

NOVEDADES CIENTÍFICAS EN 2019 EN CIENCIAS AMBIENTALES

LA ACTIVIDAD AGRÍCOLA AFECTA A LAS INTERACCIONES DE LA COMUNIDAD MICROBIANA DEL SUELO

La actividad agrícola produce perturbaciones en el suelo que afectan a los microorganismos que habitan en él. Hay numerosos estudios que han demostrado el importante papel que tienen las características del suelo, el clima, la vegetación y los usos del suelo en la abundancia, diversidad y estructura de las comunidades microbianas del suelo. Sin embargo, aún hay escasa información de cómo afectan estos factores en las interacciones bióticas entre las distintas especies. Las interacciones entre los organismos son esenciales para el funcionamiento de los ecosistemas, como por ejemplo las relaciones entre plantas e insectos polinizadores o la presencia de micorrizas.

Recientemente se han desarrollado nuevas formas de estudiar las interacciones entre organismos basadas en el análisis de co-abundancia entre los distintos taxones existentes. De esta manera, pueden identificarse relaciones positivas (co-ocurrencia) entre organismos, que tienen lugar cuando las abundancias entre una especie y otra se correlacionan positivamente, indicando que dichas especies establecen asociaciones cooperativas o de co-dependencia, como por ejemplo que un microorganismo facilite la degradación de la materia orgánica para otro tipo de microorganismo. Pero también pueden identificarse relaciones negativas (co-exclusión), en las que hay una correlación negativa entre las abundancias de ambas especies debido a interacciones antagonistas o inhibitorias entre ellas, como en el caso de la producción de antibióticos o la competencia por los recursos.

Conociendo estas relaciones de co-abundancia se pueden construir redes o grafos que muestre de forma visual todas las interacciones, tanto posi-

vas como negativas (representadas por enlaces de diferente color), entre los distintos taxones, como especies, géneros, familias u otro tipo de grupos taxonómicos de microorganismos (representados por nodos en el grafo). El análisis de la complejidad de estas redes puede ofrecernos abundante información acerca de la regulación, funcionamiento y estabilidad de las comunidades microbianas del suelo.

Aunque ya se han llevado a cabo algunos estudios sobre el efecto de la agricultura en las interacciones microbianas y en la complejidad de estas redes, todos ellos han sido realizados a escala local, lo que no permite alcanzar unas conclusiones generales válidas para distintos tipos y usos del suelo. Por ello, un estudio realizado por investigadores franceses (*Scientific reports*, **9**, 3812, 2019) ha llevado a cabo un análisis de redes de co-ocurrencia de bacterias a escala nacional (Francia) en función del uso del suelo para conocer la respuesta de los microorganismos ante las perturbaciones del suelo.

Para realizar el estudio, los investigadores obtuvieron datos y muestras de suelo de hasta 2.173 puntos entre 2002 y 2009 de la Red de Medida de Calidad de los Suelos de Francia (Réseau de Mesures de la Qualité des Sols, RMQS), cubriendo los 550.000 Km² del territorio francés (Figura 1). Las diferentes muestras fueron clasificadas en cuatro usos distintos, representando así un gradiente de intensidad de cultivo que tuviera en cuenta el manejo de la cubierta vegetal y el grado de perturbación del suelo debido a prácticas agrícolas tales como el laboreo, fertilización y aplicación de pesticidas. Estos usos fueron: “forestal”, suelos naturales o semi-naturales con un tiempo de renovación de la cubierta vegetal en escala de décadas y en los que no se realiza laboreo, muy escasa mecanización y sin entradas de fertilizantes ni pesticidas; “pastizal”, con tiempo de renovación de la cubierta vegetal mayor de 6 años, laboreo ocasional y escaso aporte de fertilizantes y pesticidas; “cultivo”, con renovación anual y numerosas intervenciones a lo largo del año (laboreo, siembra, fertilización y aplicación de pesticidas); y por último “viñedo” (en

el que se incluyen además otros tipos de plantaciones frutales), con intervenciones similares al “cultivo” pero de mayor intensidad y frecuencia dado su carácter perenne.

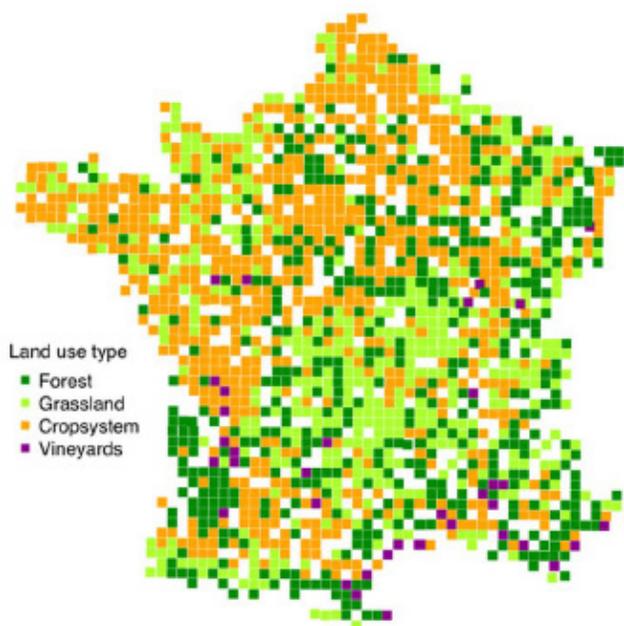


Figura 1. Mapa de los puntos de muestreo clasificados en función del uso del suelo. Forest: forestal, Grassland: pastizal, Crop system: cultivo, Vineyards: viñedo. (Fuente: B. Karimi y col., 2019).

En estas muestras se analizaron diversos parámetros físico-químicos, tales como textura, pH, carbonatos, capacidad de intercambio catiónico y contenido en carbono orgánico, nitrógeno, fósforo y en cationes intercambiables. Además, se recopilaron los datos climáticos correspondientes a las localizaciones de estas muestras.

Por otro lado, se extrajo el ADN de las muestras y se secuenciaron los genes del ARN ribosómico 16S para bacterias y arqueas. Una vez filtradas las secuencias obtenidas se compararon con bases de datos de referencia (SILVA) para determinar la composición taxonómica y abundancia a nivel de género de la comunidad microbiana en cada suelo y se calculó la diversidad de especies y géneros (riqueza o número de especies o géneros, índice de Shannon y equidad de Shannon).

Con los datos de abundancia de los 1.355 géneros distintos identificados en el estudio se construyeron redes de co-ocurrencia para cada uno de los cuatro usos del suelo, empleando para ello las correlaciones

de Spearman obtenidas entre cada par de géneros y clasificando las interacciones como positivas (facilitación) o negativas (antagonismo) en función del signo del coeficiente de correlación. El análisis topológico de estas redes incluyó el cálculo de diversas métricas, como el número de enlaces (positivos y negativos), densidad o conectancia (proporción de enlaces existentes respecto a todos los posibles), longitud de camino medio (valor medio de los caminos más cortos entre todos los pares de nodos) y grado medio (número medio de enlaces que tiene cada nodo con los demás nodos). Los 20 géneros (nodos) con mayor grado se consideraron como centros de conexión (hub), es decir aquellos géneros de bacterias con más conexiones dentro de la red, y por tanto los de mayor relevancia ecológica. Todos estos resultados fueron comparados entre los cuatro tipos de uso del suelo analizados en este estudio.

El análisis de las redes mostró cambios significativos en la complejidad de las redes con el gradiente de intensidad de la actividad agrícola, obteniendo redes densas y compactas con elevado número de conexiones en los usos con menos perturbaciones en el suelo (forestal y pastizal), mientras que en los usos de mayor impacto (cultivo y viñedo) las redes fueron más dispersas, abiertas y divididas y con módulos satélite cada vez menos interconectados con el centro de la red (Figura 2).

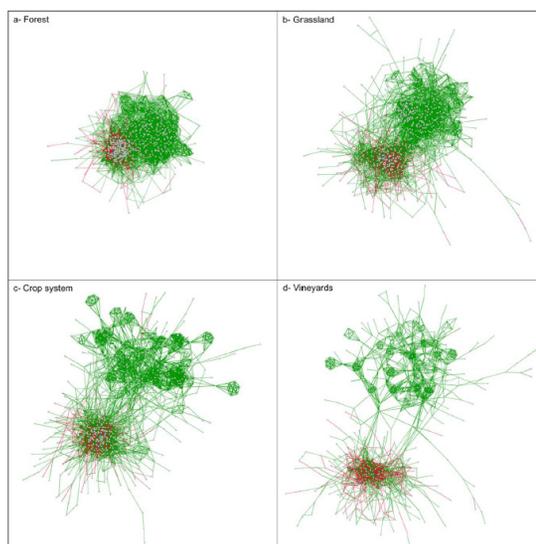


Figura 2. Visualización de las redes de co-ocurrencia en cada uno de los usos del suelo. Los enlaces en verde representan las interacciones positivas, mientras que los enlaces en rojo representan las interacciones negativas. (Fuente: B. Karimi y col., 2019).

También se observó un descenso en el número de enlaces, densidad y grado medio del uso forestal al viñedo (Tabla 1), métricas que cuantifican las relaciones directas entre microorganismos y el grado de complejidad del sistema. Asimismo, disminuyó en el mismo orden la longitud de camino medio, la cual incluye las relaciones indirectas entre taxones en las que intervienen organismos intermediarios, traduciéndose en una menor cohesión de la red en el cultivo y viñedo.

A pesar de la disminución de las anteriores métricas de la red, se pudo ver sin embargo un aumento en la proporción de enlaces positivos respecto a los negativos en los usos más intensivos (Tabla 1). Esto indica que las relaciones de inhibición entre microorganismos pudieron estar más afectadas por las actividades agrícolas que las relaciones de facilitación. El bajo contenido en materia orgánica y nutrientes de los suelos más alterados por la agricultura debe de haber favorecido la selección de especies oligotróficas o de aquellas capaces de degradar materia orgánica recalcitrante, manteniendo así asociaciones positivas con otras especies. De hecho, se vio que en los usos más intensivos (cultivo y forestal) los géneros más conectados con la comunidad

(hub) correspondían a bacterias oligotróficas, como *Bradyrhizobium*, *Acidicaldus* y *Isosphaera*. En cambio, en los usos forestal y pastizal, más ricos en carbono orgánico y nutrientes, los géneros hub fueron copiotróficos, pertenecientes al filo Bacteroidetes (*Flavobacterium* y *Terrimonas*).

Por otra parte, resultó sorprendente que la diversidad aumentara con el gradiente de intensidad agrícola, como reflejan los diferentes índices mostrados en la Tabla 1, siendo el cultivo y el viñedo los usos con mayor riqueza y diversidad de géneros y especies a pesar de presentar comunidades microbianas de menor complejidad. La presencia de mayor número de especies debería implicar en teoría una mayor cantidad de interacciones. Sin embargo, las especies presentes en la comunidad y las interacciones bióticas que mantienen deben de responder de forma independiente ante las alteraciones ambientales.

Los resultados de este estudio indican claramente que el orden de complejidad y cohesión de la red de interacciones microbianas disminuye con el gradiente de intensidad (forestal > pastizal > cultivo > viñedo), presentando los viñedos suelos con múltiples géneros de bacterias aislados del resto de la comuni-

Tabla 1. Índices de diversidad y métricas de la red de co-ocurrencia entre microorganismos en los cuatro usos del suelo.

Métricas	Forestal	Pastizal	Cultivo	Viñedo
Riqueza especies	1083	1238	1306	1343
Índice Shannon especies	5,27	5,41	5,50	5,57
Equidad especies	0,18	0,18	0,19	0,19
Riqueza géneros	285	333	360	360
Índice Shannon géneros	4,04	4,19	4,25	4,26
Equidad géneros	0,21	0,20	0,20	0,20
Nº enlaces	16431	5846	4123	2047
Nº enlaces positivos	12042	4540	3101	1794
Nº enlaces negativos	4388	1307	1021	343
Enlaces positivos/negativos	2,9	3,7	3,5	5,5
Densidad	0,008	0,003	0,002	0,001
Longitud camino medio	0,139	0,129	0,116	0,080
Grado medio	16,2	5,8	4,1	1,0

dad, con la que tienen poca interacción. Esta menor complejidad en suelos agrícolas podría deberse a una pérdida de biomasa microbiana como ya se ha visto en estudios previos, es decir, a una menor cantidad total de células, reduciéndose así la probabilidad de que las células se encuentren entre sí e interactúen directa o indirectamente.

Otra hipótesis plantea que el aislamiento de la comunidad microbiana se debe a una mayor independencia metabólica de los microorganismos; la perturbación del suelo producida por las prácticas agrícolas puede llevar a una mayor diversidad bacteriana y a la proliferación de poblaciones oportunistas y patógenas autosuficientes que no necesitan interactuar con otras para ser metabólicamente eficientes.

Otra causa podría ser que el laboreo deja el suelo más homogéneo y con poros menos interconectados, lo que induce el aislamiento físico de parte de la comunidad microbiana con una menor distribución espacial de los nichos ecológicos en el suelo.

Todo esto sugiere que los usos más naturales, como el forestal y pastizal en los que la estructura del suelo no ha sufrido graves alteraciones y no hay una seria limitación de los recursos, presentan un mosaico de nichos ecológicos completos y bien conectados entre sí, los cuales son compartidos por poblaciones bacterianas no oportunistas. Por el contrario, los suelos agrícolas consisten en hábitats donde los nichos están incompletos, parcialmente inconexos y con poblaciones de bacterias aisladas espacialmente y metabólicamente de otras poblaciones debido a la

alteración del suelo y la escasez de recursos.

Esta investigación demuestra cómo las interacciones que tienen lugar en la comunidad microbiana responden ante los diferentes usos del suelo y las perturbaciones ambientales ocasionadas por la actividad agrícola. Las redes de co-ocurrencia pueden aportar información complementaria a la suministrada por análisis más clásicos como el de los índices de diversidad o la composición taxonómica para conocer la dinámica de los microorganismos en el suelo, de forma que permita evaluar con detalle la estabilidad y el funcionamiento de los ecosistemas.

EL CAMBIO CLIMÁTICO Y LA SOBREPESCA PUEDEN AUMENTAR LOS NIVELES DE METILMERCURIO (MeHg) EN LOS DEPREDADORES MARINOS

En el año 2017 entró en vigor el Convenio de Minamata con el objeto de proteger la salud humana de los efectos producidos por el mercurio y compuestos derivados, y preservar el medio ambiente de emisiones antropogénicas. Debe su nombre a la ciudad de Japón donde a finales de los años 50, los habitantes padecieron graves efectos debido al envenenamiento por mercurio que se encontraba como contaminante en las aguas residuales industriales. Este convenio, firmado actualmente por 128 países, se centra en una serie de medidas dirigidas a la reducción del uso del mercurio en determinados productos y procesos, fomentar medidas de control de las emisiones (atmósfera, agua, suelo), adopción de mejores prácticas y alternativas más seguras, control de su circulación



**Minamata
Convention
on Mercury**

Figura 3. El Convenio de Minamata se aprobó en 2013 (Kumamoto, Japón) y entró en vigor en 2017. Es un tratado global para proteger la salud humana y el medio ambiente de las emisiones y liberaciones antropogénicas de mercurio y compuestos derivados. (Fuente: ONU. Programa para el medio ambiente).

etc., En definitiva, trata todo lo relativo al mercurio a lo largo de su ciclo de vida, desde su extracción hasta su gestión como residuo (Figura 3).

A pesar de que se han reducido las emisiones de Hg debido a las diferentes estrategias, medidas políticas y normativas, aproximadamente el 80% del mercurio inorgánico (Hg) que se emite a la atmósfera procedente de fuentes naturales y humanas se deposita en el océano, donde parte es convertido en metilmercurio (MeHg) por microorganismos. Este compuesto se acumula en los tejidos debido a su lipofilia y gran capacidad para unirse a las proteínas, por lo que se biomagnifica a lo largo de las redes tróficas marinas, donde peces depredadores (pez espada, atún, cazón, etc.) pueden presentar elevadas concentraciones de MeHg. Por ello, el pescado y marisco contaminado que pasa a la cadena alimentaria se encuentra entre las fuentes principales de exposición humana al MeHg. En la actualidad se calcula que más de tres mil millones de personas dependen del pescado para su alimentación. Por ejemplo, en Estados Unidos, el 82% de la exposición de la población al MeHg proviene del consumo de pescado procedente del mar y casi el 40% es solo de atún fresco y enlatado. La exposición humana a MeHg se ha asociado con déficits neurocognitivos en niños que persis-

ten en la edad adulta, deficiencia sensorial y motora, cambios en el comportamiento, ataxia muscular, pérdida visual, etc.

Un trabajo publicado recientemente por investigadores de la Universidad de Harvard y St. Andrews Biological Station (SABS) ha puesto de manifiesto que el aumento de la temperatura del océano y los programas de gestión de la pesca influirán decisivamente en las concentraciones de MeHg en los depredadores marinos (*Nature*, **572**, 648, 2019). Tal como se recoge en este estudio, la explotación pesquera en el noroeste del Océano Atlántico durante cientos de años ha provocado grandes fluctuaciones en las poblaciones de arenque, langosta y bacalao, lo que ha alterado la estructura de las redes alimentarias y la disponibilidad de presas para las especies restantes. Los investigadores del trabajo han analizado datos de más tres décadas sobre los ecosistemas y las concentraciones de MeHg en el agua de mar, sedimentos y especies biológicas de cinco niveles tróficos del Golfo de Maine situado en el Océano Atlántico en la costa noreste de Norteamérica, que ha sido explotado para la pesca comercial durante más de 200 años. Estos datos los han utilizado para desarrollar un modelo sobre la bioacumulación de MeHg que se basa en bioenergética e interacciones depredador-presa,

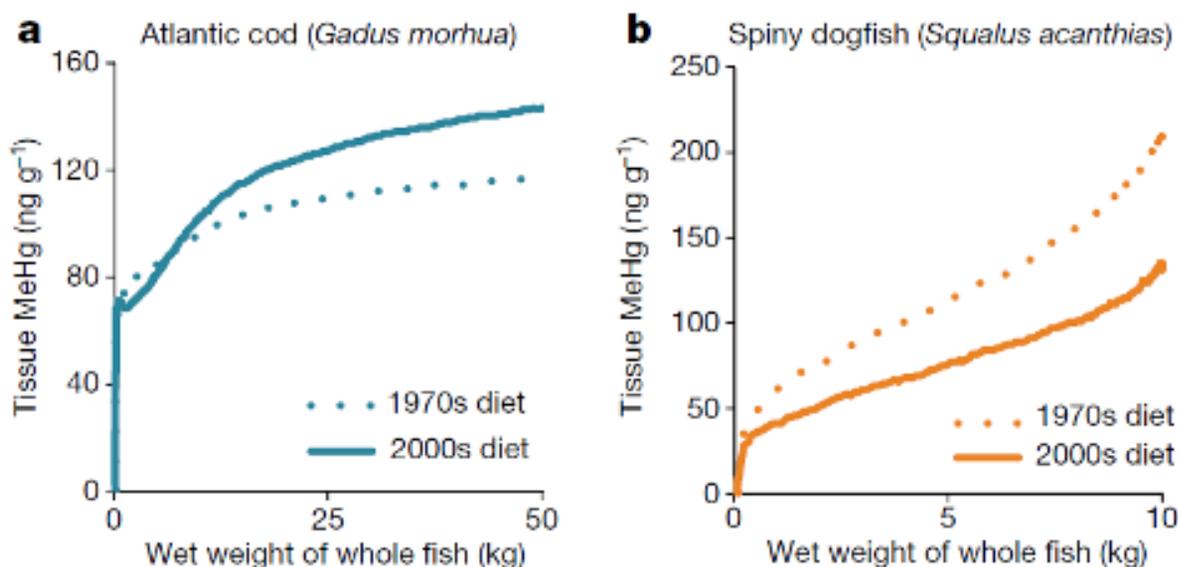


Figura 4. Diferencias en las concentraciones estimadas de MeHg en tejidos de: a) bacalao del Atlántico (*Gadus morhua*) y b) mielga (*Squalus acanthias*) según la dieta de los años 70 (línea punteada) y de los 2000 (línea continua). La información sobre preferencias de presas para cada período de tiempo se obtuvo del análisis del contenido estomacal de más de 2.000 peces. (Fuente: A.T. Schartup y col., 2019).

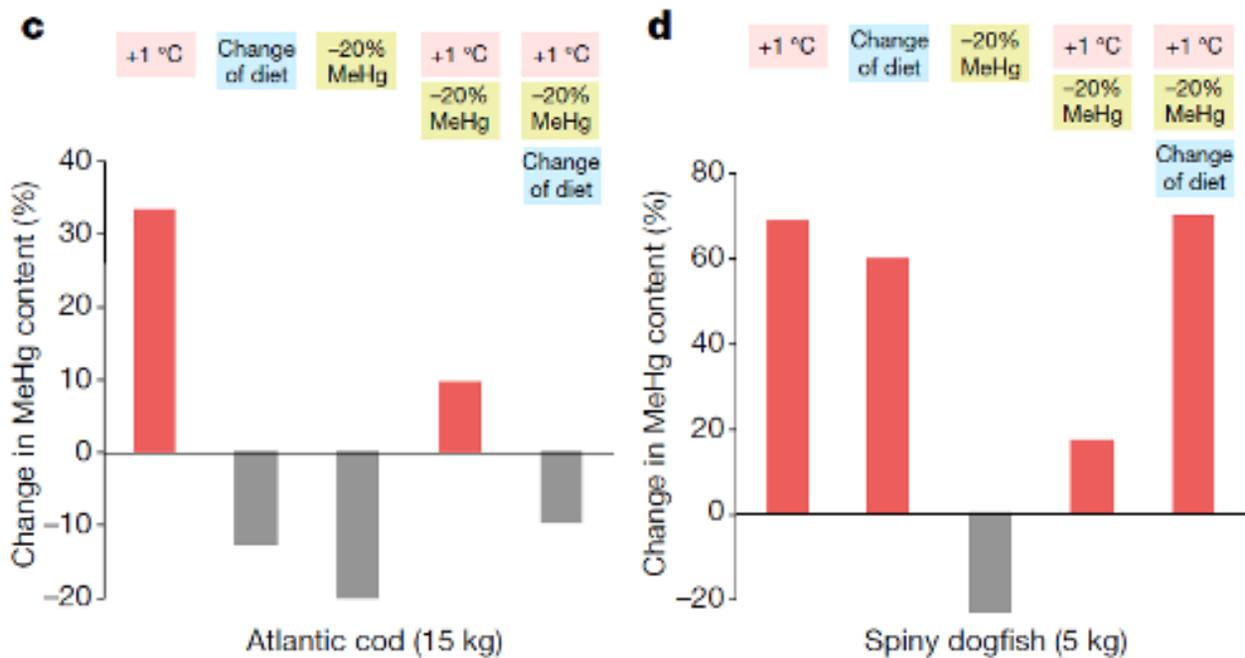


Figura 5. Cambios estimados en las concentraciones de MeHg en c) bacalao del Atlántico (*Gadus morhua*) y d) mielga (*Squalus acanthias*), debidos al aumento de la temperatura de 1 °C; al cambio en la composición de la dieta provocado por la sobrepesca de arenque; al descenso del 20% en la concentración de MeHg en el agua de mar y a la combinación simultánea de los tres factores. (Fuente: A.T. Schartup y col., 2019).

para comprender mejor los efectos de la sobrepesca y los cambios en los ecosistemas.

En este estudio se han analizado dos depredadores marinos, el bacalao del Atlántico (*Gadus morhua*) y la mielga (*Squalus acanthias*) comparando los datos en distintos periodos de tiempo. Los autores han determinado que las concentraciones estimadas de MeHg en el tejido del bacalao (más de 10 kg) en la década de los años 1970 fueron 6-20% más bajas que las del 2000, cuando esta especie dependía más de presas como arenques, langostas y otros macroinvertebrados más grandes (Figura 4). En esta década consumía un 8% más de clupeidos pequeños como consecuencia de la sobreexplotación y la reducción de la abundancia de arenque. En el caso de la otra especie estudiada (*Squalus acanthias*), las concentraciones estimadas de MeHg en los tejidos fueron 33-61% más altas en la década de los años 1970. En esta época la dieta de esta especie incluía una mayor proporción (alrededor del 20%) de calamares y otros cefalópodos, que presentaban concentraciones más altas de MeHg (Figura 4). Posteriormente en la década del 2000, la alimentación de la mielga se caracterizó por el consumo de mayor cantidad de arenque

y otros clupeidos. Por tanto, los resultados muestran que las perturbaciones de la estructura trófica de los organismos marinos por la sobrepesca pueden tener efectos diferentes en las concentraciones de MeHg en las distintas especies.

Por otro lado, el calentamiento del agua de mar entre 1-2 °C puede alterar la disponibilidad de presas al variar las zonas de preferencia para la alimentación (latitudes más altas o mayor profundidad en la columna de agua). Por lo que, en este estudio también han realizado simulaciones sobre los cambios en las concentraciones de MeHg en las especies anteriores como consecuencia de: i) aumento de la temperatura, ii) de la disminución de la concentración de MeHg en el del agua del mar, y iii) cambio de la estructura trófica debido a la sobrepesca (Figura 5). En el caso del bacalao del Atlántico (15 kg), el modelo predice que el aumento de 1 °C conduciría a un incremento del 32% de las concentraciones de MeHg en los tejidos, mientras que si cambia la estructura trófica por sobreexplotación del arenque se produciría una disminución del 12%. Si a los dos factores anteriores, se añade la disminución aproximadamente de un 20% de la concentración de MeHg en el agua

de mar, da como resultado una disminución del 10%. Los resultados de la simulación para la otra especie (mielga, 5 kg) muestran como un aumento de 1 °C de temperatura provoca un aumento del 70% en las concentraciones de MeHg en los tejidos, y que en el cambio a una dieta con baja abundancia de arenque conduciría a un aumento del 50%. Cuando se combinan estos dos factores con la disminución del 20% en las concentraciones de MeHg en el agua de mar, el modelo predice un aumento del 70% en las concentraciones de MeHg en los tejidos de la mielga (Figura 5).

Los autores de esta investigación concluyen que es probable que en otras regiones marinas las concentraciones de MeHg biótico se vean afectadas de manera similar por los cambios generalizados en las interacciones tróficas y el aumento la temperatu-

ra del agua de mar como consecuencia del cambio climático. Esto puede conducir a una mayor exposición humana al MeHg, por lo que se necesita un esfuerzo regulador que implique reducciones en las emisiones de gases de efecto invernadero y Hg para conseguir reducir las concentraciones de MeHg en depredadores pelágicos.

Consuelo Escolástico León

Javier Pérez Esteban

Dpto. de Química Orgánica y Bio-Orgánica