 7-4 from rice cultivar INCA LP-7 increased the height and biomass of rice plants, 21 days post-inoculation in vitro conditions. It is the first report in Cuba informing the characterization of part of seed microbiota associated to Cuban rice cultivars INCA LP-5 and INCA LP-7.

Interconexiones entre las vías moleculares que median la simbiosis fijadora de nitrógeno y las respuestas de defensa contra fitopatógenos en *Arachis hypogaea* L. (maní)

Autores: Rodríguez, J.¹; Tonelli, M. L.²; Barbosa, M. C.²; Fabra, A.; Ibañez, F.²

Expone: Ibañez, F.

Contacto: fibanez@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: ¹Instituto de Agrobiotecnología del Litoral, Santa Fe, Argentina. ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC), Río Cuarto, Argentina.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Las plantas y su microbioma están influenciados por el intercambio de moléculas de señalización que conforman una compleja red de comunicación. Tradicionalmente, esta señalización ha sido estudiada en modelos que involucran interacciones individuales con simbiosis y patógenos, y pocos estudios contemplan la inoculación simultánea de microorganismos o sus elicitores. El objetivo de este trabajo fue contribuir al conocimiento de las interconexiones entre las vías de señalización activadas en la planta de maní luego de la percepción individual o simultánea de factores Nod rizobianos (FN, inductores de la vía molecular que media la simbiosis fijadora de nitrógeno), quitosano (inductor de la respuesta de defensa) y surfactina (elicitador de Resistencia Sistémica Inducida). Para ello, se realizaron ensayos de inoculación individual de FN y quitosano que permitieron seleccionar a los genes marcadores *Ahy.IM714N* y *Ahy.YTK8KP* (receptores LysM-RLK), *AhNF-YA1* (involucrado en la vía simbiótica), *AhPER7* y *AhWRKY11* (pertenecientes a la vía de defensa) y *AhPRX1* (implicado en ambas vías), para el análisis de su expresión frente a la inoculación simultánea de ambos elicitores. El análisis global de la expresión de los genes marcadores en plantas inoculadas con FN y quitosano reveló la prevalencia de las respuestas de defensa sobre la vía simbiótica. Además, se evaluó la capacidad de la surfactina de revertir la prevalencia de la vía de defensa sobre la simbiótica. En general, la actividad de los genes evaluados en plantas tratadas previamente con surfactina e inoculadas con FN y quitosano no se vio modificada. Sin embargo, las respuestas transcripcionales de genes marcadores específicos fueron moduladas a tiempos particulares por la surfactina en la interacción múltiple con FN y quitosano. En conjunto, estos resultados representan un aporte al conocimiento de la interconexión existente entre las vías simbiótica y de defensa durante la percepción simultánea de diferentes elicitores en una leguminosa no-modelo.

Efecto de la inoculación con la cepa *Rhizobium sp.* UYSB13, sobre el microbioma endofítico asociado a plantas de sorgo dulce (*Sorghum bicolor*)

Autores: Lanza, M. ¹; Mareque, C. ¹; Taulé, C. ¹; Bovio, P. ²; Battistoni, F. ¹.

Expone: Lanza, M.

Contacto: mlanza@iibce.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismos, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, (BIOGEM). Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, (IIBCE). Ministerio de Educación y Cultura (MEC). Avenida Italia 3318, C.P.: 11600. Montevideo, Uruguay. ²Laboratorio de Ecología Microbiana, BIOGEM, IIBCE, MEC.

Resumen: La microbiota asociada a las plantas aloja una gran diversidad bacteriana que provee funciones y características específicas, influenciando su fenotipo. Dicho fenotipo es afectado por el genotipo de la planta, factores bióticos y abióticos, así como las prácticas agrícolas de manejo. Uno de los componentes de la microbiota son los endófitos microbianos, los cuales invaden los tejidos internos de la planta sin causar daño aparente. Particularmente, los endófitos bacterianos han sido reportados como promotores del crecimiento vegetal (PCV), de diversas plantas mediante mecanismos como la bioestimulación o biodisponibilización de nutrientes esenciales. El sorgo dulce es un cultivo multipropósito utilizado en Uruguay como materia prima, dependiente para su óptimo crecimiento, de grandes cantidades de fertilizante químico nitrogenado, provocando graves problemas de sustentabilidad económica y ambiental. Una solución a este problema es el uso de bacterias-endófitas como bioinoculantes, dada sus capacidades PCV. La cepa *Rhizobium sp.* UYSB13 es endófito PCV de plantas de sorgo dulce en condiciones in vitro y de invernáculo. El objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto de la inoculación con la cepa UYSB13, sobre la microbiota endofítica asociada a sorgo dulce. Para esto, mediante secuenciación masiva del gen ADNr 16S, se analizó el microbioma bacteriano-endófito de semillas, raíces y tejido aéreo de plantas de sorgo dulce inoculadas y sin inocular con la cepa UYSB13. Los diferentes tejidos analizados se obtuvieron de plántulas de sorgo dulce crecidas in vitro durante un mes, a las cuales se las desinfectó en la superficie y extrajo el ADN total. Posteriormente se amplificó por PCR la región V4 del gen ADNr 16S, se purificaron y extrajeron los amplicones obtenidos, y secuenció en la plataforma Ion Torrent. Los datos fueron analizados con los programas Qiime2 y STAMP. Financiamiento: ANII_FMV_1_2017_135629, PEDECIBA. ANII_Programa de Posgrado, UdelaR: beca finalización CAP y Maestría en Biotecnología, FCien.

Análisis transcriptómico de la interacción entre plantas de *Sorghum bicolor* y la cepa endófito *Pantoea dispersa* UYSB45 o fitopatógena *Herbaspirillum rubrisubalbicans* M1

Autores: Mareque, C. ¹; González, M. ²; Stoll, A. ²; y Battistoni, F. ¹.

Expone: Mareque, C.

Contacto: cmareque@iibce.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismos, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, (BIOGEM). Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, (IIBCE). Ministerio de Educación y Cultura (MEC). Montevideo, Uruguay. ²Laboratorio de Microbiología Aplicada. Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA). Chile.

Resumen: La cepa endófito promotora del crecimiento vegetal (pcv) *Pantoea dispersa* UYSB45 fue aislada a partir de plantas de sorgo dulce cv. M81E. Por otro lado, la cepa *Herbaspirillum rubrisubalbicans* M1 se aisló de hojas de plantas de caña de azúcar cv. B-4362, siendo el agente causante de la enfermedad de las rayas moteadas y de las rayas rojas (RSD) en genotipos de sorgo susceptibles. El objetivo del presente trabajo fue identificar y determinar la expresión de genes bacterianos y de la planta expresados diferencialmente en interacciones planta-bacteria pcv o fitopatógena. Para esto se estudió, por un lado, el perfil transcripcional de la cepa UYSB45 y la cepa M1, al inocularse en plantas de sorgo dulce cultivar ADV2010. En ambas cepas, se identificaron genes frecuentemente expresados en los estadios tempranos en la interacción planta-bacteria, bacterianos pertenecientes a los sistemas de secreción, exportación de proteínas, regulación y formación de biopelícula, quimiotaxis y *quorum sensing*. Asimismo, se analizaron los perfiles transcripcionales de la cepa UYSB45 crecida en las inmediaciones de la planta para su comparación con los perfiles de la cepa UYSB45 endófito. En las muestras plantónicas se identificaron genes que codifican para proteínas relacionadas a la sobrevivencia en situaciones de estrés, tales como la trehalasa, proteínas relacionadas a la inanición de C; y genes relacionados a la reparación y preservación del ADN. Por otro lado, se evaluaron los perfiles transcripcionales de plantas de sorgo dulce inoculadas con ambas cepas. Los resultados mostraron que ambas cepas bacterianas desencadenan respuestas en la planta, relacionadas a la inmunidad activada por PAMP (PTI) y a la transducción de señales de fitohormonas. Particularmente en la cepa M1, se observó una mayor expresión de genes marcadores de respuesta a patógeno. Financiamiento: ANII_FMV_1_2017_135629, PEDECIBA, ANII Programa de Posgrado, UdelaR: beca finalización CAP.

Bacterias cultivables de la microbiota endofítica de semillas de árboles nativos del bosque ribereño de la cuenca del río Uruguay

Autores: Silva, C.¹; Vaz, P.¹; Trasante, T.¹; Lucas, C.²; Montañez, A.¹

Expone: Silva, C.

Contacto: csilva@fcien.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Microbiología de Suelo, IECA. Facultad de Ciencias, Montevideo; ²Polo de Desarrollo Universitario. Ecología Fluvial, CENUR Litoral Norte - Sede Paysandú.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La microbiota asociada a semillas de especies leñosas nativas es de especial interés para la restauración y la rehabilitación de la franja ribereña debido a su capacidad de sostener funciones claves promotoras del crecimiento vegetal (PCV), particularmente la fijación biológica de nitrógeno. Aquí se reporta el estudio de las bacterias cultivables potencialmente endófitas de semillas de seis especies leñosas del bosque nativo ribereño del río Uruguay. Las seis especies vegetales estudiadas fueron corondá (*Gleditsia amorphoides*), ceibo (*Erythrina crista-galli*, Fabaceae), guayabo colorado (*Myrcianthes cislplatensis*) y guayabo blanco (*Eugenia uruguayensis*, Myrtaceae), laurel (*Nectandra angustifolia*, Lauraceae) y la especie exótica invasora acacia negra (*Gleditsia triacanthos*). Se aislaron e identificaron bacterias endófitas potenciales diazótrofes y solubilizadoras de fósforo. De cada especie vegetal, dilución y medio de cultivo se aislaron todas las colonias que mostraron diferentes morfologías. Luego se amplificó y secuenció el gen ARNr 16S para su identificación genética y se calcularon las distancias entre secuencias usando el modelo de Tamura-Nei. Se obtuvo una colección bacteriana de 261 aislamientos, de estos, 26 son solubilizadoras de P y 121 potenciales fijadoras de N. Se secuenció el gen ARNr 16S de 232 aislamientos, los cuales pertenecen a 29 géneros diferentes. A partir de los datos de secuenciación, se observó que los aislamientos tuvieron diferentes niveles de especificidad por la especie de hospedero. Así es que 11 aislamientos con distancia $<0,01$ comparten especie de hospedero y la que mostró menor especificidad de hospedero pertenece al género *Pseudomonas*. Este proyecto se propone generar información científica sobre la microbiota asociada a semillas de especies leñosas nativas, de interés para la restauración y la rehabilitación de la franja ribereña, y evaluar su capacidad de sostener funciones claves promotoras del crecimiento vegetal.

Caracterización de la expresión de las Mo-nitrogenasa y Fe-nitrogenasa, en la cepa *Kosakonia radicincitans* UYSO10

Autores: Taulé, C. ¹; de los Santos, M. C. ¹; Platero, R. ²; Battistoni, F. ¹.

Expone: Taulé, C.

Contacto: ctaule@iibce.edu.uy

Afiliación: ¹ Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo. ² Laboratorio de Microbiología Ambiental. Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE). Ministerio de Educación y Cultura. Montevideo, Uruguay.

Resumen: La cepa diazotrofa *Kosakonia radicincitans* UYSO10 es endófito y promotora del crecimiento vegetal de la variedad de caña de azúcar LCP85384 cultivada en Uruguay (1, 2). El análisis de su genoma mostró la presencia de los operones codificantes para dos tipos de nitrogenasas diferentes: la Mo-nitrogenasa y la Fe-nitrogenasa (3). Mediante la construcción y caracterización de cepas mutantes en genes estructurales de dichas enzimas, se determinó que ambas son funcionales y necesarias para la PCV de caña de azúcar (4). El objetivo de este trabajo fue caracterizar la expresión de las nitrogenasas presentes en el genoma de la cepa UYSO10. En primera instancia y utilizando el vector pSEVA237M se clonaron delante del gen reportero *msfGFP*, las regiones promotoras de los operones que codifican para ambas nitrogenasas. Estos vectores fueron transformados en cepas de *Escherichia coli* DH5α y seguidamente transferidos por conjugación a la cepa parental UYSO10 y las cepas mutantes en los genes estructurales (4). A continuación, las diferentes cepas se crecieron en placas de 96 pocillos conteniendo medio de cultivo NFCC con las siguientes modificaciones: i- variación de las fuentes de C y N; ii- sustituyendo las fuentes de C y N por exudados radiculares o líquido apoplástico de plantas de caña de azúcar; iii- diferentes concentraciones de molibdeno, vanadio y hierro. La expresión del gen *msfGFP* se evaluó utilizando un fluorímetro, midiendo directamente la fluorescencia de los cultivos bacterianos. Por otro lado, se analizó el proteoma de la cepa UYSO10 en cocultivo con plantas de caña de azúcar identificándose la Mo-nitrogenasa. En su conjunto, los resultados mostraron que la enzima Mo-nitrogenasa se expresa preferencialmente en las condiciones evaluadas. Referencias: 1- Taulé-Mareque et. al., 2012. Doi: 10.1007/s11104-011-1023-4. 2- Taulé et. al., 2016. Doi: 10.1007/s11104-016-2813-5. 3- Beracocha et. al., 2019. Doi: <https://doi.org/10.1128/MRA.01000-19>. 4- Taulé et. al., 2019. Doi: <https://doi.org/10.1007/s13213-019-01466-7> Financiación: IIBCE: Programa de Posdoctorado. MEC: Fondo Vaz Ferreira (FVF_2019_086). ANII: Fondo Clemente Estable (FCE_3_2020_1_162195).

Caracterización *in vitro* e *in vivo* de parte de la microbiota endofítica asociada a plantas de canola (*Brassica napus* L.)

Autores: Enzo Ferrari^{1,2}; Cecilia Taulé¹; Cintia Mareque¹; Amalia Gonzalez¹, Juliette Dourron¹ y Federico Battistoni¹

Expone: Taulé, C.

Contacto: ctaule@iibce.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Interacción Planta-Microorganismo, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE). Ministerio de Educación y Cultura. Montevideo, Uruguay.

²Afiliación actual: Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); y Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana Xochimilco, Ciudad de México, México.

Resumen: La canola (*Brassica napus* L.) es un cultivo invernal utilizado para la producción de biodiesel en Uruguay. Entre las ventajas del mismo están el alto rendimiento de producción y su incorporación en los sistemas de rotación de cultivos. Sin embargo, si se evalúa la cadena de producción de biodiesel, se identifican grandes costos económicos asociados a la fase agrícola, principalmente debido al suministro de semillas, herbicidas, insecticidas y fertilizantes empleados. En particular, la aplicación de fertilizantes químicos es en muchas ocasiones excesiva, trayendo como consecuencia la contaminación de aguas superficiales y subterráneas. Una alternativa a la fertilización química es el uso de bacterias endofíticas promotoras del crecimiento vegetal (BPCV). El objetivo del presente trabajo fue contruir y caracterizar una colección de probables endófitos bacterianos promotores del crecimiento vegetal asociados a cultivares de canola. Para esto se construyó una colección de 333 PEB asociados a los cv. de canola Trapper e Igranola103, provenientes de sitios de Río Negro y Soriano, Uruguay. Dicha colección fue caracterizada funcionalmente *in vitro* identificándose varios aislamientos con características PCV: 79 potenciales diazotrofos, 174 productores de auxinas, así como 105, 87 y 19 aislamientos capaces de solubilizar Fe, P y K, respectivamente. A continuación, se identificaron 25 aislamientos seleccionados por sus características PCV como pertenecientes a los géneros *Enterobacter*, *Pantoea*, *Pseudomonas* y *Arthrobacter*. Posteriormente se evaluó la capacidad PCV *in vivo* de plantas de canola cv. Igranola103 por 10 aislamientos seleccionados. Los resultados mostraron que los aislamientos *Pseudomonas* sp. UYBN151 y *Arthrobacter* sp. UYBN204 promovieron el crecimiento de plantas de canola en las condiciones ensayadas. Este trabajo es la primera contribución a nivel nacional de búsqueda de BPCV asociadas a canola. Financiación: ANII, SUM

Cambios en el microbioma bacteriano endofítico asociados a la inoculación con la cepa endófito promotora del crecimiento vegetal *Streptomyces albidoflavus* UYFA156

Autores: Vaz Jauri, P.; de los Santos, M. C.; Fernández, B.; Battistoni, F.

Expone: Vaz Jauri, P.

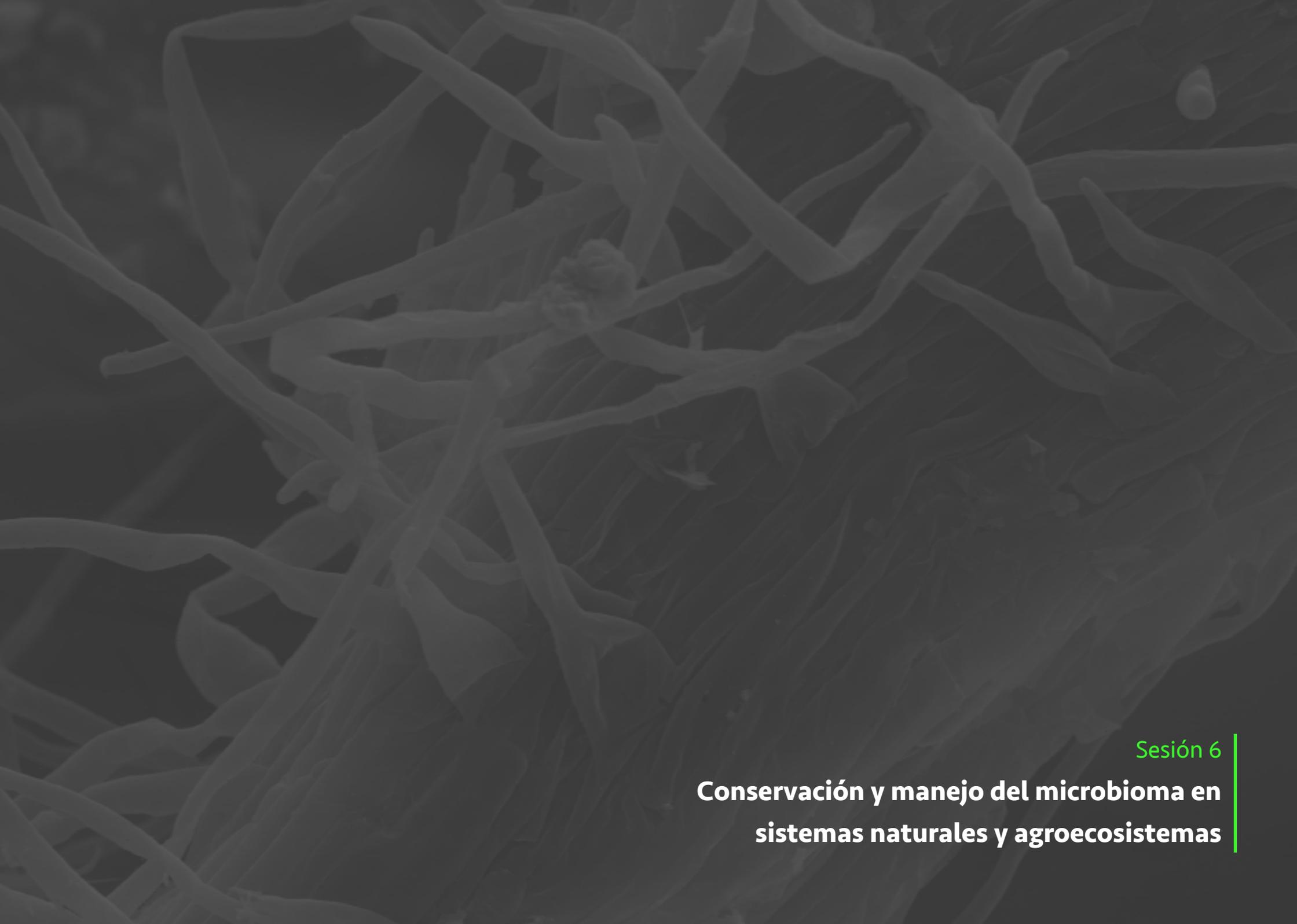
Contacto: pvaz@iibce.edu.uy

Afiliación: Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La bacteria endófito *Streptomyces albidoflavus* UYFA156 fue aislada de semillas de *Festuca arundinaceae* (festuca), cultivar SFRO Don Tomás (DT), en el cual promueve el crecimiento vegetal (PCV). A su vez, la cepa UYFA156 es endófito del cultivar comercial Tacuabé (TA), pero no PCV del mismo. La hipótesis de este trabajo es que la PCV por parte de la cepa UYFA156 está basado en parte, en un cambio del microbioma endofítico, a nivel de su composición o actividad. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de la inoculación con la cepa *S. albidoflavus* UYFA156, sobre la estructura y diversidad del microbioma endofítico bacteriano en plantas de los cultivares DT y TA. Los microbiomas endofíticos bacterianos se estudiaron mediante secuenciación masiva de amplicones del gen ARNr 16S en semillas y plantas inoculadas y sin inocular a los 7 y 30 días de cultivo. Los resultados evidenciaron que los dos cultivares difieren significativamente en la composición de sus comunidades y que ambos cultivares presentan diferentes patrones de cambios en su microbioma a lo largo del tiempo. La inoculación con la cepa UYFA156 generó cambios significativos en la composición del microbioma endofítico bacteriano solamente en el cultivar DT, donde induce la PCV. A su vez, la diversidad del microbioma endofítico en plantas del cultivar DT luego de 7 días postinoculación fue significativamente mayor que en plantas sin inocular, no así en el cultivar TA. En suma, la inoculación con la cepa UYFA156 induce cambios específicamente en el microbioma del cultivar donde ejerce PCV. Sigue profundizar en el estudio de cómo esta modulación del microbioma afectaría el crecimiento vegetal, tanto a nivel de la presencia/ausencia de determinados componentes como a nivel de su actividad. Fuentes de financiación: ICGEB, DICYT, ANII.



Sesión 6

**Conservación y manejo del microbioma en
sistemas naturales y agroecosistemas**

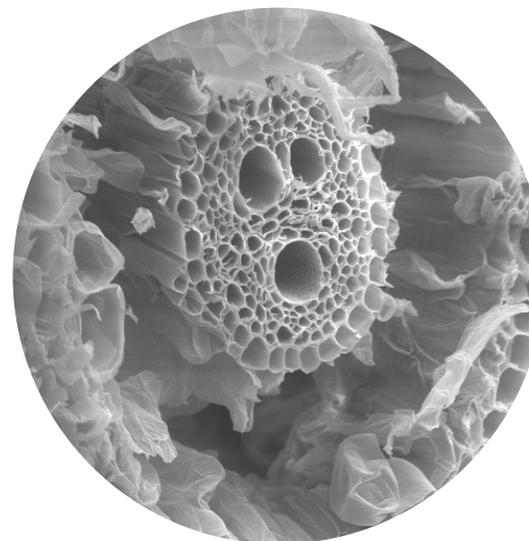
SESIÓN 06

CONSERVACIÓN Y MANEJO MICROBIANO EN SISTEMAS NATURALES Y AGROECOSISTEMAS

**Coordinadores: Dra. Natalia Bajsa (Uruguay) -
Dr. Luis Wall (Argentina)**

El suelo es uno de los reservorios de mayor biodiversidad del planeta, en particular a nivel microbiológico. Estos microorganismos son muy numerosos y cumplen funciones clave en el suelo y en relación al ambiente, ya sea en ecosistemas naturales como en aquellos dedicados a la producción agropecuaria.

En esta sesión abordaremos la importancia de la conservación de los microbiomas del suelo y los asociados a las plantas. Las prácticas agropecuarias convencionales han tenido importantes impactos sobre la biodiversidad de los suelos. La conservación y recuperación de los mismos es fundamental para producir alimentos en forma sustentable y para preservar servicios ecosistémicos. Se han desarrollado formas alternativas de producción (agricultura orgánica, regenerativa, agroecología, entre otras) que reconocen la importancia de la microbiota y apuntan a su conservación. Prácticas de manejo del suelo y de los cultivos que favorezcan los microbiomas del sistema, así como el uso de biofertilizantes y agentes de control biológico, son herramientas fundamentales para la transición a sistemas de producción más sostenibles, que incorporen los aportes de los microorganismos en la producción de alimentos.



Dra. Marina Sánchez (Colombia)

Los microorganismos del suelo aliados estratégicos en los procesos de nutrición, sanidad y sostenibilidad en los eco y agroecosistemas

Estamos acostumbrados a visibilizar los microorganismos como componentes clave en la nutrición de las plantas mediante la mineralización de la materia orgánica y como colaboradores en la solubilización del material parental y secundario. Sin embargo, éstos para ser absorbidos con eficiencia en los eco y agroecosistemas requieren de alianzas que faciliten su llegada a las plantas, continuidad en las actividades metabólicas, escape a la adsorción órgano-mineral, señales de comunicación e información efectiva, redes de movilidad y absorción, economía en los procesos, diálogos interespecies e interespaciales abajo-arriba-abajo que conectan y regulan los sistemas radicales, partes aéreas y se expresan en productividad pero también sanidad y sostenibilidad. Para comprender el papel de aliados estratégicos de los microorganismos en la sostenibilidad de los eco y agroecosistemas, es necesario reconocer su organización comunitaria donde prima la biodiversidad, hasta el punto que podemos visualizar el suelo como caldo de cultivo multifuncional, complejo enzimático procedente de múltiples ADN interactuando, semáforos que regulan acciones y actividades, diálogos y acuerdos colectivos, los cuales al romperse generan disturbios tan graves como enfermedades, toxicidades, competencias, ataque de plagas, disminución de productividad, entre otros. La evolución de la vida en la tierra y la colonización de la superficie terrestre - otrora inerte - a suelo, atmósfera y tierra viva da cuenta de procesos metabólicos y organizativos claves para la existencia de los ecosistemas y posteriormente de los agroecosistemas. En la naturaleza ningún organismo está solo: llámese

microorganismo, meso o macroorganismo. Siempre están en comunidades que garantizan diferentes tipos de relaciones: asociaciones complementarias y/o antagónicas, sociedades, simbiosis mutualistas, entre otros, ligadas tanto a nutrición como sanidad y sostenibilidad. Los microorganismos entre ellos los denominados PGPR están presentes en la mayoría de estas relaciones dándonos múltiples enseñanzas ecosistémicas y sociales.



Biografía

La profesora Marina es Ingeniera Agrónoma, Maestra en Administración de Empresas y en Suelos y Aguas, Doctor Ingeniero Agrónomo de la Universidad Politécnica ETSIA Madrid Área de énfasis en Tecnologías Agroambientales. Profesora Titular de Dedicación Exclusiva, Tenente de Cargo de la Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira, Investigadora Emérita del Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación COLCIENCIAS, coordinadora grupo de investigación en Agroecología, sus áreas de trabajo: Microbiología Agrícola, Biología y Microbiología del Suelo, Fitopatología con énfasis en hongos y bacterias, Agricultura Ecológica y en este momento integra desde su experiencia todas estas áreas en la Agroecología.

Dr. Alda Rodríguez (Uruguay)

CHARLA MAGISTRAL
10:45 HRS.

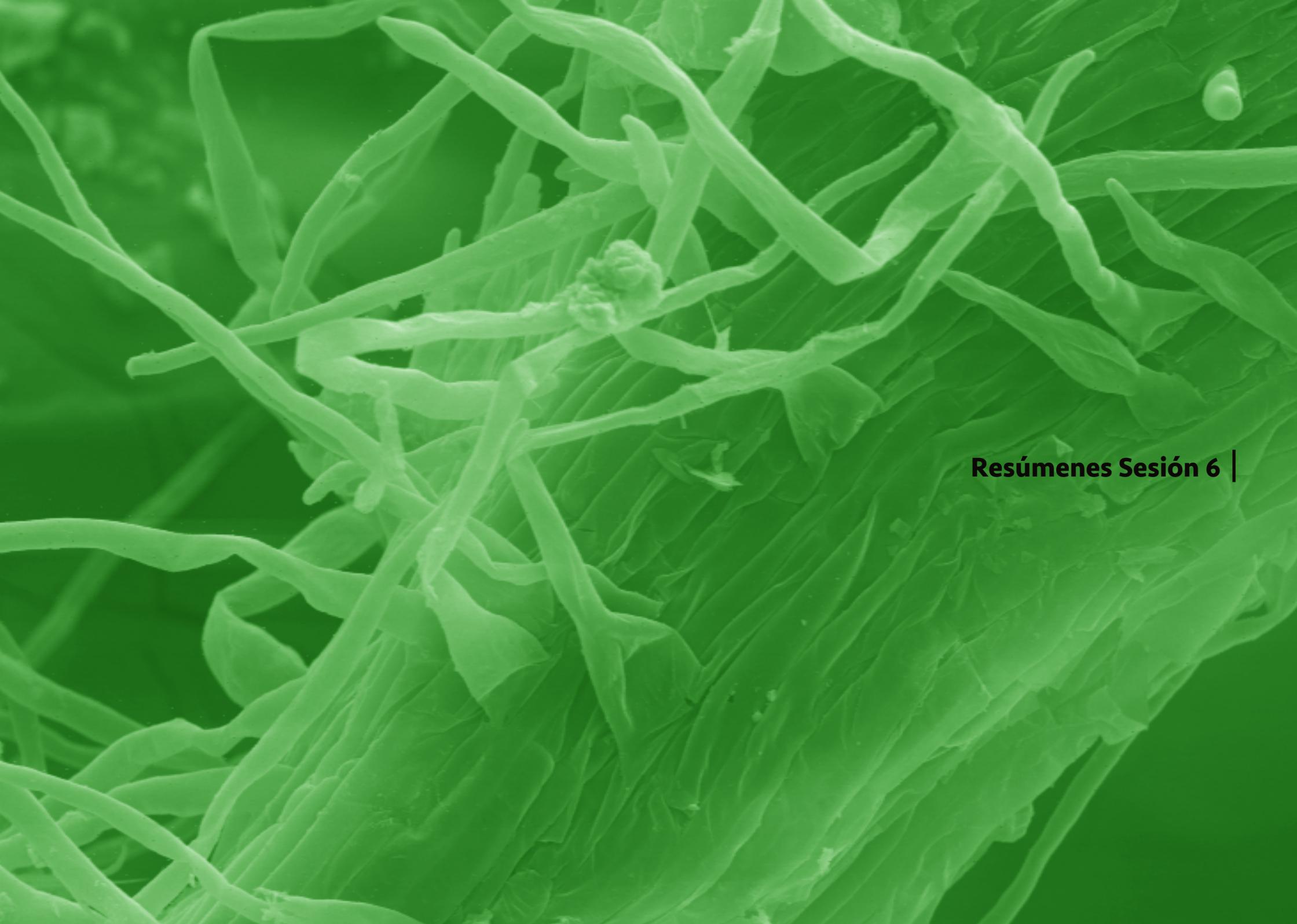
Bioinsumos: logros y desafíos en el desarrollo de la agroecología en Uruguay.

A través de un proceso de co-innovación para la obtención de soluciones biológicas, llevadas adelante por diferentes organizaciones de productores familiares y BIO-Uruguay (Batoví Instituto Orgánico) se han generado bioinsumos a partir del reconocimiento y uso de hongos patogénicos nativos para controlar plagas de importancia económica. Estos bioinsumos vienen contribuyendo en la restitución de los equilibrios biológicos y en las transiciones agroecológicas de diferentes sistemas productivos. Estos aprendizajes contribuyen al desarrollo de las capacidades individuales e institucionales necesarias para “fabricar la agroecología” en Uruguay.



Biografía

Oriunda de Tacuarembó Uruguay, madre de cuatro hijos, es Ingeniera Agrónoma (título otorgado por la Facultad de Agronomía de la Universidad de la República) y Doctora en Ciencias Agrarias (título otorgado por la Universidad Agraria de la Habana-Cuba). Se desempeña como Responsable Norte del Sistema Nacional de Áreas Protegidas y directora técnica científica del Batoví Instituto Orgánico. Además ha desarrollado diversas consultorías en organizaciones nacionales e internacionales tales como la Cooperación Técnica Alemana (GTZ), la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), el Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo (PNUD) entre otros. Ha publicado más de 20 artículos científicos y 3 libros de autoría propia. Ha capacitado y acompañado técnicamente a más de 100 productores familiares en la implementación de sistemas agroecológicos de producción.



Resúmenes Sesión 6 |

Genómica funcional de *Rhizobium* en el sistema milpa

Autores: Aguirre Noyola, J. L.; Rosenblueth, M.; Martínez Romero, E.

Expone: Aguirre Noyola, J. L.

Contacto: jose.aguirre@ibt.unam.mx



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La milpa es un sistema de policultivo utilizado durante miles de años en Mesoamérica. En comparación con los monocultivos este sistema ofrece mayor productividad y un adecuado control de enfermedades y plagas. En la milpa, el frijol trepa por el tallo del maíz y las raíces se entremezclan permitiendo que su microbiota se comparta. Estudios en milpa han revelado la diversidad bacteriana en suelos donde se cultiva, pero no existen enfoques que describan la funcionalidad microbiana en este agroecosistema. En este trabajo empleamos RNA-Seq para analizar la respuesta transcripcional de *Rhizobium phaseoli* Ch24-10 a los exudados de raíces de maíz y frijol creciendo como monocultivos o asociados en la milpa. Observamos que los perfiles transcriptómicos de *R. phaseoli* en la milpa fueron más parecidos a los detectados en presencia del frijol monocultivado, debido a que en ambas condiciones se detectó una alta expresión de genes nodulación y para la degradación de compuestos aromáticos. Esto fue confirmado por una similar formación de nódulos y fijación de nitrógeno del frijol en monocultivo y en asociación con maíz. En maíz, *R. phaseoli* expresó genes para la degradación del mucílago y ácido ferúlico y para el transporte de azúcares, ácidos dicarboxílicos y sideróforos. Estos resultados sugieren que los nutrientes exudados por la milpa no representan una mezcla de los metabolitos que serían producidos individualmente por cada monocultivo, y que posiblemente los patrones de exudación en milpa cambien y nuevos metabolitos son liberados como resultado de la interacción maíz-frijol. A pesar de esto, los rizobios pueden adaptarse a esta diversidad de nutrientes y expresar genes diferencialmente en cada rizosfera. El conocimiento sobre la interacción tripartita cereal-leguminosa-microbio podría ser útil para impulsar el uso de policultivos para recuperar la riqueza de los suelos y el uso de variedades nativas.

Afiliación: Universidad Nacional Autónoma de México

Scutellosporaceae y Racocetraceae ante disturbio

Autores: Albornoz Molano A. J.; Diaz Gallo, S. A.; Diaz Ariza, L. A.

Expone: Albornoz Molano, A. J.

Contacto: andrea.albornoz@javeriana.edu.co

Resumen: El manejo del suelo en los agroecosistemas es uno de los disturbios que puede alterar la composición de las comunidades microbianas de las cuales depende el éxito del establecimiento de las plantas de interés agrícola durante su trasplante. Uno de los grupos microbianos de mayor importancia en la nutrición vegetal son los hongos del Filo Glomeromycota, dentro del cual encontramos familias como *Scutellosporaceae* y *Racocetraceae* que han sido reportadas como altamente sensibles a disturbios mecánicos y químicos del suelo. El objetivo del presente trabajo fue analizar el efecto del cambio de vegetación y del manejo del suelo en la presencia, riqueza de especies y abundancia relativa de las dos familias de hongos de micorriza arbuscular. Se realizaron búsquedas sistemáticas de artículos científicos en cuatro bases de datos (Scopus, ProQuest, PubMed y Google Scholar) para obtener: Datos de presencia/ausencia caracterizando ecosistemas, tipo de manejo y medidas edáficas; datos de abundancia relativa y riqueza de especies entre lugares con y sin disturbios. La presencia se analizó con CARTs buscando las variables que permitieron mayor resolución y clasificación de especies, donde se resaltó que en las distintas condiciones ambientales hay presencia de *S. calospora* y *C. pellucida*, posibles especies generalistas. El meta-análisis comparó la respuesta de las familias entre ambientes. Se evidenció que *Scutellosporaceae* presenta mayor sensibilidad a intervenciones mecánicas y a cambios de hospedero disminuyendo su abundancia y/o su riqueza. *Racocetraceae*, por su parte, presentó un favorecimiento en la abundancia relativa cuando hay cambios de hospederos y en disturbios físicos y químicos. Sin embargo, esta familia presenta sensibilidad a manejos orgánicos. Se concluye que dependiendo del efecto hay un aumento o disminución de la riqueza de especies y la abundancia relativa de las familias *Scutellosporaceae* y *Racocetraceae*, evidenciando estrategias ecológicas distintas y selección por el disturbio, siendo posibles competitivo-tolerante a estrés y como competitivo-ruderal respectivamente.

Afiliación: Pontificia Universidad Javeriana

La cobertura vegetal permanente como estrategia para promover la salud del viñedo

Autores: Autores : Bernaschina, Y.¹; Fresia, P.²; Garaycochea, S.¹; Leoni, C.¹

Expone: Bernaschina, Y.

Contacto: ybernaschina@inia.org.uy



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La viticultura convencional conlleva un alto uso de insumos que impactan negativamente sobre los servicios ecosistémicos y la biodiversidad del agroecosistema. En Uruguay, la viticultura se realiza principalmente sin riego y con aplicación de herbicidas en la fila para regular la competencia por agua y nutrientes. Sin embargo, la combinación de riego y cobertura vegetal permanente (CVP) bajo la fila mejora la sustentabilidad del sistema al mantener la calidad enológica y favorecer la sanidad del viñedo. Pero hay escasa información sobre cómo este manejo afecta las comunidades de microorganismos del suelo y rizósfera, e incide en las relaciones suelo-planta-microbioma. Para ello, en un viñedo cv Tannat/SO₄ instalado en 2011, se planteó estudiar el impacto del herbicida (H) o CVP bajo la fila mediante análisis físico-químicos y biológicos del suelo, metataxonómicos (16S e ITS2) de la microbiota rizosférica y determinación de la incidencia de *Botrytis cinerea*. El manejo con CVP frente a H presentó menor densidad aparente y mayor pH y carbono orgánico; mayor tasa de respiración, carbono potencialmente oxidable (CPox) e índice de proteína en suelo. Las comunidades microbianas rizosféricas evaluadas mediante recuentos en placa y secuenciación de amplicones variaron según el estado fenológico independientemente del manejo. Los recuentos en placa de *Pseudomonas fluorescens* no mostraron diferencias entre manejos, mientras que las poblaciones de actinomicetos, *Trichoderma spp.* y *Bacillus spp.* fueron mayores en CVP. Los análisis metataxonómicos no mostraron diferencias entre CVP y H en floración, pero sí en envero y cosecha para las comunidades procariotas y solo en cosecha para las fúngicas. La incidencia de *B. cinerea* fue menor con CVP. Los resultados sugieren que la CVP favorece el establecimiento de comunidades microbianas capaces de promover la salud del viñedo, debiéndose explorar en futuros trabajos los mecanismos involucrados, como por ejemplo la resistencia sistémica inducida.

Afiliaciones:¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Estación Experimental INIA Las Brujas, Uruguay. ²Unidad Mixta Pasteur + INIA (UMPI).

Optimización del método de extracción y cuantificación de proteínas del suelo relacionadas con la glomalina extraídas de sistemas con predominio de soja

Autores: Commatteo, J. G.^{1,3}; Barbieri, P. A.^{1,3}; Covacevich, F.^{2,3}.

Expone: Commatteo, J. G.

Contacto: jacquelinecommatteo@gmail.com

Afiliación: ¹Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS)-Estación Experimental Balcarce, Argentina. ²Instituto de Biodiversidad y Biotecnología-Fundación para las Investigaciones Biológicas Aplicadas, Mar del Plata, Argentina. ³CONICET

Resumen: La glomalina es una glicoproteína del suelo, asociada a los microorganismos que se une a las partículas otorgándole mejoras en su estabilidad. Se ha postulado como un indicador de la actividad de los hongos micorrícicos arbusculares (HMA) y que podría desempeñar un papel clave en la estabilidad del suelo por lo que puede ser considerado un indicador de la salud del mismo. El término proteína del suelo relacionada con la glomalina (GRSP) se utiliza para describir las diferentes fracciones extraídas en el suelo. La GRSP total (T-GRSP) corresponde a la fracción protéica fuertemente ligada a las partículas del suelo y se obtiene tras varias extracciones. Esto último hace que la técnica, además de consumir

tiempo del operador puede resultar en elevado coeficiente de variación, lo que disminuiría su sensibilidad como indicador. El objetivo de este estudio fue optimizar el método de extracción y cuantificación de GRSP y determinar su sensibilidad como indicador de cambios en el manejo agrícola. Para este análisis se tomaron muestras de suelo de tres experimentos de campo a largo plazo en tres sitios de la Pampa Húmeda Argentina: Balcarce, Marcos Juárez y General Villegas (Sitios 1, 2 y 3 respectivamente), durante la temporada de cultivo 2017/18. Se extrajeron muestras desde: 1) monocultivo de soja (Sb); 2) cultivo de cobertura/soja (CC/Sb); y 3) soja en rotación con maíz y trigo (CC/Sb-rot). La optimización del método (OpM) incluyó: i) el uso de tubos de 10 mL en lugar de 50 mL como se sugiere en los métodos estándar (SM), donde las pérdidas de solución podrían ser mayores y el equipo de centrifugación se utiliza de manera más eficiente; ii) la cuantificación de la concentración de T-GRSP mediante la suma de la absorbancia (A595) determinada después de cada ciclo de extracción de GRSP, en lugar de cuantificar la T-GRSP en el volumen total del sobrenadante como se sugiere en los SM, compuesto por una mezcla de los sobrenadantes de cada ciclo de extracción; iii) detención del proceso de extracción cuando la cuantificación de GRSP se aproximó a cero, en lugar de detener el proceso cuando la coloración es clara como se sugiere en el SM. El OpM reveló más sensibilidad que el SM al registrar cambios en la T-GRSP ante cambios de manejo. Las mayores concentraciones de T-GRSP se registraron en el Sitio 1 con ambos métodos de extracción, siendo mayores en los sistemas alternativos, respecto al Sb. En los Sitios 2 y 3 se encontraron diferencias entre los tratamientos solamente cuando se utilizó el OpM, y las concentraciones más altas se registraron en los sistemas de cultivo alternativos (CC/S y/o CC/Sb-rot). Como se esperaba, se observó una fuerte correlación entre el primer ciclo de extracción del T-GRSP (1er EC-GRSP) y el T-GRSP. Destacamos que OpM contribuyó tanto a la optimización en la precisión de la extracción-cuantificación como a la reducción del tiempo del proceso. El OpM permitió detectar el efecto de las prácticas del manejo del suelo hacia una gestión sostenible mediante la determinación de la concentración de GRSP.

Effect of agricultural systems with soybean predominance on mycorrhizal fungi native to contrasting soils of the Pampean region (Argentina)

Autores: Commatteo, J. G.^{1,4}; Cabello, M. N.³; Barbieri, P. A.^{1,4}; Covacevich, F.^{2,4}.

Expone: Commatteo, J. G.

Contacto: jacquelinecommatteo@gmail.com

Afiliación: ¹Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS)-Estación Experimental Balcarce, Argentina. ²Instituto de Biodiversidad y Biotecnología-Fundación para las Investigaciones Biológicas Aplicadas, Mar del Plata, Argentina. ³Instituto Spegazzini (Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP)-CICPBA. ⁴CONICET.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Soybean monocrop in the Argentinean Pampas is threatening the abundance and biodiversity of edaphic microorganisms, affecting soil health. Management practices such as cover crops (CC) and crops rotations constitute current trend in the development of sustainable soybean production systems. Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) play a key role in the nutrition and/or growth of most crops. Under contrasting edaphoclimatic conditions, we evaluated the effect of the inclusion of CC and/or rotations for soybean crop on AMF abundance and diversity. During 2 consecutive growing seasons (2017/18 and 2018/19 campaign 1 and 2, respectively), soybean monoculture (Sb); cover crop/soybean (CC/Sb); soybean in rotation with corn and wheat (CC/Sb-rot) systems in 3 blocks in a DBCA were evaluated in 3 long-term trials: Balcarce, Marcos Juárez and General Villegas (Sites 1, 2 and 3 respectively). Soil samples associated with roots (0-20 cm) were collected in early autumn, when all plots were with soybean at R6 stage. Abundance of AMF spores was quantified in soil and the taxonomic determination of predominant species was performed (campaign 1), and the degree of mycorrhizal colonization (MC) by native AMF was quantified in roots. In both campaigns and for all the analyzed sites, higher abundance of spores and MC was recorded in the alternative cropping systems (CC/S and/or CC/Sb-rot) in relation to Sb. During both campaigns, Site 1 showed highest number of spores in the alternative systems (average 400 spores/ 100g soil), which doubled those in Sb. The MC in alternative systems (average MC 60%) doubled that recorded in Sb roots, particularly during campaign 1. A similar trend was maintained in campaign 2, although with slightly lower values (average MC alternative systems 45%). A similar diversity of AMF was found at the three sites; genera *Funneliformes*, *Acaulospora*, *Claroideoglossum* and *Rizopagus* were most representative, and *Pacispora* and *Gigaspora* were found at lesser extent. In general, fewer dominant genera in the Sb relative to the alternative systems were detected. Our results suggest that sustainable agricultural practices that include both CC and rotations would allow the maintenance and improvement of the quality of soils in systems with soybean predominance.

Microorganismos involucrados en la absorción de fósforo en la isla Rey Jorge, Antártida

Autores: Gonnet, R.¹; Pezzani, F.¹; García, S.¹; Bajsa, N.²

Expone: Gonnet, R.

Contacto: rgonnet@fagro.edu.uy

Afiliación: ¹Ecología – Departamento Sistemas Ambientales, Facultad de Agronomía – UDELAR, Garzón 780, Montevideo ²Laboratorio de Ecología Microbiana - Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable – Av. Italia 3318, Montevideo

Resumen: *Deschampsia antarctica* es una de las pocas especies vegetales que han logrado colonizar y adaptarse en la Antártida. La interacción con microorganismos adaptados al ambiente antártico podría explicar en parte su presencia. Los objetivos de este trabajo fueron: caracterizar la comunidad de bacterias rizosféricas solubilizadoras de fósforo (P), determinar la presencia de micorrizas arbusculares y hongos septados oscuros en *D. antarctica* y evaluar el potencial de colonización micorrícica de los suelos. En la Isla Rey Jorge, durante las campañas antárticas de verano, fueron tomadas muestras compuestas de suelo y raíces de *D. antarctica* en dos sitios con contenidos contrastantes de P: Drake (alto P) y Punta Suffield (Baliza; bajo P). Se realizaron recuentos de bacterias heterótrofas totales aerobias (BHTA) y bacterias solubilizadoras de P (BSP) de la rizósfera de *D. antarctica*. Las raíces se procesaron según Koske y Gemma (1989) para cuantificar la colonización micorrícica y de hongos septados oscuros (DSE). El potencial micorrícico se estudió en un ensayo con cultivo trampa utilizando suelo colectado en los sitios seleccionados. Se cuantificó una mayor relación BSP/BHTA en Drake indicando una relación positiva entre el contenido de P y la presencia de BSP. La presencia de micorrizas en *D. antarctica* fue alta, de 47 y 54% y la de DSE 19 y 30% en Drake y Baliza, respectivamente, sin diferencias significativas. En el cultivo trampa no se encontraron diferencias significativas entre ambos sitios en el potencial micorrícico ni en el potencial de DSE. La escasa diferencia en el contenido de P entre los sitios podría explicar en parte la similitud en la presencia de estos grupos de hongos. La presencia de bacterias y hongos ligados al ciclo del P en la Antártida representa una posible estrategia de las plantas para adquirir este nutriente y sobrevivir en condiciones ambientales extremas.

Efecto del fuego sobre hongos endófitos radiculares en especies de campo natural

Autores: Muguruza, A. ¹; López Mársico, L. ²; Pezzani, F. ¹

Expone: Muguruza, A.

Contacto: adrianmuguruza@gmail.com

Afiliación: ¹Ecología. Departamento de Sistemas Ambientales. Facultad de Agronomía. Universidad de la República. Uruguay. ²Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales. Facultad de Ciencias. Universidad de la República. Uruguay.

Resumen: El territorio uruguayo está comprendido en la región de los pastizales del Río de la Plata donde la ganadería extensiva con base pastoril es la actividad agropecuaria más importante. La quema controlada es utilizada para mejorar la oferta de pasto al modificar la estructura y promover el rebrote. El objetivo de este trabajo fue conocer cómo afectan la quema y el pastoreo a la presencia de hongos micorrizógenos arbusculares (HMA) y endófitos septados oscuros (ESO). En el Paisaje Protegido Quebrada de los Cuervos está instalado un experimento de interacción fuego por pastoreo, en una zona dominada por *Erianthus angustifolius* ("paja estralladora"). Se colectaron plantas de cinco especies con diferente respuesta al fuego: *Stenachaenium megapotamicum* e *Hypoxis decumbens* (favorecidas); *Erianthus angustifolius* y *Acanthostyles buniifolius* (tolerantes) y *Solidago chilensis* (sensible), en tres tratamientos: clausura sin quema, pastoreado y quemado (setiembre 2018) y pastoreado y quemado reciente (agosto 2019). Se observó una alta colonización por HMA en todos los tratamientos y en todas las especies con una ocurrencia superior al 83%; igualmente para ESO con ocurrencia superior al 72%. La presencia de micorrizas fue afectada por el fuego y el pastoreo. Este efecto fue diferente según la especie vegetal viéndose algunas favorecidas y otras disminuidas. La clausura mostró mayores valores que los tratamientos con quema y pastoreo. Los arbusculos presentaron ocurrencia menor a 40% y los ovillos a 5%. *S. megapotamicum*, favorecida por la quema, mostró los mayores registros de micorrización, presencia de arbusculos y vesículas. *H. decumbens*, la otra especie favorecida, mostró los mayores registros de presencia de ovillos. Consideramos necesario ampliar y profundizar los efectos del fuego sobre las interacciones planta-hongos endófitos y los posibles efectos sobre las poblaciones vegetales. Palabras clave: micorrizas arbusculares, hongos septados oscuros, quema controlada, paja estralladora, Uruguay.

Caracterización del consorcio de microorganismos eficientes nativos (MEN)

Autores: Rodríguez, N., Lassevich, D., García, S., Trasante, T., Ruiz Esquide, J. M., Lagurara, P., Platero, R., Bajsa, N.

Expone: Rodríguez, N.

Contacto: nataliarodriguezuy@gmail.com

Afiliación: Laboratorio de Ecología Microbiana / Departamento de Bioquímica y Genómica Microbianas, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable-MEC

Resumen: El consorcio de microorganismos eficientes nativos (MEN) se obtiene a partir de suelo en un procedimiento anaeróbico de selección y multiplicación de ciertos grupos microbianos. Este biopreparado tiene varias aplicaciones ambientales y agrícolas. Como enmienda agrícola mejora la nutrición y salud de las plantas, acelerando la descomposición de la materia orgánica y compitiendo con microorganismos perjudiciales. El objetivo de este trabajo fue caracterizar consorcios de MEN elaborados a partir de diferentes orígenes. Se realizó la caracterización microbiológica de 18 preparados de MEN obtenidos de mantillo de monte o con trampas de arroz. Las poblaciones de los principales grupos presentes en el MEN fueron equivalentes en todos los preparados analizados: levaduras 10^6 ufc/mL y bacterias ácido lácticas 10^8 ufc/mL. Se identificaron aislamientos pertenecientes a los géneros bacterianos *Lactobacillus*, *Acetobacter* y *Bacillus*, y de levaduras *Saccharomyces* y *Kazachstania*. Se caracterizó la estructura de la comunidad microbiana del preparado de MEN por secuenciación masiva del gen del ARNr 16S (bacterias) y la región ITS (hongos), confirmándose la dominancia de *Lactobacillus* y *Saccharomyces spp.* Se identificaron otros géneros minoritarios y se determinó que el MEN de mantillo es más diverso que el de captura en arroz. Se detectaron actividades PGPR en el consorcio: solubilización de P y K, producción de proteasas, y antagonismo in vitro contra *Alternaria*, *Botrytis* y *Pythium spp.* Se evaluó el efecto de la aplicación de MEN sobre el cultivo de lechuga e indicadores microbianos de salud del suelo. La aplicación de MEN aumentó el peso seco de las raíces de las plantas, las poblaciones de algunos microorganismos y la respiración microbiana respecto a los controles con agua y fertilizantes químicos. Este trabajo permitió ampliar el conocimiento sobre el consorcio de MEN y aportar al estudio de su eficacia y uso seguro. Financiación: DGDR-MGAP, ANII, PEDECIBA, IAU.

Uso de vinaza como biofertilizante de caña de azúcar: efectos sobre la comunidad microbiana del suelo debido a su aplicación sistemática

Autores: Senatore, D. ¹; Wajswol S. ¹; Queirolo A. ¹; Takata, V. ²; Del Pino Machado, A. ²; Monza, J. ³; Bajsa, N. ¹

Expone: Senatore, D.

Contacto: nanisen@gmail.com

Afiliación: ¹ Laboratorio de Ecología Microbiana, BIOGEM/IIBCE; ² Departamento de Suelos y Aguas, Facultad de Agronomía-Udelar; Laboratorio de Bioquímica, Facultad de Agronomía-Udelar.

Resumen: En Uruguay se agrega hasta un 5% de agrocombustibles a las gasolinas. La producción de bioetanol a partir de caña de azúcar genera una gran cantidad de subproductos, entre ellos la vinaza caracterizada por su alto contenido de materia orgánica y potasio, entre otros. Si bien la vinaza puede utilizarse como fertilizante, se desconoce su efecto sobre el suelo y su microbioma. En este trabajo se evaluó el efecto acumulativo del uso sistemático de vinaza en cultivos de caña de azúcar sobre el microbioma del suelo. En campo se analizaron las poblaciones microbianas del suelo donde se cultivó caña de azúcar en un tratamiento regado anualmente con vinaza diluida 150 m³/ha (B) y un tratamiento control regado con agua (A). Durante dos años se tomaron muestras de suelo previo al riego y un mes después. Para la mayoría de poblaciones analizadas (bacterias heterótrofas totales, actinobacterias, *Pseudomonas fluorescences*, bacterias solubilizadoras de fósforo, *Bacillus spp.* (esporas), bacterias fijadoras de nitrógeno, hongos filamentosos, levaduras y bacterias amonificantes), no se encontraron diferencias significativas en su abundancia entre sitios ni tampoco en la actividad microbiana en ninguno de los momentos de muestreo. Tampoco se observaron diferencias significativas con respecto a la abundancia de bacterias totales entre sitios en todos los momentos de muestreo. Complementariamente se realizó otro ensayo en condiciones controladas, en el que se incubaron muestras de suelo provenientes de ambos sitios, con tres tratamientos: control sin vinaza y dos dosis de vinaza, tomando muestras a 14 días, 1, 4 y 6 meses. La abundancia de bacterias heterótrofas y de hongos aumentó en ambos suelos con el agregado de vinaza respecto al control, y a los 180 días se observó un aumento de las bacterias amonificantes. Si bien las poblaciones microbianas permanecieron mayores en los tratamientos con vinaza, su actividad disminuyó con el tiempo.

Restauración de un pastizal postforestación con *Pinus taeda*: estudio del potencial de hongos micorrizógenos y septados oscuros

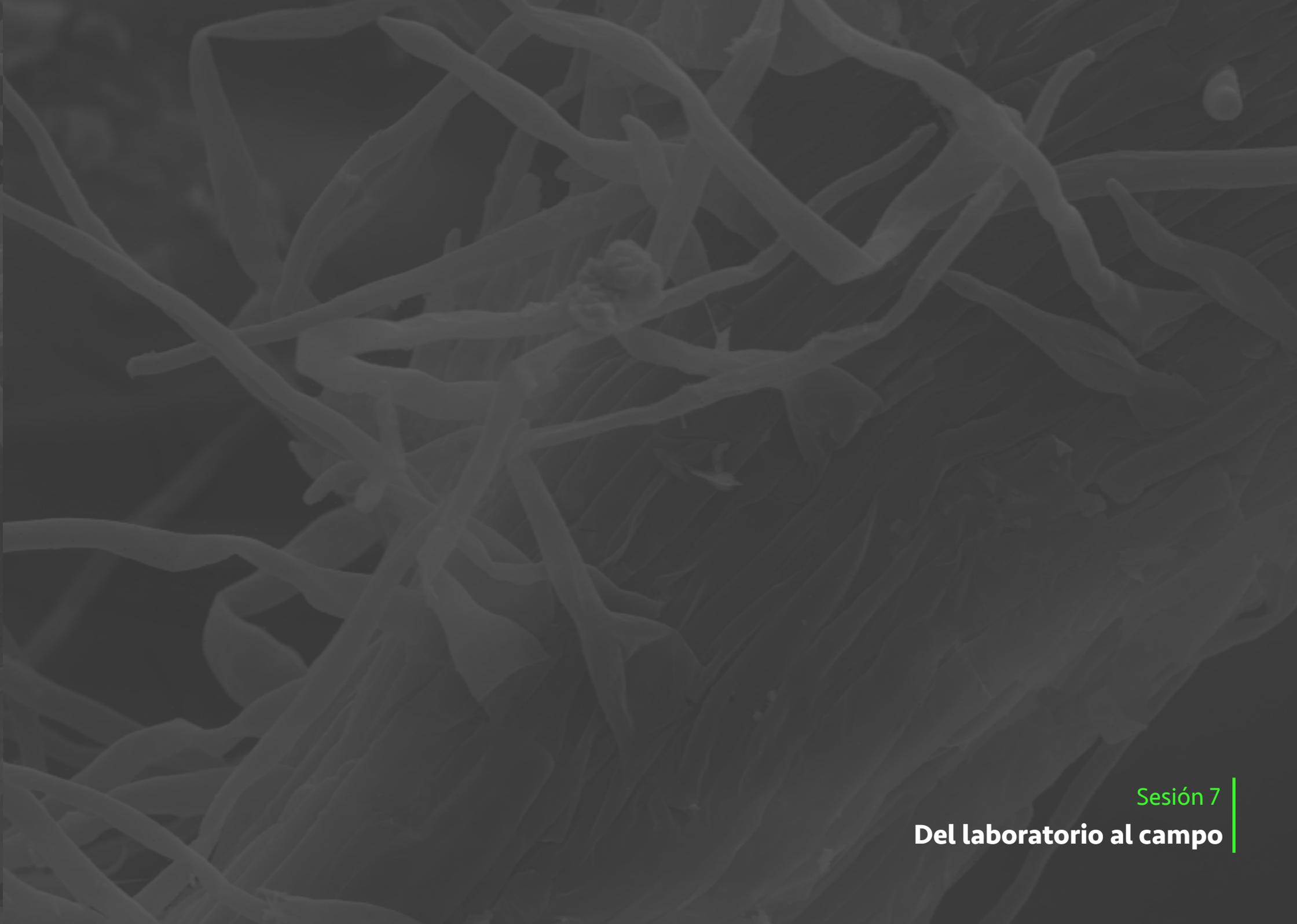
Autores: Terra, M. S.; Pezzani, F.

Expone: Terra, M. S.

Contacto: mterra@fcien.edu.uy

Afiliación: Departamento de Sistemas Ambientales. Facultad de Agronomía, Universidad de la República.

Resumen: En la restauración de pastizales, la interacción entre plantas y microbiota ha recibido gran atención. Los hongos micorrizógenos arbusculares (HMA) y los hongos endófitos septados oscuros (ESO) forman simbiosis con la vegetación establecida en un sitio, participan en intercambios metabólicos y su ocurrencia se diferencia entre vegetación nativa y exótica. Se estudió el potencial de colonización de HMA y ESO asociados a la vegetación herbácea de los pastizales, teniendo en cuenta su posible rol en la restauración de un pastizal luego de verse afectado por una forestación con *Pinus taeda*. En 2019 se colectó suelo de un experimento iniciado en 2017 en el Paisaje Protegido Quebrada de los Cuervos y Sierras del Yerbal, Uruguay. Luego de talar los pinos se delimitó un área pastoreada y otra clausurada al ganado para estudiar la restauración del pastizal. Se instaló un ensayo con *Allium cepa* como plantas trampa en macetas con suelo proveniente de parcelas pastoreadas y clausuradas (que habían sido forestadas) y de un pastizal natural (control) adyacente. Se pudo observar una mayor colonización por HMA y ESO en el predio en recuperación, contrario a lo esperado ya que las micorrizas se asocian a especies herbáceas y la forestación con pinos podría haber afectado el potencial micorrízico del suelo. Se observó una mayor colonización por HMA en el tratamiento clausurado que en el pastoreado. Se encontraron arbusculos y ovillos de HMA solo en plantas crecidas en suelo del pastizal en restauración. Se evidenció un efecto positivo del pastoreo sobre la colonización por hongos septados oscuros asociados a las plantas utilizadas en este trabajo. Estos resultados aportan al estudio de restauración ecológica en general y la presencia de hongos benéficos puede estar dando indicios positivos del potencial que posee la vegetación del pastizal para recuperarse luego de la perturbación que generó la forestación.



Sesión 7

Del laboratorio al campo

SESIÓN 07

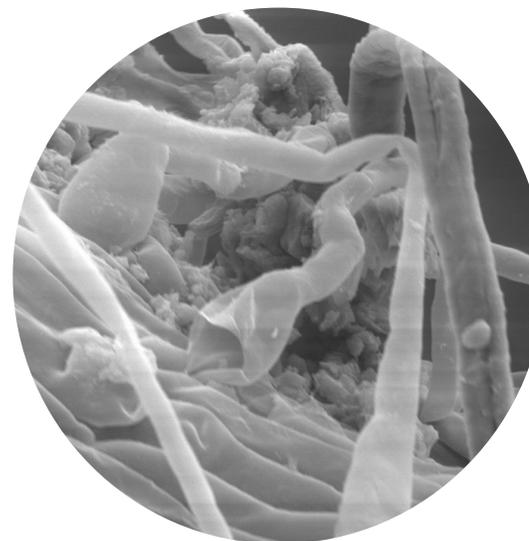
DEL LABORATORIO AL CAMPO

**Coordinadores: Dra. Nora Altier (Uruguay) -
Dra. Mariangela Hungría (Brasil)**

El concepto de intensificación sostenible de los sistemas productivos requiere gestionar la biodiversidad y los servicios ecosistémicos, mediante la promoción de estrategias para el manejo sanitario y nutricional de los cultivos que mitiguen los riesgos asociados al uso de agroquímicos.

El desarrollo de productos microbianos de uso agrícola se basa en el reconocimiento de la diversidad y la multifuncionalidad presente en el microbioma, estudiando los procesos biológicos y las características asociadas a la protección y nutrición vegetal. El desafío es identificar cepas con la función deseada que puedan ser utilizadas para desarrollar un producto tecnológico, a través de los procesos de bioproducción y formulación, y ser escaladas a nivel industrial con fines de comercialización y uso en los agroecosistemas.

El objetivo de esta sesión es promover el intercambio de conocimiento y las perspectivas de la investigación en bioinsumos agrícolas, recorriendo un camino que comienza en el laboratorio y finaliza en el campo. La Dra. María Caridad Nápoles expondrá sobre la generación de productos microbianos como pilar de una agricultura autosustentable, describiendo el caso de Cuba. La Dra. Paula Aguilera expondrá sobre el inoculante MYCONATIVA®, desarrollado en base a hongos nativos micorrícicos arbusculares, describiendo los beneficios asociados a su uso.



Dra. C. María Caridad Nápoles (Cuba)

Necesidad de una agricultura autosustentable, generación de productos microbianos desde el laboratorio hasta el campo: caso cuba.

Resulta cada vez más clara la necesidad de garantizar alimentos para una población creciente, conservando la fertilidad de los suelos y respetando el medio ambiente. Si existía alguna duda, la crisis impuesta por la pandemia que hoy vivimos, ha reforzado esta realidad. Este milenio ha reconocido de forma creciente el papel que juegan los procesos biológicos en el funcionamiento de la biosfera, pero en particular del suelo y de la producción agrícola. El uso de productos compuestos por microorganismos benéficos, ya sean fitoestimulantes, biofertilizantes o agentes de biocontrol, constituye una estrategia tecnológica cada vez más aceptada en las prácticas agrícolas sustentables, con lo cual cada vez son más los centros de investigación y grandes compañías que dedican recursos económicos y humanos a la búsqueda de nuevos bioproductos. En esta charla, trataremos de ejemplificar brevemente, utilizando la experiencia de Cuba, cuál ha sido el camino recorrido para convertir una cepa aislada de entre millones que se asocian a un cultivo, en un producto que regresa al campo para potenciar sus bondades y colaborar con el crecimiento, desarrollo y rendimiento de cultivos de interés.



Biografía

Lic. en Microbiología, Universidad de la Habana, Investigador y Profesor Titular del Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas. Presidenta del Consejo Científico del INCA, Miembro del Consejo Técnico Asesor del Ministerio de Educación Superior y Miembro Titular de la Academia de Ciencias de Cuba. Coordinadora por Cuba de la Asociación Latinoamericana de Rizobiología.

Dra. C. María Caridad Nápoles (Cuba)

CHARLA MAGISTRAL
15:45 HRS.

Experiencia myconativa: desde la ciencia hacia la innovación

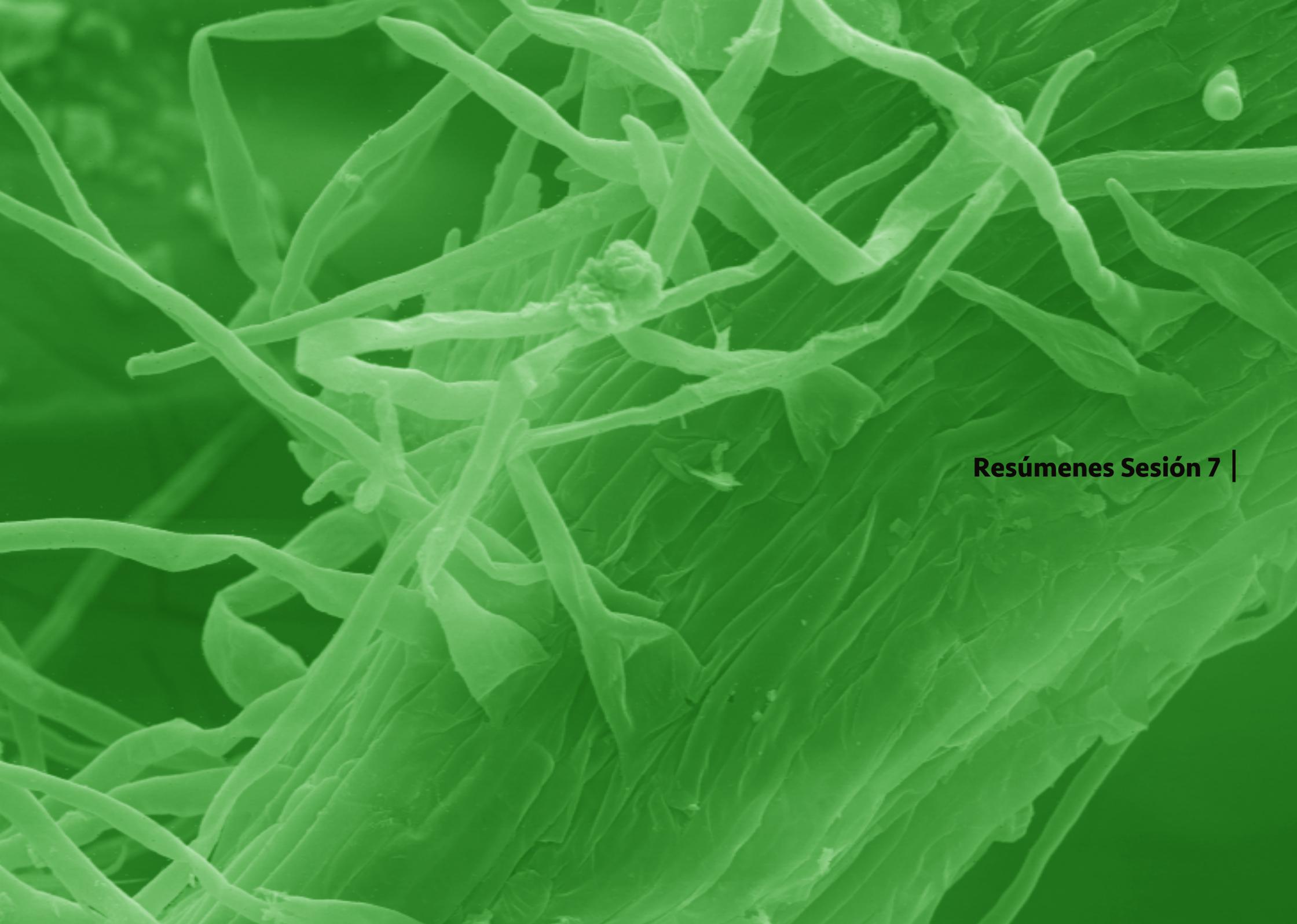
La StartUp Myconativa es una empresa impulsada desde la academia que genera bioproductos a partir de la investigación y a la vez entrega servicios tecnológicos e instrucción. Los resultados de una tesis de doctorado permitieron transformar el know how en tecnología, esto fue posible debido al cofinanciamiento de instrumentos nacionales, al patrocinio de la Universidad de la Frontera y al campo experimental de la empresa. Como empresa buscamos incorporar tecnologías que otorguen un manejo productivo sustentable a la agricultura, con énfasis en el valor nutricional y funcional de productos que proporciona la fruticultura, horticultura, enología. Al mismo tiempo, favorecer la conservación de los ecosistemas mediante la restauración ecológica y la biorremediación. Los bioproductos corresponden a biofertilizantes, enraizantes, fortificantes, bioestimulantes que se pueden aplicar en plantas de hortalizas, frutales, ornamentales en diferentes etapas del cultivo, así como en la biorremediación y conservación de ecosistemas. La base de los bioproductos generados hasta ahora por nuestra empresa, está constituida por hongos benéficos nativos extraídos desde suelos chilenos que al colonizar la raíz se denominan micorrizas. Los hongos formadores de micorrizas aportan a la fertilización bioquímica. MYCONATIVA® es el primer bioproducto inoculante desarrollado en nuestra empresa y ha sido diseñado en base a hongos nativos micorrícicos arbusculares aislados desde la región de La Araucanía para su uso como vigorizador de plantas agrícolas producidas en vivero o almacigo. Es un biofortificante con micorrizas que favorece la conducción de agua, nutrientes, estimula la germinación, emergencia, enraizamiento, floración, producción de biomasa y producto final. Plantas inoculadas con MYCONATIVA® toleran mayor estrés ambiental y resistencia al déficit hídrico. Las micorrizas corresponden a una simbiosis entre hongos benéficos y las raíces de las plantas, el hongo incrementa la capacidad de absorción de agua, macro y micronutrientes, aumenta la resistencia

de las plantas hacia las enfermedades, científicamente se ha evidenciado que beneficia a plantas que viven en estrés hídrico, salinidad, presencia de contaminantes, a cambio la planta le entrega al hongo los productos carbonados de la fotosíntesis para que ellos puedan vivir. Se presentarán casos de Estudio de Campo.



Biografía

Académico, Investigador, Encargada de Transferencia Tecnológica en Núcleo Científico Tecnológico (BIOREN-UFRO), Universidad de la Frontera. Ing. Agrónomo, Magíster y Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales. Co-fundadora de la Red Sudamericana de Micorrizas "South American Mycorrhizal Network" y Fundadora de la Empresa de Base Científico Tecnológica (EBCT) Myconativa Ltda.



Resúmenes Sesión 7 |

Comparison of B values obtained by two methodologies that use soil as a substrate and their influence on the estimation of the proportion of nitrogen fixed in the atmosphere by legumes

Autores: Berriel, V.; Monza, J.; Perdomo, C.

Expone: Berriel, V.

Contacto: vberriel@fagro.edu.uy

Afiliación: Fac. Agronomía - Udelar

Resumen: The B value is required to quantify the nitrogen derived from the atmosphere (%Ndfa) in the *Rhizobium*-legume symbiosis using the ^{15}N natural abundance method. The B value of other plants species of the same genus grown in inert substrates is commonly used, but this can cause the estimate of %Ndfa to be inaccurate. In this work, we compared two methodologies for determining the B value of *Crotalaria juncea*, *C. spectabilis*, *C. ochroleuca* and *Cajanus cajan*, using soil as the substrate. One method involved growing plants in soil and averaging the lowest $\delta^{15}\text{N}$ values of plant shoots (B-minimum), while the other consisted in adding sucrose to soil to immobilize the mineral nitrogen (N-immobilized), and then averaging the shoot $\delta^{15}\text{N}$ values of all plants. The B values obtained with the N-immobilized method were lower than those obtained with the B-minimum technique. Also, B values of *C. cajan* and *C. ochroleuca* obtained using the N-immobilized method were up to 1‰ lower than those reported in the literature for these species. Therefore, we propose that the N-immobilized method should be used to determine the %Ndfa in these species.

Respuesta de trébol rojo (*Trifolium pratense* L.) a la coinoculación de *Rhizobium leguminosarum* con bacterias endófitas bajo déficit hídrico

Autores: Bonilla Buitrago, R.; Cortés Patiño, S.; Camelo Rusinque, M.; Criollo Campos, P.; Suárez Estrada, M.; Mendoza Labrador, J.; Molano Chávez, L.; Estrada Bonilla, G.

Expone: Bonilla Buitrago, R.

Contacto: rbonilla@agrosavia.co

Afiliación: Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia

Resumen: El trébol rojo es una leguminosa importante en praderas para la alimentación animal en el altiplano cundiboyacense. El objetivo de esta investigación fue determinar si la coinoculación de *Rhizobium leguminosarum* y dos bacterias endófitas tiene efecto sobre la respuesta fisiológica y bioquímica del trébol rojo durante y después de un evento de déficit hídrico. Se realizó un ensayo en condiciones controladas en bloques completos al azar con seis tratamientos: 1) *Rhizobium leguminosarum* T88, 2) T88 y *Azospirillum brasilense* D7, 3) T88 y *Herbaspirillum* sp. AP21, 4) T88, AP21 y D7, 5) Testigo no inoculado y 6) Testigo irrigado. Las plantas estuvieron a capacidad de campo 21 días, se suspendió el riego por 7 días. Se rehidrataron y mantuvieron 7 días más a capacidad de campo. Después de 7 días de estrés se observó que la coinoculación con la mezcla de las tres cepas, tuvo un efecto significativo ($p < 0.05$) sobre la concentración de potasio foliar, conductancia estomática y contenido relativo de agua. Hubo una mayor producción de biomasa foliar (34%) con relación al testigo sin irrigación. Después de la rehidratación, se presentó una mayor conductancia estomática ($p < 0.05$) en los tratamientos inoculados. La inoculación individual de T88 demostró un aumento mayor del 60% en biomasa foliar, seguido de las coinoculaciones T88+AP21 (28%) y T88+D7 (17%). En el funcionamiento del fotosistema II se observó una mayor dispersión de energía en forma de calor en los tratamientos inoculados durante el estrés. Estos resultados sugieren que la coinoculación de las tres bacterias permite una mayor tolerancia al estrés hídrico. En condiciones óptimas de irrigación la inoculación individual de T88 tuvo un mayor potencial para aumentar la producción de biomasa, resaltando la importancia de comprender los mecanismos por los cuales las bacterias promueven el crecimiento vegetal en condiciones medioambientales específicas de cada región.

Inmovilización de consorcio de PGPR Gram-negativos en matrices poliméricas: evaluación de agente entrecruzante como protector de secado

Autores: Chaparro Rodríguez, M. L.¹; Rosas Pérez, M. L.²; Gómez Álvarez, M. I.¹; Estrada Bonilla, G. A.¹; Cruz Barrera, M.¹.

Expone: Chaparro Rodríguez, M. L.

Contacto: mlchaparro@agrosavia.co

Afiliación:¹ Corporación colombiana de investigación agropecuaria- Agrosavia, ² Universidad Nacional de Colombia – UNAL.

Resumen: Agrosavia en Colombia ha seleccionado bacterias PGPR que han inducido un aumento de crecimiento y biomasa foliar superior al 30% en trébol rojo, ryegrass y en pasto kikuyo. El consorcio PGPR está compuesto por *Rhizobium leguminosarium* (T88), *Azospirillum brasilense* (D7) y *Herbaspirillum spp.* (AP21). A pesar de la bioprospección del consorcio para el desarrollo de un bioinoculante, estas bacterias Gram-negativas son extremadamente sensibles a procesos de formulación, en especial al secado. En consecuencia, se propuso la formación de cápsulas mediante gelificación iónica donde el agente entrecruzante podría servir como protector de secado. En este estudio se utilizó un biopolímero previamente seleccionado y se compararon dos agentes entrecruzantes, cloruro de calcio y gluconato de calcio, como protectores a la desecación del consorcio PGPR. Las cápsulas húmedas se secaron por dos métodos, convección a 25+2 °C (26 horas) y desecador con sílicagel 18+2°C, < 20% HR (96 horas). Las variables evaluadas fueron la eficiencia de encapsulación (%) y la supervivencia celular (Log N/No). La eficiencia de encapsulación utilizando cloruro de calcio fue 16,24% (AP21), 77,03% (D7) y 5,47% (T88), utilizando gluconato de calcio fue de 98% (AP21), 84,94% (D7) y 90,42% (T88). Después de secar las cápsulas por los dos métodos, se observó un aumento significativo de la supervivencia celular para las bacterias D7 y T88 usando gluconato de calcio. Siendo la pérdida celular con gluconato de calcio para D7 de -1,81 Log (desecador) y de -2,71 Log (convección) y para T88 de -1,95 Log (desecador) y de -2,57 Log (convección), comparado con cloruro de calcio cuyas pérdidas fueron superiores a cuatro unidades logarítmicas para las tres bacterias. En conclusión, el agente entrecruzante gluconato de calcio es un potente protector de secado para algunos PGPR Gram-negativos y se presenta como una estrategia promisoría para el desarrollo de formulados poliméricos secos.

Evaluación de la resistencia a antimicrobianos y tóxicos, virulencia y toxicidad en la cepa no-clínica y promotora del crecimiento vegetal *Delftia sp.* JD2

Autores: Giménez, M. ¹; Batista, S. ¹; Morel, M. ^{1,2}

Expone: Giménez, M.

Contacto: mmorel@fcien.edu.uy

Afiliación: ¹Laboratorio de Microbiología Molecular (MicroMol), IIBCE-MEC; ²Laboratorio de Microbiología de Suelos (LMS), Facultad de Ciencias, Udelar.

Resumen: *Delftia sp.* JD2 es una bacteria nativa que promueve el desarrollo radicular, la nodulación temprana, y el rendimiento en grano de las plantas de soja cuando se coinocula con *Bradyrhizobium elkanii*. Para obtener un nuevo bioproducto basado en esta cepa es necesario evaluar la inocuidad/toxicidad del inoculante. En este trabajo se realizó un análisis in silico del genoma de JD2 comparado con bases de datos de genes de resistencia a metales (BacMet), a antibióticos (CARD) y de factores de virulencia (VFDB), además de la búsqueda de replicones (Plasmidfinder). Por otro lado, partiendo de una formulación líquida de JD2, se evaluó mediante bioensayos la toxicidad en ratones y ecotoxicidad en *Eisenia foetida* y *Daphnia magna*. Al analizar el genoma se identificaron secuencias de plásmidos tipo Col y replicones de grupos de incompatibilidad IncQ e IncP-like, bastante promiscuos y capaces de replicarse en muchas bacterias gram-negativas. El genoma contiene genes que codifican para factores de virulencia antibacterianos, diversos mecanismos de resistencia, bombas de expulsión activa, y un sistema de secreción de tipo VI, muy versátil, que participa tanto en procesos de virulencia como en otros como movilidad, formación de biofilms e infección de raíces. Las bacterias del género *Delftia* rara vez actúan como patógenos oportunistas, donde su resistencia a antibióticos podría ser determinante. Al evaluar los bioensayos, ni las lombrices ni *Daphnia* expuestas a concentraciones bacterianas de hasta 3×10^8 UFC/ml de inoculante, presentaron signos de toxicidad. Por el contrario, el ensayo crónico de exposición en *Daphnia* evidenció una mayor reproducción en concentraciones mayores a 1×10^6 UFC/ml. No se observaron cambios en el peso animal, ni muertes en ratones, luego de la administración oral de suspensiones bacterianas con 3×10^7 UFC/kg de animal. En síntesis, este trabajo aporta datos de importancia sobre resistencia a antibióticos e inocuidad de JD2, con potencial uso agrícola. Agradecimientos: LABIO y Benten Biotech SRL.

La combinación de trehalosa y polivinilpirrolidona mejora la recuperación de *Pseudomonas donghuensis* SVBP6 a partir de semillas de maíz inoculadas

Autores: Lorch, M.^{1,2}; Valverde, C.^{1,2}; Agaras, B.^{1,2}.

Expone: Lorch, M.

Contacto: mglorch@gmail.com

Afiliación:¹ Laboratorio Fisiología y Genética de Bacterias Beneficiosas para Plantas, Universidad Nacional de Quilmes, Bernal, Buenos Aires, Argentina.² CONICET, Argentina.

Resumen: Los microorganismos promotores del crecimiento vegetal (PGPM) son una herramienta valiosa para la sustentabilidad agrícola. Nuestro laboratorio dispone de una colección de *Pseudomonas* autóctonas con propiedades PGPM. Para caracterizar el desempeño del aislamiento *P. donghuensis* SVBP6 como bio-insumo, evaluamos distintos aditivos, buscando una formulación que le permita alcanzar una bacterización eficiente de semillas de maíz. Inoculamos semillas no desinfectadas de maíz (KM8701 VIP3) según la dosis recomendada (7 ml/kg) de una suspensión bacteriana ($DO_{600}=1,0$), con o sin el agregado de: i) 28,6% v/v del protector comercial Premax® (RASA); ii) 1M de trehalosa (Tre); iii) 1,5% p/v de polivinilpirrolidona (PVP); iv) 1M Tre + 1,5% PVP. Evaluamos la recuperación luego de inocular (día 0). Con los tratamientos i) y iv) realizamos cinéticas de decaimiento de la bacterización, recuperando diariamente las bacterias adheridas y cuantificando en medio selectivo hasta 4 días postinoculación (dpi). Realizamos controles de: a) estrés por desecación, remojando semillas 16 horas previo a la bacterización y recuperando al día 0; b) consumo de Tre como fuente de carbono; c) decaimiento del inóculo, evaluando la viabilidad diaria de la suspensión de $DO_{600}=1,0$ hasta 4 días. Los aditivos mejoraron significativamente la recuperación al día 0 respecto del control sin tratar, siendo $Tre+PVP > Tre > Premax^{\circledR} > PVP$ (57x, 19x, 11x y 4x respectivamente, LSD Fisher, $p < 0,05$). En la cinética tratada con Premax® recuperamos solo hasta 1 dpi, mientras que con Tre+PVP recuperamos hasta 3 dpi (LSD Fisher, $p < 0,05$). La recuperación a partir de semillas remojadas fue más alta al día 0, pero sin efecto del aditivo. Dado que SVBP6 no cataboliza Tre, ni su suspensión pierde viabilidad durante 4 días, la caída en la recuperación de las cinéticas podría deberse al estrés por desecación. Sin embargo, logramos disminuir su efecto usando la combinación Tre+PVP para inocular.

Potencial agrobiotecnológico de bacterias aisladas de plantas de maíz morado amiláceo (*Zea mays L.*)

Autores: Santillana Villanueva, N.

Expone: Santillana Villanueva, N.

Contacto: nery.santillana@unsch.edu.pe



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La investigación se realizó con el objetivo de evaluar el potencial agrobiotecnológico de bacterias aisladas de plantas de maíz morado. Se aislaron cepas bacterianas a partir de raíces de plantas de maíz morado provenientes de los anexos de Cangari, Ayacucho y Huanchuy, Huancavelica, Perú. En laboratorio se evaluaron las características fenotípicas, la capacidad de producir ácido indol acético (AIA) y de fijar el N_2 . Se ha determinado que el 100% de las bacterias evaluadas tienen la habilidad de producir AIA, entre 1 a 60 $\mu\text{g/mL}$, asimismo, el 35% tiene la capacidad de fijar el N_2 . En invernadero, la materia seca de la parte aérea de plantas inoculadas presentó incrementos entre 5 y 17% frente al tratamiento sin inocular, el tratamiento con fertilización química presentó 16% de incremento. La materia seca de la raíz mostró incrementos entre 1 y 79%, frente al control sin inocular y al tratamiento con fertilización química que presentó 6%. En condiciones de campo, al evaluar el contenido de nutrientes en las hojas de las plantas se observaron diferencias significativas entre los tratamientos inoculados y los controles (fertilización química y abonamiento orgánico). Dos bacterias destacaron al permitir incrementos frente al abonamiento orgánico, de 100% en el contenido de N, 63 y 51% en P, 100 y 58% en K, 50 y 18% en Ca, 95 y 91% en Mg y 100% en azufre, respectivamente. La fertilización química presentó incrementos de 26% en N, 27% en P, 4% en K y 41% en Mg. Se ha demostrado el potencial de bacterias asociadas a plantas de maíz morado que podría constituir la base para el uso de inoculantes que mejore el crecimiento de este cultivo, en el marco de una agricultura sustentable. Palabras clave: Rizobacterias, ácido indol acético, fijación de N_2 , *Zea mays L.*

Afiliación: Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, Ayacucho, Perú.

Desarrollo de un inoculante para la movilización de fósforo como insumo en la producción agrícola

Autores: Torres, P.¹; Abreo, E.¹; Beyhaut, E.¹; Garaycochea, S.¹; Martin, N.¹; Rego, N.²; Crispo, N.²; Lage, M.³; Arrospide, G.⁴; Sundberg, G.⁵; Cuitiño, M. J.⁶; Altier, N. 1.

Expone: Torres, P.

Contacto: ptorres@inia.org.uy

Afiliación: ¹Plataforma de Bioinsumos, Programa de Investigación en Producción y Sustentabilidad Ambiental, INIA Las Brujas, Canelones, Uruguay. ²Institut Pasteur, Montevideo. ³Lallemand Inc (Lage y Cía). ⁴Lallemand Inc (CALISTER S.A.). ⁵Lafoner S.A. ⁶Programa de Investigación en Cultivos de Secano, INIA, La Estanzuela, Colonia, Uruguay.



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: Los suelos del Uruguay presentan niveles de fósforo (P) disponible insuficientes para la mayoría de los cultivos, por lo cual es necesario el agregado de fertilizantes fosfatados —insumo importado— con fuerte impacto en los costos de producción y en la salud ambiental. Una de las estrategias para mitigar las pérdidas de P en sistemas agrícolas es el uso de bacterias movilizadoras de P, las cuales aumentan su disponibilidad para las plantas mediante la solubilización y/o mineralización del P del suelo, permitiendo disminuir la dependencia de fertilizantes de síntesis química. Este proyecto tuvo como objetivo desarrollar un biofertilizante basado en cepas de *Bacillus s.l.* mineralizadores/solubilizadores de P que incrementen su disponibilidad para el cultivo de soja. Se conformó una colección con 181 cepas de *Bacillus s.l.* obtenidas a partir de raíces, suelo rizosférico y no rizosférico. Se realizó un *screening* considerando la actividad mineralizadora de P-orgánico (actividad fitasa, producción de ácidos orgánicos) y solubilizadora de P-inorgánico en medio sólido y líquido, la producción de auxinas (AIA) y enzima ACC-desaminasa, producción de biofilm y movilidad (rizocompetencia), actividad hemolítica y crecimiento a 37 °C (inocuidad). Se identificaron tres cepas con las características deseadas (*B.megaterium* ILBB592, *B.aryabhattai* ILBB95 y *B.pumilus* ILBB44) y se obtuvieron los genomas completos. Se evaluó el efecto de la coinoculación con *Bradyrhizobium elkanii* sobre la nodulación y la promoción del crecimiento, determinándose un aumento en biomasa aérea, biomasa nodular, y contenido de P-N en planta. Finalmente, se evaluó la habilidad industrial, desarrollándose un prototipo formulado en base a caolín. En condiciones de campo, se observó un incremento en el contenido de P en las plantas de soja que fueron inoculadas con los *Bacillus s.l.* seleccionados. Su escalado comercial proveerá un insumo para mejorar la nutrición fosfatada, contribuyendo a reducir el impacto ambiental asociado al agregado de fertilizantes minerales.

Efecto de bacterias promotoras de crecimiento en el rendimiento del cultivo de papa en condiciones altoandinas del Perú

Autores: Verástegui Martínez, P.¹; Verástegui Rojas, C.²; Zúñiga Dávila, D.¹.

Expone: Verástegui Martínez, P.

Contacto: dzuniga@lamolina.edu.pe

Afiliación: ¹Laboratorio de Ecología Microbiana y Biotecnología, Dpto. de Biología, - Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Agraria LaMolina. Universidad Nacional de Huancavelica²



Presentado en
diálogos de investigación

Resumen: La gran biodiversidad de microorganismos en el suelo varía, desde donde se pueden seleccionar cepas con capacidades mejoradas de supresión de enfermedades y promoción del crecimiento de las plantas (PGPR) para desarrollar inoculantes bacterianos (Altier et. al, 2013). El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad de un consorcio de tres bacterias PGPR en el crecimiento y rendimiento del cultivo de papa (*Solanum tuberosum* var. Única y Canchán), en condiciones de campo (Acobamba, Huancavelica; Perú) (3906 msnm). Las características del suelo fueron Franco Arcilloso de pH (4.3), cE. 0.20 y Materia Orgánica 1.20%. El diseño experimental fue de bloques completamente al azar con arreglo factorial de cuatro tratamientos y tres repeticiones. Los tratamientos fueron: T1 (Consortio de 3 bacterias), T2 (T1+Materia orgánica), T3 (Materia orgánica) y T4 (tratamiento convencional del agricultor). En los tres primeros tratamientos las semillas tubérculo se sumergieron en una dilución de 30 ml de bacterias (10^8 cel /ml) con 10 lt de agua. Después de emerger las plántulas, a los 15 y 30 días fueron reinoculadas con el mismo volumen del consorcio al cuello de la planta. A la cosecha, en la variedad Canchán, los tratamientos inoculados mostraron mayores valores en rendimiento (R) (44.1 y 40.6 tn/ha) con diferencias significativas respecto al tratamiento convencional (32.5 tn/ha). En la variedad Única, el tratamiento T2 mostró el mayor valor en R (45.7 tn/ha) con diferencias significativas respecto al tratamiento convencional (37.8 tn/ha). Previamente se demostró en ensayos de campo, que al menos algunas de las bacterias inoculadas individualmente, favorecieron el rendimiento en ambas variedades de cultivo de papa (Verastegui et al. 2020). En conclusión, las bacterias PGPR en consorcio utilizadas en el presente trabajo también mejoraron el rendimiento en ambas variedades del cultivo. Agradecimientos: Al proyecto 177-2015-FONDECYT y 009-2017-FONDECYT (Perú). Palabras clave: Consortio, PGPR, Suelo ácido, *S. Tuberosum*.

The interaction between *Azospirillum brasilense* and *Bradyrhizobium japonicum* modifies the *Bradyrhizobium*-soybean symbiosis

Autores: Torres, D.; Donadío, F.; López, G.; Nievas, S.; Mora, V. y Cassán, F.

Expone: Torres, D

Contacto: dtorres@exa.unrc.edu.ar

Afiliación: Laboratorio de Fisiología Vegetal y la Interacción Planta-Microorganismo (INIAB-CONICET). Universidad Nacional de Río Cuarto. Río Cuarto. Córdoba. Argentina.

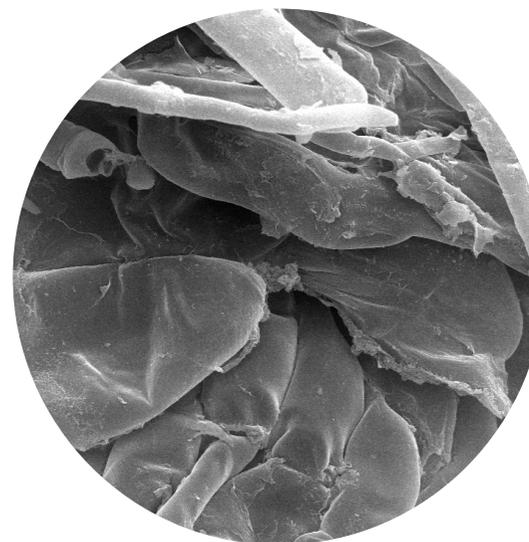
In the last four decades, soybean has been extensively inoculated with *B. japonicum* (biofertilization) as an alternative to chemical fertilization with nitrogen. In South America, *B. japonicum* is commonly co-inoculated with *A. brasilense*, a model free living plant-growth promoting bacteria (PGPR) with the ability to produce phytohormones and boost legume crop yield in combination with rhizobia. Most inoculants for soybean, wheat and maize in Argentina have *B. japonicum* E109 (BjE109) and *A. brasilense*Az39 (AbAz39) as their active principle. The main aim of our study was to compare and evaluate different strategies for the combination of BjE109 and AbAz39, and their impact on BjE109-soybean symbiosis. Five treatments were performed: (1) uninoculated seeds; (2) inoculation with BjE109; (3) inoculation with AbAz39; (4) co-inoculation with BjE109 and AbAz39 (mixed on the seed); and (5) co-inoculation with both strains (mixed 24 h before seed treatment). The mix ratio (1:1) and the time of exposure for treatment 5 were chosen based on preliminary in vitro findings, which showed that BjE109's ability to produce exopolysaccharides and degrade auxins was highest under those specific conditions. For each treatment, we assessed the recovery of viable rhizobial cells from the inoculated seeds across time, as well as the promotion of symbiosis and plant growth in both glasshouse and field assays. Giving AbAz39 and BjE109 time to interact with each other before their application was found to improve the survival of BjE109 on the seeds. It also increased nodulation, symbiosis and grain yield under field conditions. The changes in the behavior of *B. japonicum* seem to be at least partially related to AbAz39's ability to produce auxins. These results contribute to our understanding of the use of combined biological products in agriculture.

SESIÓN 08

LEGISLACIÓN SOBRE REGISTRO Y EMPLEO DE PRODUCTOS MICROBIANOS

Coordinadores: Lic. Bioq. María Maryan (Uruguay) - Ing. Alejandro Perticati (Argentina)

Existen diferentes grados de avance en las normas sobre productos biológicos a nivel mundial. En Latinoamérica la industria de los biológicos se muestra muy activa y rica en iniciativas en casi todos los países y muchos de ellos cuentan con normativas para inoculantes formulados con bacterias del género rizobio y con otros PGPR con mecanismos de promoción directa sobre el crecimiento vegetal así como también para productos formulados con agentes de control biológico. En los últimos años han surgido nuevos productos, generalmente formulados con consorcios microbianos con diferentes funcionalidades que no se ajustan a las normas existentes. Esto ha llevado a que se utilicen una amplia variedad de términos para identificarlos (inoculantes, biofertilizantes, bioestimulantes, elicitores, bioinsumos, productos biológicos, etc.) generando confusión en su identificación. Es necesario contar con definiciones claras que nos permitan clasificar cada producto de acuerdo a su composición y efecto benéfico para poder contar con marcos normativos apropiados para su evaluación. Se deben concretar tecnologías innovadoras para la agricultura basadas en el conocimiento científico, y para ello es necesario un fuerte compromiso de las Empresas, la Academia y el Estado, acompañado de políticas de investigación, desarrollo y extensión respecto al uso de productos biológicos.



Mag. Bio. Romina Almesía (Chile)

CHARLA MAGISTRAL
10:00 HRS.

Normativa de productos agrícolas biológicos en Chile

En respuesta al explosivo crecimiento que han tenido los productos agrícolas de origen biológico, es que los distintos países han ido abordando la regulación en torno a este tipo de insumos, que hoy se han vuelto un elemento importante dentro de los planes de manejo. Sin embargo, no existen armonización de conceptos ni de requisitos, sino que por el contrario cada país ha fijado estándares y ha avanzado en la regulación de plaguicidas o fertilizantes/estimulantes biológicos. En Chile existe un marco normativo con requisitos definidos en el área de los plaguicidas químicos, en el que desde el año 2014 se incluyó el concepto de plaguicida natural que considera a los productos formulado en base a microorganismos, macroorganismos y extractos naturales. Luego, en el 2018 se generó un apartado o sección especial de requisitos específicos para el registro de productos plaguicidas en base a microorganismos. Por otro lado, este año 2021, se dictó una ley que establece normas sobre composición, etiquetado y comercialización de los fertilizantes y bioestimulantes, en la que se incluye el concepto de bioestimulante como tal. Esta nueva ley entregará mayores herramientas al ente regulador para fijar estándares sobre parámetros de calidad, composición, clasificación, envasado, declaración, etiquetado y trazabilidad aplicables a la fabricación, formulación, producción, comercialización, tenencia, importación y exportación de fertilizantes y bioestimulantes. Así como también permitirá la creación de un Registro Único Nacional que hasta la fecha no existía.



Biografía

Magíster Cs en área de ecología molecular microbiana e Ingeniera en Biotecnología molecular de la Universidad de Chile. Experiencia en empresas de bioinsumos agrícolas, gestionando y dirigiendo desarrollos desde el laboratorio al mercado, ejerciendo en i+D+i. Asesor de registros de productos agrícolas biológicos ante el SAG en Chile y a nivel internacional. Consultor de patentes de invención. Directora y Vicepresidenta de la Red Chilena de Bioinsumos.

Dr. Jerri Zilli (Brasil)

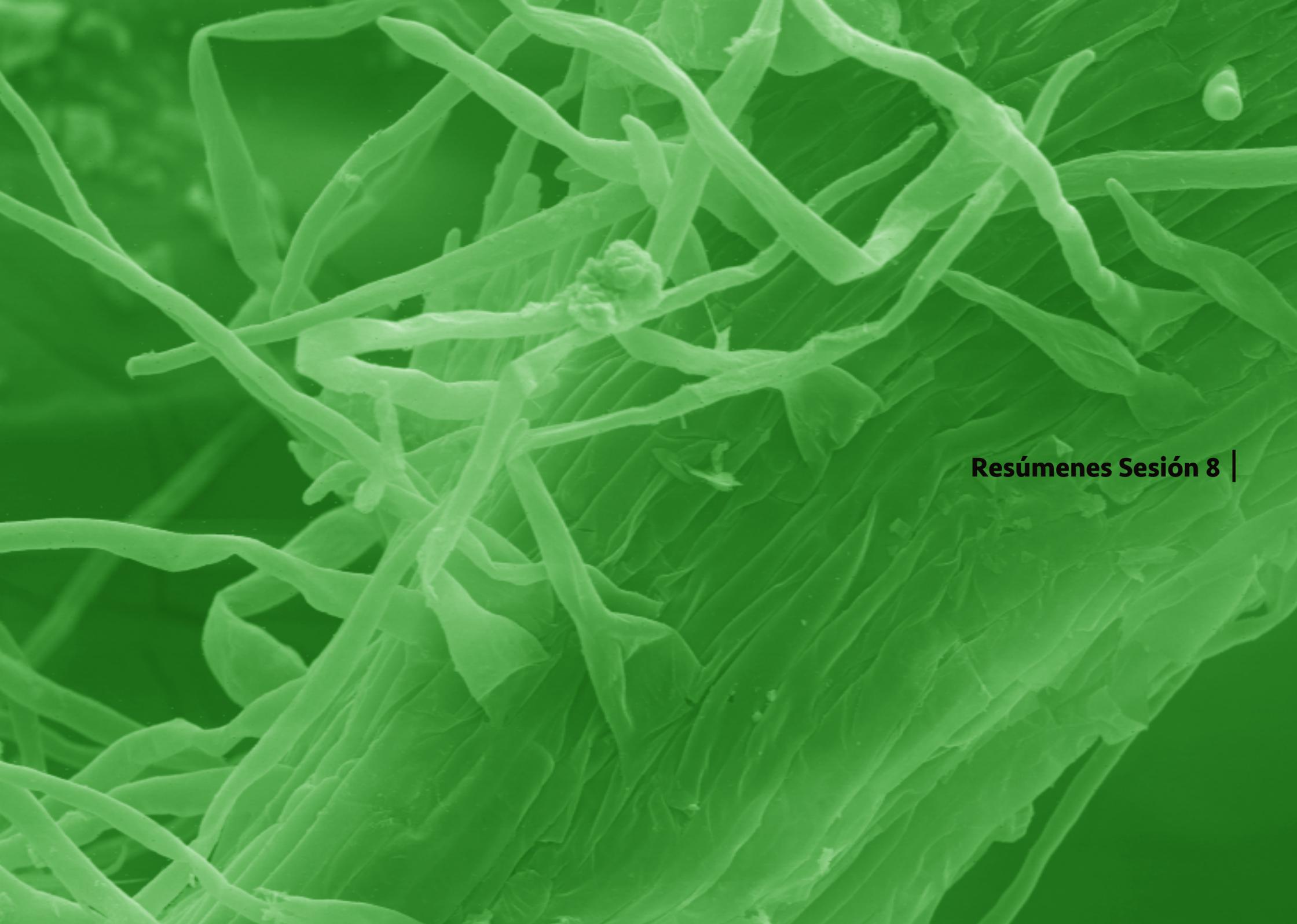
Legislación para el desarrollo de productos microbiológicos que contengan microorganismos promotores del crecimiento vegetal, con énfasis en Brasil

América Latina se ha destacado como una región del mundo con una clara expansión en el desarrollo y uso de bioinsumos en la agricultura. En Brasil, hay más de 150 empresas que desarrollan productos biológicos microbianos para la agricultura. Cada país tiene sus propias reglas para el desarrollo y registro de productos microbianos destinados a la agricultura. En general, cuando los productos están destinados al control biológico, se registran siguiendo las reglas de registro de plaguicidas. Por otro lado, cuando son rizobios u otros promotores del crecimiento, es necesario seguir las reglas de registro de fertilizantes. En otros países de América Latina, las reglas son similares, aunque las peculiaridades inherentes a cada producto son comunes. Países como Brasil y Argentina tienen políticas / programas nacionales diseñados para fomentar el registro de nuevos bioinsumos.



Biografía

Doctor en Agronomía-Ciencias del Suelo por la Universidad Federal Rural de Rio de Janeiro y Postdoctorado por la Universidad de Murdoch en Australia. Investigador de Embrapa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) desde 2003, en el área de Microbiología de suelos, fijación biológica de nitrógeno, fitotecnia y taxonomía microbiana. Es conservador de la colección Cultures del Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner.



Resúmenes Sesión 8 |

Caracterización de un biopreparado líquido elaborado a partir de vermicompost de estiércol bovino

Autores: Cammarota, L.¹; Rodríguez, N.²; Azziz, G.³; Gómez, B.¹; Sánchez, A.¹; Cambon, B.⁴; Cambon, I.⁴; Bajsa, N.²

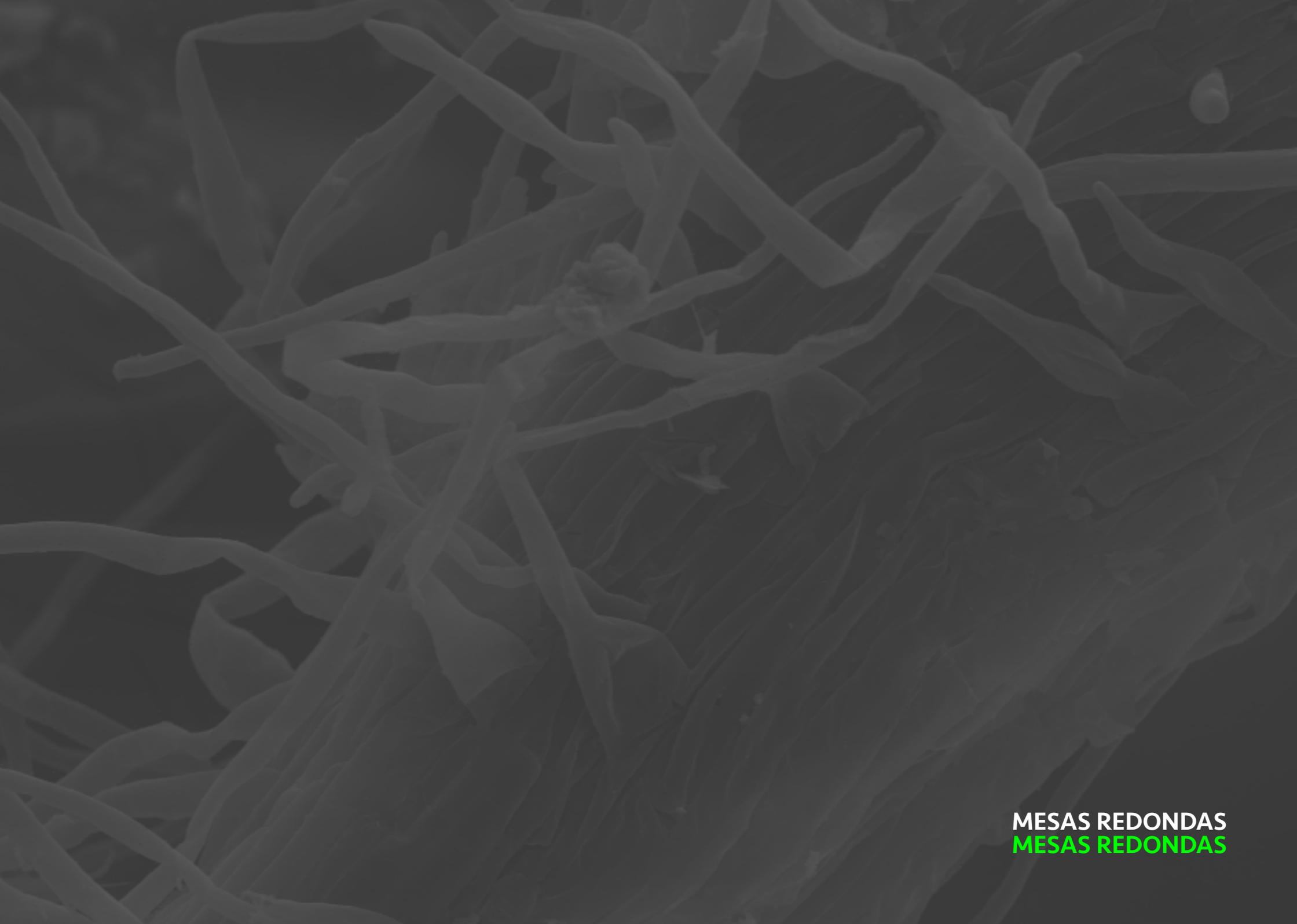
Expone: Cammarota, L.

Contacto: lcammarota@latitud.org.uy

Resumen: La agricultura industrial se basa en prácticas que provocan la degradación del suelo. En Uruguay ha crecido el interés por la producción agroecológica y el uso de bioinsumos para regenerar el suelo. Ejemplo de ello es la empresa TerrÁnima, que elabora un producto líquido por vermicompostaje de estiércol vacuno. Nuestro objetivo fue caracterizar la composición microbiana del biopreparado, su estabilidad y efecto en el suelo. Se cuantificaron poblaciones de microorganismos en el vermicompost (V) y en el producto líquido (L). Se caracterizó la estructura de la comunidad microbiana por secuenciación masiva. Se evaluó el efecto al aplicarlo en 2 tipos de suelo mediante análisis microbiológicos y fisicoquímicos. Se estableció el contenido de microorganismos (V: ufc/g; L: ufc/ml) en varios lotes: bacterias heterótrofas aerobias (V: $2,4 \times 10^8$; L: $8,1 \times 10^8$) y anaerobias (V: $1,6 \times 10^6$; L: $5,5 \times 10^7$), hongos filamentosos (V: $1,4 \times 10^4$; L: $3,6 \times 10^3$), levaduras (V: $2,9 \times 10^4$; L: $2,5 \times 10^4$), *Pseudomonas fluorescens* (V: $5,7 \times 10^5$; L: $7,4 \times 10^6$), actinobacterias (V: $3,9 \times 10^6$; L: <10), lactobacilos (V: $6,7 \times 10^4$; L: $4,9 \times 10^5$), coliformes totales (V: $3,5 \times 10^4$; L: $>1,1 \times 10^5$) y fecales (V: <200 ; L: 36). Levaduras y lactobacilos mantuvieron sus poblaciones en L hasta 17 días de preparado, y el resto de los microorganismos hasta 31 días. En V disminuyeron las levaduras a los 35 días, mientras que el resto de los mo se mantuvieron estables hasta 111 días. Cuatro aplicaciones quincenales de L en el suelo de Canelones produjo un leve aumento de pH (5,7 a 6,1), capacidad de retener nutrientes (cic), saturación catiónica y bacterias heterótrofas respecto al suelo sin tratamiento; mientras que en el suelo de Young aumentó la cantidad de coliformes totales. Este tipo de estudios es relevante para el registro de bioinsumos y su uso efectivo y seguro. Financiación: anii.

Afiliación: ¹Latitud- Fundación LATU; ²Laboratorio de Ecología Microbiana, IIBCE;

³Facultad de Agronomía, UDELAR; ⁴TerrÁnima.



MESAS REDONDAS
MESAS REDONDAS

Lunes 04 de Octubre

MESA REDONDA MUJERES EN LA CIENCIA

Coordina: DRA. SILVIA BATISTA (URUGUAY)

La Mesa redonda propone presentar la participación de las mujeres en la ciencia en algunos países de la región, incorporando los datos generados a partir de distintas instituciones y comisiones de género que se encuentran trabajando en el tema. Asimismo, se debatirá sobre las medidas que podrían adoptarse para incentivar que las mujeres opten por estas carreras y en particular, formarse como líderes referentes.

Panelistas:

Dra. Estela Castillo

Nacida en Tacuarembó, 1966 es Licenciada en Ciencias Biológicas, FHC UdelaR (1989). Obtuvo la Maestría en Ciencias Biológicas, PEDECIBA (1994) y completó la formación de posgrado en la Universidad de Barcelona donde obtuvo el Doctorado en 1997. Madre de 4 hijos. Subdirectora del PEDECIBA. Profesora Agregada de la Facultad de Ciencias. Ha tenido una activa y prolífica actividad de investigación relacionada a la Biología Celular y Molecular de parásitos, responsable de numerosos proyectos financiados, numerosas comunicaciones a congresos nacionales e Internacionales, decenas de artículos publicados en revistas arbitradas internacionales, y varios capítulos de libro. Contribuyo a la formación de recursos humanos dirigiendo tesis de grado y de posgrado. Llevo a cabo muy diversas actividades de cogobierno y de extensión. Ha participado activamente en actividades de divulgación y actualización para enseñanza primaria y secundaria en programas

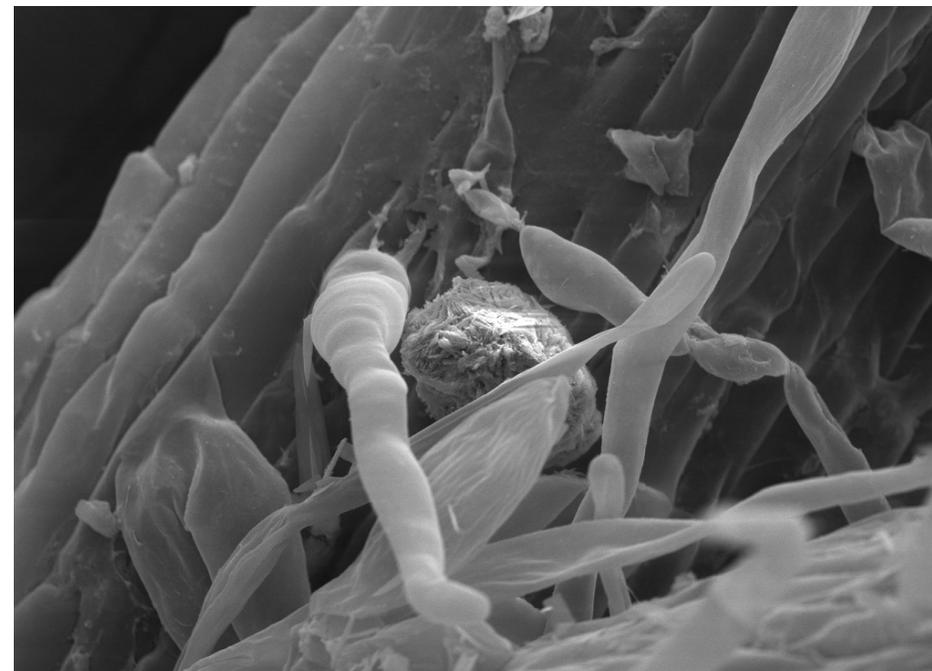
diversos.

Dr.a Mariangela Hungría

Agrónoma, microbióloga, investigadora de Embrapa Soja y profesora de posgrado de la Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil. Especialista en fijación biológica de nitrógeno y otros procesos microbianos relacionados con bacterias promotoras del crecimiento vegetal. Tiene más de 700 tipos de publicación y ha lanzado más de 30 cepas tecnológicas y de inoculantes.
CV <http://lattes.cnpq.br/7355162785040506>

Dra. Esperanza Martinez

Es investigadora Titular C del Centro de Ciencias Genómicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) en Cuernavaca, México. Investiga la convivencia pacífica entre especies: simbiosis mutualistas de bacterias con plantas y animales nativos de México con enfoques metagenómicos y de genómica funcional.



MESA REDONDA

ACTORES INVOLUCRADOS EN EL DESARROLLO Y APLICACIÓN DE BIOINSUMOS: ¿ES POSIBLE UN MODELO ALTERNATIVO DE PRODUCCIÓN?

Coordinadores: Dr. Federico Battistoni (Uruguay)
Dr. Fabricio Cassán (Argentina)

Uno de los principales desafíos del siglo XXI es cubrir la alta demanda alimenticia de la población mundial. En ese sentido, los sistemas productivos actuales basados en prácticas agrícolas focalizadas en el uso de agroquímicos, han llegado a su límite de sustentabilidad ambiental y económica. Para lograr un cambio significativo, nuevas prácticas agrícolas sustentables son necesarias de investigar y desarrollar. En este contexto, los microorganismos naturalmente asociados al sistema suelo-planta juegan un rol fundamental, debido a su ampliamente demostrada capacidad de promover el crecimiento vegetal directa o indirectamente. Este cambio de paradigma implica el esfuerzo de diferentes actores en la cadena productiva, en un camino no exento de adversidades. La finalidad de esta actividad, es fomentar el intercambio de experiencias entre diferentes actores internacionales involucrados en el desarrollo, producción y aplicación de bioinsumos basados en microorganismos promotores del crecimiento vegetal. Para esto, la mesa redonda cuenta con una diversidad de panelistas provenientes de Argentina, Brasil, Chile y Uruguay, así como de un organismo interamericano; que expondrán sobre las ventajas y limitaciones de

la aplicación de bioinsumos en los sistemas productivos. Se propone el intercambio de opiniones en base a la necesidad y posibilidad de desarrollar modelos alternativos de producción más sustentables basadas en bioinsumos.

Panelistas:

Solon C. Araujo- ANPII

Ingeniero agrónomo, graduado en la Escuela de Agronomía Eliseu Maciel, de Pelotas, RS. Empezó como Investigador en el IBPT de Paraná, instalando el Sector de Inoculantes. Posteriormente fue Director Técnico y de I&D en cuatro empresas de inoculantes. Actualmente es socio director de SCA Consultoria y Consultor de la Associação Nacional dos Produtores e Importadores de Inoculantes -ANPII

Maribel Parada Ibañez, Red Chilena de Bioinsumos

Nacida en la ciudad de Linares, realizó sus estudios universitarios en la UFRO, Temuco. Profesora de estado en Biología y Ciencias Naturales, por lo que luchó por hacer de la docencia su profesión. Inicia su actividad profesional trabajando en Fitopatología en la Estación Experimental Carillanca, INIA. En agosto de 1990 ingresa a la Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales de la UFRO. Su actividad docente y de investigación ha estado centrada en el área de la fitopatología y la microbiología. Es Magíster en Ciencias mención Protección Vegetal, por la UACH y Doctora en Biología Molecular y Celular por la Universidad de Sevilla, España. Directora del Centro Biotecnológico de Estudios Microbianos (CEBEM), Vicepresidenta y Coordinadora Nacional de la Asociación Latinoamericana de Rizobiología y Presidenta de la Red Chilena de Bioinsumos A.G.

Tomás Pedro Krotsch.

Desde 2004 es Especialista en Sanidad Agropecuaria, Inocuidad y Calidad de los Alimentos (SAIA) en el Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura – IICA, desempeñó ese cargo en el IICA en Brasil y, desde 2009 en Argentina. Veterinario, formado en el año 2000 con Especialización en Producción Animal en la Universidad de Buenos Aires – UBA. Colabora desde 2013 en el fortalecimiento de la institucionalidad para la promoción del uso y desarrollo del sector de los Bioinsumos en la Argentina, fomentando el diálogo y el intercambio entre los sectores público, privado y entre los diferentes países. Es miembro observador por parte del IICA en el Comité Asesor de Bioinsumos de uso Agropecuario (CABUA) que funciona en el ámbito de la Coordinación de Innovación y Biotecnología de la Dirección Nacional de Bioeconomía de la Secretaría de Alimentos, Bioeconomía y Desarrollo regional del Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca.

Pedro Lage, Lage y Cía (Lallemand)

Pedro Lage Ponce de León

7 de febrero de 1963, Montevideo, Uruguay

2019-2021:Lallemand Plant Care. Gerente Comercial Argentina, Chile y Uruguay.

1996-2019: Lage y Cía. S.A., Uruguay, Gerente Comercial

2000-2010: Nitrasoil Argentina S.A., Argentina, Director

1996-2000: Universidad ORT, Uruguay. Coordinador de Graduados y Postgrados, Facultad de Ingeniería

1991-1992: Ministerio de Transportes y Obras Públicas, Uruguay.

Dirección Nacional de Vialidad, Departamento de Estructuras.

Ayudante de Ingeniero.

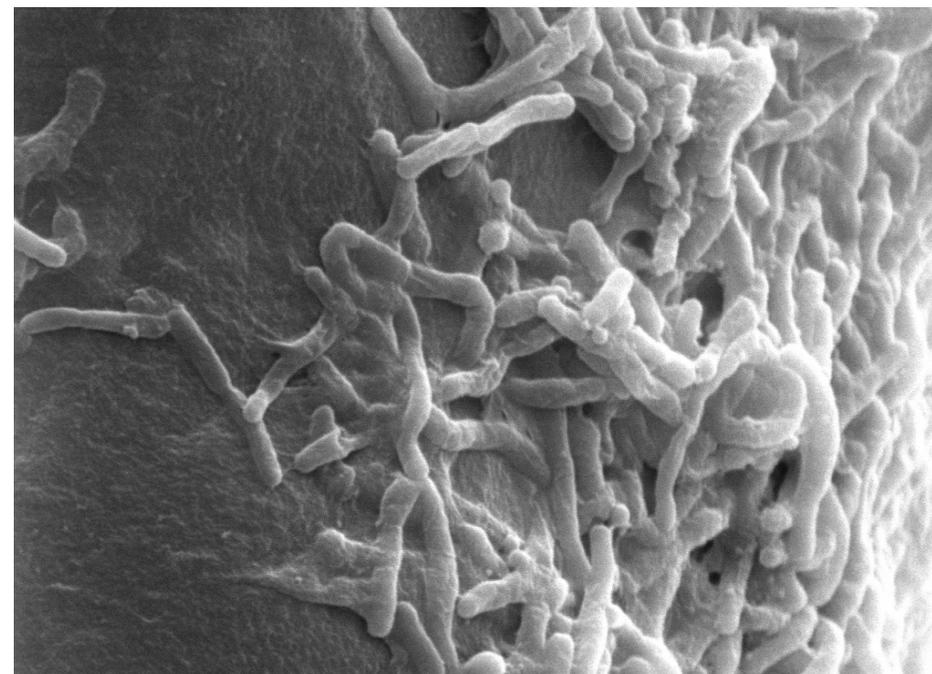
1993-1994: MBA, IAE, Universidad Austral, Argentina.

1982-1992: Ingeniero Civil, opción Estructural. Facultad de Ingeniería, Universidad de la República Oriental del Uruguay--

Dr. Roberto Rapela

Médico Cirujano, Facultad de Medicina UBA, Argentina.

Ex Presidente y Miembro Fundador de CACER (Cámara de Certificadoras de Alimentos, Productos Orgánicos y Afines). Ex Vicepresidente de CALIBA (Cámara Argentina de Laboratorios Independientes Bromatológicos y Afines). Ex Presidente de FOOD SAFETY S.A., Empresa de Servicios de Certificación. Apoderado de Laboratorio Biomédico Dr. Rapela. Presidente de ALEPAR S.A. (Empresa Productora de Ganadería Sustentable). Presidente de la Fundación sin fines de lucro CECEX (Centro de Estudios de Comercio Exterior). Miembro Adherente Alianza del Pastizal -iniciativa para la Conservación de la biodiversidad de los Pastizales del Sur de Sur América. Representante de Mapo en CABUA, (Comité Asesor en Bioinsumos de Uso Agropecuario). Miembro fundador y presidente de CABIO (Cámara Argentina de Bioinsumos). Presidente de HMA4 S.A. (Empresa Nacional productora de Bioinsumos para uso Agropecuario)



ÍNDICE DE AUTORES

A

Abreo, E.	155
Abreu Bomfim, C.	58, 70
Agaras, B.	153
Aguilar Cuba, Y.	105
Aguirre Noyola, J. L.	129
Álamo, T.	45
Alaniz, S.	26
Albornoz Molano A. J.	130
Altier, N.	155
Álvarez Flórez, F.	43
Amarelle, V.	42, 101, 113
Angelini, J. G.	74, 24
Anzuay, M. S.	24
Arias Duque, N.	65
Armengaud, J.	59
Arrospide, G.	155
Ávila, A.	32
Ávila, E.	51
Azevedo Santos, L.	60, 61
Azziz, G.	95, 114, 163

B

Babin, D.	27
Bajsa, N.	134, 136, 137, 163
Balestena, D.	31
Banchio, E.	49, 106
Barbieri, P. A.	132, 133
Barbosa, M. C.	122
Barreto, E.	107
Batista, S.	152
Battistoni, F.	44, 67, 102, 121, 123, 124, 126, 127, 128

Beauregard, P. B.	77
Benavides, H.	41
Berais, A.	25
Bernaschina, Y.	131
Berriel, V.	149
Beyhaut, E.	47, 81, 155
Bianucci, E.	71, 120
Bini, A. R.	35
Blanco, D. C.	107
Boenel, M.	96
Bogino, P. C.	74, 75
Bonilla Buitrago, R.	63, 150
Bovio, P.	123
Bravo, A.	97
Bravo, G.	52
Briega, A. H.	82, 83, 86
Brígido, C.	59, 98
Bueno dos Reis Junior, F.	58, 70
Bujanda, R.	26
Cabello, M. N.	133

C

Cafiero, J. H.	100
Cagide, C.	79
Caires, E. F.	35
Cambon, B.	163
Cambon, I.	163
Camelo Rusinque, M.	63, 150
Cammarota, L.	163
Campmajó, G.	79
Canchaya, C. A.	105
Cappellari, L.	49, 106

Carbone, M. J.	26
Cárdenas De la Cruz R.	69
Cárdenas, C.	99
Cardozo, K.	82, 83, 86
Carletti, S.	72
Caro, A.	34
Carrera, E.	79
Carvalho Dias, A.	60, 61
Cassán, F.	32, 75, 84, 157
Castagno, N.	66
Castañares, J. L.	73
Castaño, C.	62
Castro Sowinski, S.	79
Castro, S.	71, 120
Cavalcanti Alves, G.	60, 61
Centeno Torres, J.	50
Cerecetto, V.	27
Chaparro Rodríguez, M. L.	151
Charifeh, M.	99
Chiappero, J.	49, 106
Colognese, L.	86
Commatteo, J. G.	132, 133
Coniglio, A.	32, 75, 84
Contreras Liza, S.	28
Corallo, B.	42
Cortes Patiño, S.	43, 150
Cortés Patiño, S. L.	63
Costa, A.	42, 101, 113
Covacevich, F.	132, 133
Criollo Campos, P.	63, 150
Crispo, N.	155
Croce, V.	64
Croci, C.	109, 110

Croci, S.	29
Cruz Barrera, M.	151
Cuadros Segura, F.	65
Cuitiño, M. J.	155
Cullanco Huaraca, C. R.	68
Cumpa Velásquez, L. M.	66
da Luz, B. C.	82, 83

D

de Carvalho Mendes	58, 70
de los Santos Villalobos, S.	48
de los Santos, M. C.	67, 126, 128
de Oliveira, L. S.	82, 83
de Souza, E.	32
Del Papa, M. F.	100, 115
Del Pino Machado, A.	137
Delpino, J.	25
Diaz Ariza, L. A.	130
Diaz Gallo, S. A.	130
Dip, D.	66
Donadio, F.	84, 157
Dourron, J.	127
Eastman, G.	110
Eastman, I.	102, 109, 110

E

Eichmeier, A.	26
Erdozain Bagolín S. A.	115
Espino Tipismana, G.	69
Espinoza de Arenas L. M.	68, 69, 69
Estrada Bonilla, G. A.	34, 43, 63, 85, 150, 151
Estrada de los Santos, P.	103
Estrella, M. J.	66
Etto, R. M.	35
Fabiano, E.	42, 101, 110, 113, 121
Fabra, A.	45, 122
Felde, R.	82, 83

F

Fernández Scavino, A.	33
Fernández, B.	44, 128
Fernández, L.	62
Ferrando, L.	29, 31, 64
Ferrari, E.	127
Ferreira Coelho, L. G.	58, 70
Ferreira Rodrigues da Silva, T.	60, 61
Figueredo, M. S.	45
Fontenla, S.	96
Fornasero, L. V.	115
Freire, R. L.	64
Fresia, P.	131
Furlan, A.	71, 120
Galdino, J. V.	82, 83
Galvão, C. W.	35
Garabato, F.	102, 109, 110

G

Garaycochea, S.	131, 155
García, P.	62
García, S.	46, 139, 141
Gelabert, M.	26
Ghiazza, C.	31
Gil, S.	49, 106
Giménez, M.	25, 152
Gómez Álvarez, M. I.	151
Gómez, B.	163
Gonçalves, D. R. P.	35
Gonnet, R.	134
Gonzalez, A.	127
Gonzalez, M.	89, 124
Gramaje, D.	26
Guido, A.	46
Gutiérrez, V. J.	51
Helmann, J.D.	112
Hernández Sánchez, K.	30

H

Hernández, I.	121
Hrovat, K.	120
Ibañez, F.	122
Iglesias, I.	47

I

Iriarte, A.	110
Izaguirre Mayoral, M. L.	80
Jiménez Salgado, T.	30
Karas, L. P.	35

J

Kelemen, M.	120
-------------	-----

K

Králová, S.	113
Lagares, A.	97, 100, 115
Lage, M.	155

L

Lagurara, P.	136
Lanza, M.	123
Larama, G.	32
Larraburu, E.	72, 73
Lassevich, D.	136
Lattanzi, F. A.	46
Leoni, C.	27, 131
López Mársico, L.	135
López, G.	75, 84, 157
Lorch, M.	153

Lorda, G. S.	62, 74
Lozano, M.	100
Lucas, C.	125
Lucero, C. T.	74
Ludueña, L. M.	24, 74
Luna, M. F.	108
Lutts, S.	52
Maiale, S.	66
Mareque, C.	123, 124, 127
Marin, A.	32

M

Martin, N.	155
Martínez Romero, E.	129
Martínez, A.	31
Martinez, S.	72
Martins do Vale, H. M.	58, 70
Más Rojas, B.	87
Massena Reis, V.	60, 61
Mateos, P. M.	98
Megías, M.	58
Memenza Zegarra, M.	50
Memenza, M.	89
Mendoza Labrador, J.	150
Meneguzzi, R.	49, 106
Menéndez, E.	98
Menes, R. J.	113
Merini, L.	62
Mestre, M. C.	96
Molano Chávez, L.	150
Molina, R.	32, 75, 84
Mondino, P.	26
Montañez, A.	114, 125
Montero Vivanco, J. Y.	69
Monza, J.	25, 104, 137, 149
Mora, V.	32, 75, 84, 157
Morales Cedeño, L. R.	48

Moreira, V.	26
Morel, M. A.	25, 79, 104, 152
Moresco, E.	83, 82, 86
Moriconi, J.	66
Morla, F.	24, 71
Muguruza, A.	135
Nápoles, M. C.	121
Nievas, F.	74

N

Nievas, S.	75, 84, 157
Nilsson, J.	78
Núñez, O.	79
Ogata Gutiérrez, K.	50, 89
Olivaro, C.	79

O

Oliveira, L. R.	86
Ollero, F. J.	58
Ormeño Orrillo, E.	105
Ortiz Ortiz, J. C.	88

P

Paço, A.	59, 98
Palermo, T.	49, 106
Pan, D.	42
Panzera, M.	101
Paolini, S.	108
Patiño Torres, C.	76
Pedraza Herrera, L. A.	107
Pedraza, L. A.	77

Peirano, M.	108
Pelicon, P.	120
Peralta, J. M.	71
Perdomo, C.	149
Perea Molina, P. A.	77
Pereira Mora, L.	33
Pereira Torres, D.	98
Pérez Baldassari, M.	64
Pérez Pérez, R.	121
Perrig, D.	71
Pezzani, F.	46, 134, 135, 138
Pin Viso, N.	24
Pistorio, M.	78, 108
Platero, R.	67, 102, 109, 110, 126, 136
Pongreac, P.	120
Poschenrieder, C.	120
Puig, L.	66
Pulido, X.	88

Q

Queirolo A.	137
Quinet, M.	52

R

Ramirez, R. A.	88
Rego, N.	155
Renzo, A.	87
Restrepo, H.	41
Ríos Ruiz Winston, F.	87
Rivas, F.	47
Rivero, D.	121
Riviezzi, B.	79
Rodrigues Alves, B. J.	61
Rodríguez Loor, M. E.	80
Rodríguez, C.	102, 109, 110

Rodríguez, J.	122
Rodríguez, N.	136, 163
Rodríguez, V.	34
Rodríguez, Y.	73
Rojas Tapias, D. F.	34, 112
Roldán, D. M.	42, 113
Romero Perdomo, F.	85
Rosas Morales, M.	30
Rosas Pérez, M. L.	151
Rosas, J.	81
Rosconi, F.	44
Rosenblueth, M.	129
Ruiz Esquide, J. M.	136
Ruiz, S.	81

S

Salvetti, M.	100
Sánchez, A.	163
Sánchez, B.	89
Sandes, L.	102, 109, 110
Sanjuán, J.	104
Sannazzaro, A.	66
Santa María, G.	66
Santillana Villanueva, N.	154
Santos Silva, P. D.	82, 83
Santos, M. P.	72
Santos, R.	89
Santoyo, G.	48
Sarmiento, L.	78
Saurina, J.	79
Seeger, M.	52
Senatore, D.	137
Senger, M.	82, 83, 86
Severiano Hernández, B.	30
Silva, C.	114, 125
Siri, M. I.	64
Smalla, K.	27

Solans, M.	96
Sotelo, J.	110
Steinmetz, G.	59
Stewart, S.	42
Stoll, A.	124
Suárez Estrada, M.	150
Sundberg, G.	155

T

Takahashi, W. Y.	35
Takata, V.	137
Tapia García, E. Y.	103
Tapia Hernández, R. A.	30
Tartaglia, C.	104
Taulé, C.	121, 123, 126, 127
Taurian, T.	24, 74
Tekielska, D.	26
Terra, M. S.	138
Tiscornia, S.	42
Tonelli, M. L.	45, 122
Torres Cuesta, D.	85
Torres, D.	
Torres, D. P.	32, 59, 75, 84, 157
Torres, P.	155
Trasante, T.	95, 114, 125, 136

U

Uribe Vélez, D.	77
Uribe, D.	41, 107
Urrea Valencia, S.	86, 35

V

Vacca, C.	100
Valdez Nuñez R. A.	87
Valverde, C.	97, 153
Vargas García, C.	85
Varon López, M.	51, 88
Vavpetič P.	120
Vaz Jauri, P.	44, 67, 114, 125
	128
Vázquez, E.	95
Vega Celedón, P.	52
Velez Delgado, J. F.	80
Verástegui Martínez, P.	89, 156
Verástegui Rojas, C.	156
Vidal, R.	95, 114
Viera, F.	101
Villa, F.	71
Vincenti, J.	71
Vio, S. A.	108
Vogel Mikuš, K.	120

W

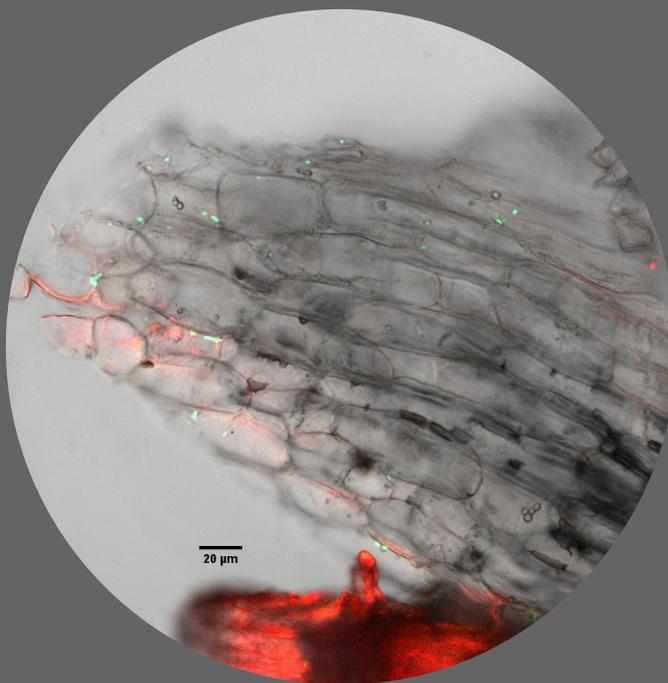
Wajswol S.	137
------------	-----

Y

Yáñez Prieto, C.	65, 99
Yarte M.	72
Yasiel Villadeza, C.	28

Z

Zabaleta, M.	101
Zuber, N. E.	115
Zúñiga Dávila, D.	50, 89, 105, 156



PROMOVIENDO LA INTEGRACIÓN
LATINOAMERICANA

Organizan



Declaran de interés



Apoya



Patrocina





**RELAR
PGPR
2021**

www.relar-pgpr.com

