

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
UNIDAD LAGUNA
DIVISIÓN DE CARRERAS AGRONÓMICAS
DEPARTAMENTO DE AGROECOLOGÍA



**Diferenciación y reconocimiento de microorganismos en
Agroecosistema árido y rizósfera de arvense (*Amaranthus hybridus*
L.) mediante QIIME 2**

Por:
Getzemani Morones Rocha

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO EN AGROECOLOGÍA

Torreón, Coahuila, México
Junio 2024

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

UNIDAD LAGUNA

DIVISIÓN DE CARRERAS AGRONÓMICAS

DEPARTAMENTO DE AGROECOLOGÍA

**Diferenciación y reconocimiento de microorganismos en
Agroecosistema árido y rizósfera de arvense (*Amaranthus hybridus*
L.) mediante QIIME 2**

Por:

Getzemani Morones Rocha

TESIS

Que se somete a la consideración del H. Jurado Examinador como requisito
parcial para obtener el título de:

INGENIERO EN AGROECOLOGÍA

Aprobada por :



Dr. Jesús Vasquez Arroyo
Presidente



M.C. Eduardo Blanco Contreras
Vocal



Dra. Alejandra Cabrera Rodríguez
Vocal



Dra. Erika Nava Reyna
Vocal Suplente externo



M.E. Javier López Hernández

Coordinador Interino de la division de Carreras Agronómicas



Torreón, Coahuila, México
Junio 2024

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

UNIDAD LAGUNA

DIVISIÓN DE CARRERAS AGRONÓMICAS

DEPARTAMENTO DE AGROECOLOGÍA

**Diferenciación y reconocimiento de microorganismos en
Agroecosistema árido y rizósfera de arvense (*Amaranthus hybridus*
L.) mediante QIIME 2**

Por:

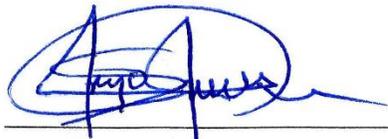
Getzemani Morones Rocha

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO EN AGROECOLOGÍA

Aprobada por el Comité de asesoría:



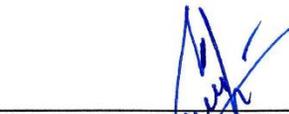
Dr. Jesús Vasquéz Arroyo
Asesor Principal



M.C. Eduardo Blanco Contreras
Coasesor



Dra. Erika Nava Reyna
Coasesor externo



Dra. Cristina García de la Peña
Coasesor Externo



M.E. Javier López Hernández

Coordinador Interino de la división de Carreras Agrícolas



Torreón, Coahuila, México
Junio 2024

Los abajo firmantes, manifestamos nuestro derecho de autor, para solicitar que la presente obra quede no disponible dentro del repositorio de Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, hasta que sea publicado el Artículo Científico, trabajo en conjunto que se realizó a la par de esta tesis de Licenciatura.

El título de la tesis lleva por nombre: **Diferenciación y reconocimiento de microorganismos en Agroecosistema árido y rizósfera de arvense (*Amaranthus hybridus* L.) mediante QIIME 2**



Getzamani Morones Rocha



Dr. Jesús Vásquez Arroyo

AGRADECIMIENTOS

A la **Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro Unidad Laguna** por haberme brindado la oportunidad de pertenecer a sus filas de estudiantes y de esa manera iniciar y culminar mi preparación profesional.

Al **Departamento de Agroecología** por poner a mi alcance grandes conocimientos, enseñanzas, experiencias y sobre todo docentes comprometidos a enseñar materias y también valores.

Al **Dr. Jesús Vásquez Arroyo** porque gracias a su compromiso con la población de estudiantes, yo y muchos hemos podido aspirar a cosas mucho más grande lo que imaginábamos; por su paciencia al enseñar y dar alternativas que se acomodan a cada tipo de persona, sus enseñanzas y experiencia son algo que siempre voy a valorar, mas que un profesor; desde que inicié este proceso de la universidad ha sido un guía y un ejemplo a seguir.

A Los Profesores del Departamento **M.C. Eduardo Blanco, Dra. Alejandra Cabrera, Dr. Gerardo Zapata** por formar parte crucial dentro de mi formación profesional, por haberme aportado en cada clase, cada platica y cada circunstancia una parte de sus conocimientos, de su esencia y de su dedicación.

DEDICATORIA

A **Dios** primeramente por darme la oportunidad, la fuerza y la habilidad de lograr concluir con mi formación profesional, por ser mi fortaleza en los momentos difíciles y ser la luz de mi camino.

A **mis padres Ramiro Antonio Morones Castellón y Elizabeth Rocha González** por ser el reflejo más puro de amor y apoyo que he tenido desde siempre, todo el esfuerzo y los frutos de este camino son también de ellos, infinitas gracias por impulsarme a ser una buena persona y dar lo mejor de mí para ser un profesional con valores, ejemplo que de ellos mismos tomé; todo mi amor hacia ustedes.

A **mis hermanos Ruth, Ramiro y Eduardo** gracias por apoyar mis sueños y ser ejemplo personalmente y profesionalmente, por estar presentes todo el tiempo y aconsejarme desde el amor y comprensión.

A **mis abuelitos Ramiro A. Morones Belloc y Martha Elena González** por creer en mí y apoyar mi camino

A **mis amigos Andrea de los Santos, Rosario López y Felipe Ortiz** por caminar esta senda conmigo, brindándonos apoyo y cariño, esto sin ustedes no habría sido tan agradable como lo fue, les deseo lo mejor del mundo.

RESUMEN

El presente estudio descriptivo se llevó a cabo en la localidad de Torreón Coahuila, dentro de las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, con el objetivo de identificar los impactos e implicaciones que el suelo agrícola del noreste de México tiene sobre el microbioma del suelo en agroecosistemas áridos; para realizar dicha descripción e identificación se utilizó un software bioinformático, llamado Quantitive Insights into Microbial Ecology (QIIME 2) el cual permitió realizar la secunciación masiva de las comunidades bacterianas. Se manejó un total de 11 muestras de suelo; 4 de ellas pertenecientes al control, las siguientes 4 del suelo adicionado con estiércol (SWM) y finalmente 3 muestras de material rizosférico asociado a plantas de quelite (*Amaranthus hybridus* L.) El taxa mas diverso fue el de las especies y su número se distribuyó de la siguiente manera: Control (1036), SWM (1392) y para la rizósfera (1061). Dentro de la amplia gama de resultados que se obtuvieron, se puede notar, que la microbiota (presente o agregada con la enmienda orgánica) en el perfil del suelo tiene efectos benéficos tanto para la salud del suelo, como para el desarrollo óptimo de las plantas. El Género Nocardioides por ejemplo, fue uno de los que mostró mayor indicencia y su presencia indica que se puede aumentar la capacidad de degradar una gran variedad de contaminantes que estén presentes en el suelo, como los residuos de insecticidas organofosforados. Como conclusión, este estudio descriptivo y sus resultados demuestran que efectivamente el comportamiento en conjunto del agroecosistema se ve influenciado por el tipo y la cantidad de microbiota que está presente en la rizósfera.

Palabras clave: Microbiota, Suelo, Estiércol, Rizósfera

ABSTRACT

The presente descriptive study was made out in Torreón Coahuila, in the facilities of the Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, with the objective of identifying the impacts and implications that the agricultural soil of the northeastern Mexico has on the soil microbiome in arid agroecosystems; to carry out this description and identification, a bioinformatic software was used, called Quantitive Insights into Microbial Ecology (QIIME 2), which allowed massive sequencing of the bacterial communities. A total of 11 soil samples were handled; 4 of them belonging to the control, the next 4 from soil added with manere (SWM) and finally 3 samples of rhizospheric material associated with quelite plants (*Amaranthus hybridus* L.)

The most diverse taxa was species and their number was distributed as follows: control (1036), SWM (1392) and fore the rhizosphere (1061). Within the wide range of results that were obtained, it can be noted that the microbiota (present or added with the organic amendment) in the soil profile has beneficial effects both for soil health and for the optimal development of plants. The Genus Nocardioides, for example, was one of those that showed the greatest incidence and its presence indicates that the capacity to degrade a wide variety of contaminants that are present in the soil, such as organophosphate insecticide residues, can be increased. In conclusion, this descriptive study and its results demonstrate that the overall behavior of the agroecosystem is indeed influenced by the type and quantity of microbiota that is present in the rhizosphere.

Keywords: Microbiota, Soil, Manure, Rhizosphere

TABLA DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS.....	i
DEDICATORIA.....	ii
RESUMEN.....	iii
INTRODUCCIÓN.....	1
OBJETIVO GENERAL.....	4
OBJETIVO ESPECÍFICO.....	4
HIPÓTESIS.....	4
REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
2.1 Agroecología.....	5
2.2. Agroecosistema.....	6
2.2.1 Clasificación de agroecosistemas.....	7
2.2.2 Agroecosistema árido	7
2.3 Biodiversidad	8
2.4 Suelo	8
2.4.1 Manejo convencional del suelo agrícola	9
2.4.2 Manejo agroecológico del suelo agrícola	10
2.4.3 Microbiología del suelo agrícola	11
2.4.4 Microbiología del estiércol	12
2.5 Utilización de estiércoles	13
2.6 Rizósfera	14
2.7 Rizobacterias	14
2.8 Microbioma rizosférico	14
2.9 Secuenciación masiva de la siguiente generación	15
MATERIALES Y MÉTODOS.....	17
3.1 Ubicación del área de estudio.....	17
3.2 Características climáticas del área de estudio.....	17
3.3 Obtención de muestras.....	17
3.4 Análisis fisicoquímico del suelo.....	17
3.5 Extracción de DNA del microbioma del suelo.....	18

3.6	Análisis bioinformáticos.....	19
3.7	Diversidad bacteriana	20
3.7.1	Diversidad alfa	20
3.7.1.1	Diversidad alfa taxonómica	20
3.7.1.2	Diversidad alfa filogenética	21
3.7.2	Diversidad beta ..	21
3.7.2.1	Métricas para medir diversidad beta taxonómica	22
3.7.2.2	Métricas para medir diversidad beta filogenética	22
3.7.3	Análisis extras	23
	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	24
4.1	Análisis fisicoquímicos del suelo.....	24
4.2	Análisis de la microbiota bacteriana del suelo.....	27
4.3	Diversidad Alfa.....	35
4.4	Diverdidad Beta.....	38
	CONCLUSIONES.....	43
	LITERATURA CITADA.....	44

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Propiedades fisicoquímicas del suelo en los diferentes tratamientos....	24
Cuadro 2. Información de secuencias depuradas	26
Cuadro 3. Riqueza de taxos bacterianos (ASVs) en tres tratamientos de estudio: suelo, SWM y rizósfera de <i>A. hybridus</i>	28
Cuadro 4. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Phyla	28
Cuadro 5. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Clase.....	29
Cuadro 6. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Orden.....	30
Cuadro 7. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel nivel Familia..	31
Cuadro 8. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Género.....	32
Cuadro 9. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel nivel Especie..	33
Pruebas de Faith	
Cuadro 10. Alpha diversity boxplots.....	35
Cuadro 11. Kruskal-Wallis (all groups).....	35
Cuadro 12. Kruskal-Wallis (pairwise).....	35
Pruebas de Shannon	
Cuadro 13. Alpha diversity boxplots.....	36
Cuadro 14. Kruskal-Wallis (all groups).....	36
Cuadro 15. Kruskal-Wallis (pairwise).....	37
Cuadro 16. Kruskal-Wallis-pairwise-Treatment	37
Pruebas de Evenness	
Cuadro 17. Alpha diversity boxplots	37
Cuadro 18. Kruskal-Wallis (all groups)	37
Cuadro 19. Kruskal-Wallis (pairwise)	38
Cuadro 20. Kruskal-Wallis-pairwise-Treatment	38
Cuadro 21. Bray Curtis Significance	38
Cuadro 22. Unweighted unifrac emperor	39

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Análisis de los componentes principales.....	25
Figura 2. Análisis de la redundancia de los Phyla del suelo en los diferentes tratamientos	26
Figura 3. Comparación del significado de OTUs contra ASVs	27
Figura 4. Gráfico de Venn representativo del nivel Phyla.....	28
Figura 5. Relación de las especies latinizadas de los principales phyla de la rizósfera.....	29
Figura 6. Gráfico de Venn representativo del nivel Clase.....	30
Figura 7. Gráfico de Venn representativo del nivel Orden.....	31
Figura 8. Gráfico de Venn representativo del nivel Familia.....	32
Figura 9. Gráfico de Venn representativo del nivel Género	33
Figura 10. Gráfico de Venn representativo del nivel Especie.....	32
Figura 11. Group Significance plots.....	38
Figura 12. Unweighted unifrac emperor.....	39
Figura 13. Group Significance plots.....	39

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

El desierto Chihuahuense, está comprendido desde el centro de México con los estados de Querétaro, Hidalgo y Guanajuato; hasta muy hacia el norte en una pequeña zona de Arizona, Nuevo Mexico y el sur de Texas. Su extensión aproximada ronda los 507,000 km² y colinda con la Sierra Madre Occidental y la Sierra Madre Oriental (Granados-Sánchez et al., 2011).

Las condiciones edafológicas y climáticas predominantes en estas zonas del norte de México son aridas o semiáridas y suelen ser desafiantes a la hora de pensar en producir casi cualquier tipo de cultivo, ya que por sus características, es normal encontrarse con bajas cantidades de materia orgánica y acumulación excesiva de sales como resultado de la rápida evaporación de agua, lo que lleva a los cultivos a desarrollar problemas de intolerancia a las sales y por consiguiente no se logran obtener los máximos resultados a la hora de la cosecha (Sosa, 2009).

Por otro lado, la gran demanda de agua que es requerida por el sector agrícola representa una cuestión alarmante específicamente para el estado de Coahuila, una de las razones principales es que cada año se presentan temperaturas mayores, esto sumado a la reducción potencial de las precipitaciones anuales; esta sequía acarrea consigo impactos graves para la población, los ecosistemas y la agricultura en general. Esto solo pone en evidencia la gran presión y vulnerabilidad que tienen sobre sí los recursos hídricos del norte de México. (Sosa-Rodríguez & Constantino-Toto, 2023).

Esta serie de condiciones pueden provocar o incrementar de gran manera los niveles de daño y erosión que los suelos agrícolas reciben; cuando esto ocurre, los suelos afectados lo resienten en su capacidad productiva, se reduce la sanidad y fertilidad del suelo, además de que se reduce la capacidad de retención de agua. Otro de los problemas ocasionados por un manejo inadecuado del suelo o

directamente el manejo convencional de los sistemas productivos es la contaminación que los insumos y los métodos utilizados generan; ya que estos contribuyen a la desaparición de hábitats naturales; aumentan los costos de la producción y el gasto energético (González, 2003).

Como respuesta a la búsqueda para poner solución a este tipo de problemática, existe el manejo de suelos con prácticas agroecológicas, las cuáles han mostrado resultados tangibles en cuanto al mantenimiento y aumento de la sanidad y nutrición de los suelos. Aquellos campos de cultivo que manejan prácticas agroecológicas han observado una mayor eficiencia respecto a la retención del agua de riego, mejoría en las cantidades de materia orgánica presente, una mayor capacidad de intercambio catiónico y en general, la implementación de este tipo de prácticas supone una mejoría global de las condiciones del recurso suelo (Larios-González et al., 2014).

La aplicación de enmiendas orgánicas, como lo es el estiércol contribuye al incremento de nutrientes para el suelo y para los microorganismos presentes (además de sumar microorganismos benéficos al sustrato); a su vez aumenta la disponibilidad de los antes mencionados para ser aprovechados por la planta; adicional a esto acelera los procesos de la actividad enzimática, el ciclaje de materia orgánica y como consecuencia ayuda al correcto funcionamiento del ciclo biológico del nitrógeno (Salazar-Sosa et al., 2010).

No obstante, la aplicación de este tipo de enmiendas orgánicas, también llamados abonos o estiércoles, se debe tener especial cuidado a la hora de pensar en adicionarlos al sistema productivo, ya que dependiendo de su respectivo origen, estas opciones pueden llegar a contener algunas sustancias químicas ajenas de las propias enmiendas (agentes xenobióticos), entre los mas comunes los antibióticos o productos farmacéuticos que hayan sido suministrados al ganado del que provengan los desechos utilizados; este tipo de contaminantes suelen ser absorbidos por la planta y por consiguiente también son absorbidos por los frutos,

hortalizas y la cosecha en general y dependiendo de cómo haga el organismo para metabolizar los agentes xenobióticos, puede haber efectos adversos tanto en el desarrollo del cultivo y en la salud humana o animal (Granado Herrador, 2021).

De tal manera, es importante tener en cuenta el aspecto de la salud edafológica y la microbiota existente; ya que dichos microorganismos se ven afectados cuando el manejo de los cultivos se realiza con prácticas intensivas, convencionales o no se tiene conciencia de la proveniencia de los abonos usados en la agricultura, esto sumado a la baja cantidad de materia orgánica que se encuentra presente naturalmente en los suelos de las regiones del norte de México. Ya que el desequilibrio provocado por el mal manejo del suelo acarrea degradación biológica innecesaria, decrece la cantidad y el rendimiento de las cosechas, vulnera a los cultivos frente a factores de estrés, le resta la capacidad a los agroecosistemas de llevar a cabo correctamente sus principales servicios ecosistémicos como lo es la producción de biomasa, retención y filtrado del agua, regulaciones climáticas; por mencionar algunos (Cruz-Cárdenas et al., 2021).

La conservación y mantenimiento de dicha microbiota del suelo es vital ya que esta desempeña actividades muy específicas en el suelo como lo es: la descomposición de la materia orgánica (presente y añadida), descomposición de los minerales primarios, promueve la mineralización del nitrógeno orgánico (también conocida como la nitrificación), ayuda a desarrollar relaciones simbióticas que mejoran la captación de nutrientes y provee protección contra patógenos (Osorio-Vega N.W., 2009).

OBJETIVO GENERAL

Identificar los impactos del manejo de suelos agrícolas sobre el microbioma en agroecosistemas semiáridos del Noreste de México.

OBJETIVO ESPECÍFICO

Clasificar y caracterizar la taxonomía de la población bacteriana del suelo en un agroecosistema árido.

HIPÓTESIS

Ho. Existe diferencia significativa entre la microbiota de cada tratamiento de suelo.

Ha. No existe diferencia significativa entre la microbiota de cada tratamiento de suelo

CAPÍTULO II

REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 Agroecología

La agroecología se encarga de analizar aquellas relaciones directamente ecológicas que suceden dentro de los ecosistemas, como lo son: las cadenas tróficas, la relación entre la planta y el suelo, el suelo y las enfermedades, los insectos y la planta, por mencionar algunos; por eso es importante que se pueda concebir la idea de que este tipo de relaciones ecológicas son directamente resultado del manejo de un espacio y tiempo específico; considerando y esperando que éste manejo arroje cierta calidad y cantidad en cuanto a producción, de tal manera es también importante cuidar los resultados obtenidos de las relaciones sociales de producción, ya que estas determinan la sostenibilidad de los agroecosistemas manejados. Se puede entender a la agroecología como un enfoque que integra métodos e ideas de un un amplio número de disciplinas; provee un amplio marco de metodologías que ayudan a lograr un profundo análisis, interpretación y entendimiento de la naturaleza de los agroecosistemas, desvela aquellos principios que en esencia dan la pauta para conocer como funciona todo en conjunto. Este conjunto de metodologías y conocimientos son necesarias para que la agricultura sea ecológicamente correcta, que a su vez exista una alta productividad y que se dé una concordancia entre estos factores y la viabilidad económica (Ruiz-Rosado, 2006).

Las bases científicas que la agroecología proporciona están dirigidas a la producción de un agroecosistema que sea principalmente diverso; capaz de mantener su propio funcionamiento, dándole prioridad al enfoque de una ingeniería que sea ecológica y que también sea capaz de ensamblar a todos los posibles componentes existentes dentro del agroecosistema, como lo son: los cultivos, el recurso suelo, el material forestal y los animales. Aquellas interacciones que se presentan dentro de estos espacios, deben estar encaminadas a buscar rendimientos de las fuentes internas, por ejemplo: el reciclaje de los nutrientes, el

mantenimiento y aumento de la materia orgánica, resaltar y procurar el control biológico como un tipo de sinergia presente; por estos motivos se logra demostrar que el trabajo agroecológico se enfoca no solo en maximizar la producción, sino que le da un lugar de importancia a la optimización general de todos los recursos del agroecosistema, brindándole al espacio un equilibrio entre todos los aspectos (Gutiérrez et al., 2008).

Es importante señalar, que la agroecología se debe considerar no sólo como una disciplina científica, sino también como un movimiento social y un conjunto de prácticas, incluso una mezcla de todo esto; una óptica acertada para la comprensión del término es siempre considerar qué efecto tendrá cualquier innovación o cambio que se desee implementar a nivel parcela, a nivel del agroecosistema, a nivel ambiental y a nivel poblacional. Las dimensiones globales que aporta la agroecología a las disciplinas de producción agrícola responden a las grandes cuestiones como lo son: el uso global del recurso suelo, el cambio climático y la seguridad alimentaria (Wezel & Soldat, 2009).

2.2 Agroecosistema

Los agroecosistemas se estudian como una unidad base de la agroecología y se entiende que son la suma de todos los factores que la conforman, estos se encargan de generar y mantener la biodiversidad que ha sido inducida por el humano. Un aspecto importante de los agroecosistemas, es que juegan un papel muy importante para la expresión del recurso genético de las plantas, animales y los microorganismos; además de que son una parte fundamental para que la riqueza biocultural se mantenga en desarrollo y que las interacciones que existen entre la agricultura y la sostenibilidad funcionen adecuadamente (Sáens-Leguizamón et al., 2023).

Las prácticas que se realizan dentro de los agroecosistemas deben tener por objetivo el regenerar y aumentar ese tipo de biodiversidad que respalde y refuerce el equilibrio ecológico; este objetivo se logra mediante la integración de los componentes del sistema productivo, de manera que se pueda mejorar la eficiencia

ecológica. Por otro lado, es vital que el agroecosistema se diseñe de tal modo que de cierta manera pueda imitar las estructuras y funciones de un sistema natural local (Sans, 2007).

2.2.1 Clasificación de los agroecosistemas

Según datos de la Semarnat, México cuenta con 6 tipos de agroecosistemas principalmente (el agroecosistema acuicola, el agroecosistema de humedad, la agricultura de riego, la de temporal, el agroecosistema de bosque cultivado y el agroecosistema de pastizal cultivado), los cuales están distribuidos a lo largo de la república y dichos agroecosistemas difieren mucho entre sí en cuanto a tipos de clima, tipos de suelo y tipo de aprovechamiento que se puede obtener de ellos, el agroecosistema más extenso de todos es la agricultura de temporal, representando un total de 11.4% del territorio nacional, seguido del pastizal cultivado con un 6.6% y el tercero más significativo es la agricultura de riego, representada por un 5.12%. Veracruz es el estado que mayormente concentra la superficie de agricultura de temporal, seguido por los estados de Zacatecas y Jalisco; en cuanto a la agricultura de riego el estado que tiene más representación es Sinaloa (SEMARNAT, 2015).

2.2.2 Agroecosistema árido

Para que un agroecosistema sea clasificado como tal, el sitio debe presentar entre 9 y 10 meses secos y un promedio anual inferior a 300mm; esto considerando valores de la temperatura, la radiación solar, la humedad relativa y también la velocidad del tiempo; dichos valores se cotejan con las normas de clasificación del Régimen de aridez (Pérez, 2020).

Una de las mayores preocupaciones de este tipo de agroecosistemas, es la poca disponibilidad de agua que existe, esto hace que la actividad agrícola se vea limitada y en ocasiones también pone en juego la seguridad alimentaria. Una estrategia que se puede tomar ante esta situación, es la búsqueda del cambio de patrón en cuanto a la manera de cultivar, incrementando la productividad y la resiliencia incluyendo los policultivos, la rotación y asociación de cultivos al sistema productivo. En lo que a la sequía respecta; en este tipo de agroecosistemas es aconsejable que el sistema

no sea totalmente de tipo temporal, ya que esto condiciona la productividad a las lluvias y vulnera a los productores ante sequías (que suelen ser de lo más común en este tipo de agroecosistemas) (Lluch-Cota et al., 2022).

2.3 Biodiversidad

Este término hace referencia a aquella variedad de seres vivos que existen en la tierra y sus patrones que lo conforman naturalmente, el término también comprende desde la amplia gama de ecosistemas, las especies que los habitan y sus respectivas poblaciones, el concepto es tan amplio que también llega a abarcar la diversidad genética de los individuos que los conforman. Un aspecto importante de saber, es que la biodiversidad no está esparcida homogéneamente a lo largo del globo terráqueo, por lo que no necesariamente los países mas grandes son los más diversos. México es el país número 4 en la lista de biodiversidad y alberga el 12% de todas las especies conocidas en el planeta; la importancia de nuestro país en este parámetro radica en que muchas de estas especies son endémicas (Jiménez-Sierra et al., 2010).

2.4 El suelo

El suelo funciona como un sistema dinámico que es multifuncional, en donde intervienen factores abióticos y bióticos; que además tiene la capacidad de ofrecer bienes y servicios ecosistémicos. Para entender la naturaleza del suelo, se deben abordar una variedad de ciencias, como lo es principalmente: la biología, la física, la química y la geología. Entre las funciones más notorias del suelo, es la que está relacionada con la agricultura, pero también representa otras como protección que ofrece a la naturaleza, al ambiente y la arquitectura de los paisajes (Trujillo-González et al., 2018).

Dentro del suelo pueden llegar a transitar una variedad de materiales tanto orgánicos, como inorgánicos, además de otros como el agua, la energía, los nutrientes y sin mencionar la cantidad enorme de microorganismos que forman interacciones complejas dentro del perfil del suelo. Los distintos componentes del

suelo significan un aporte importante de nutrientes para los organismos que alberga y que juegan un papel importante dentro de la fertilidad edafológica del agroecosistema o del ecosistema en general. Por otro lado su conformación mineral es indispensable para el desarrollo de las plantas o cultivos que están creciendo del suelo, dichos componentes minerales son: fósforo, potasio, calcio, magnesio, sodio, azufre, nitrógeno y carbono, principalmente (Montaño Arias et al., 2018).

Hablando específicamente del suelo agrícola, este tiene una gran tendencia al deterioro y baja capacidad de fertilidad como consecuencia de la sobreexplotación a la que se encuentra todo el tiempo, puede llegar incluso a inhibir por completo sus capacidades de producción; esto a su vez conlleva el deterioro de la seguridad alimentaria si no existe un manejo adecuado del recurso suelo (Torres & Rojas Martínez, 2018).

2.4.1 Manejo convencional del suelo agrícola

Los sistemas de producción que son manejados bajo prácticas convencionales suelen sobreexponer al suelo a fertilizantes de síntesis química y esta acción realmente no ha solucionado todos los requerimientos que el suelo tiene, al contrario, se traduce en inversiones innecesarias que acarrear consecuencias adversas para el suelo, el ambiente y la gente que consume los productos obtenidos; incluso suelen ser efectos difíciles de revertir (Marín et al., 2017).

Es bien sabido que algunas de las prácticas de la agricultura convencional merman la calidad edáfica. Prácticas como: la labranza intensiva, los monocultivos repetitivos, el uso de agrotóxicos como fertilizantes y pesticidas, la quema de residuos y el sobrepastoreo; la implementación de este tipo de maniobras agrícolas genera una importante disminución en el contenido de materia orgánica presente, así como la disminución de los nutrientes, afectan la estabilidad y distribución de los agregados del perfil edáfico, disminuye la porosidad y se puede llegar a tener afecciones en la comunidades microbianas (Vallejo et al., 2018).

2.4.2 Manejo agroecológico del suelo agrícola

Una de las principales técnicas de conservación del suelo que ha ido tomando fuerza a lo largo del mundo, es la labranza mínima y en ocasiones incluso la llamada labranza cero, esta práctica dada como resultado en la búsqueda de erradicar la manipulación excesiva del recurso suelo, esta manipulación ha ocasionado la perturbación de la microfauna benéfica, problemas del correcto funcionamiento del drenaje edafológico, compactación del suelo y principalmente problemas de erosión. Los beneficios principales de la labranza mínima radican en el hecho de dejar dentro del predio los rastrojos de cosechas pasadas a manera de cubierta vegetal, dichos restos que se van descomponiendo por acción del tiempo y por acción de los microorganismos van formando parte de la MO que el suelo necesita, enriqueciéndolo y por consiguiente, mejorando las propiedades físicas del suelo (Felipe-Morales, 2002).

Otra técnica de manejo agroecológico es el uso de coberturas vegetales y está recomendada en zonas de clima húmedo, preferentemente donde no existan problemas por competencia de agua entre el cultivo principal y la cobertura vegetal; por otro lado la utilización del mulch es principalmente utilizado en zonas de diferente climatología, como lo son las zonas áridas y semiáridas, donde el agua si representa un factor limitante; ya que el mulching tiene propiedades que benefician al suelo, protegiéndolo de la erosión hídrica y eólica, lo que a su vez previene la pérdida del agua de riego por la evapotranspiración, controla los arvenses y en zonas de riesgos por helada también constituye una solución práctica (Felipe-Morales, 2002).

Las áreas agrícolas que utilizan este tipo de técnicas se ven menormente afectadas por la erosión del suelo y representan una manera de defensa contra la pérdida del suelo en terrenos que tienen fuertes pendientes; así como en terrenos que presentan cultivos de alta densidad como lo es la avena, el trigo o la cebada, con

valores significativos de entre el 60 y 75% menos pérdida del recurso suelo cuando la técnica es adecuadamente realizada (Huerta-Olague et al., 2018).

La rotación y asociación de cultivos es otra maniobra de conservación de suelos que se implementa; este tipo de técnica busca principalmente dejar a la tierra descansar después de haber recogido la cosecha, esto trae consigo que la misma tierra mantenga su capacidad fértil. Un aspecto que se debe tener en cuenta para que no existan factores limitantes, es que se debe observar bien el tipo de clima que está presente y el tipo de suelo con el que se cuenta, para así poder incluir en el plan de rotaciones las plantas que estén adaptadas al sitio, esto para que no se necesite ayuda extra contra enfermedades o plagas (Pérez-Quiñonero, 2023).

En el caso específico de los beneficios que ésta práctica trae consigo está la de que los nutrientes son mejor aprovechados por el cultivo; cuando se incluye dentro del plan de rotación alguna leguminosa, dicho efecto de aprovechamiento de los nutrientes, se incrementa, por efecto de que las legumbres enriquecen el suelo con nitrógeno; por medio de la simbiosis que se presenta con aquellas bacterias fijadoras de nitrógeno atmosférico. Por otro lado, se tiende a optimizar el espacio disponible y se le da al suelo una cobertura que es eficiente y llena de ventajas por todo lo antes mencionado; cuando se logra constituir la asociación se beneficia al predio porque se le otorga control biológico y de enfermedades (Felipe-Morales, 2002).

2.4.3 Microbiología del suelo agrícola

El suelo es un recurso natural no renovable que principalmente forma un sistema diverso y dinámico, en este espacio se desarrollan procesos de tipo biogeoquímico muy importantes para el desarrollo de la vida en general. Con ayuda de los microorganismos que desencadenan procesos de sucesión ecológica y flujo de elementos (Ayan et al., 2021).

La funcionalidad de este grupo en particular, afecta positivamente la productividad de las plantas, específicamente, la de los cultivos hablando de un contexto agrícola, ya que en investigaciones se ha encontrado la influencia de los microorganismos del suelo en actividades de la fijación de nitrógeno, la degradación de la celulosa, la absorción de fósforo por la planta, la interacción de microorganismos nativos con algunos que son incorporados gracias al manejo agroecológico del suelo y el control biológico, por mencionar algunos; todas estas aportaciones microbianas intervienen de manera benéfica en el desarrollo de la agricultura, ya que ayuda al mantenimiento del medio y que la producción sea adecuada sin que exista alguna cuestión perjudicial al ambiente o al agroecosistema. Otro aspecto de influencia es la significancia que tienen los microorganismos para proporcionar un balance ideal entre los factores suelo, planta y microbiota nativa; el sitio donde se llevan a cabo estas interacciones vitales, es la rizosfera y los microorganismos ayudan a mantener esta zona en condiciones óptimas, tanto físicas, como químicas y biológicas (Olalde Portugal et al., 1998).

El comportamiento de los microorganismos del suelo, nos permite concebir una idea ampliada de los mecanismos que ayudan a reforzar la estabilidad y el equilibrio del conjunto edáfico real, así como también permite analizar el manejo de la materia orgánica y la manera para manejar aquellos suelos que están degradados (Momo, 2022).

2.4.4 Microbiología del estiércol

Cada comunidad bacteriana tiene condiciones específicas para efectuar su crecimiento, en momentos específicos para degradar la materia o cierto tipo de materiales. Por este motivo, es necesario y muy útil poner atención a estos cambios dinámicos y así poder entender el principio de cómo se hace la transformación de la materia orgánica a lo largo de todo el proceso de compostaje (Hong-Yan et al., 2013).

La comunidad bacteriana presente en el estiércol bovino, puede variar mucho, ya que la riqueza de la diversidad dependerá de factores internos y externos del sistema de producción, pero analizando dichas comunidades se puede esperar

encontrar los siguientes generos bacterianos: *Pseudomonas*, *Clostridium*, *Basilus*. Se sabe que el último género mencionado tiene la capacidad de convertir compuestos orgánicos simples en materia orgánica disponible para sr aprovechada, así como también influye en facilitar y acortar el ciclo del compostaje (Hong-Yan et al., 2013).

El tratamiento que debe recibir el estiércol bovino antes de ser aplicado al suelo es de suma importancia, ya que el compostaje y el calor generado en este proceso ayuda a que se eliminen una importante cantidad de microorganismos patógenos que naturalmente están presentes en este tipo de abonos, la minoría de microorganismos patógenos que quedan presentes en el material, pueden ser degradados por las bacterias benéficas del suelo (Vázquez-Vázquez et al., 2011).

2.5 Utilización de estiércoles

La materia orgánica que los estiércoles pueden aportar a los cultivos es mucha y de calidad, ya que tienen la capacidad de aportar N que queda disponible para el cultivo por mucho tiempo; por otro lado el K, P y Ca que están presentes en el estiércol aunque en menor cantidad, están disponibles para ser asimilados de manera suficiente por acción de la actividad microbiana existente. Entre los principales beneficios de la utilización de estiércol como fertilizante orgánico se encuentran: que se incrementa notablemente la actividad biológica del suelo, como ya se mencionó existe una latente aportación de nutrientes, se proporciona hábitat y energía que son utilizados por la microbiota del suelo, específicamente ayuda a la formación de agregados, ayuda a incrementar la porosidad del suelo y como resultado; se aumenta la capacidad de retener humedad (Álvarez et al., 2012).

Para que el uso de este tipo de abonos sea inocuo dentro de los sistemas productivos, debe haber tenido un debido manejo previo, ya que de no ser así y ser agregado como fertilizante inmediatamente, se aumenta potencialmente la posibilidad de estar agregando agentes patógenos al suelo, este tipo de agentes bacterianos tienen la capacidad de llegar a los sistemas subterráneos de agua o

incluso pueden llegar a afectar la salud de los animales o humanos que tengan contacto con estos productos alimentarios. Lo recomendable es someter al estiércol a un proceso de compostaje o digestión de tipo anaerobia, para reducir las cargas bacterianas de patógenos como la *Salmonella*, *Listeria* o el *E. Colli* (Pereyra Tamayo, 2022).

2.6 Rizósfera

Esta zona específica del suelo es la que está más cercana (cincuncidante) a las raíces de las plantas, está formado principalmente por material de roca, diferentes texturas y tipos de partículas de tierra, microorganismos, agua y los nutrientes que están presentes pueden ser orgánicos e inorgánicos. La comunidad bacteriana que habita esta zona del suelo, coloniza las raíces competitivamente y estimula el crecimiento y desarrollo óptimo, además de que evita la incidencia de enfermedades en las plantas proporcionándoles resistencia sistémica, promoviendo la competencia hacia los nutrientes y produciendo metabolitos que suprimen a la rizobacterias nocivas (Flores-Álvarez & Sánchez-Minutti, 2024).

2.7 Rizobacterias

Las bacterias promotoras del crecimiento, también llamadas rizobacterias benefician a las plantas por medio de algunos mecanismos, entre ellos está: la fijación de nitrógeno, ayudan a la producción de fitohormonas, solubilizan el fósforo, sintetizan enzimas que también aumentan los niveles de fitohormonas y ayudan a mantener controlados a los fitopatógenos (Holguin et al., 2003).

Muchas de estas rizobacterias tienen la capacidad de formar cierto biocomponente integral para el suelo, este biocomponente controla los nutrientes y sus ciclos biogeoquímicos, la importancia de este grupo en específico radica en la influencia que ejercen también sobre los nichos ecológicos y las interacciones que promueven entre los diferentes agentes del suelo (Álvarez-López et al., 2013).

2.8 Microbioma rizosférico

Una de las acciones principales que realiza esta población bacteriana es la mineralización y transformación de la materia orgánica, esto se logra ya que estos microorganismos poseen enzimas que rompen los enlaces de las macromoléculas que son orgánicas y las hacen disponibles para su absorción. Se considera que el suelo, especialmente la rizósfera es uno de los mas grandes reservorios de la población microbiológica bacteriana (Paco Pérez et al., 2022).

La composición de los microbiomas rizosféricos depende mucho del tipo de planta al que estén asociados, así como aquellas características edafológicas de cada tipo de predio; específicamente el contenido de materia orgánica, los nutrientes que ya estén presentes en el suelo, la textura, la estructura y el pH. Este conjunto de características tienen un efecto directo en la formación de exudados radiculares y por consiguiente se tiene un efecto en los tipos de microorganismos que son atraídos a las raíces, ya que estos exudados han encontrado la manera de llamar a aquellos microorganismos que son compatibles entre sí y se genera este vínculo biológico. Por ejemplo, en el suelo se encuentran sostenidas las partículas sólidas de los átomos de nitrógeno, fósforo y azufre; el nitrógeno tiene la peculiaridad de que la mayor cantidad que existe, solo se puede encontrar en la atmósfera y no hay ninguna especie vegetal que tenga la posibilidad de tomar el nitrógeno en forma de gas para poder transformarlo a la forma orgánica y por otro lado, el microbioma si tiene esta posibilidad de hacer uso de aquellos minerales que no están disponibles para las plantas, la manera en la que lo hacen es por medio de liberar los átomos que están retenidos y los ponen a disposición para que la materia vegetal los absorba; de esta manera las dos partes se ven beneficiadas de la relación ya que la microbiota obtiene una fuente de alimento y sobretodo obtiene un nicho y por el otro lado las plantas experimentan mejorías en cuanto a crecimiento y desarrollo (Ona, 2021).

2.9 Secuenciación masiva de la siguiente generación

Este término, también conocido como: Next generation sequencing (NGS) , hace referencia al grupo de tecnologías que se utiliza para hacer secuencias de un gran número de segmentos del DNA; esto de manera masiva y paralelamente, empleando menos recursos económicos y menos tiempo en la realización. Uno de sus usos principales es detectar las variantes de nucleótido únicos, así como también se han desarrollado métodos para otro tipo de variantes que pueden ser detectadas, como las inserciones o las deleciones. El abordaje metodológico que se sigue para llegar a estos resultados se generaliza en 5 procesos: 1.- se comienza segmentando el DNA en varias partes, 2.- se realiza la marcación del DNA utilizando primers que van señalando el punto inicial de partida para una reaplicación, 3.- se amplifican los fragmentos señalados del DNA que resultaron marcados por los adaptadores de los métodos basados por reacción en cadena de polimerasa (PCR), 4.- lectura y secuenciación de dichos fragmentos, 5.- se reconstruye completamente la secuencia usando referencia de otra secuencia y se exporta a una base de datos (Rubio et al., 2020).

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Ubicación del área de estudio

Las muestras del presente estudio fueron colectadas en la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro Unidad Laguna (25°23'36"N 101°00'02"O) que se encuentra ubicada en la Ciudad de Torreón, municipio de Coahuila.

3.2 Características climáticas del área de estudio

Esta región se encuentra situada a 1,120 metros sobre el nivel del mar, el clima pertenece a la clasificación (BWhw), lo que quiere decir que suele ser árido y semicálido; la temperatura media anual oscila entre los 18° y 22° C, las lluvias que escasamente se presentan lo hacen en verano, teniendo un aproximado de 225 mm de precipitación anualmente (Villanueva-Solis et al., 2022).

3.3 Obtención de muestras

Se realizó la recolecta de muestras de suelo (textura tipo miga arcillosa arenosa; 25.556332 N y -103.370672 W), en tres momentos distintos: el primero de control (suelo, A1-A3 en el día 0), posteriormente se realizó la aplicación del estiércol (20 mg ha⁻¹) y 11 días después se realizó el segundo muestreo (SWM B1-B3), finalmente el tercer muestreo se llevó a cabo en la rizósfera de arvense (*Amaranthus hybridus* L.) a los 75 días posteriores a la aplicación del estiércol (rizósfera C1-C3). Para cada condición se realizó una muestra compuesta a partir de 25 submuestras aleatorias que se tomaron a una profundidad de 0 a 15 cm, se mezclaron y se tomaron 4 réplicas de dicha muestra compuesta. De igual modo, se hizo la recolección de 3 muestras adicionales de cada escenario (mezcladas para crear una muestra combinada), esto con el fin de poder determinar los parámetros fisicoquímicos. En el caso de la tercer condición estudiada, también se realizó una extracción del arvense, para esto se colocó el suelo de la rizósfera asociada a la planta en un recipiente desinfectado y se tomó la muestra.

3.4 Análisis fisicoquímicos del suelo

El pH y la conductividad eléctrica (CE) se midieron en suspensiones suelo-agua con relaciones de 1:2 y 1:2.5 (p/v) respectivamente (Lujan-Soto et al., 2021). Mientras tanto, la materia orgánica del suelo (MOS) se determinó utilizando el método de Wakley y Black (1934), por otro lado los microelementos (Cu, Fe, Zn Y Mn) se analizaron mediante espectroscopía de absorción atómica (Perkin-Elmer Model 2380, USA).

3.5 Extracción de DNA del microbioma del suelo

El DNA que se obtuvo de la muestra, se recolectó utilizando un kit de DNA MiniPrep de la marca Zymo Research™, una vez extraídas la totalidad de las muestras, se procedió a medir el DNA utilizando un fluorómetro de NanoQ. Para llevar a cabo las amplificaciones de de las regiones V3-V4 del gen 16S rARN el cual se llevó a cabo con los primers recomendados por Klindworth (Klindworth *et al.*, 2013). S-D-Bact-0341-b785-a-A-21, 5´CCTACGGGNGGCWGCAG-3´ y S-D-Bact-0785-a-A-21,5´-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3´, el cual genera un amplicón de ~460pb. Como siguiente paso se enviaron las secuencias a sintetizar con ayuda de adaptadores “overhang” los cuales forman parte del protocolo de Illumina. Los resultados que se obtuvieron son los siguientes:

5´TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCCTACGGGNGGCWGCAG
-3´y 5´GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTA
TCTAATCC-3´ (amplicón de ~550 pb). Posteriormente, aun utilizando el protocolo

antes mencionado, se suministró:

12.5 µl de MyTaq™ ReadyMix 1X (Bioline®)

1 µl de cada uno de los primers (10 uM)

5 µl del DNA, lo que equivale a 50ng totales

5.5 µl de H₂O de grado molecular.

Posteriormente se procedió a utilizar un ciclo de 95°C durante 3 minutos, 25 ciclos de 95°C por 30 segundos, 55°C por 30 segundos, 72°C por 30 segundos y el ultimo ciclo de 72°C durante 5 minutos; todos estos ciclos se llevaron a cabo usando un

termociclador Labnet Multigene™ Gradient PCR. Como siguiente paso, se añadió 1 µl de lo que se obtuvo en los PCR dentro de un chip de Bioanalyzer DNA 1000 para verificar el tamaño del amplicón (~550 pb), se realizó una purificación de los amplicones utilizando las perlas de Agencourp® AMPure® XP al 0.8%. Dichos amplicones se etiquetaron con ayuda del Nextera XT Index Kit™ para dar paso a la creación de las bibliotecas. Adicionalmente se aplicaron 25 µl de MyTaq™ ReadyMix 1X (Bioline®), 5 µl del primer N7xx y S5xx respectivamente, 5 µl del DNA y 10 µl de H₂O de grado molecular: empleando un ciclo específico de 95°C durante 3 minutos, 10 ciclos de 95°C por 30 segundos, seguido de 55°C durante 30 segundos, 72°C por 30 segundos y el último de 72°C durante 5 minutos. Después las bibliotecas se purificaron por medio de las perlas Agencourt® AMPure® XP al 1.2%. Se le aplicó 1 µl de la biblioteca definitiva de algunos de los resultados de los PCR que fueron seleccionados al azar, sobre un chip de Bioanalyzer DNA 1000, lo cual ayuda a comprobar el tamaño del amplicón, teniendo la expectativa de que el tamaño sea de ~630 pb. Para finalizar, se realizó la cuatificación, la normalización (también conocida como equimolaridad), la agrupación de las bibliotecas y la secuenciación masiva de las siguientes generaciones (MiSeq Illumina® de 2 x 250 lecturas de final pareado), usando el protocolo específico para metagenómica (Illumina, 2017).

3.6 Análisis bioinformáticos

Para el análisis que se realizó a las secuencias taxonómicas se utilizó un software bioinformático llamado **QIIME 2** (Quantitative Insights into Microbial Ecology), el cual está basado en el lenguaje Linux-Ubuntu (Bolyen et al., 2019).

DADA2 (Division Amplicon Denoising Algorithm), es el programa con el que se modela y se corrige los errores existentes en las amplificaciones de las secuencias dadas por Illumina. Infiere en las secuencias exactas para resolver las diferencias de un solo nucleótido (Callahan et al., 2016).

ASV (Amplicon Sequence Variants), esta es la manera de llamar a las unidades taxonómicas que se obtienen por medio de DADA2 (Callahan et al., 2017).

Greengenes2 es la base de datos que se tomó como referencia taxonómica bacteriana, esta base de datos se encuentra actualizada al año 2022 y está en concordancia con el GenBank del NCBI (National Center for Biotechnological Information) (McDonald et al., 2023).

La composición taxonómica que se tomó en cuenta para la contabilización fueron por un lado los diferentes niveles taxonómicos desde phylum, clase, orden, familia, género y especie; y por el otro lado se consideró la riqueza (en número) de los taxos bacterianos (ASVs) y la abundancia relativa de los mismos (ASVs).

3.7. Diversidad bacteriana.

3.7.1 Diversidad Alfa

3.7.1.1 Diversidad alfa taxonómica

La diversidad alfa se refiere a este tipo de variabilidad de taxos bacterianas (ASVs) dentro de una muestra específica o su categoría de metadatos, para esta determinación se utilizaron las siguientes métricas:

1.- Número de ASVs (observed features), los cuáles nos indican la riqueza de ASVs bacterianos en cada categoría, en este caso las categorías están representados por los tratamientos. Cuando existe mayor número de ASVs, existe mayor riqueza bacteriana en cada tratamiento.

2.- Entropía de Shannon (Shannon entropy), esta es la forma más popular de medir la diversidad alfa. Considera la riqueza de los ASVs en cada una de las muestras y también su abundancia. Cuando los valores de Shannon están elevados, significa la presencia de ASVs poco abundantes (raros), esto a su vez hace que se eleve la entropía (desorden). Por el contrario, niveles bajos en las pruebas de Shannon indican que existe una riqueza similar de ASVs con baja entropía (orden).

3.- Equidad de Pielou (Pielou Evenness), con esta métrica se evalúa que tan equitativamente están distribuidas las abundancias de ASVs bacterianos en una

comunidad, comparándolas con su distribución perfectamente uniforme. Esta uniformidad de Pielou tiene una variabilidad de 0 y 1. Cuando se presenta el valor 1, esto nos indica una distribución que está perfectamente uniforme; de tal modo que los taxas totales tienen la misma abundancia. Cuando se presenta un valor cercano a 0, este nos indica que la distribución de las abundancias está desigual, con pocos ASVs dominantes y muchos otros que están presentes pero en cantidades mínimas.

3.7.1.2 Diversidad alfa filogenética

La diversidad filogenética, hace referencia a la diversidad evolutiva dentro del grupo de organismos y se considera la filodiversidad de las relaciones evolutivas presentes (distancias filogenéticas) entre cada taxa bacteriana.

1.- Métrica Faith (Faith_PD) se calcula como la suma de la longitud de las ramas todos los ASVs de toda una continuidad (las muestras del grupo). Cuando existe un valor alto en las pruebas de faith, esto indica que hay una mayor distancia evolutiva (mayor número de linajes bacterianos). Los valores bajos en las pruebas de faith indica que hay una menor distancia evolutiva (pocos linajes bacterianos), por consiguiente se ve reflejado un baja diversidad. Los linajes bacterianos son los grupos de bacterias que comparten un ancestro en común y también comparten características genéticas, fenotípicas y/o evolutivas.

Para cada una de las métricas mencionadas, se elaboró una gráfica de caja y bigotes (boxplots), que nos permite ver las medianas, los cuartiles, el máximo, el mínimo y los valores outliers para cada tratamiento. Para cada una de estas gráficas, a su vez, se le realizó una prueba de Kruskal-Wallis para probar diferencia entre los grupos ($p < 0.05$), en caso de observarse que existe una diferencia significativa, se procede a hacer la prueba de post Hoc de Dunn y así identificar cuáles de esas especies fueron las distintas.

3.7.2 Diversidad beta

La diversidad beta se refiere al grado de diferencia que se percibe entre la comunidad bacteriana de las muestras, los grupos y los tratamientos. Principalmente se tienen 2 enfoques para analizar la diversidad beta:

- 1.- Enfoque taxonómico (comparación taxonómica): la cual se encarga de comparar las comunidades bacterianas entre especies o grupos, sin considerar las relaciones evolutivas presentes.
- 2.- Enfoque filogenético (comparación de la filodiversidad): compara a las comunidades bacterianas entre especies o grupos, pero considerando las relaciones evolutivas que se comparten.

3.7.2.1 Métricas para medir diversidad beta taxonómica

- 1.- Distancia de Jaccard: es una métrica cualitativa y solo considera la riqueza de ASVs para realizar comparaciones bacterianas.
- 2.- Distancia Bray Curtis: es una métrica cuantitativa que considera tanto la riqueza como la abundancia de las ASVs para realizar las comparaciones bacterianas.

3.7.2.2 Métricas para medir diversidad beta filogenética

- 1.- Distancia Unifrac no ponderada (Unweighted): esta métrica es cualitativa filogenética y considera la riqueza de ASVs para la comparación de las comunidades bacterianas.
- 2.- Distancia Unifrac ponderada (Weighted): esta métrica es de tipo cuantitativa filogenética, que considera por un lado la riqueza de las ASVs y por el otro lado la abundancia de las mismas ASVs con la finalidad de comparar las comunidades bacterianas.

Para cada métrica antes mencionada, se elabora una gráfica de coordenadas principales (también llamada PCoA) la cual permite observar la disimilitud de las comunidades bacterianas en cada grupo o especie; dicho procedimiento se realiza en el programa emperor. Posteriormente, a cada una de las métricas se le realiza

una prueba de Análisis de Varianza Multivariado por Permutaciones (PERMANOVA) para probar diferencia significativa entre las comunidades bacterianas de las especies o grupos ($p < 0.05$).

3.7.3 Análisis extras

En caso de que alguna o todas las pruebas PERMANOVA realizadas hayan tenido resultados significativos ($p < 0.05$), se debe responder a la cuestión ¿cuáles taxa son los que difieren entre las comunidades bacterianas de los grupos?. Dicho cuestionamiento se debe responder por medio de los niveles: phylum, familia y género.

- 1.- Análisis de similitud de porcentajes (SIMPER, Similarity Percentage Analysis). Determina el porcentaje de contribución que proporciona cada taxa en la disimilitud de las comunidades bacterianas.
- 2.- Pruebas de Kruskal-Wallis para cada taxón. Se realizan en el mismo PAST, y se anota el valor H y p en dos columnas al final de la tabla de Excel. Señalando aquellos que hayan sido significativos.
- 3.- Heatmap estandarizado. Se elabora en el programa Clustvis (<https://biit.cs.ut.ee/clustvis/>), usando solo los taxa que fueron significativos.

Para realizar el cálculo de los valores de Z que Clustvis arroja, se necesita calcular la media y la desviación estándar de cada taxa bacteriano. Se debe utilizar la fórmula de la estandarización de Z, cuya regla es que los resultados deben mantenerse en una media de entre 0.0 y 1.0.

$$Z = (x_i - \bar{x}) / SD; \text{ donde}$$

x_i = valor observado, \bar{x} = media; SD = Desviación estandar.

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 Análisis fisicoquímicos del suelo

A continuación se muestran las propiedades fisicoquímicas del análisis realizado al suelo, en el cual hay diferencias notorias por efecto de los días de distancia en que se realiaron dichos muestreos a los tratamientos.

Cuadro 1. Propiedades fisicoquímicas del suelo en los diferentes tratamientos

VARIABLE	CONTROL	SWM	RHIZOSPHERE	F	P
pH	7.93±0.04 ^a	7.84±0.03 ^c	7.91±0.04 ^b	8.503	0.010
EC	4.34±0.03 ^b	6.335±0.05 ^a	3.76±0.07 ^c	2523.785	0.000
Sand	23.54±0.05 ^b	35.86±0.04 ^a	22.37±0.15 ^c	18022.578	0.000
Clay	17.56±0.05 ^c	21.67±0.04 ^b	29.42±1.47 ^a	357.307	0.000
Slit	58.72±0.03 ^a	42.45±0.05 ^c	48.19±1.47 ^b	460.920	0.000
IEC	28.25±0.96 ^a	25.25±0.96 ^b	21±1.00 ^c	48.073	0.000
AD	1.16±0.03 ^c	1.22±0.01 ^b	1.24±0.01 ^a	17.365	0.001
SOM	2.58±0.02 ^b	2.73±0.05 ^a	1.13±0.13 ^c	316.930	0.000
N	0.10±0.01 ^b	0.13±0.02 ^a	0.10±0.00 ^b	5.729	0.029
P	18±0.08 ^b	42.41±0.01 ^a	17.51±0.23 ^c	19868.741	0.000
K	0.53±0.03 ^c	0.78±0.02 ^a	0.66±0.01 ^b	103.442	0.000
Ca	27.44±0.05 ^c	41.33±0.03 ^a	29.40±1.30 ^b	386.562	0.000
Mg	4.12±0.02 ^b	6.16±0.04 ^a	3.73±0.15 ^c	710.377	0.000
Na	9.14±0.03 ^b	15.02±0.01 ^a	4.48±0.78 ^c	193.983	0.000
Cu	0.87±0.02 ^b	0.74±0.02 ^c	1.34±0.05 ^a	379.957	0.000
Fe	0.34±0.03 ^c	0.99±0.01 ^b	1.82±0.11 ^a	594.809	0.000
Zn	1.82±0.03 ^c	2.22±0.01 ^b	2.75±0.01 ^a	1975.498	0.000
Mn	6.84±0.03 ^b	2.92±0.03 ^c	18.38±1.13 ^a	2499.294	0.000

El análisis realizado a los componentes principales demuestra las diferencias que existen entre los tres tratamientos, el primer tratamiento de control que no contiene estiércol (representado por las letras A1, A2, A3 Y A4), el segundo tratamiento que es con la adición del estiércol al suelo (representado por las letras B1, B2, B3 Y B4), por último, el tercer tratamiento que es el realizado directamente a la rizósfera (representado por las letras C1, C2 Y C3). Los resultados indican que el 98.63% de

la varianza está explicada en 2 componentes; además muestras realizadas a los distintos grupos demuestran que se presenta una distribución descentralizada y agregada. Las variables ambientales mas representativas de los tratamientos Mn, Na, SOM, P y Fe.

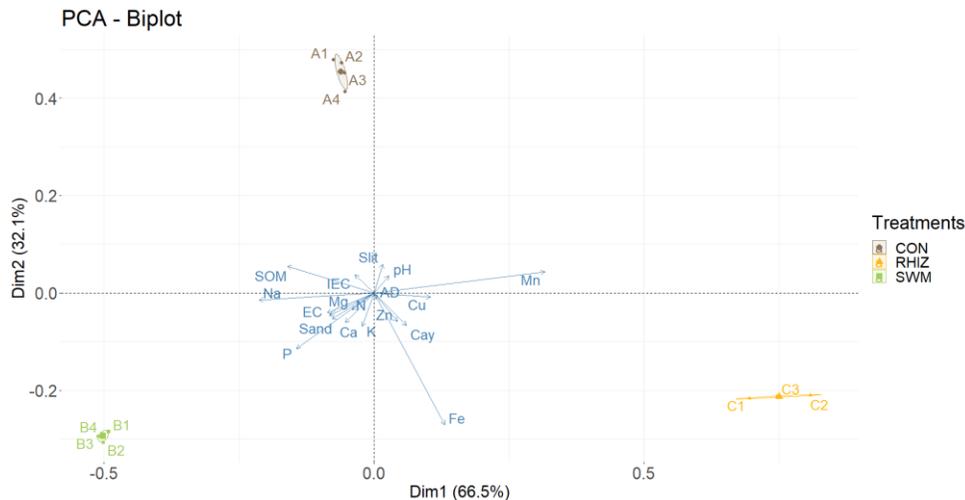


Figura 1. Análisis de los componentes principales.

Este análisis de redundancia demostró la relación significativa entre aquellas variables ambientales y los principales Phyla detectados en los tratamientos probados ($F = 10.306$, $Df = 5$, $P = 0.002$). Además de esto, se presentó una correlación de 0.82 entre las variables ambientales y los Phyla del suelo. El contenido del Manganese está estrechamente relacionado con Acidobacteriota, Gemmatimonadota y Myxococcota; por otro lado, el Phylum Chloroflexota tiene una mayor abundancia en el suelo del control que no tiene estiércol añadido, esto es inversamente proporcional a la abundancia del Fe, los demás Firmicutes, Deinococcota y Planctomycetota se notaron mas abundantes en el suelo cuando se realizó la adición del estiércol, esto se ve relacionado con el aumento significativo de la concentración de P, Na y la materia orgánica del suelo (MOS).

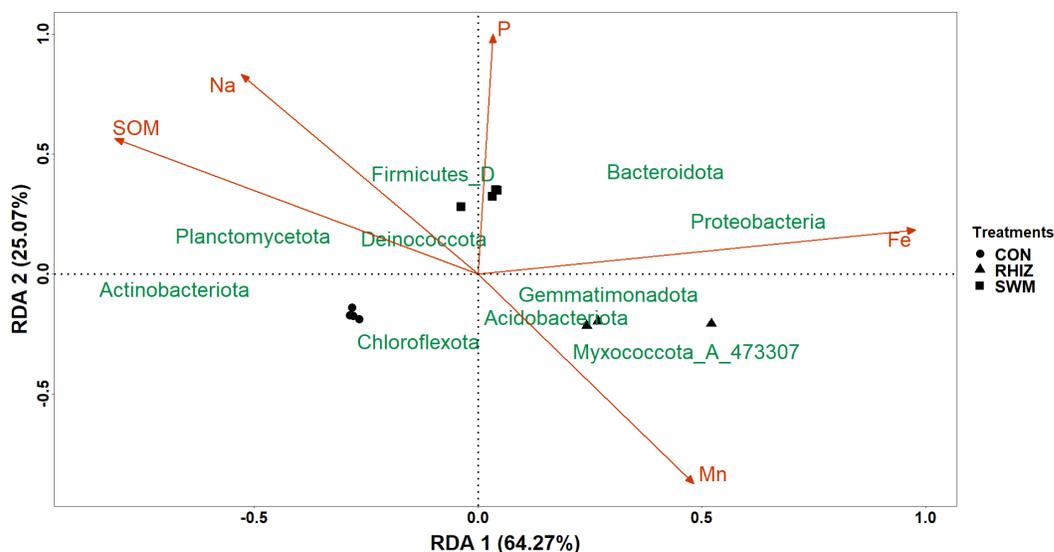


Figura 2. Análisis de la redundancia de los Phyla del suelo en los diferentes tratamientos.

Se generaron 4,252,389 lecturas totales, esto a partir de las 11 muestras, 4 de ellas del suelo simple, 4 del suelo con el estiércol y 3 de la zona rizosférica del suelo. Una vez realizado el recorte de calidad de las lecturas y el filtrado de las mismas, se redujo el número a 2,244,258 secuencias de calidad, con una calidad de longitud promedio en 420 pb para el análisis del gen 16S rRNA

Cuadro 2. Información de secuencias depuradas

Sample-ID	Input	Filtered	% Passed filter	Denoised	Merged	% Input merged	Non-Chimeric	% Input non-chimeric
S1	422793	328501	77.7	323034	240058	56.78	214861	50.82
S2	439430	343414	78.15	338280	259103	58.96	232520	52.91
S3	494759	386078	78.03	379448	285576	57.72	255195	51.58
S4	511617	399871	78.16	393818	301804	58.99	270903	52.95
S5	443206	345362	77.92	338499	252477	56.97	230498	52.01
S6	408272	319585	78.28	313268	234467	57.43	213487	52.29
S7	494868	385653	77.93	378664	292041	59.01	266581	53.87
S8	510966	398495	77.99	390813	300119	58.74	273436	53.51
S9	212569	196333	92.36	189288	141934	66.77	111153	52.29
S10	201299	193196	95.97	185145	140882	69.99	111561	55.42
S11	112610	104141	92.48	100384	78959	70.12	64063	56.89

4.2 Análisis de la microbiota bacteriana del suelo.

El método tradicional para analizar las secuencias, se hacía mediante el agrupamiento de OTUs, que son las unidades taxonómicas operacionales, estas secuencias se agrupan solamente cuando son similares, al menos al 97%. Sin embargo, con la creación y utilización de nuevos algoritmos como el DADA2, es posible la identificación taxonómica de cada una de las secuencias, esto hace que se potencie al máximo la realidad de la comunidad bacteriana que se está estudiando.

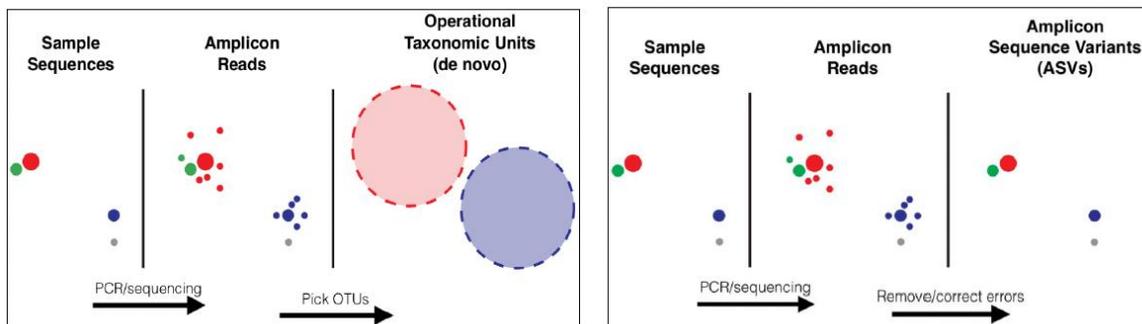


Figura 3. Comparación del significado de OTUs contra ASVs.

(Información proporcionada y modificada por la Dra. Cristina Gracia de la Peña, comunicación personal)

Se detectaron 112 Phyla, 35 de las muestras de control, 37 de las muestras del suelo con estiércol y finalmente 40 de las muestras de la rizósfera de *A. hybridus* (Cuadro 3). La composición observada de la abundancia relativa del microbioma en el control (48.6%) y en el SWM estuvo grandemente influenciada por Actinobacteriota (30.8 %) respectivamente y Proteobacteria con poca diferencia (30.2%) mientras que en la rizósfera la mayor presencia fue de Proteobacteria (35.6%). Hablando del nivel taxonómico Clase (Cuadro 5), Actinomycetia (25.77%) y Alphaproteobacteria (14.74%) fueron las más abundantes en el control y en el SWM, por otro lado Alphaproteobacteria (20.11%) y Gammaproteobacteria (15.44%) demostraron la mayor incidencia en la rizósfera; esto nos hace notar que el tratamiento de la rizósfera es el que tiene mayor número de clases únicas.

**Cuadro 3. Riqueza de taxos bacterianos (ASVs) en tres tratamientos de estudio:
Suelo, SWM y Rizósfera de *A. hybridus***

TRATAMIENTO	PHYLUM	CLASE	ORDEN	FAMILIA	GÉNERO	ESPECIE
CONTROL	35	87	242	415	828	1036
SWM	37	84	270	481	1036	1392
RIZÓSFERA	40	91	265	443	844	1061

Cuadro 4. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel phyla

Phyla	Control	SWM	Rhizos
p__Actinobacteriota	48.58	30.78	19.30
p__Proteobacteria	17.60	30.15	35.56
p__Chloroflexota	9.05	5.32	7.76
p__Gemmatimonadota	6.18	6.35	10.71
p__Planctomycetota	4.60	4.04	0.58
p__Acidobacteriota	4.47	3.04	6.56
p__Firmicutes_D	2.37	6.78	1.69
p__Bacteroidota	2.24	8.94	6.72
other	1.33	0.97	1.56
p__Myxococcota_A_473307	0.99	0.88	5.79

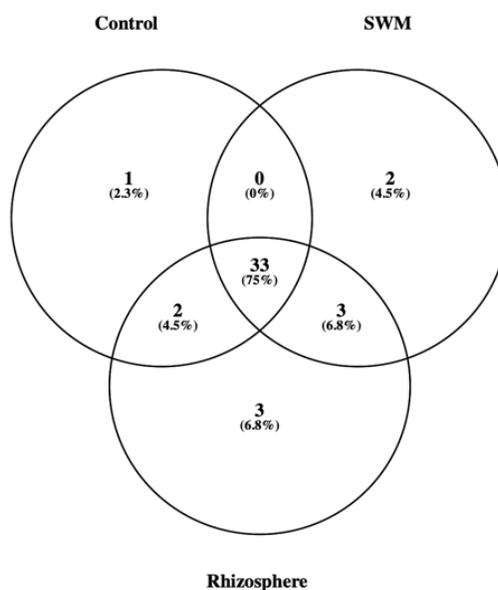


Figura 4. Gráfico de Venn representativo del nivel Phyla.

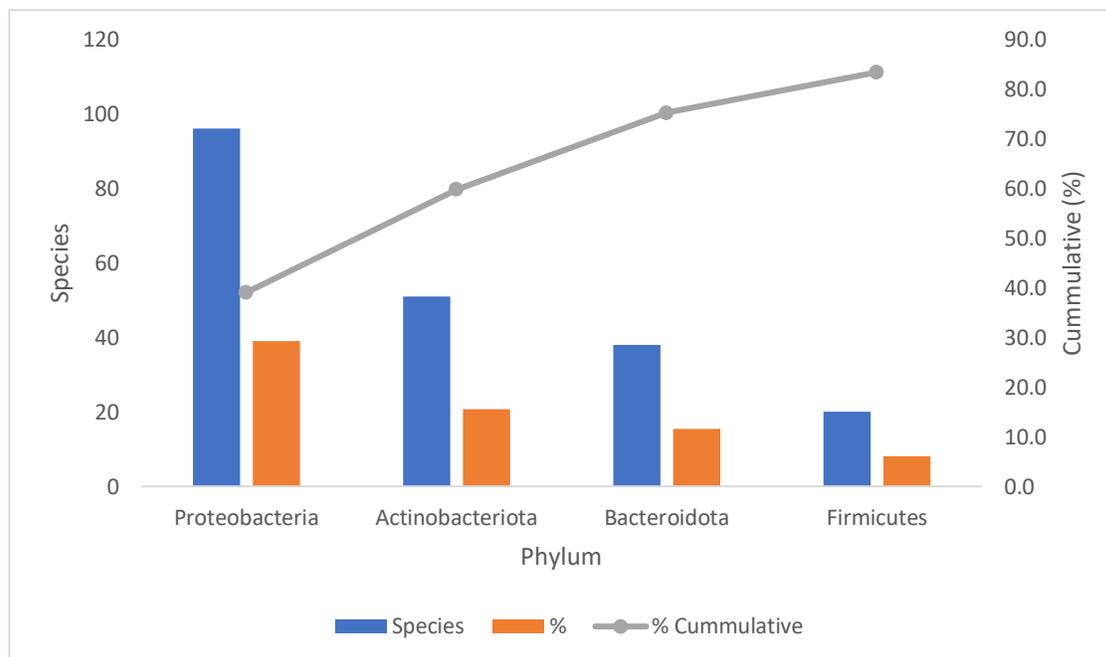


Figura 5. Relación de las especies latinizadas de los principales phyla de la rizósfera.

Cuadro 5. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Clase

Clase	Control	SWM	Rhizos
c__Actinomycetia	25.77	17.93	12.82
c__Alphaproteobacteria	14.74	14.07	20.11
c__Thermoleophilia	12.78	6.38	2.67
c__Gemmatimonadetes	6.18	6.35	10.71
p__Actinobacteriota;__	3.84	2.62	1.09
c__Limnocyndria	3.74	1.83	1.47
c__Chloroflexia	3.54	2.16	4.51
;c__Vicinamibacteria	3.09	1.76	3.72
c__Rubrobacteria	3.13	1.59	1.18
c__Phycisphaerae	3.01	2.79	0.43
c__Gammaproteobacteria	2.86	16.08	15.44
c__Acidimicrobiia	2.47	1.95	1.26
c__Bacilli	2.37	6.78	1.69
c__Bacteroidia	2.09	8.33	6.48
c__Planctomycetia	1.58	1.25	0

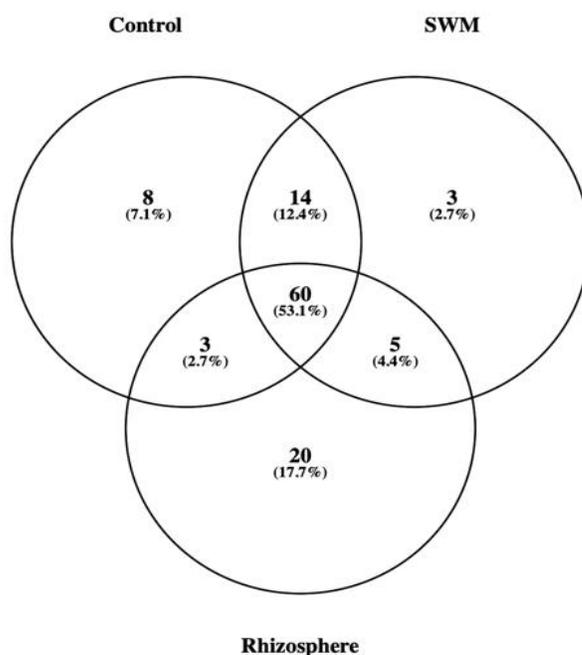


Figura 6. Gráfico de Venn representativo del nivel Clase

Cuadro 6. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Orden

Orden	Control	SWM	Rhizos
o__Mycobacteriales	10.16	6.25	6.57
o__Solirubrobacterales	8.55	4.42	1.46
o__Propionibacteriales	6.44	3.38	1.49
o__Gaiellales	4.18	1.92	0
o__Gemmatimonadales	4.15	3.90	1.76
p__Actinobacteriota	3.84	2.62	0
o__Sphingomonadales	3.43	4.75	6.02
o__Rubrobacterales	3.13	1.59	0
o__Vicinamibacteriales	3.04	1.73	3.67
o__Tepidisphaerales	2.81	2.47	0
o__Actinomycetales	2.77	3.36	2.05
o__Rhizobiales	2.66	1.73	2.67
o__Geminococcales	2.66	0	1.76
o__Streptomycetales	2.67	2.02	0
o__Thermomicrobiales	2.56	1.56	2.29

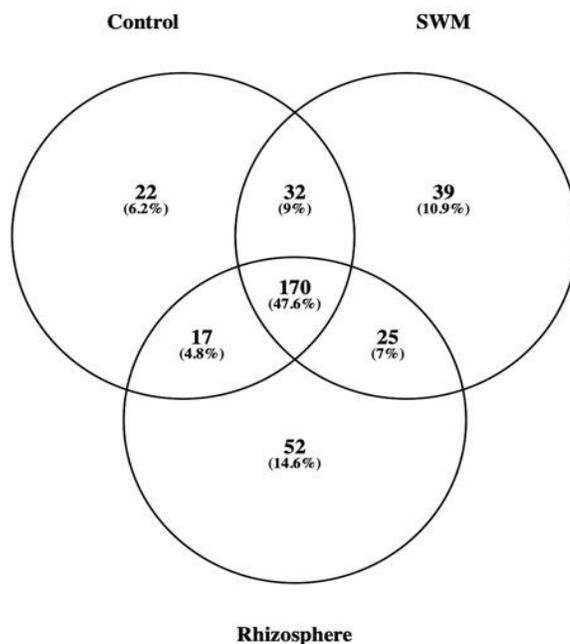


Figura 7. Gráfico de Venn representativo del nivel Orden

Cuadro 7. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Familia

Familia	Control	SWM	Rhizos
f__Nocardioideaceae	5.72	2.92	0
f__Pseudonocardiaceae	4.59	2.11	2.11
f__Gaiellaceae	4.17	1.92	1.19
p__Actinobacteriota	3.84	2.62	1.09
f__Sphingomonadaceae	3.43	4.74	6.01
f__Geodermatophilaceae	3.44	1.97	2.02
f__Gemmatimonadaceae	3.15	3.32	5.30
f__Rubrobacteraceae	3.13	1.59	1.18
f__Solirubrobacteraceae	2.93	1.32	0
f__Tepidisphaeraceae	2.81	2.47	0
f__Geminicoccaceae	2.66	1.22	1.76
f__Streptomycetaceae	2.67	2.02	1.42
o__Thermomicrobiales	2.51	1.50	2.24
o__Solirubrobacterales	2.37	1.32	0
f__Beijerinckiaceae	2.33	1.51	1.92

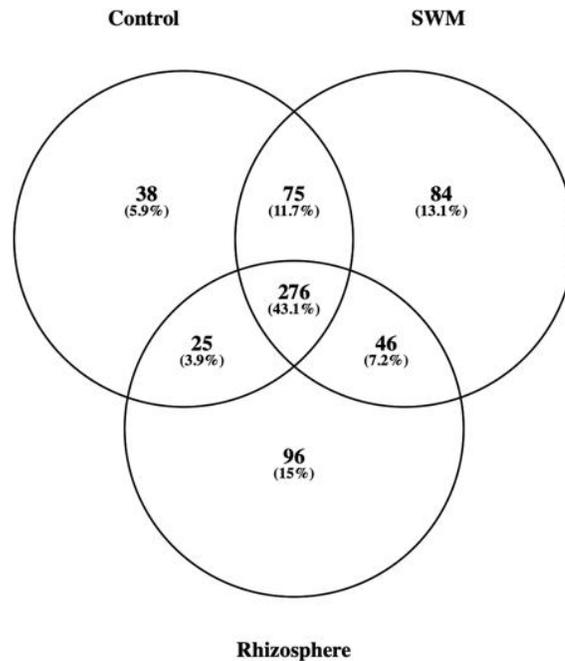


Figura 8. Gráfico de Venn representativo del nivel Familia.

Cuadro 8. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Género

Género	Control	SWM	Rhizos
p__Actinobacteriota	3.84	2.62	0
f__Gaiellaceae	3.30	1.53	0
g__Nocardioides	2.76	1.40	0
g__Solirubrobacter	2.84	1.21	0
f__Nocardioideae	2.76	1.40	0
f__Tepidisphaeraceae	2.60	0	0
o__Thermomicrobiales	2.51	1.50	0
o__Solirubrobacterales	2.37	1.32	0.97
f__Geminicoccaceae	2.22	1.02	1.39
c__Limnocyndria	2.12	0.96	0
g__Pseudonocardia	1.99	0.97	0.95
g__Blastococcus	1.82	1.06	0.82
g__Microvirga	1.80	1.19	0
f__Rubrobacteraceae	1.81	0.91	0
c__Alphaproteobacteria	1.70	1.28	0

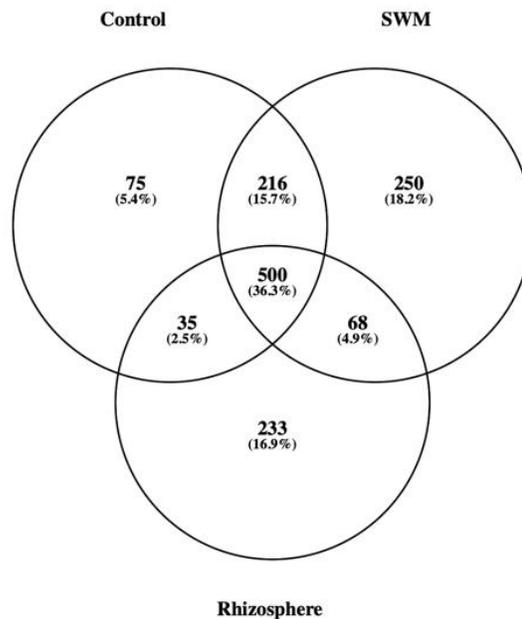


Figura 9. Gráfico de Venn representativo del nivel Género.

Cuadro 9. Mapa de calor de la abundancia relativa de ASVs a nivel Especie

Especie	Control	SWM	Rhizos
p__Actinobacteriota	3.84	2.62	1.09
f__Gaiellaceae	3.30	1.53	0.97
f__Nocardioideae	2.76	1.40	0
g__Solirubrobacter	2.78	1.18	0
g__Nocardioides	2.63	0	0
f__Tepidisphaeraceae	2.57	2.25	0
o__Thermomicrobiales	2.51	1.50	2.24
o__Solirubrobacterales	2.37	1.32	0
f__Geminicoccaceae	2.22	1.02	1.39
c__Limnocyndria	2.12	0.96	0
f__Rubrobacteraceae	1.81	0.91	0.00
c__Alphaproteobacteria	1.70	1.28	2.31
g__Pseudonocardia	1.73	0.86	0.80
g__Microvirga	1.56	1.06	1.42
g__Blastococcus	1.47	0.84	0

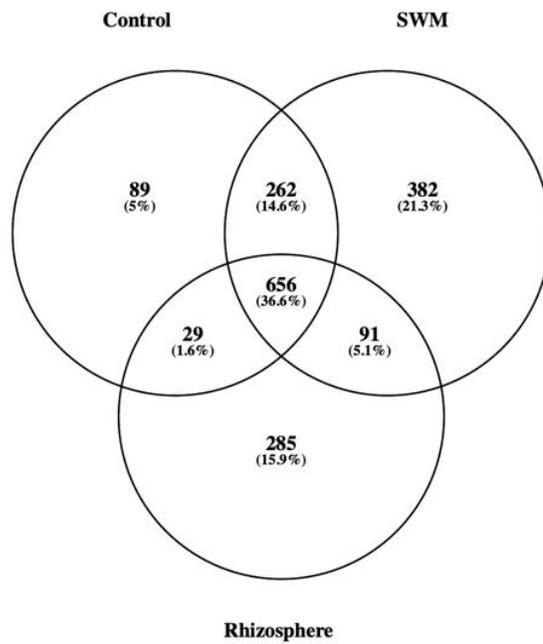


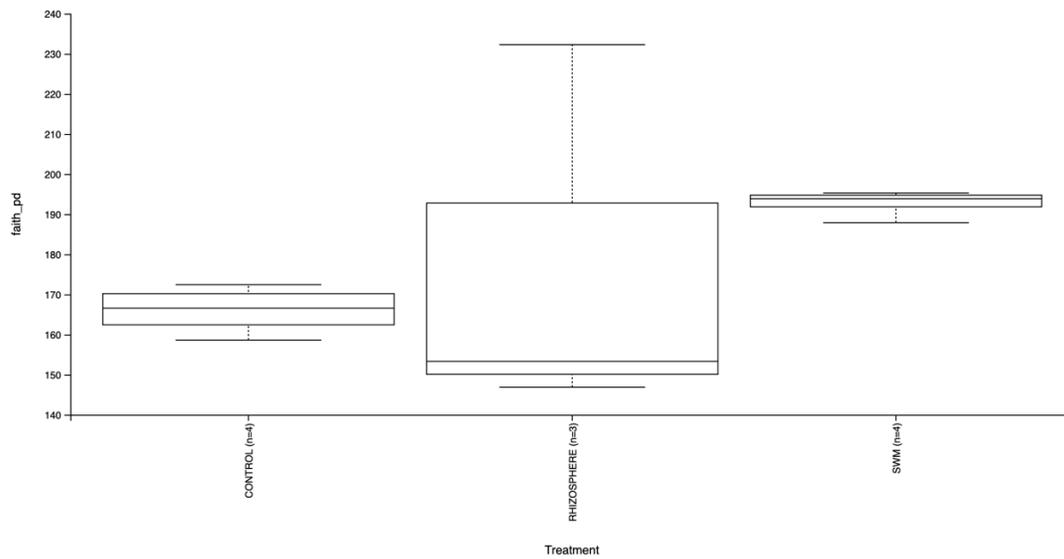
Figura 10. Gráfico de Venn representativo del nivel Especie.

4.3 Diversidad α

La diversidad alfa es aquella que se refiere a la heterogeneidad de los taxas bacterianos como se muestra a continuación (cuadro 10)

Prueba de Faith

Cuadro 10. Alpha Diversity Boxplots



Cuadro 11. Kruskal-Wallis (all groups)

Result	
H	3.575757575757578
p-value	0.16731470349048314

Cuadro 12. Kruskal-Wallis (pairwise)

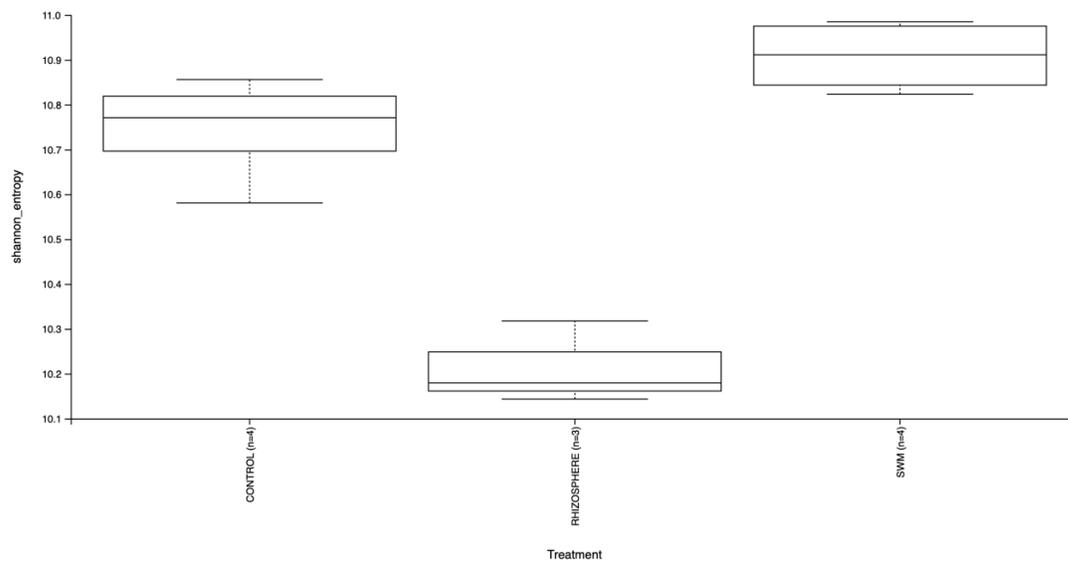
Group 1	Group 2	H	p-value	q-value
CONTROL (n=4)	RHIZOSPHERE (n=3)	0.500000	0.479500	0.479500
	SWM (n=4)	5.333333	0.020921	0.062764
RHIZOSPHERE (n=3)	SWM (n=4)	0.500000	0.479500	0.479500

Comparación mostrada en los índices de diversidad de Shannon realizadas en todos los sitios de levantamiento de muestras.

Se puede observar que los valores del mismo sitio de muestreo no eran completamente similares, los sitios A y B generalmente manejaron diversidades microbianas mas altas que los sitios C y D. En este caso, el microbioma de la zona rizosférica mostró una gran estabilidad en cuanto a la totalidad de sus muestras recolectadas, pero a la vez, se observa que dependiendo de la zona específica de donde salió la muestra existe ligera variación (cuadro13).

Prueba de Shannon

Cuadro 13. Alpha Diversity Boxplots



Cuadro 14. Kruskal-Wallis (all groups)

	Result
H	7.63636363636364
p-value	0.02196770588943545

Cuadro 15. Kruskal-Wallis (pairwise)

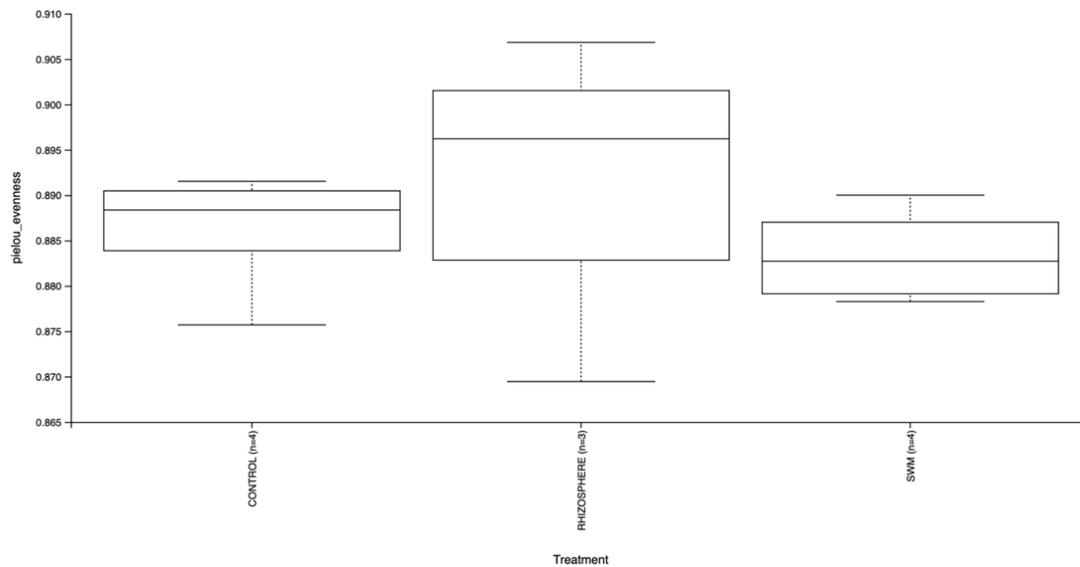
		H	p-value	q-value
Group 1	Group 2			
CONTROL (n=4)	RHIZOSPHERE (n=3)	4.5	0.033895	0.050842
	SWM (n=4)	3.0	0.083265	0.083265
RHIZOSPHERE (n=3)	SWM (n=4)	4.5	0.033895	0.050842

Cuadro 16. Kruskal-Wallis-pairwise-Treatment

Group 1	Group 2	H	p-value	q-value
CONTROL (n=4)	RHIZOSPHERE (n=4)	0.75	0.3864762307712330	0.3864762307712330
CONTROL (n=4)	SWM (n=4)	5.333333333333330	0.020921335337794100	0.06276400601338220
RHIZOSPHERE (n=4)	SWM (n=4)	1.3333333333333300	0.2482130789899200	0.3723196184848810

Prueba de Evenness

Cuadro 17. Alpha Diversity Boxplots



Cuadro 18. Kruskal-Wallis (all groups)

Result	
H	1.075757575757578
p-value	0.5839856970078238

Cuadro 19. Kruskal-Wallis (pairwise)

		H	p-value	q-value
Group 1	Group 2			
CONTROL (n=4)	RHIZOSPHERE (n=3)	0.50	0.479500	0.4795
	SWM (n=4)	0.75	0.386476	0.4795
RHIZOSPHERE (n=3)	SWM (n=4)	0.50	0.479500	0.4795

Cuadro 20. Kruskal-Wallis-pairwise-Treatment

Group 1	Group 2	H	p-value	q-value
CONTROL (n=4)	RHIZOSPHERE (n=4)	0.0	1.0	1.0
CONTROL (n=4)	SWM (n=4)	0.33333333333333200	0.5637028616507740	1.0
RHIZOSPHERE (n=4)	SWM (n=4)	0.0	1.0	1.0

4.4 Diversidad β

Cuadro 21. Bray Curtis Significance

PERMANOVA results	
method name	PERMANOVA
test statistic name	pseudo-F
sample size	11
number of groups	3
test statistic	8.098714
p-value	0.001
number of permutations	999

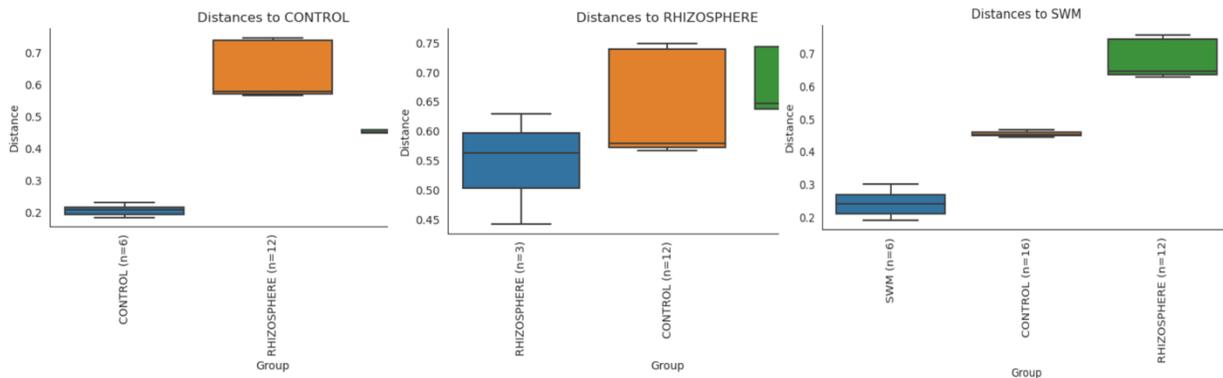


Figure 11. Group significance plots.

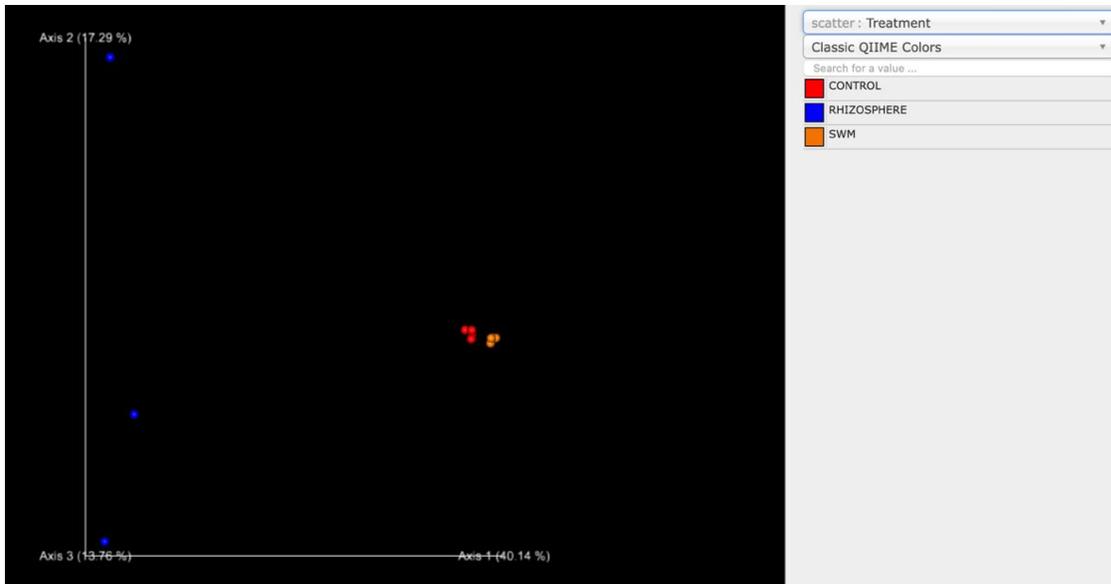


Figura 12. Unweighted unifrac emperor

Cuadro 22. Unweighted unifrac treatment significance

PERMANOVA results	
method name	PERMANOVA
test statistic name	pseudo-F
sample size	11
number of groups	3
test statistic	4.587688
p-value	0.001
number of permutations	999

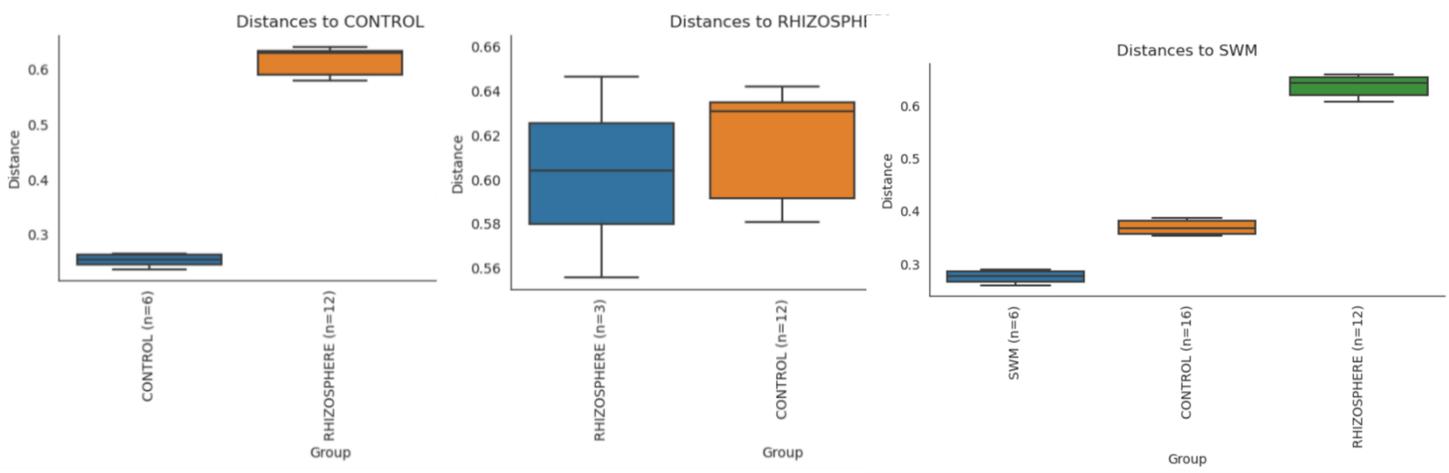


Figura 13. Group significance plots.

Discusión

Se obtuvo como resultado un gran número ASVs bacterianos correspondientes a los tres análisis de suelo presentes: El control, el suelo adicionado con estiércol y la rizósfera. En cada uno de los tratamientos, las unidades taxónomicas difieren entre sí, ya que no todas aparecen ni permanecen al mismo nivel en los mapas de calor, esto nos ayuda a corroborar que la incorporación de estiércol si influye en las cuestiones edafológicas y la presencia de ciertas bacterias, de igual manera este fenómeno enfocándolo en el caso específico de los resultados rizosféricos, nos deja entender que la planta adquiere o rechaza cierto tipo de bacterias y de tal manera solo se queda con aquellas que le sean útiles o beneficiosas.

En el caso del nivel Phylum las unidades taxónomicas de mayor importancia fueron en primer lugar: la Actinobacteriota, este tipo de microorganismos tienen una participación activa en el proceso de descomposición de la materia orgánica, además su presencia es de suma importancia ya que tiene la capacidad de producir metabolitos bioactivos, que a su vez ayudan a la planta a combatir microorganismos patógenos. (Evangelista et al., 2016). En segundo lugar: la Proteobacteria que en general tiene una gran importancia y promueve los ciclos del carbono y nitrógeno presentes en el suelo (Spain et al., 2009).

Por ultimo, en tercer lugar: la Chloroflexota que juega un rol muy importante en la degradación de aquellos compuestos orgánicos que están presentes en el suelo, esto a su vez contribuye al ciclo del carbono, específicamente en ambientes anaerobios. (Freches & Fradinho, 2024).

En lo que a nivel Clase corresponde, la mayor abundancia observada fue en la Actinomycetia, dicha clase tiene la capacidad de formar micelio aéreo y micelio de sustrato, también es productora de genes biosintéticos y péptidos no ribosómicos (que son de los principales productores de aquellos metabolitos secundarios que vayan haciendo falta) (Mazumdar et al., 2023).

Por otro lado, en segundo lugar de incidencia se encuentra: la Alphaproteobacteria, su presencia dentro de los perfiles de suelo, significa en gran parte que existe la

capacidad ambiental de asociación entre la bacteria y la planta, creando relaciones simbióticas y no simbióticas, además de que también representa una importante relación en las funciones de la diversidad genética de los microorganismos y especialmente en la rizósfera (Gazdag et al., 2019).

Thermoleophilia es la unidad taxonómica que ocupa el tercer puesto en el mapa de calor y su presencia significativa indica que existe la posibilidad de influenciar de manera benéfica el ciclo del fósforo, además de que su permanencia en el suelo está altamente relacionada con la materia orgánica (Ferreira et al., 2017).

Hablando del nivel Género, que en su extensión es uno de los más significativos y diversos en cuantos a los resultados, teniendo un número total de 828 Géneros, nos permite observar que tan poblado está el suelo. El género específico que fue más grande es Actinobacteriota, siguiéndolo en segundo puesto el género Gaiellaceae, el cual tiene una participación fundamental en cuanto a las correlaciones existentes entre el carbono del suelo y el nitrógeno, además de beneficiar los vínculos del suelo hacia el calcio, el magnesio, y sobre todo con la capacidad de intercambio catiónico (Hermans et al., 2017).

Siguiendo con el tercer lugar de la lista, está el género Nocardioides, que según los estudios consultados, se ha demostrado que tienen una alta capacidad de degradar una gran variedad de contaminantes que estén presentes en el suelo, como los residuos de insecticidas organofosforados (por mencionar un ejemplo), lo cual hace que la presencia de este tipo de bacterias en áreas en las que se desea iniciar una transición a agroecológica signifique un gran beneficio (Topp et al., 2000).

Hablando específicamente del quelite (especie clasificada como un arvense) y que es aquella planta asociada a la zona rizosférica de la cual se realizó este estudio descriptivo; tiene la peculiaridad de que los metabolitos secundarios que la conforman bioquímicamente pueden ser utilizados para producir insecticidas que ayudarían al control de plagas agrícolas o forestales, esto con el propósito de reducir y minimizar la adición de insecticidas tóxicos al suelo; lo cual permite observar otra perspectiva y propuesta del uso que las arvenses proporcionan al perfil edafológico

y a la rizósfera; siempre propiciando un manejo integrado del sistema productivo, un manejo de plagas consciente y el mantenimiento de las comunidades bacterianas (Flores-Villegas et al., 2024).

Otra de las situaciones importantes que envuelven al quelite, es su capacidad de atrapar a los metales pesados, como consecuencia se considera que este arvense tiene una gran importancia de fitorremediación; el término fitorremediación se puede entender como aquella interacción que existe entre los contaminantes (ya sean orgánicos o inorgánicos), la planta en cuestión y la comunidad microbiana ligada a ella, de esta interacción proviene el interés de identificar y clasificar al microbioma rizosférico, ya que su conocimiento puede contribuir a los efectos de biorremediación que se pueden incluir en futuros estudios (Muratova et al., 2023).

CONCLUSIONES

Teniendo en cuenta todos los aspectos que ya han sido analizados, se puede llegar a la conclusión de que es de vital importancia tomar especial cuidado con la salud del suelo, ya sea el suelo agrícola y el suelo en general; el uso de enmiendas orgánicas de calidad es una necesidad imperante ya que de lo contrario podríamos estar agregando a nuestro suelo y a las plantas tóxicos que dañan el equilibrio ecológico y la salud de los consumidores.

Por otro lado este estudio descriptivo y sus resultados demuestran que efectivamente el comportamiento en conjunto del agroecosistema se ve influenciado por el tipo y la cantidad de microbiota que está presente en la rizósfera

Dicha presencia también se ve beneficiada por el tipo de fertilización que el suelo recibe, en este caso como se pudo observar, la adición del estiércol promovió un crecimiento significativo en las poblaciones bacterianas; no solo eso, también aumenta la calidad y cantidad de elementos químicos esenciales presentes, que además se ponen en mayor disponibilidad para que la planta las utilice como consecuencia de la asimilación que hace la microbiota.

Por ultimo, un aspecto importante que se debe señalar con base en los resultados, es que la rizósfera tiene la capacidad de tomar o desechar aquella comunidad bacteriana que sea de más utilidad para la planta, dependiendo de las necesidades o del proceso fenológico que se esté cursando.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez, N., Alfonso de la Paz, M., Lidia Macías Figueroa, & Daniela Ibáñez Madan. (2012). Utilización de Abonos orgánicos para la producción en la Agricultura. *Universidad de Matanzas "Camilo Cienfuegos."*
<http://monografias.umcc.cu/monos/2012/Facultad%20Agronomia/mo12242.pdf>
- Álvarez-López, C. L., Osorio-Vega, N. W., & Marín-Montoya, M. (2013). Identificación molecular de microorganismos asociados a la rizósfera de plantas de vainilla en Colombia. *Acta Biológica Colombiana*, 18(2), 293–306.
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2013000200007&lng=en&nrm=iso&tlng=es
- Ayan, L. R., Coutiño, P. M., González, M. M., Vázquez, R. L., & Hernández, F. G. (2021). Microorganismos del suelo y sus usos potenciales en la agricultura frente al escenario del cambio climático. *Magna Scientia UCEVA*, 1(1), 104–117.
<https://doi.org/10.54502/msuceva.v1n1a14>
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., Alexander, H., Alm, E. J., Arumugam, M., Asnicar, F., Bai, Y., Bisanz, J. E., Bittinger, K., Brejnrod, A., Brislawn, C. J., Brown, C. T., Callahan, B. J., Caraballo-Rodríguez, A. M., Chase, J., ... Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37(8), 852–857. <https://doi.org/10.1038/S41587-019-0209-9>
- Callahan, B. J., Mcmurdie, P. J., & Holmes, S. P. (2017). Exact sequence variants should replace operational taxonomic units in marker-gene data analysis. *The ISME Journal*, 11, 2639–2643. <https://doi.org/10.1038/ismej.2017.119>
- Callahan, B. J., Mcmurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). dada2: high-resolution sample inference from illumina amplicon data. *Nat Method*, 13(7), 581-583. <https://doi.org/10.1038/nMeth.3869>
- Cruz-Cárdenas, C., Zelaya Molina, L. X., Sandoval Cancino, G., de los Santos Villalobos, S., Rojas Anaya, E., Fernando Chávez Díaz, I., & Ruíz Ramírez, S. (2021). Utilización de microorganismos para una agricultura sostenible en México: consideraciones y retos. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 12 (5), 899-913.
- Evangelista, Z., Quiñones, E., & Rincón, G. (2016). *Potencial biológico de las actinobacterias aisladas de suelos de México como fuente natural de moléculas bioactivas: compuestos antimicrobianos y enzimas hidrolíticas*. Temas de Ciencia y Tecnología 21(63), 39-51.
<http://192.100.170.40:8080/bitstream/123456789/364/1/2017-TCyT-ZEM.pdf>
- Felipe-Morales, C. (2002). *Manejo agroecológico del suelo en sistemas andinos*. Agroecología, El Camino Hacia Una Agricultura Sustentable. Ediciones Científicas

Sudamericanas .

<http://www.lamolina.edu.pe/Postgrado/pmdas/cursos/agroecologia/lecturas/MANEJO%20AGROECOL%C3%93GICO%20DEL%20SUELO%20EN%20SISTEMAS%20ANDINOS.pdf>

Ferreira, A. S., Melgaço, W., dos Santos, V. M., Barbosa, S. M., da Silva, N., Pereira, M. C. C., Barreto, M., Almeida, A. C., & Maciel, V. M. (2017). Distinct bacterial communities across a gradient of vegetation from a preserved Brazilian Cerrado. *Springer International Publishing Switzerland* , 110, 457–469.
<https://doi.org/10.1007/s10482-016-0815-1>

Flores-Álvarez, Y., & Sánchez-Minutti, L. (2024). La rizosfera y su mundo microscópico. In *Colección de ESMOS* . Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.
<https://doi.org/10.5281/zenodo.10553307>

Flores-Villegas, M. Y., Carrillo-Aguilar, D. M., Núñez-Núñez, C. M., Zazueta-Álvarez, D. E., Madrid-del Palacio, M., Torres-Fraga, K., González-Peyro, I. A., & González-Maldonado, M. B. (2024). Wild plants with toxic properties and with insecticidal potential organic against pests agricultural. *South Florida Journal of Development*, 5(5), 01-16. <https://doi.org/10.46932/sfjdv5n5-014>

Freches, A., & Fradinho, J. C. (2024). The biotechnological potential of the Chloroflexota phylum. *Applied and Environmental Microbiology*.
<https://doi.org/10.1128/AEM.01756-23>

Gazdag, O., Takács, T., Ködöböcz, L., Krett, G., & Szili-Kovács, T. (2019). Alphaproteobacteria communities depend more on soil types than land managements. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B — Soil & Plant Science*, 69(2), 147–154.
<https://doi.org/10.1080/09064710.2018.1520289>

González, M. (2003). La importancia de la conservación del suelo frente a la erosión. *Vida Rural*.
https://www.mapa.gob.es/ministerio/pags/biblioteca/revistas/pdf_vrural/Vrural_2003_169_22_24.pdf

Granado Herrador, N. (2021). *Efecto del uso de purines con presencia de antibióticos en el desarrollo de lechuga (Lactuca Sativa L.) en invernadero* . Trabajo de Final de Grado. Ingeniería de Sistemas Biológicos.
<https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/351310/memoria.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

Granados-Sánchez, D., Sánchez-González, A., Granados Victorino, R. L., & Borja de la Rosa, A. (2011). Ecología de la vegetación del desierto chihuahuense. *Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y Del Ambiente*, 17(SPE), 111–130.
<https://doi.org/10.5154/R.RCHSCFA.2010.10.102>

- Gutiérrez, J., Aguilera Gómez, L. I., & Carlos Ernesto González Esquivel. (2008). *Agroecología y sustentabilidad* . Convergencia Revista de Ciencias Sociales, Núm 46, 51-87. <https://www.scielo.org.mx/pdf/conver/v15n46/v15n46a4.pdf>
- Hermans, S. M., Buckley, H. L., Case, B. S., Curran-Cournane, F., Taylor, M., & Lear, G. (2017). Bacteria as emerging indicators of soil condition. *Applied and Environmental Microbiology*, 83(1). https://doi.org/10.1128/AEM.02826-16/SUPPL_FILE/ZAM999117591S1.PDF
- Holguin, G., Bashan, Y., Puente, E., Carrillo, A., Bethlenfalvay, G., Rojas, A., Vázquez, P., Toledo, G., Jiménez, M. B., Glick, B. R., González de Bashan, L., Lebsky, V., Moreno, M., & Hernández, J. P. (2003). Promoción del crecimiento en plantas por rizobacterias de la rizósfera. *Agricultura Técnica En México*, 29(2), 201–211. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=60829210>
- Hong-Yan, Z., Jie, L., Jing-Jing, L., Yu-Cai, L., Xiao-Fen, W., & Zong-Jun, C. (2013). Microbial community dynamics during biogas slurry and cow manure compost . *Journal of Integrative Agriculture* , 12(6), 1087–1097.
- Huerta-Olague, J. de J., Oropeza Mota, J. L., Guevara Gutiérrez, R. D., Ríos Berber, J. D., Martínez Menes, M. R., Barreto García, O. A., Olguín López, J. L., Mancilla Villa, O. R., Huerta-Olague, J. de J., Oropeza Mota, J. L., Guevara Gutiérrez, R. D., Ríos Berber, J. D., Martínez Menes, M. R., Barreto García, O. A., Olguín López, J. L., & Mancilla Villa, O. R. (2018). Efecto de la cobertura vegetal de cuatro cultivos sobre la erosión del suelo. *Idesia (Arica)*, 36(2), 153–162. <https://doi.org/10.4067/S0718-34292018005000701>
- Jiménez-Sierra, C. L., Torres-Orozco, R., Corcuera Martínez, B. P., & Río, D. (2010). *Biodiversidad Una alerta*. <https://www.capeox.org/uploads/1/3/1/9/131934518/biodiversidad.pdf>
- Larios-González Roberto, Salmerón-Miranda Francisco, & García-Centeno Leonardo. (2014). *Fertilidad del suelo con prácticas agroecológicas y manejo convencional en el cultivo de café*. La Calera, 14 (23), 67-75. <https://camjol.info/index.php/CALERA/article/view/2660/2411>
- Lluch-Cota, S. E., Velázquez-Zapata, J. A., & Nieto-Delgado, C. (2022). Agricultura, agua y cambio climático en zonas áridas de México . *Revista Digital de Divulgación Científica*, 8(2), 35–47. https://www.cibnor.gob.mx/revistas/pdfs/vol8num2/4_AGRICULTURA.pdf
- Marín, S., Bertsch, F., & Castro, L. (2017). Efecto del manejo orgánico y convencional sobre propiedades bioquímicas de un andisol y el cultivo de papa en invernadero . *Agronomía Costarricense* , 41(2), 27–46. www.mag.go.cr/revagr/index.htmlwww.cia.ucr.ac.cr

- Mazumdar, R., Dutta, P. P., Saikia, J., Borah, J. C., & Thakur, D. (2023). *Streptomyces* sp. Strain PBR11, a Forest-Derived Soil Actinomycetia with Antimicrobial Potential. *Microbiology Spectrum*, 11(2), 01-22. <https://doi.org/10.1128/SPECTRUM.03489-22/FORMAT/EPUB>
- Mcdonald, D., Jiang, Y., Balaban, M., Cantrell, K., Zhu, Q., Gonzalez, A., Morton, J. T., Nicolaou, G., Parks, D. H., Karst, S. M., Albertsen, M., Hugenholtz, P., Desantis, T., Song, J., & Bartko, A. (2023). nature biotechnology Greengenes2 unifies microbial data in a single reference tree. *Nature Biotechnology*, 42(23), 715-718. <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01845-1>
- Momo, F. R. (2022). Teoría ecológica y ecología del suelo, “Los libros no muerden.” *Revista Del Museo de La Plata*, 7(1), 121-179. <https://doi.org/10.24215/25456377e016r>
- Montaño Arias, N. M., Navarro Rangel, M. del C., Patricio López, I. C., Chimal Sánchez, E., & Miguel de la Cruz, J. (2018). El suelo y su multifuncionalidad: ¿qué ocurre ahí abajo? *CIENCIA Ergo Sum*, 25(3), 1–10. <https://doi.org/10.30878/ces.v25n3a9>
- Muratova, A., Gorelova, S., Golubev, S., Kamaldinova, D., & Gins, M. (2023). Rhizosphere Microbiomes of *Amaranthus* spp. Grown in Soils with Anthropogenic Polyelemental Anomalies. *Agronomy*, 13(3), 1-16. <https://doi.org/10.3390/agronomy13030759>
- Olalde Portugal, V., Aguilera, L. I., & Resumen, G. (1998). Microorganismos y biodiversidad. *Microorganisms and Biodiversity. Terra Latinoamericana*. 16(3), 289–292.
- Ona, L. (2021). *Plantas y microorganismos rizosféricos: Una vía sostenible para generar crecimiento vegetal*. Revista científica interdisciplinaria. Investigación y Saberes, 11(3), 102, 124. http://revistasdigitales.utelvt.edu.ec/revista/index.php/investigacion_y_saberes/article/view/126/73
- Osorio-Vega N.W. (2009). *Microorganismos del suelo y su efecto sobre la disponibilidad y absorción de nutrientes por las plantas*. Sociedad Colombiana de La Ciencia Del Suelo y Centro Nacional de Investigadores de Café. Materia orgánica biología del suelo y productividad agrícola. 43-71. <https://biblioteca.cenicafe.org/bitstream/10778/4203/1/cap3.pdf>
- Paco Pérez, V., Gonzales Torrico, M., Barrientos, E., & Carevic, F. S. (2022). Influencia bacteriana y fúngica en la mineralización de estiércol bovino: evidencia sobre la fertilidad del suelo en el cultivo de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Revista de Investigaciones Altoandinas-Journal of High Andean Research*, 24(1), 9–16. <https://doi.org/10.18271/ria.2022.358>

Pereyra Tamayo, C. G. (2022). *Biofertilizante a partir de residuos bovinos y porcinos para su uso en la producción agrícola*. Tesis para obtener el grado de Maestría en producción agropecuaria tropical. Universidad Autónoma de Chiapas.

<http://repositorio.unach.mx:8080/jspui/bitstream/123456789/3803/1/L140076%20Cecilia%20Guadalupe%20Pereyra%20Tamayo%20-%20CECILIA%20GUADALUPE%20PEREYRA%20TAMAYO.pdf>

Pérez Tascón. C. (2020). *Técnicas de captación de agua de escorrentía en zonas áridas y semiaridas y su impacto en la calidad de los suelos*. Universidad de la Laguna. Facultad de Ciencias. <http://riull.ull.es/xmlui/handle/915/21715>

Pérez-Quionero, J. (2023). *Diseño de rotaciones, asociaciones de cultivos y setos perimetrales en cultivos al aire libre en una parcela de la EPSO-UHM*. Trabajo fin de máster. Universidad Miguel Hernández de Elche.

<http://dspace.umh.es/bitstream/11000/30405/1/TFM%20Pérez%20Quiñonero%2C%20Julián.pdf>

Rubio, S., Pacheco-Orozco, R. A., Gómez, A. M., Perdomo, S., & García-Robles, R. (2020). Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Medica de Colombia*, 61(2).

<http://www.scielo.org.co/pdf/unmed/v61n2/0041-9095-unmed-61-02-00049.pdf>

Ruiz-Rosado, O. (2006). Agroecología: una disciplina que tiende a la transdisciplina. *Interciencia*, 31(2), 140–145.

http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442006000200011&lng=es&nrm=iso&tlng=es

Sáens-Leguizamón, G. L., Guevara-Hernández, F., & La O-Arias M.A. (2023). *Agroecosistemas tradicionales del trópico Mexicano: Los “bajos” de Chiapas y sus características en el contexto actual*. *Revista de Ciencias Sociales* 20(2), 108-122.

Salazar-Sosa, E., Hector Idilio Trejo-Escareño, José Dimas López-Martínez, Cirilo Vázquez-Vázquez, J. Santos Serrato-Corona, Ignacio Orona-Castillo, & Juan Pedro Flores-Margez. (2010). *Efecto residual de estiércol bovino sobre el rendimiento de maíz forrajero y propiedades del suelo*. *Terra Latinoamericana*. 8 (4), 381-390.

<https://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v28n4/v28n4a10.pdf>

Sans, F. X. (2007). La diversidad de los agroecosistemas. *Ecosistemas. Asociación Española de Ecología Terrestre*, 16(1), 44–49.

<http://www.revistaecosistemas.net/articulo.asp?Id=463>

SEMARNAT. (2015). *Agroecosistemas, Tipos de agroecosistemas*. Atlas Digital Geográfico. Vegetación y Uso de Suelo.

http://gisviewer.semarnat.gob.mx/aplicaciones/Atlas2015/bos_AGRO.html

Sosa Islas, Y. (2009). Diagnóstico básico del suelo para la producción orgánica: caso ejido Barreal de Guadalupe Torreón Coahuila. Tesis presentada como requisito parcial para

ontener el título de Ingeniero en Agroecología. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

- Sosa-Rodríguez, F., & Constantino-Toto, R. (2023). *La crisis del agua en México: preparándonos para los impactos del cambio climático*. Sequía En México, Volumen 1 Colección: Libros UAM Del Agua . https://www.researchgate.net/profile/Carlos-Contreras-Servin-2/publication/375863425_La_enfermedad_del_dengue_en_Mexico_y_su_relacion_con_la_variabilidad_y_el_cambio_climatico/links/655f9cdbc86a1d521b02f744/La-enfermedad-del-dengue-en-Mexico-y-su-relacion-con-la-variabilidad-y-el-cambio-climatico.pdf#page=167
- Spain, A. M., Krumholz, L. R., & Elshahed, M. S. (2009). Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. *The ISME Journal*, 3, 992–1000. <https://doi.org/10.1038/ismej.2009.43>
- Topp, E., Mulbry, W. M., Zhu, H., Nour, S. M., & Cuppels, D. (2000). Characterization of S-Triazine herbicide metabolism by a Nocardioideis sp. isolated from agricultural soils. *Applied and Environmental Microbiology*, 66(8), 3134–3141. <https://doi.org/10.1128/AEM.66.8.3134-3141.2000/ASSET/1B58FF76-6F6F-4EC7-A9A5-BD25CD71A396/ASSETS/GRAPHIC/AM0802065006.JPEG>
- Torres, F., & Rojas Martínez, A. (2018). *Suelo agrícola en México: Retrospección y Prospectiva para la Seguridad Alimentaria*. 9(3), 137-155 <https://www.researchgate.net/publication/344279640>
- Trujillo-González, J. M., Trujillo-González, J. M., Mahecha, J. D., & Torres-Mora, M. (2018). El recurso suelo; un análisis de las funciones, capacidad de uso e indicadores de calidad. *Revista de Investigación Agraria y Ambiental*, 9(2), 31–38. <https://doi.org/10.22490/21456453.2095>
- Vallejo, V. E., Afanador, L. N., Alejandra Hernández, M., & Parra, D. C. (2018). Efecto de la implementación de diferentes sistemas agrícolas sobre la calidad del suelo en el municipio de Cachapay, Cundinamarca, Colombia. *Bioagro*, 30(1), 27–38.
- Vázquez-Vázquez, C., García-Hernández, J. L., Salazar-Sosa, E., López-Martínez, J. D., Valdez-Cepeda, R. D., Orona-Castillo, I., Gallegos-Robles, M. A., & Preciado-Rangel, P. (2011). Aplicación de estiércol solarizado al suelo y la producción de chile jalapeño (*Capsicum Annuum*. L) . *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 17(1), 69–74.
- Villanueva-Solis, J., Quiroa Herrera, J. A., & Alleck González Calderón. (2022). *Vulnerabilidad climática urbana: isla de calor y marginación. El caso de Torreón, Coahuila*. Hatso Hnini Revista de Investigación de Paisajes y Espacio Construido, 1(2), 1-11. <http://revistahatsohnini.com.mx/index.php/inicio/article/view/20/16>

Wezel, A., & Soldat, V. (2009). A quantitative and qualitative historical analysis of the scientific discipline of agroecology. *International Journal of Agricultural Sustainability* , 7(1), 3–18. <https://doi.org/10.3763/ijas.2009.0400>