



Producto 01: Mayor producción agrícola con menor emisión de óxido nitroso (ATN-RF-18786-RG).

Diagnóstico de inocuidad de los inoculantes actuales.

Autores: Nicolás Ayub, Gabriela Soto, Florencia del Papa, Antonio Lagares, Raúl Platero, Elena Fabiano, Oscar Ruiz, Vanina Maguire, Nubia Moreno, Maribel Parada, Juan Sanjuán

Año: 2026



Códigos JEL: Q16

ISBN:

FONTAGRO (Fondo Regional de Tecnología Agropecuaria) es un mecanismo único de cooperación técnica entre países de América Latina, el Caribe y España, que promueve la competitividad y la seguridad alimentaria. Las opiniones expresadas en esta publicación son de los autores y no necesariamente reflejan el punto de vista del Banco Interamericano de Desarrollo (BID), del Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA), FONTAGRO, de sus Directorios Ejecutivos ni de los países que representan.

El presente documento ha sido preparado por Nicolás Ayub, Gabriela Soto, Florencia del Papa, Antonio Lagares, Raúl Platero, Elena Fabiano, Oscar Ruiz, Vanina Maguire, Nubia Moreno, Maribel Parada, Juan Sanjuán.

Copyright © 2026 Banco Interamericano de Desarrollo. Esta obra se encuentra sujeta a una licencia Creative Commons IGO 3.0 Reconocimiento-NoComercial- SinObrasDerivadas (CC-IGO 3.0 BY-NC-ND) (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/igo/legalcode>) y puede ser reproducida para cualquier uso no comercial otorgando el reconocimiento respectivo al BID. No se permiten obras derivadas. Cualquier disputa relacionada con el uso de las obras del BID que no pueda resolverse amistosamente se someterá a arbitraje de conformidad con las reglas de la CNUDMI (UNCITRAL). El uso del nombre del BID para cualquier fin distinto al reconocimiento respectivo y el uso del logotipo del BID no están autorizados por esta licencia CC-IGO y requieren de un acuerdo de licencia adicional. Note que el enlace URL incluye términos y condiciones adicionales de esta licencia.

Esta publicación puede solicitarse a:

FONTAGRO

Correo electrónico: fontagro@fontagro.org



Tabla de Contenidos

Abstract	4
Resumen ejecutivo.....	5
Palabras Clave: oxido nitroso, inoculantes, soja, alfalfa, arroz, trigo, maiz	5
Introducción	6
Información de Relevancia con una discusión técnica.....	7
Objetivos	8
Resultados	8
Discusión.....	13
Conclusiones y recomendaciones.....	14
Referencias Bibliográficas	14
Instituciones participantes.....	15
.....	15



ABSTRACT

La agricultura produce un 60% de la emisión de óxido nitroso (N_2O), uno de los tres principales gases de efecto invernadero responsables del calentamiento global. Paradójicamente, la agricultura es muy sensible al cambio climático, generando la necesidad de impulsar políticas de innovación tecnológica climáticamente inteligentes. En el presente proyecto de cooperación técnica multilateral se extenderán los beneficios tradicionales proporcionados por los inoculantes y se incorporarán nuevas características de reconocido valor ambiental (reducción de la emisión de N_2O) y alto impacto económico (desarrollo de tolerancia a herbicidas y a estrés abiótico) mediante *non-GMO technologies*. Estas innovaciones tecnológicas permitirán incrementar la producción agropecuaria y reducir las emisiones de N_2O en América latina y el Caribe, contribuyendo a la sustentabilidad de la agricultura y a la consolidación de la región como líder en el mercado mundial de inoculantes.

Agriculture produces 60% of nitrous oxide (N_2O) emissions, one of the three main greenhouse gases responsible for global warming. Paradoxically, agriculture is highly sensitive to climate change, generating the need to promote climate-smart technological innovation policies. In this present project of multilateral technical cooperation, the traditional benefits provided by inoculants will be extended, and new environmentally valuable characteristics (reduction of N_2O emissions) and high economic impact (development of herbicide tolerance and abiotic stress) will be incorporated through non-GMO technologies. These technological innovations will allow increasing agricultural production and reducing N_2O emissions in Latin America and the Caribbean, contributing to the sustainability of agriculture and the consolidation of the region as a leader in the global inoculant market.

La información que se presenta a continuación es acumulativa y hace referencia al año 1, 2, 3 y 4 del proyecto.



RESUMEN EJECUTIVO

El óxido nitroso es un gas de efecto invernadero liberado a la atmósfera principalmente por bacterias que se encuentran en los suelos destinados a la agricultura. Dentro de estas bacterias, se destacan los inoculantes, que son microorganismos utilizados para promover el crecimiento vegetal. Como primer paso hacia la reducción drástica de la producción de óxido nitroso en la agricultura, nuestro equipo secuenció y analizó los genomas de los inoculantes modernos. Dentro de estos inoculantes, se observó que los utilizados en alfalfa y soja tienen el mayor potencial de impacto ambiental debido a la presencia de todos los genes necesarios para la producción de óxido nitroso. Además, se observó que los inoculantes utilizados en cultivos extensivos de gran importancia en la región, como el trigo, el arroz y el maíz, no contienen la dotación genética completa para producir óxido nitroso en forma individual, pero poseen genes capaces de llevar a cabo uno o más pasos del proceso de producción de óxido nitroso. Por lo tanto, la utilización de estos inoculantes representa un riesgo ambiental moderado. En base a los resultados obtenidos, se priorizará el mejoramiento genético de los inoculantes de alfalfa y soja para reducir la emisión de óxido nitroso.

PALABRAS CLAVE: OXIDO NITROSO, INOCULANTES, SOJA, ALFALFA, ARROZ, TRIGO, MAIZ



INTRODUCCIÓN

Los inoculantes agrícolas, en su variedad de formas y aplicaciones, representan un segmento importante de la tecnología agrícola moderna. En un mundo donde la demanda de alimentos está en constante aumento y la presión sobre los recursos naturales es cada vez mayor, los agricultores buscan constantemente formas de mejorar la productividad de sus cultivos mientras minimizan el impacto ambiental. Los inoculantes agrícolas ofrecen una solución prometedora, al aprovechar las relaciones simbióticas entre las plantas y los microorganismos beneficiosos para promover el crecimiento de los cultivos, mejorar la salud del suelo y reducir la necesidad de fertilizantes químicos.

Los microorganismos presentes en los inoculantes agrícolas juegan roles clave en el ciclo de nutrientes y la salud del suelo. Por ejemplo, las bacterias fijadoras de nitrógeno, como cepas de los géneros *Sinorhizobium* y *Bradyrhizobium*, son capaces de convertir el nitrógeno atmosférico en formas que las plantas pueden utilizar, lo que reduce la necesidad de fertilizantes nitrogenados y ayuda a mantener la fertilidad del suelo. Los hongos micorrícicos, por otro lado, forman asociaciones simbióticas con las raíces de las plantas, mejorando la absorción de nutrientes, especialmente fósforo, y aumentando la resistencia a enfermedades y condiciones adversas del suelo.

La aplicación de inoculantes agrícolas puede realizarse de varias formas, según el tipo de producto y las condiciones específicas de cultivo. Los inoculantes de fijación de nitrógeno, por ejemplo, se aplican típicamente a las semillas antes de la siembra, mientras que otros pueden ser aplicados al suelo o al follaje de las plantas. La correcta aplicación y manejo de los inoculantes son cruciales para garantizar su efectividad y maximizar los beneficios para los cultivos y el medio ambiente.

Uno de los principales beneficios de los inoculantes agrícolas es su capacidad para mejorar la eficiencia del uso de nutrientes, lo que puede traducirse en mayores rendimientos y menores costos de producción para los agricultores. Además, al reducir la necesidad de fertilizantes químicos, los inoculantes agrícolas pueden ayudar a mitigar la contaminación del agua y el suelo, así como a reducir las emisiones de gases de efecto invernadero asociadas con la producción de fertilizantes sintéticos.

Sin embargo, a pesar de sus numerosos beneficios, los inoculantes agrícolas también enfrentan varios desafíos que deben abordarse para su adopción generalizada y efectiva. Por ejemplo, la viabilidad y estabilidad de los microorganismos en los inoculantes pueden variar según las condiciones de almacenamiento y aplicación, lo que puede afectar su eficacia en el campo. Además, la adaptación de los inoculantes a diferentes condiciones de suelo y cultivo puede ser un desafío, especialmente en sistemas agrícolas altamente heterogéneos. La investigación y el desarrollo continuos son fundamentales para superar estos desafíos y desbloquear todo el potencial de los inoculantes agrícolas. Se necesitan más estudios para comprender mejor los mecanismos subyacentes de acción de los microorganismos en los inoculantes y para identificar cepas más eficaces y adaptadas a diferentes condiciones agrícolas. Además, se requiere una



mayor inversión en tecnologías de formulación y aplicación para garantizar la viabilidad y estabilidad de los inoculantes a lo largo de su ciclo de vida. La información que se presenta a continuación es acumulativa y hace referencia al año 1, 2, 3 y 4 del proyecto.

INFORMACIÓN DE RELEVANCIA CON UNA DISCUSIÓN TÉCNICA

La mayoría de los inoculantes actualmente en uso fueron seleccionados en un período que abarcó desde las décadas de 1960 hasta los años 1990, es decir, antes de que el cambio climático global se convirtiera en una preocupación prioritaria. En aquel entonces, el enfoque principal del proceso de domesticación de estos inoculantes estaba centrado en identificar cepas con la máxima capacidad para aumentar la productividad y mejorar la calidad nutricional de los cultivos, con el fin de maximizar la rentabilidad del sector agropecuario. Sin embargo, con la creciente evidencia científica sobre el impacto negativo del cambio climático global en la producción agropecuaria, surge la necesidad imperiosa de evaluar el impacto ambiental de estos inoculantes.

El óxido nitroso (N_2O) se destaca como uno de los principales gases de efecto invernadero responsables del cambio climático, y su producción antropogénica proviene principalmente de los microbios presentes en los suelos agrícolas. Esta producción de N_2O se lleva a cabo mayormente a través de un proceso de desnitrificación incompleta, en el cual los compuestos nitrogenados son reducidos secuencialmente por complejos enzimáticos como la nitrato reductasa (NAR), la nitrito reductasa (NIR) y la óxido nítrico reductasa (NOR) (Fig. 1). Por otro lado, la degradación del N_2O ocurre gracias a la actividad del complejo NOS (óxido nitroso reductasa), que convierte este compuesto en nitrógeno gaseoso (N_2) (Fig. 1).

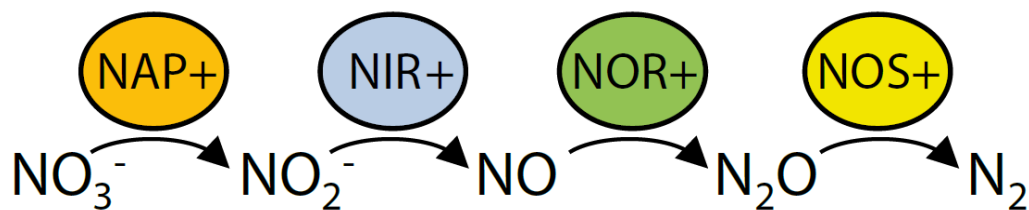


Fig. 1. Proceso de desnitrificación completo por el cual los complejos enzimáticos nitrato reductasa (NAP), nitrito reductasa (NIR), óxido nítrico reductasa (NOR) y óxido nitroso (NOS) reductasa reducen secuencialmente el nitrato hasta liberar nitrógeno gaseoso. Uno de los subproductos de este proceso es el óxido nitroso (N_2O), un poderoso gas de efecto invernadero.

Se ha descrito previamente que la presencia de estos genes es un factor crítico para explicar la emisión de N_2O en la agricultura (Akiyama et al. 2016; Brambilla et al. 2018). En el marco de este proyecto, hemos llevado a cabo un análisis de la presencia de genes codificantes para los complejos enzimáticos de producción (NAP, NIR y NOR) y degradación (NOS) de N_2O en una amplia gama de inoculantes utilizados de manera extensiva en América Latina y el Caribe.



Este estudio tiene como objetivo principal diagnosticar el potencial impacto ambiental de estos inoculantes. La información obtenida a partir de este análisis servirá como base fundamental para el diseño de futuras estrategias de mejoramiento genético tanto en los inoculantes actuales como en nuevos aislamientos que puedan tener potencialidades beneficiosas para el medio ambiente.

OBJETIVOS

El objetivo principal del proyecto es desarrollar inoculantes para cultivos extensivos de América Latina y el Caribe capaces de disminuir la emisión de N_2O y de mejorar la productividad regional. El objetivo específico de este producto de conocimiento, denominado “Diagnóstico de inocuidad de los inoculantes actuales”, es analizar la presencia de los cluster NAP, NIR, NOR y NOS en los inoculantes modernos para comprender su inocuidad ambiental y eventualmente planificar estrategias de mejoramiento genético que permitan reducir la emisión de N_2O .

RESULTADOS

Para comenzar se realizó una secuenciación liviana de los genomas de los inoculantes. Para esto se utilizó el Kit de Purificación de ADN Genómico Wizard (#A1120, Promega, USA). El secuenciamiento de los genomas se realizó en la Unidad de Genómica, Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, CICVyA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Buenos Aires, Argentina (<https://inta.gob.ar>) y en Macrogen (Korea). Se obtuvieron un total de entre 6 – 20 millones de lecturas pareadas de 32 o 151 pares de bases utilizando la tecnología Illumina Hiseq1500, lo que resultó en un promedio de cobertura genómica de mayor a 40 veces. Las lecturas de secuenciación se mapearon contra los replicones cromosómicos y plasmídicos de cepas de referencia que poseían la ruta de desnitrificación completa utilizando el software Geneious (Biomatters <http://www.geneious.com>). El análisis se desarrolló utilizando los siguientes parámetros: Mapeador: Geneious, Sensibilidad: Baja Sensibilidad / Más Rápido, Ajuste Fino: Ninguno (mapeo rápido de lecturas), Calidad de mapeo mínima: 30 y Mapear múltiples mejores coincidencias: Aleatoriamente. Los clusters de desnitrificación y los genes *housekeeping* utilizados como control fueron ensamblados de *novu* utilizando lecturas positivas de cada cepa que coincidían con las cepas de referencia. Este análisis informático nos permitió distinguir dos tipos de poblaciones bacterianas según su potencial impacto ambiental (potencial emisión de N_2O), las cuales se describen a continuación: (1) La primera población, que incluye a las cepas *Bradyrhizobium japonicum* SEMIA 5079, *Bradyrhizobium japonicum* E109, *Sinorhizobium meliloti* B399 y *Sinorhizobium meliloti* B401, poseen todos los genes de producción de N_2O (NAP, NIR y NOR) pero perdieron los genes de degradación de este gas de efecto invernadero (NOS). (2) La segunda población, que incluye a las cepas *Bradyrhizobium diazoefficiens* SEMIA 5080, *Bradyrhizobium canariense* SEMIA 928, *Bradyrhizobium elkanii* SEMIA 5019, *Bradyrhizobium*

elkanii SEMIA 587, *Bradyrhizobium yuanmingense* P10 130, *Azospirillum brasilense* Az39 *Azospirillum brasilense* CNPSO 2083, *Azospirillum brasilense* CNPSO 2084 *Pseudomonas ogarae* FR1, *Pseudomonas fluorescens* Pf-5, *Paenibacillus* sp. 79, *Mesorhizobium* sp. GMSS17 y *Cupriavidus* sp. UYPR2.512 poseen algunos genes de producción de N₂O (NAP, NIR y/o NOR) o todos los genes de desnitrificación (NAP, NIR, NOR y NOS).

En la actualidad se continúan secuenciando genomas de inoculantes con alta eficiencia de fijación de nitrógeno en campo, dentro del cual se destaca la nueva cepa *Mesorhizobium* sp. RIZ17 aislada por el grupo del Dr. Oscar Ruiz y utilizada para promover el crecimiento de *Lotus corniculatus* en cultivos puros o consorciados con arroz (Maguire et al. 2025). El análisis genómico muestra que la cepa RIZ17 posee los genes codificantes para el complejo óxido nítrico reductasa (Fig. 2), y, por lo tanto, serían capaces de degradar el N₂O. Este hallazgo constituye un hito científico, ya que, hasta el momento, la descripción clásica de la literatura de las cepas del género *Mesorhizobium* fueron descritas como bacterias que no contenían genes de desnitrificación (Monza et al. 2016). Estos resultados sugieren que esta especie forrajera puede ser particularmente amigable con el medio ambiente.



Fig. 2. El análisis bio-informático del genoma de la cepa *Mesorhizobium* sp. RIZ17 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/CP147861.1/>) demostró que la misma contienen un cluster completo de degradación del N₂O. En amarillo se muestra las regiones codificantes de cada gen y en celeste los loci con sus números de acceso.

El análisis de sintenia reveló que RIZ17 posee una isla simbiótica completa, con alta identidad de secuencia respecto de la isla simbiótica de *Mesorhizobium loti* NZP2037 (cepa modelo de este género bacteriano), incluyendo genes asociados a nodulación (operones II, V, VIII y IX), fijación biológica de nitrógeno (operones VI, VII y XII), biosíntesis de cofactores (tiamina, biotina y nicotinato), sistemas de secreción tipo IV y genes involucrados en la transferencia horizontal de la isla simbiótica (Fig. 3). Si bien la composición génica se encuentra conservada, se observaron diferencias en la organización y el orden relativo de los operones, lo que sugiere eventos de reordenamiento sin pérdida funcional de los genes clave de la simbiosis (Fig. 3).

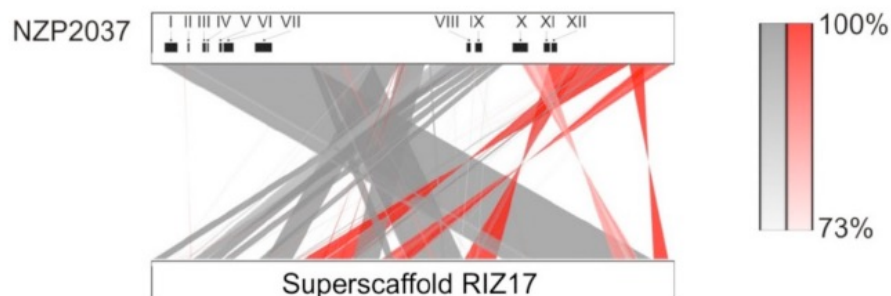


Fig. 3. Análisis comparativo de las islas simbióticas de la cepa RIZ17 con respecto a la isla simbiótica de la cepa NZP2037. Representación comparativa de la isla simbiótica de NZP2037 y de las secuencias scaffold de la cepa RIZ17. Los números romanos indican la posición relativa y el tamaño de los 12 operones descritos en la isla simbiótica de NZP2037. Las bandas entre la isla de NZP2037 y los scaffolds de las cepas representan el tamaño, en megabases, de las diferentes regiones de la isla de NZP2037 presentes en los scaffolds de las cepas. Los colores de las bandas indican si el marco de lectura de NZP2037 se mantiene igual (tonos de gris intermedio a gris oscuro) o se encuentra invertido (tonos de rojo a rojo claro) en los scaffolds de las cepas. Las escalas ubicadas en el margen derecho representan el porcentaje de similitud de secuencia con el mismo marco de lectura (escala izquierda) o con el marco de lectura invertido (escala derecha).

El análisis funcional de los genes anotados mediante clasificación KEGG (<https://www.genome.jp/kegg/>) mostró que una proporción mayoritaria del genoma de RIZ17 se agrupa dentro de la categoría “Metabolismo”, con una representación destacada de rutas asociadas al metabolismo de aminoácidos, carbohidratos, cofactores y vitaminas, así como al metabolismo energético (Fig. 4). En particular, RIZ17 presentó una mayor dotación génica en rutas centrales como glucólisis, ciclo de los ácidos tricarboxílicos y cadena de transporte de electrones, en comparación con cepas de referencia (Fig. 4).

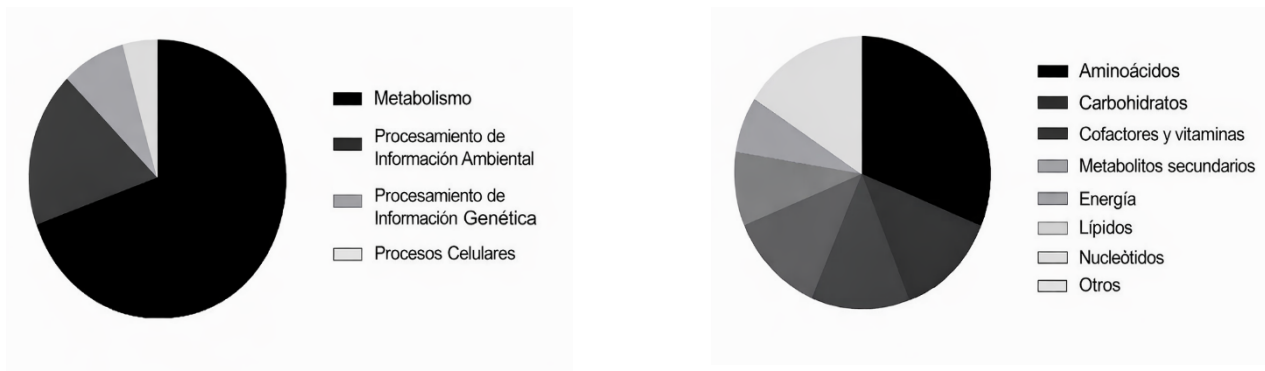


Fig. 4. Distribución de las secuencias génicas entre las diferentes vías y subrutas KEGG dentro de la vía KEGG Metabolismo. El panel izquierdo representa la distribución de las secuencias génicas entre las distintas vías KEGG en RIZ17. El panel derecho representa la distribución de las secuencias génicas entre las diferentes subrutas dentro de la vía KEGG Metabolismo en RIZ17.

El análisis detallado de rutas metabólicas evidenció que RIZ17 conserva no solo los genes asociados a la reducción de óxido nitroso, incluyendo la presencia del gen que codifica la óxido nitroso reductasa (Fig. 2) sino que también los genes vinculados al metabolismo energético y al aprovechamiento eficiente de compuestos carbonados, lo que sugiere una elevada capacidad metabólica intrínseca de la cepa (Fig. 5).

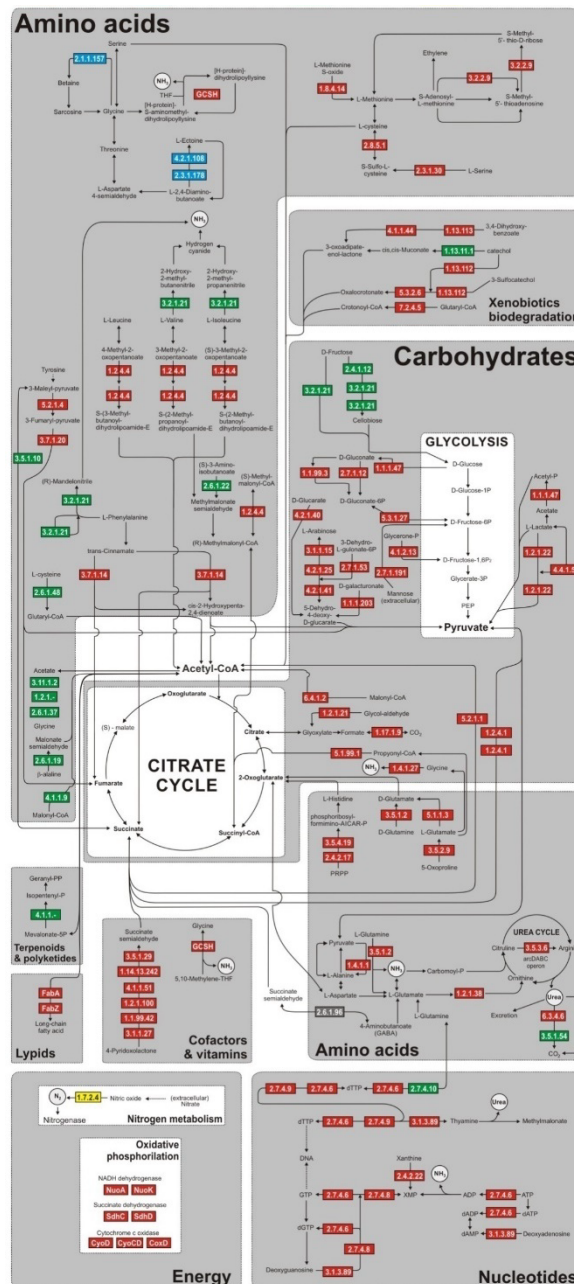


Fig. 5. Distribución esquemática de las secuencias génicas en las subrutas de la vía KEGG Metabolismo. Las secuencias génicas se distribuyeron gráficamente en diferentes rutas metabólicas dentro de las subrutas carbohidratos, energía, aminoácidos, cofactores y vitaminas, nucleótidos, lípidos y biodegradación de xenobióticos. Las secuencias génicas se representaron mediante los números EC correspondientes a cada proteína codificada.



DISCUSIÓN

Los resultados de los análisis bioinformáticos nos permitieron comprender que no todos los inoculantes tienen el mismo potencial de impacto ambiental. Particularmente, encontramos un grupo de inoculantes, utilizados extensivamente para fijar nitrógeno en asociación con leguminosas, que poseen un genotipo compatible con alta emisión de óxido nitroso. En consecuencia, este grupo se consolida como el primer blanco de mejoramiento genético para nuestro equipo. Por otro lado, encontramos otro grupo de inoculantes con menor potencial de impacto ambiental y aplicables a una gran diversidad de cultivos. Aunque este grupo probablemente no represente una prioridad de mejoramiento ambiental, la presencia de genes de producción de N_2O en sus genomas sugiere que los mismos pueden ser mejorados genéticamente para reducir su impacto ambiental. Dado que los inoculantes estudiados se aplican a una amplia diversidad de especies vegetales, incluyendo alfalfa, soja, arroz, maíz, trigo, tomate, *Digitaria eriantha*, *Desmodium incanum*, *Parapiptadenia rigida* y *Mimosa pudica*, el mejoramiento genético microbiano tendría un gran potencial en la lucha contra el cambio climático. Más allá del análisis de la genética de desnitrificación, la secuenciación de genomas de bacterias promotoras del crecimiento vegetal, como por ejemplo *Bradyrhizobium yuanmingense* P10 130 y *Cupriavidus* sp. UYPR2.512 constituye un avance en la comprensión de los mecanismos moleculares de interacción planta-microbio.

Los resultados del análisis bioinformático de RIZ17 refuerzan la noción de que la inocuidad ambiental de un inoculante no depende únicamente de la presencia o ausencia de genes asociados a la fijación biológica de nitrógeno, sino también de su dotación metabólica y de su capacidad para completar rutas de desnitrificación de manera eficiente. En este sentido, la conservación de los genes “*nos*” en RIZ17 resulta particularmente relevante, ya que su producto enzimático permite la reducción del óxido nitroso a nitrógeno molecular, mitigando la liberación de este gas de efecto invernadero a la atmósfera. La arquitectura de la isla simbiótica de RIZ17, conservada en contenido génico pero reorganizada estructuralmente, sugiere que esta cepa ha experimentado procesos de adaptación genómica que no comprometen su funcionalidad simbiótica. Este tipo de reorganización podría conferir ventajas adaptativas en ambientes complejos como los sistemas arroz-pastura, caracterizados por fluctuaciones redox y disponibilidad variable de nutrientes. Adicionalmente, la mayor representación de genes asociados al metabolismo energético y central en RIZ17 podría favorecer una mayor eficiencia metabólica durante la vida libre en suelo y durante la simbiosis, permitiendo sostener procesos energéticamente demandantes como la fijación biológica de nitrógeno y la reducción de compuestos nitrogenados. Desde una perspectiva ambiental, esta combinación de eficiencia metabólica y capacidad de reducción de N_2O posiciona a RIZ17 como un microorganismo con perfil genómico compatible con estrategias de mitigación del impacto climático en sistemas agrícolas.



CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

En conclusión, las bacterias utilizadas para fijar nitrógeno en alfalfa, soja y Lotus son los inoculantes con mayor probabilidad de producción de N_2O . Por lo tanto, se recomienda focalizar los esfuerzos en mejorar estos inoculantes para reducir la emisión antropogénica de N_2O . Los análisis bioinformáticos realizados sobre la cepa *Mesorhizobium* sp. RIZ17 aportan evidencia genómica sólida que respalda su perfil de inocuidad ambiental. La presencia de una isla simbiótica completa, funcionalmente conservada, junto con una dotación génica enriquecida en rutas metabólicas centrales y la conservación de los genes “*nos*”, sugieren que esta cepa posee el potencial de actuar no solo como un inoculante eficiente desde el punto de vista productivo, sino también como un componente activo en la reducción de emisiones de óxido nitroso en sistemas agrícolas. En función de estos resultados, se recomienda priorizar a RIZ17 como candidato estratégico para futuras etapas de validación experimental orientadas a cuantificar su impacto sobre las emisiones de N_2O en condiciones de campo, particularmente en sistemas arroz–pastura. Asimismo, esta cepa representa un modelo de interés para el diseño racional de inoculantes climáticamente inteligentes, integrando productividad agrícola y mitigación del impacto ambiental.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Akiyama H, Hoshino YT, Itakura M, Shimomura Y, Wang Y, Yamamoto A, Tago K, Nakajima Y, Minamisawa K, Hayatsu M. Mitigation of soil N_2O emission by inoculation with a mixed culture of indigenous *Bradyrhizobium diazoefficiens*. Sci Rep. 2016 Sep 16;6:32869. doi: 10.1038/srep32869.

Brambilla S, Frare R, Soto G, Jozefkowicz C, Ayub N. Absence of the Nitrous Oxide Reductase Gene Cluster in Commercial Alfalfa Inoculants Is Probably Due to the Extensive Loss of Genes During Rhizobial Domestication. Microb Ecol. 2018 Aug;76(2):299-302. doi: 10.1007/s00248-018-1145-9.

Maguire, V.G., Rodríguez, A.A., Alonso, A.M. et al. Exploring the relationship of potential new rhizobacteria metabolism with Lotus spp. performance in a rice-pasture rotation system. Symbiosis 97, 139–155 (2025). <https://doi.org/10.1007/s13199-025-01088-5>

Monza J, Irisarri P, Díaz P, Delgado MJ, Mesa S, Bedmar EJ. Denitrification ability of rhizobial strains isolated from Lotus sp. Antonie Van Leeuwenhoek. 2006 Apr-May;89(3-4):479-84. doi: 10.1007/s10482-005-9046-6.

INSTITUCIONES PARTICIPANTES



Secretaría Técnica Administrativa



Con el apoyo de:



www.fontagro.org

Correo electrónico: fontagro@fontagro.org