

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



**Evaluación de tres inoculantes en el rendimiento de maíz criollo
(*Zea mays* L.) mediante el análisis molecular y bioinformático del
microbioma rizosférico bacteriano**

Por:

Isai Obed López López

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

**Evaluación de tres inoculantes en el rendimiento de maíz criollo
(*Zea mays* L.) mediante el análisis molecular y bioinformático del
microbioma rizosférico bacteriano**

Por:

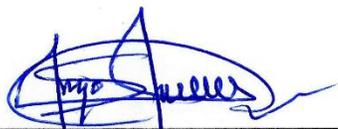
Isai Obed López López

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 Vásquez Arroyo
Presidente



M.C. Eduardo Blanco Contreras
Vocal



Dra Alejandra Cabrera Rodríguez
Vocal



Dra Erika Nava Reyna



M.E. Javier López Hernández

Coordinador Interino de División de Carreras Agronómicas

Torreón, Coahuila, México.

Junio 2024

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
UNIDAD LAGUNA

DIVISIÓN DE CARRERAS AGRONÓMICAS
DEPARTAMENTO DE AGROECOLOGÍA

**Evaluación de tres inoculantes en el rendimiento de maíz criollo
(*Zea mays* L.) mediante el análisis molecular y bioinformático del
microbioma rizosférico bacteriano**

Por:

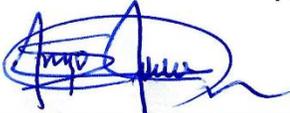
Isai Obed López López

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO EN AGROECOLOGÍA

Aprobada por el Comité de asesoría:



Dr. Jesús Vásquez Arroyo
Asesor Principal



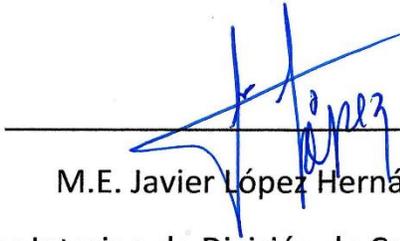
M.C. Eduardo Blanco Contreras
Coasesor



Dra. Cristina García de la Peña
Coasesor externo



Dra. Erika Nava Reyna
Coasesor externo



M.E. Javier López Hernández

Coordinador Interino de División de Carreras Agronómicas



Torreón, Coahuila, México.

Junio 2024

AGRADECIMIENTOS

Agradezco profundamente a la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por las oportunidades que me ofreció en toda la carrera y los lazos de amistad que forme con compañeros y profesores.

Al M.C Eduardo Blanco Contreras por sus enseñanzas de la agroecología desde su sentir y pensar, cambiando nuestra forma de pensar de una manera cuántica. Y como tutor, por su valioso tiempo.

Agradezco especialmente al Dr. Jesús Vásquez Arroyo por motivarme e inspirar en hacer las cosas de una forma diferente, aplicándolo en mi vida profesional y personal, mejorando un poco día a día.

A Manuel, Erika y a todas las personas que me ayudaron para hacer posible este trabajo, les agradezco infinitamente.

DEDICATORIA

A mis padres Daniel y Rosa por su amor incondicional. A mis hermanos Lenin, Luz e Isaac por el cariño que les tengo, demostrándoles que con esfuerzo se pueden conseguir grandes cosas en la vida.

RESUMEN

En el mundo, el maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos más importantes. Más aún, México representa el punto de origen, domesticación y diversificación. En el presente estudio se evaluó el efecto de tres inoculantes bacterianos (BUAP, UJED, UAAAN), así como un testigo sin inocular, sobre el rendimiento de tres razas de maíz criollo (C1, C2, C3) en grano como fue el peso fresco y seco a los 51 y 145 días después de siembra (dds); así como la caracterización molecular y bioinformática del microbioma rizosférico bacteriano asociada al maíz (C2) en el Campo Experimental de la UAAAN el Retiro, ubicado en Francisco I. Madero, Coahuila de Zaragoza, México. De acuerdo a los resultados no se obtuvo rendimiento en grano por las altas temperaturas que se presentaron en todo el ciclo de cultivo; en relación a la biomasa solo en el peso seco a los 51 días el Criollo 2 con el inoculante UJED presentó diferencias significativas. Los resultados metagenómicos mostraron la mayor abundancia relativa a nivel Phyla, *Proteobacteria* (33%), *Actinobacteria* (27%) y *Acidobacteria* (9%) y a nivel Género: *Sphingomonas* (4%), *Microvirga* (4%) y *Bacillus* (3%). En relación a la diversidad alfa en el índice de Shannon y Simpson utilizando la prueba estadística no paramétrica Kruskal-Wallis (KW valor de significancia $p < 0.05$) y en la diversidad beta empleando el índice de Bray-Curtis mediante una prueba PERMANOVA (valor de significancia $p < 0.05$) no se presentó diferencias significativas.

Palabras clave: Metagenómica, diversidad, OTUs, *Sphingomonas*, *Microvirga*, *Bacillus*

ABSTRACT

In the world, maize (*Zea mays* L.) is one of the most important crops. Moreover, Mexico represents the point of origin, domestication, and diversification. In the present study, the effect of three bacterial inoculants (BUAP, UJED, UAAAN), as well as an uninoculated control, on the yield of three breeds of native maize (C1, C2, C3) in grain was evaluated, such as fresh and dry weight at 51 and 145 days after sowing (dds); as well as the molecular and bioinformatic characterization of the bacterial rhizospheric microbiome associated with maize (C2) at the Experimental Field of the UAAAN el Retiro, located in Francisco I. Madero, Coahuila de Zaragoza, Mexico. According to the results, no grain yield was obtained due to the high temperatures that occurred throughout the crop cycle; In relation to biomass, only in the dry weight at 51 days, Criollo 2 with the UJED inoculant presented significant differences. The metagenomic results showed the highest relative abundance at the Phyla, Proteobacteria (33%), Actinobacteria (27%) and Acidobacteria (9%) levels and at the Genus level: *Sphingomonas* (4%), *Microvirga* (4%) and *Bacillus* (3%). In relation to alpha diversity in the Shannon and Simpson index using the Kruskal-Wallis non-parametric statistical test (KW, significance value $p < 0.05$) and in beta diversity using the Bray-Curtis index using a PERMANOVA test (significance value $p < 0.05$), there were no significant differences.

Keywords: Metagenomics, diversity, OTUs, *Sphingomonas*, *Microvirga*, *Bacillus*

INDICE DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS	i
DEDICATORIA	ii
RESUMEN	iii
ABSTRACT	iv
INDICE DE CONTENIDO	v
Índice de cuadros	vii
Índice de figuras	viii
CAPÍTULO I	1
INTRODUCCIÓN	1
OBJETIVO GENERAL	3
OBJETIVOS ESPECIFICOS	3
HIPOTESIS	3
CAPITULO II	4
REVISION DE LITERATURA	4
2.1 Agroecología: un camino para la producción de alimentos sostenibles	4
2.2 El agroecosistema	6
2.3 ¿La historia del maíz nos lleva al maíz criollo?	7
2.4 Generalidades de los maíces criollos en México	9
2.5 Características del maíz	10
2.6 Manejo del maíz en México	10
2.7 El hombre y el maíz	12
2.8 La importancia del suelo	13
2.9 El uso de inoculantes microbianos	14
2.10 El Microbioma del suelo	15
2.11 Caracterización e identificación microbiana	15
2.12 Metagenómica	16
CAPÍTULO III	18
MATERIALES Y METODOS	18
3.1 Área de estudio	18
3.2 Parámetros de rendimiento	19
3.3 Muestreo de microbiota de la rizósfera	19

3.4 Extracción de DNA y análisis bioinformático	20
CAPÍTULO IV	20
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	20
4.1 Rendimiento de biomasa en peso fresco a los 51 dds.....	20
4.2 Rendimiento de biomasa en peso seco a los 51 dds.....	21
4.3 Rendimiento de grano (cosecha)	22
4.4 Rendimiento de peso seco y fresco (145 días después de la siembra).....	23
4.6 Análisis del microbioma rizosférico bacteriano de C2 con inoculación	25
CONCLUSIONES.....	40
REFERENCIAS	41

Índice de cuadros

CONTENIDO	Página
Cuadro 1. Anova de la biomasa en peso seco de razas de maíz criollo inoculadas a los 51 dds.	22
Cuadro 2. Numero de secuencias obtenidas en los tres inoculantes y el testigo	26
Cuadro 3. Análisis de similitud porcentual (SIMPER)	33

Índice de figuras

CONTENIDO	Página
Figura 1. Diversidad de los actuales significados de la agroecología	4
Figura 2. Logo del Programa Docente de Ingeniero en Agroecología UAAAN	7
Figura 3. Diversidad de razas de maíz en México.	8
Figura 4. Distribución de maíces nativos en México.	9
Figura 5. Motores para pasar de la visión a la acción.	11
Figura 6. Diversidad de alimentos preparados a base del maíz en México.	12
Figura 7. Etapas generales para un estudio metagenómico	17
Figura 8. Plano del Rancho UAAAN de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.	18
Figura 9. Rendimiento en peso fresco (Mg ha ⁻¹) del C1, C2 y C3 con la aplicación de los tres inoculantes y el testigo a los 51 dds.	20
Figura 10. Rendimiento en peso seco (Mg ha ⁻¹) del C1, C2 y C3 con la aplicación de los tres inoculantes y el testigo a los 51 dds.	21
Figura 11. Medias marginales para la interacción de inoculantes con las razas de maíz.	22
Figura 12. Rendimiento de peso fresco en Mg ha ⁻¹ de los tres maíces criollos inoculados a los 145 días.	23
Figura 13. Rendimiento de peso seco en Mg ha ⁻¹ de los tres maíces criollos inoculados a los 145 días	24
Figura 14. Medias marginales estimadas del peso seco a los 51 días donde en el criollo 2 con el inoculante de la UJED presentó diferencias significativas en contraste de los demás tratamientos.	25
Figura 15. Curva de rarefacción de las 12 muestras.	27
Figura 16. Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales Phyla de las 12 muestras.	27
Figura 17. Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales clases de las 12 muestras.	28
Figura 18. Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales ordenes de las 12 muestras.	29
Figura 19. Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de las 12 muestras.	30
Figura 20. Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de las 12 muestras.	31

Figura 21. Heatmap de la rizosfera del maíz criollo con la aplicación de los bioinoculantes; se muestran los 17 géneros bacterianos más abundantes.	32
Figura 22. Análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en el índice de Bray-Curtis de la rizosfera del maíz criollo con la aplicación de los bioinoculantes.	35
Figura 23. A) Análisis LefSe (Lineal discriminant analysis effect size) B) Cladograma; entre taxones de rizobacterias de los inoculantes y el control sobre la raza C2 (BUAP = inoculante de Puebla, FCB = inoculante UJED, UAAAN = cepas nativas y Control= testigo).	36

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

El maíz es uno de los cultivos más producidos para la nutrición humana y animal a nivel mundial (FAOSTAT,2021). México, representa el punto de origen, domesticación y riqueza en la diversidad del maíz (Fernández -Suárez et al., 2013).

La producción se divide en: blanco y amarillo. El maíz blanco se utiliza para consumo humano, y por otro lado el maíz amarillo se dirige a la industria y a la producción pecuaria (SAGARPA, 2017), donde el 75 % de la producción nacional es generada por pequeños y medianos productores, alcanzando el 91 % de la superficie cultivada (SADER, 2020). De acuerdo al SIAP (2024), en 2023, a nivel nacional se produjeron 22 millones de toneladas maíz grano y 14 millones de maíz forrajero. Al respecto, en La Comarca Lagunera se obtuvo una producción de maíz para grano de 133 toneladas y para forraje de 762,732 toneladas.

El maíz se siembra en diversos lugares de nuestro país: en regiones cálidas, húmedas, tropicales con diferentes precipitaciones y condiciones climáticas, incluyendo en distintas altitudes; utilizando diferentes sistemas de manejo y desarrollo tecnológico. Gracias a esta diversidad, los agricultores o campesinos, a través del cosmos y praxis han logrado adaptar y conservar una amplia diversidad de maíces nativos. De acuerdo con (CONABIO, 2022), en nuestro país se tiene un registro de 64 razas de maíz donde 59 son consideradas nativas y 5 fueron descritas en otras regiones.

El aumento de la población mundial nos llevó al desarrollo de nuevas tecnologías, buscando incrementar la producción de alimentos y con ello se propuso una agricultura moderna e intensiva denominada revolución verde, donde el reto fue incrementar el rendimiento de granos por unidad de área para satisfacer las necesidades de alimentos (Li et al., 2017). Por lo tanto, la agricultura moderna se basa en el monocultivo, una mayor densidad y la globalización (Tilman et al., 2011).

Por otro lado, el manejo de maíces criollos asociado con otros cultivos, la aplicación de labranza mínima y el uso nulo de agroquímicos, se logra tener una mayor diversidad de animales, plantas y microorganismos en el suelo del ecosistema (Rebollar *et al.*, 2017).

El suelo es uno de los ecosistemas complejos más estudiados, gracias a la amplia diversidad de microorganismos estableciendo interacciones benéficas con las plantas como: la promoción del crecimiento vegetal a través de rizobacterias, el aumento de tolerancia al estrés biótico o abiótico y en el proceso de los ciclos biogeoquímicos (Berendsen *et al.*, 2012; Bulgarelli *et al.*, 2013).

En la naturaleza, los microorganismos se encuentran en comunidades mixtas complejas y para lograr un conocimiento preciso de cada especie microbiana, es necesario realizar estudios de las cepas aisladas y en cultivos axénicos o puros en laboratorio para la elaboración de inoculantes comerciales (Gastélum & Rocha, 2020).

De acuerdo (Cano, 2011; Grageda *et al.*, 2012); los inoculantes se definen como preparados que llevan dentro células vivas o latentes de cepas microbianas que son eficientes en la fijación de nitrógeno, solubilización de fósforo y potencializadoras de diversos nutrientes.

En México, a través de la Secretaría de Agricultura; mediante el programa Producción para el Bienestar (PpB) y su Estrategia de Acompañamiento Técnico (EAT), se impulsa la producción y la aplicación de bioinsumos que va encaminada hacia la autosuficiencia alimentaria con transición agroecológica (SADER, 2022). Sin embargo, a pesar del desarrollo biotecnológico y comercialización de los microorganismos su aplicación aun representa un gran reto (Mitter *et al.*, 2019).

Por otra parte, los estudios de identificación de los microbiomas asociados a los maíces criollos son escasos. Sin embargo, para tener un mayor entendimiento de esta complejidad hay numerosos estudios metagenómicos actuales que se fundamenta en la extracción del DNA de la muestra ambiental y su secuenciación con plataformas de secuenciación masiva o *Next Generation Sequencing* (Gastélum & Rocha, 2020).

OBJETIVO GENERAL

Identificar la influencia de la aplicación de diversos bioinoculantes en la calidad biológica de suelos agrícolas y el rendimiento de los cultivos en agroecosistemas de maíz criollo en el Noreste de México.

OBJETIVOS ESPECIFICOS

- 1.- Evaluar la influencia de la aplicación de bioinoculantes en cultivos de maíz criollo para grano sobre la estructura y composición de las comunidades bacterianas del suelo.
- 2.- Determinar el efecto de los bioinoculantes sobre el rendimiento de razas criollas de maíz para grano.

HIPOTESIS

Ho= La aplicación de inoculantes influye en el rendimiento de los maíces criollos y en las comunidades bacterianas del suelo.

Ha= La aplicación de inoculantes no influye en el rendimiento de los maíces criollos y en las comunidades bacterianas del suelo.

CAPITULO II REVISION DE LITERATURA

2.1 Agroecología: un camino para la producción de alimentos sostenibles

La agroecología es uno de los temas más empleados en debates a nivel mundial, como una alternativa para ayudar a la humanidad en el camino dirigido a la sostenibilidad (Ávila Romero *et al.*, 2019).

De acuerdo a (Wezel *et al.*, 2009) la agroecología se entiende como la ciencia que estudia e intenta explicar el funcionamiento de los agroecosistemas, como un conjunto de prácticas para cultivar de manera más sostenible sin el uso de productos químicos peligrosos, como un movimiento que pretende que la agricultura sea sostenible ecológicamente y más justa socialmente (Figura 1) (Wezel *et al.*, 2009).

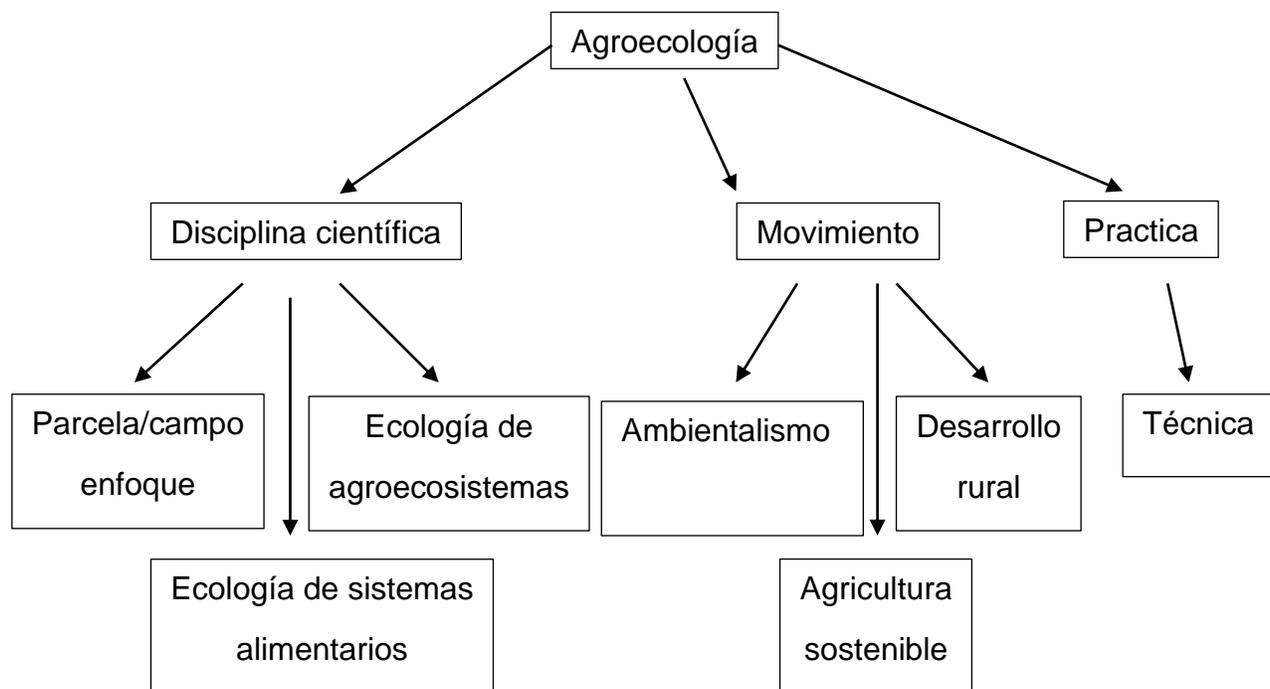


Figura 1. Diversidad de los actuales significados de la agroecología (Wezel *et al.*, 2009)

La agroecología se originó en la década de 1930 y hasta la década de 1960 fue la fase inicial de la misma. En 1970 y 1980, la agroecología como ciencia se expandió y en 1990 se institucionalizó y se consolidó. A partir de los 2000, surgieron

definiciones más amplias como base de nuevas dimensiones de la agroecología (Wezel & Soldat, 2009).

En la década de los 70s, surgió la agroecología en México, por las comunidades campesinas e indígenas (Astier et al., 2017). Efraím Hernández- Xolocotzi (1913-1991), es considerado como el padre de la Agroecología. Durante las próximas décadas, la agroecología se disparó en todas las primeras planas desde investigaciones de calidad, reflexiones y discusiones colectivas; fueron notables, incluyendo cinco grandes congresos: cuatro Encuentros Internacionales sobre Economía Campesina y Agroecología organizados por ANEC; y en mayo de 2019 en San Cristóbal de las Casas, Chiapas; se celebró el primer Congreso Mexicano de Agroecología, dando lugar al nacimiento formal de la Sociedad Mexicana de Agroecología (Toledo, 2022). Estos dieron lugar al Movimiento Agroecológico Mexicano (Suarez- Carrera, 2016), incluyendo la Conferencia Internacional Autosuficiencia Alimentaria y Agroecología en un mundo multipolar, realizado en Oaxaca a nivel mundial en 2023 (CONABIO,2023).

Principalmente en México, la agroecología es un tema político, reconociendo la relevancia de los saberes ancestrales (memoria biocultural), el tema de mercados orgánicos, además de plantear y efectuar alternativas científicas y técnicas al modelo agroindustrial (Toledo y Barrera-Bassols, 2016). Un logro ha sido la defensa del maíz nativo y de las semillas en general en contra de los cultivos transgénicos (Toledo, 2022).

En el presente sexenio (2018-2024), el gobierno ha adoptado políticas dirigidos hacia una soberanía alimentaria, con una transición agroecológica enfocado los campesinos. Donde destaca: Producción para el Bienestar, de la Secretaría de Agricultura (AGRICULTURA) <https://www.gob.mx/agricultura#341> y Sembrando Vida, de la Secretaría del Bienestar. En el ámbito de la educación, la agroecología se integró como cursos y carreras en las Universidades Benito Juárez y en las Universidades Interculturales. Por lo tanto, nuestro país se dirige hacia una

alternativa agroecológica, si continua en este camino de integración científica, técnica y movimientos sociales (Toledo, 2022).

2.2 El agroecosistema

El agroecosistema (AES) es una representación muestral de un corte de la realidad agrícola compleja, definida por el interés interdisciplinario del observador de segundo orden (El Agroecosistémico). Los agricultores o campesinos, diseñan y dirigen los elementos agroecosistémicos, con el propósito de: Diagnosticar, Operar y Evaluar la intervención en el Recorte de la Realidad Compleja Definida y con base en ello lograr Óptimos Dinámicos: Económicos, Ecológicos y Sociales. Finalmente, en el agroecosistema se obtiene alimentos, materias primas y beneficios ambientales que la población demanda (Palacios y Dávila, 2023).

Por otro lado, Blanco y Sáenz (2015) de acuerdo con García, y col., (1988) que señalaron el deterioro ambiental y pobreza en la abundancia productiva, en el caso de la Comarca Lagunera; y de un cambio curricular de formación de agrónomos sustentada en Altieri y Francis (1992) la definición surge de tres esferas: la esfera física (suelo, agua, clima), esfera biológica (plantas, animales y desintegradores) y finalmente por la esfera socioeconómica humana (visión, conocimiento, transformaciones) (Figura 2).



Figura 2. Logo del Programa Docente de Ingeniero en Agroecología UAAAN, que integra al ser humano (esfera superior) en su ecosistema (esferas inferiores abióticas y biótica) (Blanco y Sáenz, 2015).

La comprensión de la complejidad de los agroecosistemas debe ser entendido a partir de la Teoría de Sistemas para concebir que las propiedades de un sistema no dependen solo de sus componentes, sino de la interrelación existente entre ellos (Sarandon, 2014). En nuestro caso, tomaremos como modelo del agroecosistema al maíz y de manera específica las razas nativas con doble propósito para alimento humano y forraje al consumo animal o para incorporar M.O. al suelo.

2.3 ¿La historia del maíz nos lleva al maíz criollo?

Se considera que el maíz tuvo sus inicios en Mesoamérica como uno de los sitios de domesticación de plantas de gran relevancia; donde se establecieron y desarrollaron diferentes sociedades a lo largo de la historia. Los primeros agricultores de esta región provenían de aquellos grupos de cazadores-recolectores que estuvieron en el planeta hace 35 mil años; que recolectaban una gran cantidad de tubérculos, semillas, frutas y otras partes de plantas, al igual cazaban animales pequeños y pescaban, utilizando sus instrumentos que elaboraban. Su relación con el mundo vegetal no solo se limitaba con la observación, exploración y la recolección de especies, sino también la intervención directa sobre estas, logrando un conocimiento más conectado con los procesos ecológicos. Con estas prácticas y el gran conocimiento llevó a la domesticación de las primeras plantas. Se han encontrado restos más antiguos de domesticación de plantas en Mesoamérica,

aproximadamente 8 000 a.C., principalmente en sitios secos como Tehuacán, el valle de Oaxaca y la Sierra de Tamaulipas. Después de dos mil años el maíz hace su aparición en los sitios descritos (Carrillo Trueba, 2009), en donde los habitantes de Mesoamérica lo domesticaron a partir de los “teocintles”, que parte de Centroamérica y principalmente México crecen de manera natural (CONABIO, 2022). Sin embargo, aún no es posible precisar donde y cuando se domesticó y transformó con el tiempo el teosintle (*Zea mexicana*), por medio de la selección y cruzamiento, en el maíz que hoy conocemos (*Zea mays*) (Vargas, 2014).

Una de las características importantes del maíz es su variabilidad, ya que las flores de una planta pueden polinizar las de otras, así como que cada inflorescencia da origen a una mazorca. Esto proporciona al maíz una diversidad genética, logrando una riqueza de caracteres en ciertas condiciones como la preservación de caracteres seleccionados, en donde se busca la mezcla con otras variedades y, por otro lado, nuevas variedades con características interesantes. De acuerdo a este equilibrio dinámico es la base de que los primeros maíces comenzaran a difundirse, y en cada región se originaron nuevas variedades o razas. De acuerdo a varios investigadores, es en ese punto que se generó una primera camada de razas o variedades, que se adaptaban bajo ciertas condiciones (Carrillo Trueba, 2009). Se tiene un registro de 64 razas de maíz, donde 59 son consideradas nativas (CONABIO, 2022) (Figura 3).

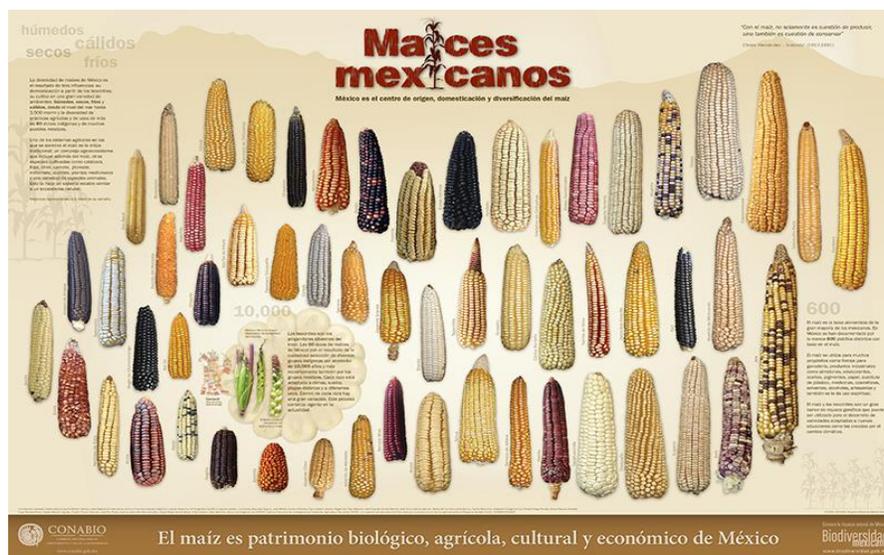


Figura 3. Diversidad de razas de maíz en México (CONABIO, 2022)

2.4 Generalidades de los maíces criollos en México

El maíz se siembra en diversos lugares de nuestro país: en regiones cálidas, húmedas, tropicales con diferentes precipitaciones y condiciones climáticas, incluyendo en distintas altitudes; utilizando diferentes sistemas de manejo y desarrollo tecnológico. Gracias a esta diversidad, los agricultores o campesinos, a través del cosmos y praxis han logrado adaptar y conservar una amplia diversidad de maíces nativos (CONABIO, 2022) (Figura 4).

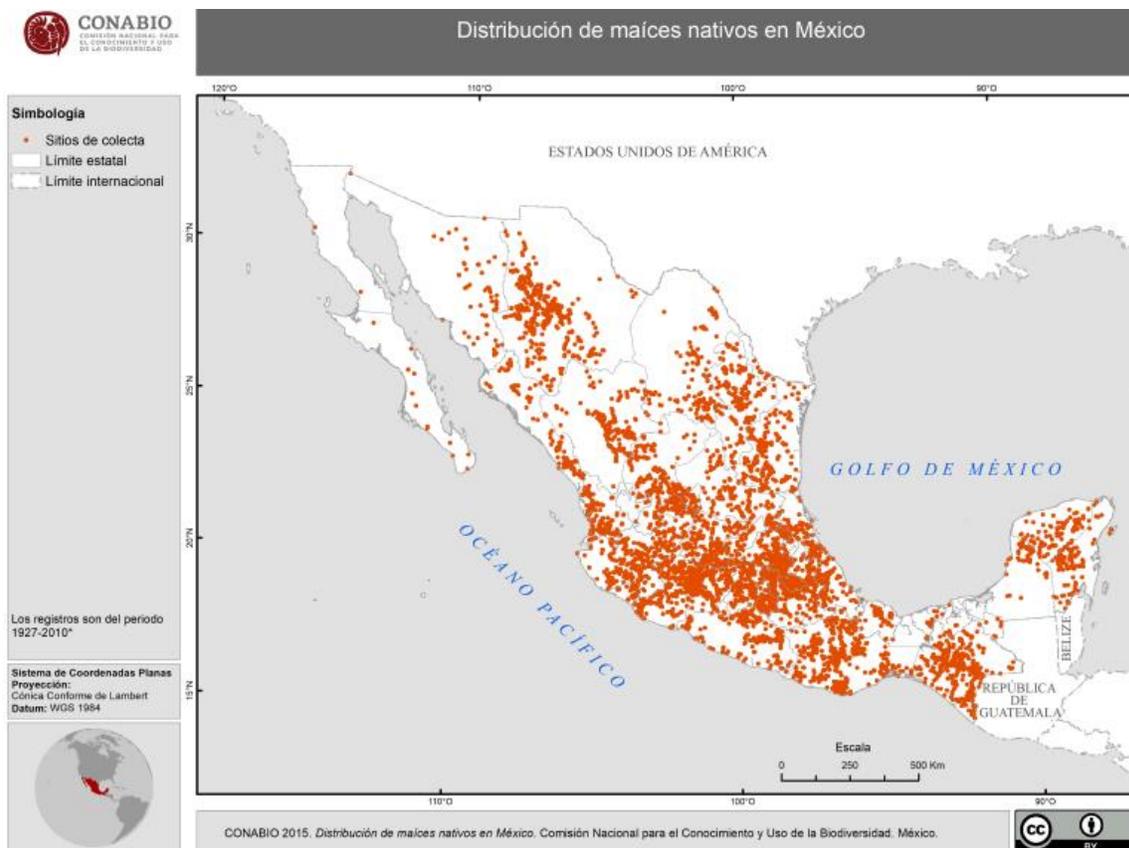


Figura 4. Distribución de maíces nativos en México. (CONABIO, 2015)

De acuerdo a Guadarrama *et al.*, (2014), el 65% de la superficie cultivada en México se utilizan semillas criollas adaptadas a las condiciones climáticas y tecnológicas de los productores.

2.5 Características del maíz

El maíz (*Zea mays* L.), es un pasto de la familia botánica Poaceae o Gramineae. Gracias a su polinización libre y por el flujo de semillas representa un sistema dinámico y continuo realizado por los agricultores (CONABIO, 2020).

Podemos encontrar razas de maíz criollas cuya altura no pasa más de un metro y otras que llegan a medir hasta cinco, la mayoría de las mazorcas en promedio varía entre 15 y 20 cm. Su forma puede ser cónica, cilíndrica, casi redonda, elipsoide, alargada, corta, delgada, entre otras, con un olote largo o ancho. Los granos pueden ser agudos, redondos, puntiagudos, anchos, cuadrados, angostos, largos, pequeños a grandes, dentados, etc. Hay una diversidad de nombres de las razas del maíz a nivel regional: palomero, chapalote, cónico, reventador, jala, olotillo, tuxpeño, celaya, entre otros muchos, en diferentes lenguas indígenas (Carrillo Trueba, 2009).

2.6 Manejo del maíz en México

Existen dos modelos tecnológicos diferentes para el manejo del maíz y el uso de los recursos en nuestro país: el convencional o comercial y el campesino o agroecológico (Damián-Huato, 2010).

El sistema campesino inicia preparando el terreno mediante camellones, chinampas, terrazas, con riego, etc., que con el paso del tiempo han sido diversas. Sin embargo, el más utilizado y practicado es el roza- tumba- quema. Al inicio de las lluvias se realiza la siembra haciendo un pequeño hoyo con una herramienta plantadora (coa, barreta, etc.), y se colocan varios granos, considerando cierta distancia entre cada agujero con el propósito de intercalar otros cultivos, como puede ser calabaza, frijol, chile, entre otros (Carrillo Trueba, 2009). Este sistema agrícola tradicional, es conocido como milpa que constituye un espacio dinámico de recursos genéticos. La composición de maíz-frijol-calabaza es mejor conocido como “La triada mesoamericana” (SADER, 2020).

Posteriormente se hacen diferentes cuidados de la milpa, quitando las arvenses que frenan su crecimiento y el control de los animales que lo afectan. La cosecha se realiza manualmente y la selección de granos para la próxima siembra, se consideran ciertas características como la mejor mazorca, el grano macizo, las hileras parejitas, el llenado de la base, entre otras, estas difieren de un lugar a otro. Cada agricultor mantiene razas que le permiten enfrentar condiciones adversas, diferentes ciclos de maduración, para fines culinarios específicos, entre otras (Carrillo Trueba, 2009).

El CIMMYT es la organización especializada en el desarrollo de variedades mejoradas de maíz que mediante el Taller de Escenarios 2030 realizado por un panel de expertos, como resultado se obtuvo 4 motores con sus acciones para lograr un mejor futuro del maíz a 2030 (Figura 5). Además, se propuso la planeación estratégica MpMex conformado por dos visiones: el primero denominado Autosuficiencia y el segundo denominado Milpa, Biodiversidad y Bienestar, con el objetivo de salvaguardar la biodiversidad y la herencia cultural del maíz mexicano (CIMMYT, 2019).

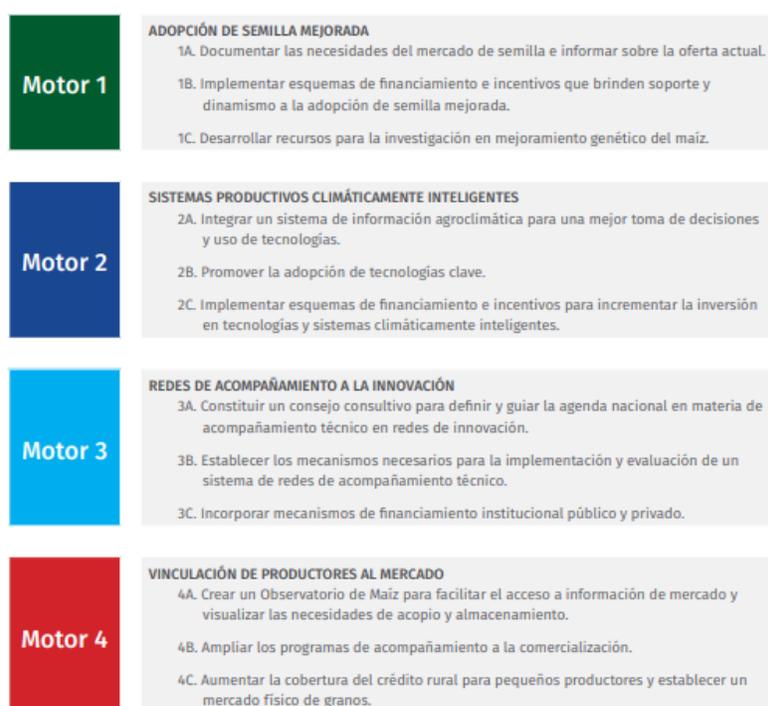


Figura 5. Motores para pasar de la visión a la acción (CIMMYT, 2019).

Por otra parte, SADER (2023) en el estado de Chiapas, a través del Programa de Fertilizantes para el Bienestar con la vinculación del INIFAP, para la sustitución o reducción de fertilizantes de síntesis químico se aplicaron alternativas como bioinsumos y prácticas agroecológicas. De acuerdo con sus resultados se logró reducir hasta el 50% de la fertilización química, sin disminuir los rendimientos del maíz. Por lo tanto, el país tiene el gran reto de incrementar la productividad y rentabilidad del maíz de forma sustentable (CIMMYT, 2019).

2.7 El hombre y el maíz

El cultivo y aprovechamiento del maíz, marco un gran desarrollo de los grupos mesoamericanos, formando parte de sus crónicas, cantares, leyendas, deidades, como la materia prima. Esta gran parte de nuestra cosmovisión ha perdurado a través del tiempo hasta nuestros días. En nuestro país, existe una diversidad en formas, adaptaciones, usos y manifestaciones culturales en torno al maíz. Se han identificado alrededor de 600 formas de preparar el maíz en la alimentación (Figura 6). Puede ser consumido en diferentes estados de maduración en elote o en grano, se aprovecha además las hojas (totomoxtle), también nixtamalizado y en masa hechas en tortillas, tacos, tlayudas, entre otros derivados. Incluso el maíz entero en menudos y pozoles, por si fuera poco, en bebidas como en téjate como una gran variedad de atoles y bebidas fermentadas (CONABIO, 2020).



Figura 6. Diversidad de alimentos preparados a base del maíz en México (CONABIO,2020).

2.8 La importancia del suelo

El suelo es un elemento clave del agroecosistema gracias a los diversos servicios ecosistémicos que brinda para satisfacer nuestras necesidades, como de aprovisionamiento, servicios de regulación y los servicios culturales (Dominati et al., 2014). Por lo tanto, su conservación y el aumento de la fertilidad es extremadamente importante. La actividad biológica, que ahí ocurre, puede verse afectada por intervenciones antrópicas (Houšková et al., 2021). Uno de los principales factores antropogénicos que aceleran la degradación del suelo son las prácticas de agricultura intensiva y extensiva, donde se busca el rendimiento óptimo de los cultivos a través del uso indiscriminado de agroquímicos y prácticas de monocultivo, labranza, entre otros, conduciendo además al incremento en la emisión de gases de efecto invernadero y la pérdida de biodiversidad del suelo. Por lo anterior, existe un interés creciente en el desarrollo e implementación prácticas de manejo sustentables.

El manejo agroecológico propone técnicas donde se maximizan las interacciones agroecológicas que dan solución a estos problemas como los policultivos (maíz-frijol-calabaza), la rotación de cultivos, mejorando las propiedades del suelo desde el punto de vista microbiológico y, por otra parte, rompe el ciclo biológico de los enemigos naturales, la aportación de nutrientes y aumenta la sanidad del suelo (Damián-Huato, 2010). También con las prácticas de labranza de conservación de suelo se puede reducir la erosión edáfica y la pérdida de carbono en el suelo (Altieri y Nicholls, 2000). Asimismo, el uso de estiércol es un indicador clave de la calidad de suelo, así como el desarrollo de microorganismos benéficos para la planta (Robert, 2002). Cabe mencionar de los actores clave en los beneficios o perjuicios derivados del manejo agronómico son los microorganismos del suelo, por lo que la alteración del suelo por las prácticas agrícolas puede generar también en los procesos microbianos que pueden derivar en consecuencias a gran escala como la erosión o recuperación del suelo y la emisión o secuestro de gases de efecto invernadero. Lo anterior está ligado al papel de los microorganismos del suelo en los agroecosistemas, ya que determinan la fertilidad del suelo, la productividad del

cultivo y la tolerancia al estrés. Mas aún, el microbioma del suelo está ligado a su estructura, influenciando características como la agregación y la porosidad del suelo, lo que a su vez determina el flujo de agua, oxígeno y nutrientes en el sistema. Así, las prácticas agroecológicas pretenden integrar prácticas de manejo que favorezcan la estructura del suelo e incrementen la biodiversidad microbiana para incrementar la fertilidad (Hartmann & Six, 2023).

En la naturaleza los microorganismos se encuentran en comunidades complejas, por lo que los métodos microbiológicos tradicionales no permiten el estudio de la totalidad de la población, ya que la mayoría de los microorganismos no son cultivables. De esta forma, la metagenómica permite el estudio de los genomas completos sin requerir de cultivos microbianos, lo que lo vuelve una herramienta para explorar los microbiomas clave con potencial para mejorar las prácticas agroecológicas (Nwachukwu & Babalola, 2022). No obstante, el estudio microbiológico clásico permite aislar cepas en laboratorio, dando lugar a la producción de inoculantes comerciales (Gastélum & Rocha, 2020).

2.9 El uso de inoculantes microbianos

Una alternativa sostenible para disminuir los impactos negativos de los fertilizantes inorgánicos y aumentar la calidad de los alimentos es mediante la aplicación de bioinoculantes a base de rizobacterias promotoras de crecimiento vegetal (RPCV), es (Kloepper y Schroth, 1978), ya que ayudan a la conservación de la fertilidad y biodiversidad del suelo, son económicos y no contaminan el medio ambiente (Chiquito-Contreras et al., 2017). Los bioinoculantes son productos derivados de organismos vivos, que pueden aportar una mayor disponibilidad de nutriente, incluyendo la resistencia de enemigos naturales en los cultivos (Grupo ETC et al., 2022). Los tipos de beneficios que se obtienen con el uso de microorganismos en la agricultura incluyen: fitoestimulantes, biofertilizantes, mejoradores de suelo, agentes de control biológico, biorremediadores y mejoradores ecofisiológicos (Bowen y Rovira, 1999).

2.10 El Microbioma del suelo

Marchesi y Ravel (2015), definieron al microbioma del suelo como el hábitat, incluyendo los microorganismos (bacterias, arqueas, eucariotas inferiores y superiores y virus), sus genomas (genes) y las condiciones ambientales circundantes.

En el suelo hay una gran cantidad de seres vivos, principalmente microorganismos. De acuerdo a Ali *et al.*, (2019), la diversidad y variedad genética de nichos ecológicos de las poblaciones microbianas tienen un alto impacto en las funciones del suelo como en el crecimiento y desarrollo vegetal. En la rizosfera suceden las interacciones entre las raíces de las plantas y los microorganismos edáficos, formando un ambiente dinámico (Lopes *et al.*, 2016).

De acuerdo a las especies de plantas, la estructura y la multiplicidad de la comunidad bacteriana en la rizosfera varían significativamente (López *et al.*, 2019). El maíz mediante el exudado de sus raíces atrae una gran diversidad de microorganismos (Ayiti *et al.*, 2022), por el contenido de azúcares, ácidos orgánicos, aromáticos y enzimas (Peiffer *et al.*, 2013). Por lo tanto, es importante identificar y conocer el funcionamiento de estos microorganismos, sobre todo en las bacterias que intervienen en el rendimiento de los maíces criollos, al ser inoculados.

2.11 Caracterización e identificación microbiana

La mayoría de los microorganismos en sistemas complejos como los suelos, no son cultivables, en general requieren condiciones específicas y la aparición de interacciones biológicas particulares para desencadenar la multiplicación celular (Silva-Oyala *et al.*, 2022). Esto se debe a que la complejidad de las comunidades microbianas del suelo aumenta según su riqueza y abundancia de las especies, logrando que el sistema suelo sea el entorno más desafiante para el estudio de la ecología microbiana (Amann *et al.*, 1995).

Los métodos convencionales de la identificación de microorganismos se basan en las características fenotípicas, ya que su realización y coste son más asequibles (Bou *et al.*, 2011), los cuales abarcan principalmente tres procedimientos:

observación directa de la muestra, cultivo de la muestra e identificación del organismo aislado (Margareta-Mühlhauser & Lina- Rivas, 2014).

De esta manera, el estudio de cultivo independiente en la detección y análisis de (ADN o ARN), en muestras ambientales, es fundamental en el estudio de la diversidad microbiana del suelo teniendo resultados más precisos (Andreote et al., 2009; Nesme et al., 2016) Uno de los métodos más conocido y utilizado es la metagenómica.

2.12 Metagenómica

La metagenómica es una poderosa alternativa para describir la diversidad microbiana de los suelos, proporcionando información taxonómica y funcional sobre la comunidad en un solo análisis que no son recuperados por método de cultivo (Silva-Oyala et al., 2022).

El término “metagenoma” fue acuñado por Handelsman et al. (1998) para representar el genoma completo de los microorganismos que se encuentran en una comunidad. Hoy en día, mediante las tecnologías de secuenciación de alto rendimiento, es posible obtener una amplia información genética de muestras de suelo (Figura 7). Esta tecnología permite entonces describir, de manera representativa, los genes funcionales y taxonómicos, en un único análisis, permitiendo una mejor deducción de la relación entre la estructura y la función de los organismos del suelo (Hug et al., 2016; Castañeda y Barbosa, 2017).

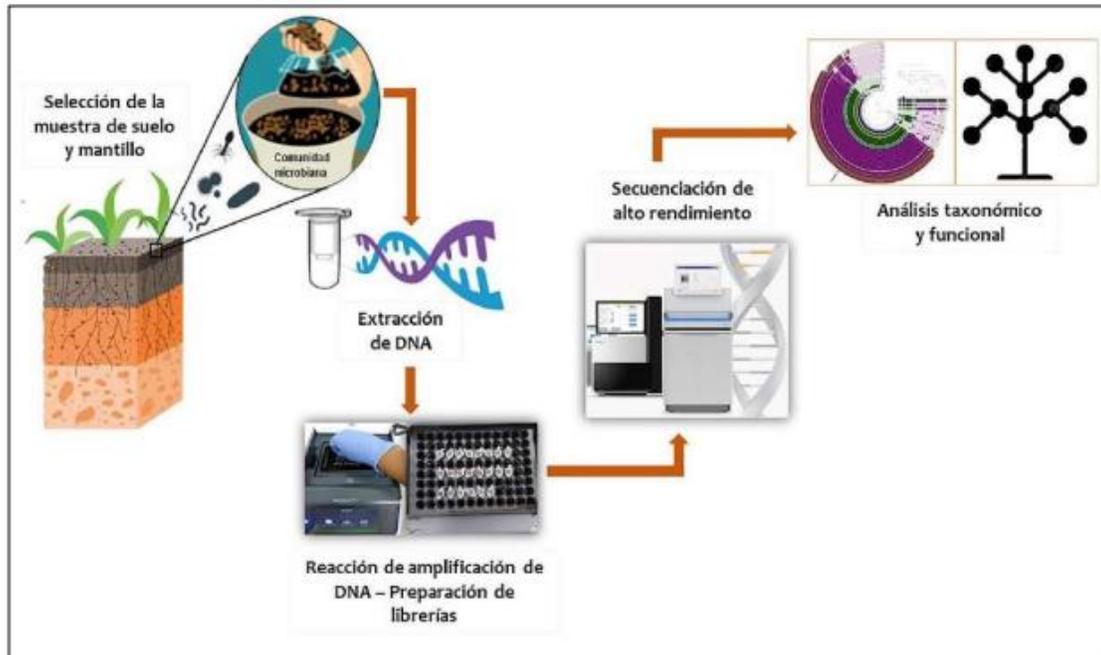


Figura 7. Etapas generales para un estudio metagenómico que consiste de la selección de la muestra de interés, extracción de DNA, preparación de librerías, secuenciación y análisis bioinformáticos para realizar análisis taxonómicos y funcionales del microbioma presente en la muestra objeto de estudio (Silva-Oyala et al., 2022).

Esta tecnología ha sido utilizada ampliamente para estudiar el microbioma de los suelos, donde los estudios se enfocan en aclarar el microbiota y sus características, basado en la secuenciación de DNA obtenido directamente del suelo (Fierer et al., 2013).

CAPÍTULO III

MATERIALES Y METODOS

3.1 Área de estudio

Las parcelas experimentales están ubicadas en El rancho UAAAN de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, en el municipio de Francisco I. Madero en Coahuila. Con coordenadas 25°49'53.45" N y 103°7'4.03" O (Figura 8). Lugar donde se realiza diversos trabajos experimentales.



Figura 8. Plano del Rancho UAAAN de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Unidad Regional Laguna. Imagen Recuperada del Google Earth Agosto 2022.

Las parcelas experimentales fueron de tres surcos de 0.75 m de ancho por 15 m de largo, con distancia entre plantas de 0.15 m. La parcela útil fue del surco central, eliminando un metro en cada extremo de las unidades emparentales. Se utilizó un diseño experimental factorial A x B con tres repeticiones, donde el factor A representa a los tres maíces criollos, y el factor B, los tres inoculantes y un testigo; teniendo un total de 48 unidades experimentales. La semilla se dejó remojando por espacio de 1 h con el inoculante y se sembró manualmente el 13 de abril de 2022. Se realizó la toma de muestras de rizósfera y planta. Para el análisis de rendimiento

se determinó su peso fresco y seco en $t\ ha^{-1}$ a los 51 días después de siembra, mientras que, para el peso seco las muestras se dejaron dos semanas a temperatura ambiente. Los datos fueron procesados en el Programa Estadístico Minitab Versión 18.

3.2 Parámetros de rendimiento

Se realizó una aproximación de plantas por ha, en base a los datos de siembra para poder determinar el rendimiento de forraje en fresco y seco a los 51 y 145 días con los siguientes cálculos:

Longitud: 100m

Distancia surcos: 0.75 m

Distancia entre planta: 0.15 m

Formula 1

$\frac{100\ m}{0.75\ m} = 133$ surcos

0.75 m

Formula 2

$\frac{100\ m}{0.15\ m} = 666$ plantas/surco

0.15m

Formula 3

$(133) \times (666) = 88,900$ plantas ha^{-1}

3.3 Muestreo de microbiota de la rizósfera

La siembra se realizó el 13 de abril de 2022; después de los 51 días se tomaron muestras de la rizosfera de maíz criollo. Se extrajo la planta de maíz y se obtuvieron 100 mg de suelo asociado a las raíces. Cada muestra fue colocada en un tubo *bashing bead* Zymo Research™ con 750 μ L de buffer lisante/estabilizador *Xpedition*™; estos tubos se procesaron en un disruptor celular *TerraLyzer*™ durante 45 segundos, para la lisis celular y la conservación del DNA (Vásquez-Arroyo *et al.*, 2023).

3.4 Extracción de DNA y análisis bioinformático

La extracción de DNA se realizó en el Laboratorio de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UJED, Gómez Palacio, Durango, utilizando un kit DNA MiniPrep de Zymo Research™. La parte del análisis bioinformático se realizó de acuerdo a la metodología seguida por (Vásquez-Arroyo *et al.*, 2023).

CAPÍTULO IV RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 Rendimiento de biomasa en peso fresco a los 51 dds

De acuerdo a los resultados obtenidos, no se presentaron diferencias significativas de la biomasa a los 51 dds; sin embargo, el C1 presentó los mejores promedios con la inoculación, pero no con el testigo (Figura 9).

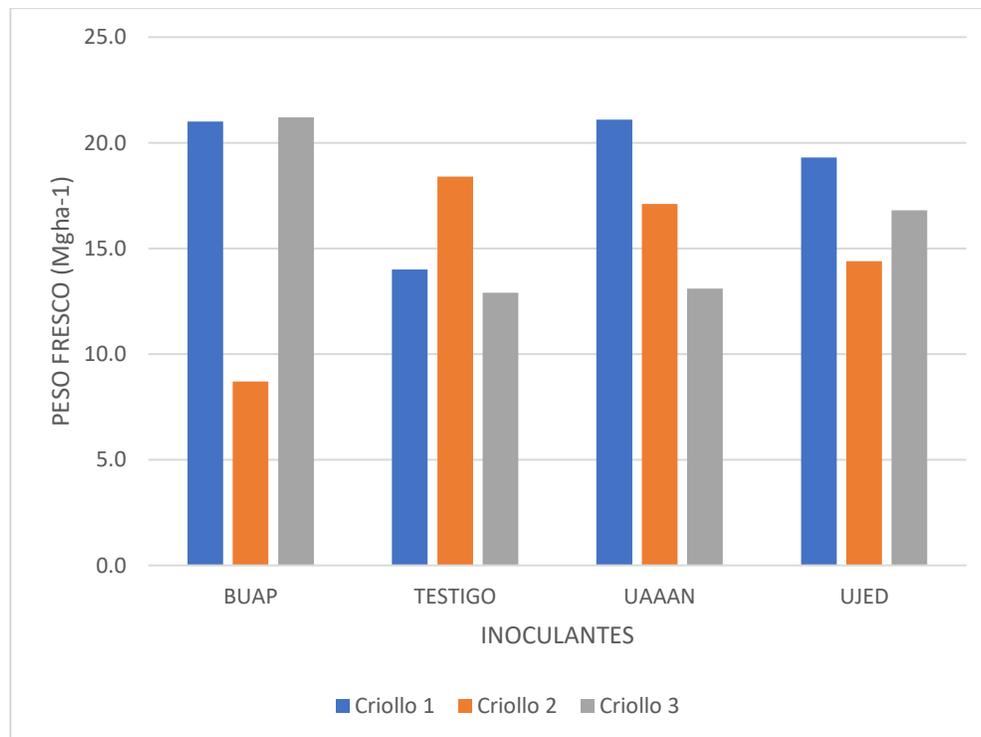


Figura 9. Rendimiento en peso fresco (Mg ha⁻¹) de las razas de maíz criollo C1, C2 y C3 con la aplicación de los tres inoculantes y el testigo a los 51 dds.

4.2 Rendimiento de biomasa en peso seco a los 51 dds.

En el rendimiento de biomasa en peso seco a los 51 dds si presentó diferencia estadística entre los tratamientos ($p=0.005$), así como la interacción inoculante x Raza ($p=0.019$), siendo la variedad de maíz criollo 2 con la aplicación del inoculante UJED el que alcanzó un mayor rendimiento con 3.6 Mg ha^{-1} (Figura 10 y 11). De acuerdo a los resultados de la Figura 10, los rendimientos obtenidos en esta investigación fueron superiores que los reportados por Valencia (2022), donde se utilizaron tres cultivares de maíz, haciendo la estimación de peso seco a los 54 dds alrededor de $2\text{-}2.5 \text{ Mg ha}^{-1}$, pero con una densidad de $120000 \text{ plantas ha}^{-1}$.

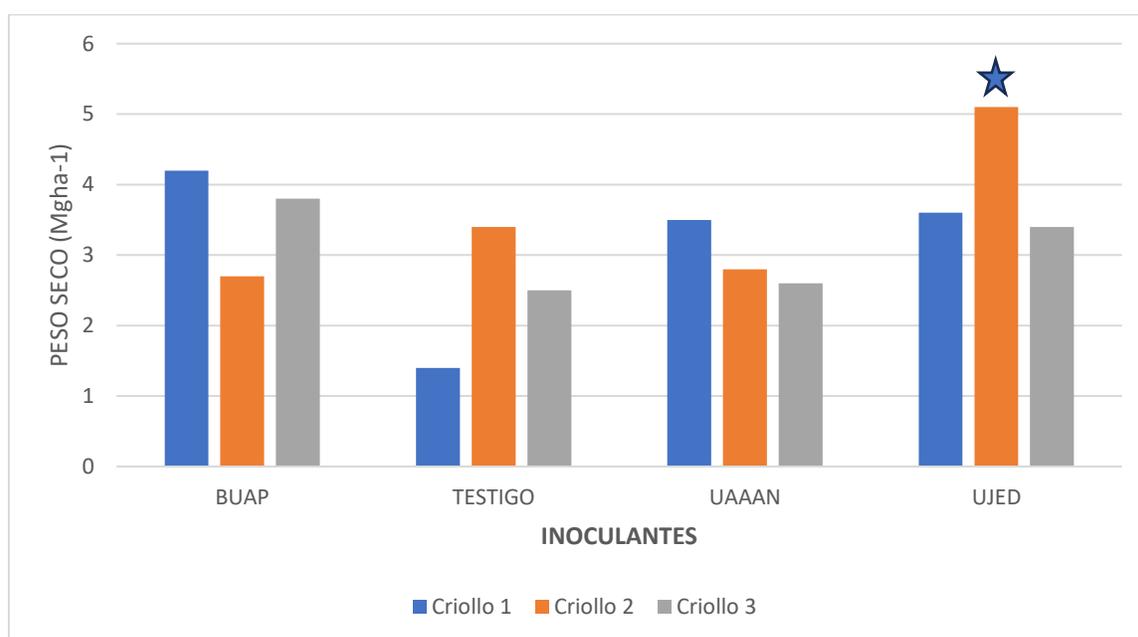


Figura 10. Rendimiento en peso seco (Mg ha^{-1}) del C1, C2 y C3 con la aplicación de los tres inoculantes y el testigo a los 51 dds.

Cuadro 1. ANOVA de la biomasa en peso seco de razas de maíz criollo inoculadas a los 51 dds.

FUENTE	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado medio	F	P
Raza	2	1.615	0.808	0.693	0.507
inoculantes	3	17.415	5.805	4.979	0.005
Raza * Inoculante	6	20.561	3.427	2.939	0.019
Error	36	41.975	1.166		
Total	48	593.780			

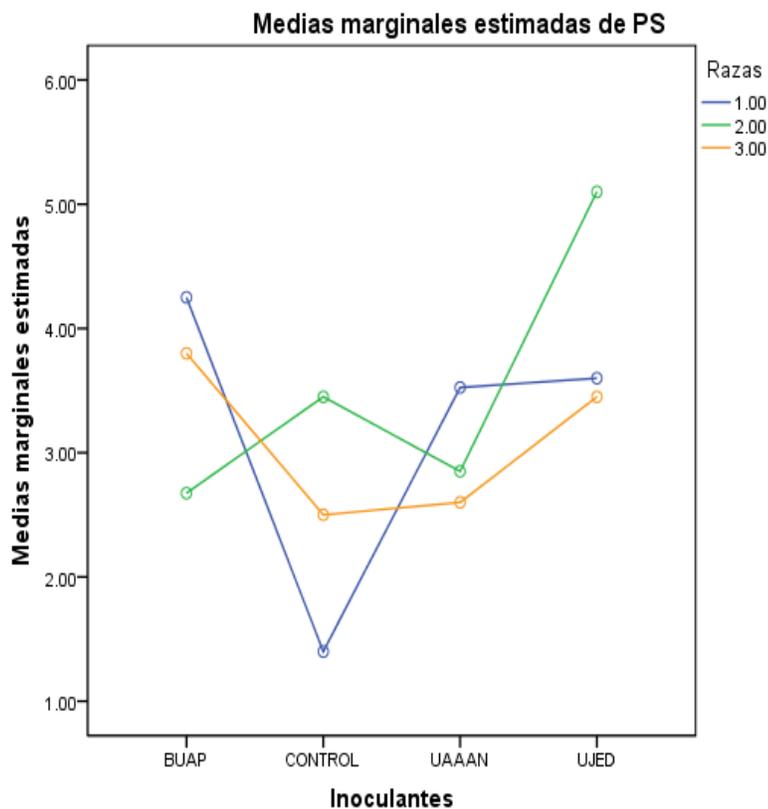


Figura 11. Medias marginales para la interacción de inoculantes con las razas de maíz.

4.3 Rendimiento de grano (cosecha)

En cuanto al rendimiento en grano, no se obtuvieron resultados favorables en la cosecha, posiblemente por la siembra tardía o por las altas temperaturas que se alcanzaron durante las diferentes fenológicas del cultivo, como lo mencionó

Cervantes (2023), quien reportó que la radiación solar y las altas temperaturas son factores que afectan al crecimiento y al rendimiento del maíz.

4.4 Rendimiento de peso seco y fresco (145 días después de la siembra)

El cálculo de la relación entre el peso fresco del rastrojo del maíz y el peso seco (Figura 12 y 13) se obtuvo mediante el estudio de Banziger et al. (1997), donde señalan que en el cultivo de maíz a medida que atraviesa en sus diferentes etapas fenológicas, la proporción de materia seca cambia. De acuerdo a esto se considera la etapa de crecimiento relativo (R).

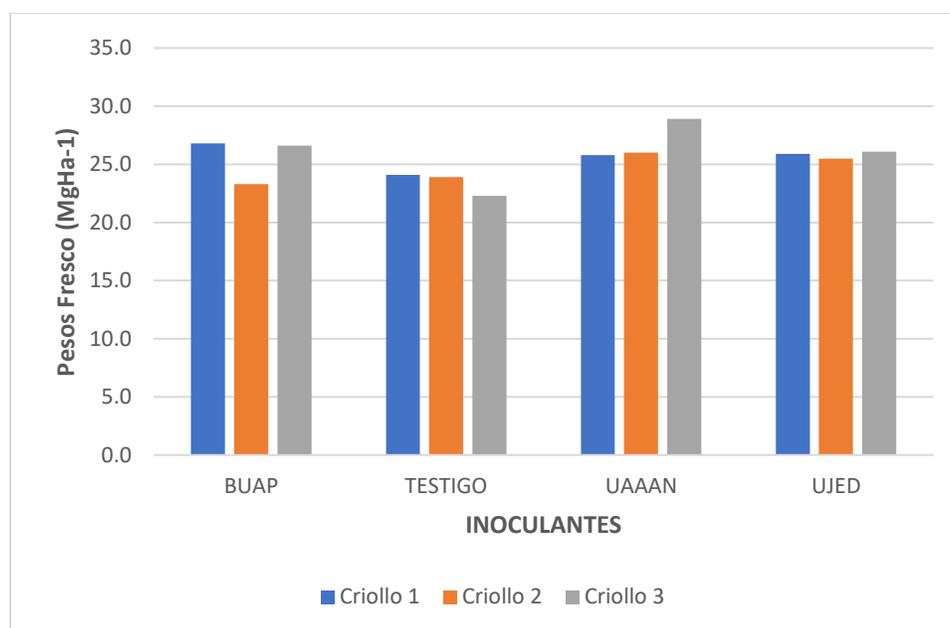


Figura 12. Rendimiento de peso fresco en Mg ha⁻¹ de los tres maíces criollos inoculados a los 145 días después de la siembra.

El corte del rastrojo del maíz se realiza en la etapa R=2,2 cuando el contenido de humedad en el grano es alrededor del 20% y el contenido de materia seca en la planta entera (MS%) es del 65 a 70% (Daynard y Hunter, 1975; Fairley, 1980). Por lo tanto, para convertir el peso fresco (PF) a peso seco de rastrojo (PS; kg) se empleó la siguiente ecuación

$$PS = PF \times MS\%$$

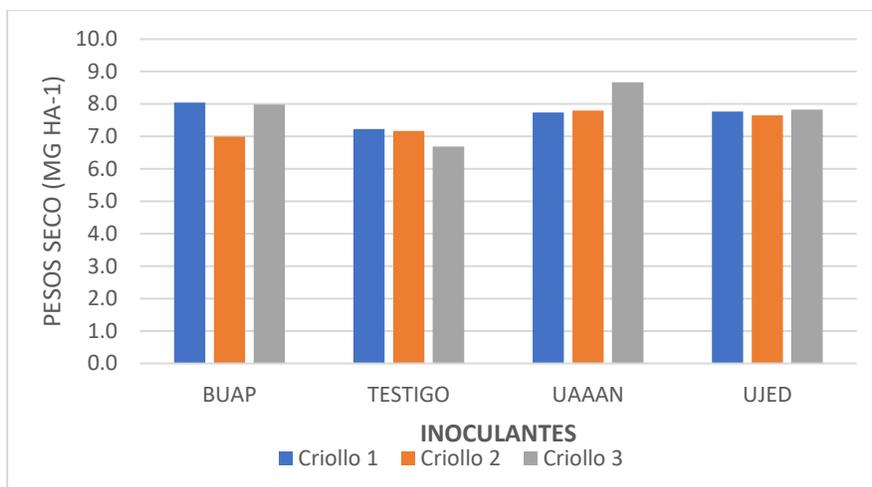


Figura 13. Rendimiento de peso seco en Mg ha⁻¹ de los tres maíces criollos inoculados a los 145 días

De acuerdo con los resultados (Figura 13), no se presentaron diferencias estadísticas entre tratamientos. No obstante, el inoculante UJED y UAAAN, en las tres variedades de maíz, mientras que el bioinoculante BUAP solo fue superior en las variedades del Criollo 1 y 3.

El peso fresco obtenido, se encuentra dentro de la media del rendimiento producido en nuestro país 26 Mg ha⁻¹. El resultado obtenido por Valencia (2022) en peso seco a los 124 dds de aproximadamente 18 Mg ha⁻¹ (cultivar AN-447), 20 Mg ha⁻¹ (cultivar AN-456) y 25 Mg ha⁻¹ (cultivar HS-2). El mismo autor menciona que la densidad óptima fue de 98,000 plantas ha⁻¹, pero esto está determinado por el genotipo, fertilidad y el manejo agronómico del cultivo. Además, las variedades de maíz de mayor rendimiento son las regionales de porte alto. Por lo tanto, una buena producción de maíz forrajero puede alcanzar entre 60 y 80 Mg ha⁻¹ (Cervantes, 2023).

A partir de los resultados de rendimientos en peso seco, se comprobó que la variedad del Criollo 2 con la aplicación del inoculante UJED a los 51 días fue el único tratamiento que presentó diferencia estadística. En los demás tratamientos no hay diferencia, pero si se presenta una interacción (Figura 14).

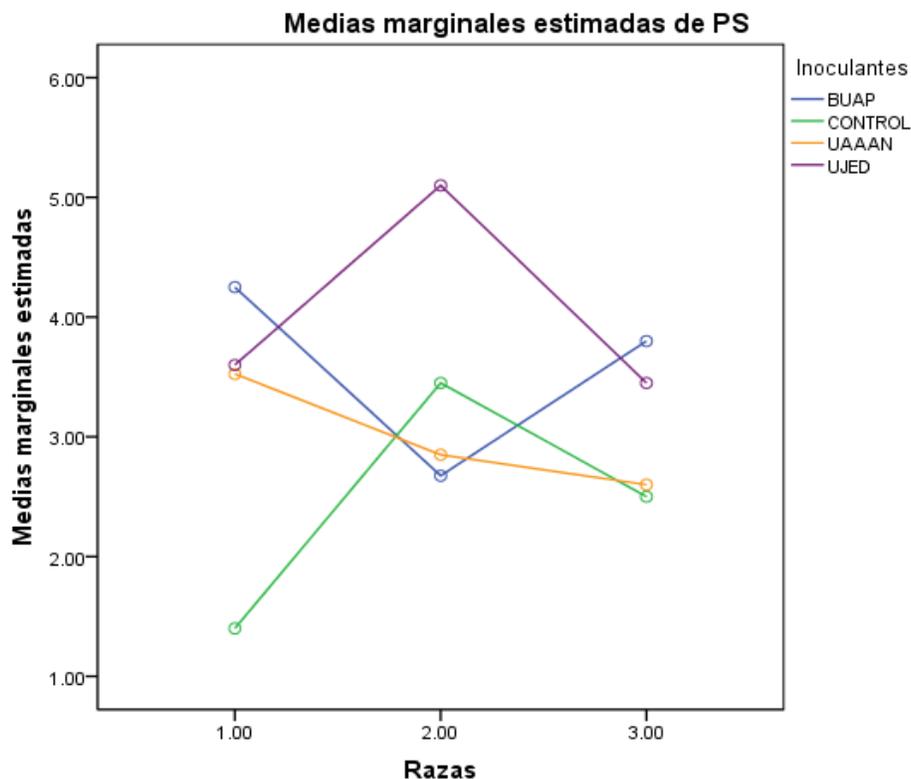


Figura 14. Medias marginales estimadas del peso seco a los 51 días donde en el criollo 2 con el inoculante de la UJED presentó diferencias significativas en contraste de los demás tratamientos.

4.6 Análisis del microbioma rizosférico bacteriano de C2 con inoculación

En el cuadro 2 se presentan las secuencias totales antes del ensamblaje, las secuencias ensambladas, las secuencias descartadas, las secuencias quiméricas eliminadas, las secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, las secuencias después de la eliminación de los singltons y las Unidades Taxonómicas Operacionales (OTUS) del gen 16s ARNr de rizobacterias resultantes de la variedad Criollo 2 luego de la aplicación de cada uno de los tres inoculantes y el control sin inocular.

Cuadro 2. Secuencias del gen 16s ARNr de rizobacterias obtenidas de la variedad de maíz Criollo 2 luego de la aplicación de cada uno de los tres bioinoculantes (UJED = inoculante UJED, UAAAN = cepas nativas, BUAP = inoculante de Puebla, con tres repeticiones) visualizadas por muestra y por inoculante

Muestra	ST	SE	SD	QE	SC	SSS	OTUs
UJED 1	57,589	54,771	2,818	10,647	44,107	32,301	9,894
UJED 2	45,158	43,048	2,110	7,530	35,496	26,072	8,329
UJED 3	50,163	47,386	2,777	5,515	41,855	31,983	9,187
Media	50,970	48,402	2,568	7,897	40,486	30,119	9.137
UAAAN 1	34,365	32,574	1,791	7,351	25,213	18,586	6,847
UAAAN 2	37,029	35,250	1,779	7,426	27,809	20,540	7,267
UAAAN 3	68,814	65,615	3,199	12,024	53,556	41,000	10,874
Media	46,736	44,480	2,256	8,934	35,526	26,709	8,329
BUAP 1	29,014	27,853	1,161	5,869	21,969	16,913	6,131
BUAP 2	47,395	44,791	2,604	9,948	34,828	25,570	8,218
BUAP 3	65,825	62,220	3,605	8,846	53,350	39,036	10,836
Media	47,411	44,955	2,457	8,221	36,716	27,173	8,395
Control 1	53,780	51,564	2,216	8,255	43,289	33,295	9,206
Control 2	43,838	41,572	2,266	7,606	33,955	24,528	8,460
Control 3	49,781	47,353	2,428	7,731	39,602	29,238	9,453
Media	49133	46,830	2,303	7,864	38,949	29,020	9,040

ST = Secuencias totales antes del ensamblaje, SE = Secuencias ensambladas, SD = secuencias descartadas, QE = Secuencias quiméricas eliminadas, SC = Secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, SSS = Secuencias después de la eliminación de los singletons, OTUs= Unidades Taxonómicas Operacionales.

La mayor cantidad de OTUS bacterianos se encontró en el inoculante de la UJED, demostrando una mayor diversidad bacteriana entre los tres inoculantes. En la rarefacción se presentó una buena curvatura referente al número de OTUs bacterianos de las muestras, el corte de hizo en las 16,000 secuencias donde alcanzo la asíntota (Figura 15).

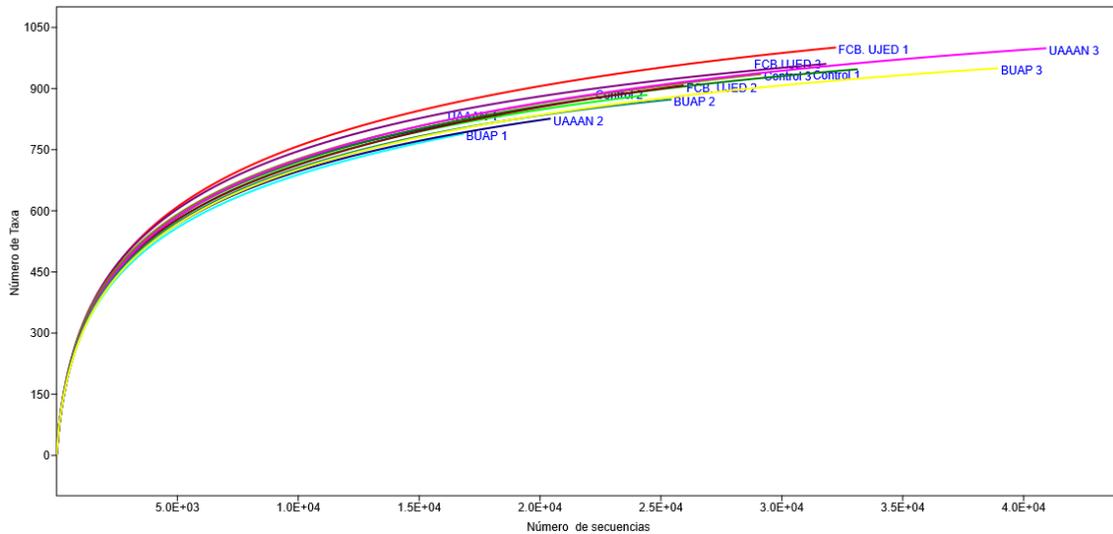


Figura 15. Curva de rarefacción de las 12 muestras.

Se encontraron 35 phylum, los más abundantes fueron Proteobacteria ($\bar{x} = 33\%$), Actinobacteria ($\bar{x} = 27\%$), Acidobacteria ($\bar{x} = 9\%$), Chloflexi ($\bar{x} = 7\%$), Gemmatimonadetes ($\bar{x} = 6\%$), Firmicutes ($\bar{x} = 6\%$), Planctomycetes ($\bar{x} = 4\%$) (Figura 16). Otros autores también han reportado a Proteobacteria, Acidobacteria y Actinobacteria como los phyla más abundantes en la rizósfera de maíz (Zhou et al., 2020; Arteaga-Garibay, 2016), ya que las bacterias pertenecientes a estos phyla son metabólicamente diversos, característica que les permite estar presentes en las diferentes etapas fenológicas del maíz.

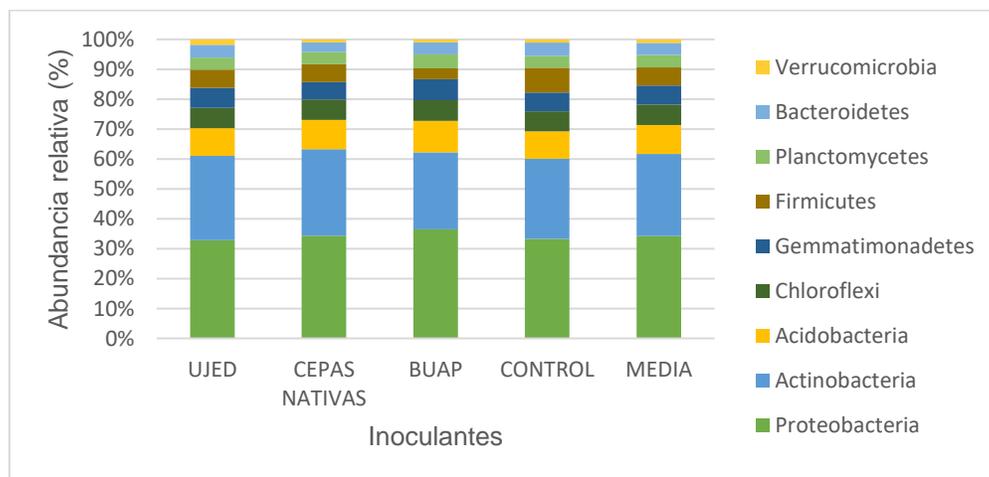


Figura 16. Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales pylum encontrados en la rizósfera de maíz Criollo 2 con aplicación de bioinoculantes.

Por otro lado, se registraron 101 clases donde las más abundantes fueron Alphaproteobacteria ($\bar{x}=24\%$), Actinobacteria_c ($\bar{x}=21\%$), Bacilli ($\bar{x}=5\%$), Vicinamibacter_c ($\bar{x}=5\%$), Gemmatimonadetes_c ($\bar{x}=4\%$), Deltaproteobacteria ($\bar{x}=4\%$), Gammaproteobacteria ($\bar{x}=3\%$) (Figura 17). Las Alphaproteobacteria intervienen en el ciclo del nitrógeno y están presente en suelos con mayor cantidad de metales pesados (Ortíz-López & Deval, 2022), la clase Bacilli está involucrada en el control biológico de organismos patógenos (Enríquez-Velázquez et al., 2017) y Gemmatimonadetes se adaptan en suelos áridos donde no son afectados por la humedad (DeBruyn et al., 2011).

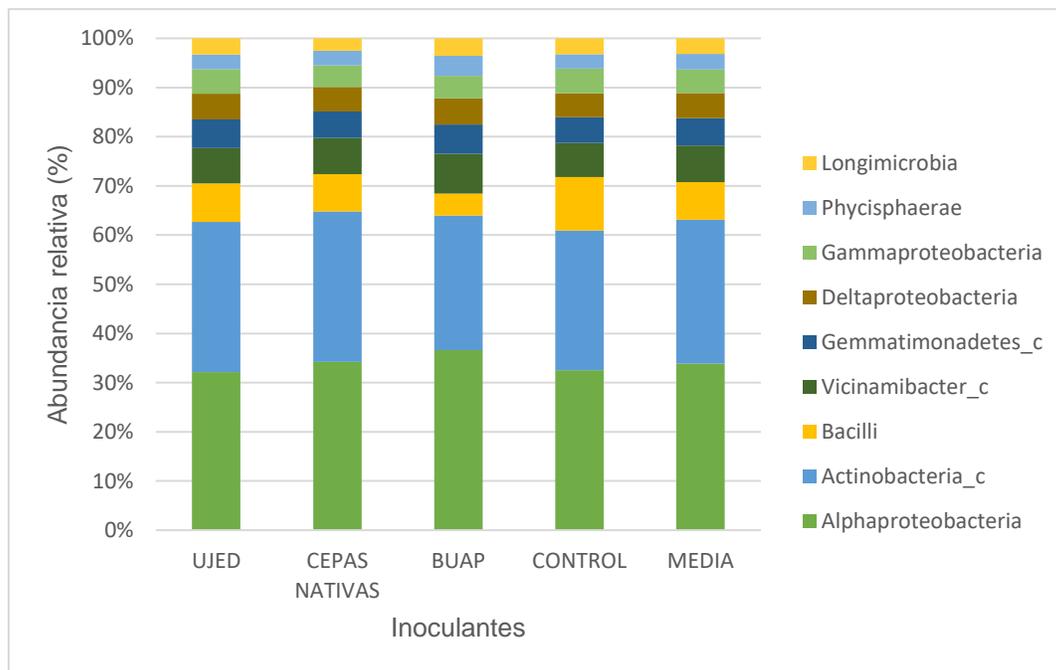


Figura 17. Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales clases en la rizósfera de maíz Criollo 2 con aplicación de bioinoculantes.

En el siguiente nivel se encontraron 198 órdenes, de los cuales Rhizobiales ($\bar{x}=9\%$), Rhodospirillales ($\bar{x}=8\%$), Bacillales ($\bar{x}=5\%$), Frankiales ($\bar{x}=5\%$), Vicinamibacter_o ($\bar{x}=5\%$), Sphingomonadales ($\bar{x}=5\%$), Gemmatimonadales ($\bar{x}=4\%$) fueron las más abundantes (Figura 18). De acuerdo con Castañeda Neuta et al. (2019), los Rhizobiales, pertenecientes a las Proteobacterias, son microorganismos importantes en el ciclo biogeoquímico del nitrógeno por su capacidad de fijación. Por su parte, los Rhodospirillales crecen

quimioheterotróficamente en la obscuridad o heterotróficamente en condiciones anaeróbicas o microaerobias (Santiago, 2018), mientras que los Bacillales tiene un efecto antagónico contra hongos fitopatógenos del suelo (Morales-Barrón et al., 2017) y el orden Frankiales participa en la degradación de compuestos orgánicos complejos como celulosa, lignina y plásticos, esto le da ventaja para sobrevivir en ambientes oligotróficos como los desiertos (Camargo Montoya, 2022).

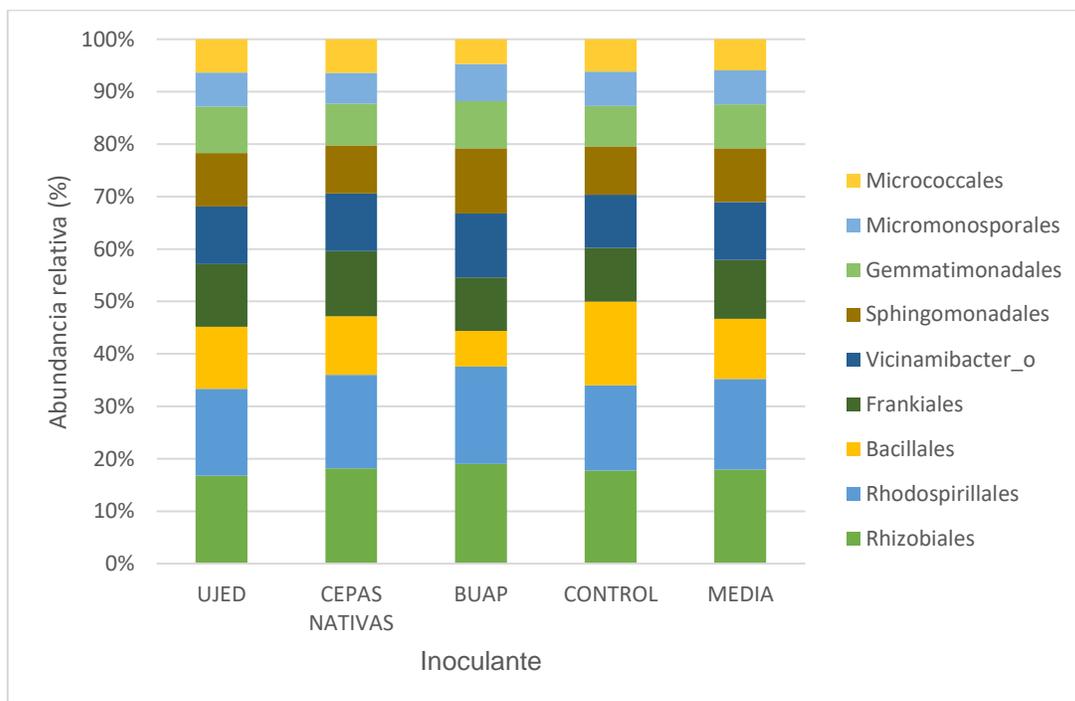


Figura 18. Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales órdenes encontrados en la rizósfera de maíz Criollo 2 con aplicación de bioinoculantes.

De las 464 familias encontradas destacó Rhodospirillaceae (\bar{x} =5% , Vicinamibacter_f (\bar{x} =5%), Sphingomonadaceae (\bar{x} =4%), Geodermatophilaceae (\bar{x} =4%), Bacillaceae (\bar{x} =4%), Methylobacteriaceae (\bar{x} =4%), Micromonosporaceae (\bar{x} =3%) (Figura 19). La familia Rhodospirillaceae son organismos procariontes capaces de crecer fotoautotróficamente. Las bacterias de esta familia no utilizan el azufre y no participan en el ciclo, además, son organismos que asimilan el nitrógeno atmosférico y pueden vivir con un mínimo de oxígeno (Aparicio, 2009). Sphingomonadaceae, por otro lado, se encuentran en ambientes contaminados y tienen la capacidad de metabolizar diferentes compuestos contaminantes, por lo

que pueden ser útiles como herramienta de biorremediación (Caballero, 2022). Asimismo, las bacterias de la familia Geodermatophilaceae crecen en ambientes aeróbicos, habitan en suelos secos y superficies de rocas (Peralta Chávez, 2016), características que se encuentran en la Comarca Lagunera (zona de estudio).

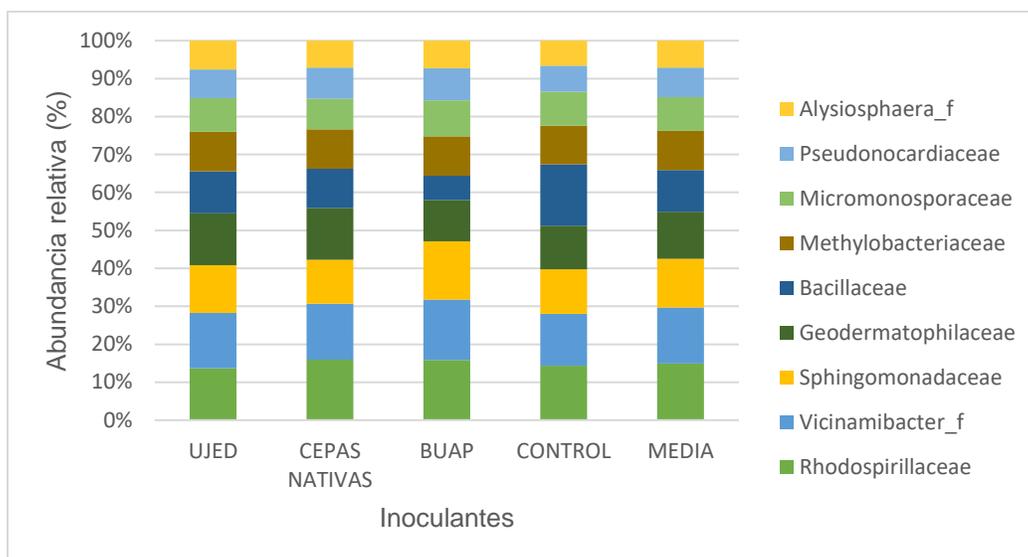


Figura 19. Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias encontrados en la rizósfera de maíz Criollo 2 con aplicación de bioinoculantes.

Finalmente se presentaron 1351 géneros, donde predominaron *Sphingomonas* ($\bar{x}=4\%$), *Microvirga* ($\bar{x}=4\%$), *Bacillus* ($\bar{x}=3\%$), *Geodermatophilus* ($\bar{x}=2\%$), *Tepidisphaera* ($\bar{x}=2\%$), *Blastococcus* ($\bar{x}=2\%$), *PAC000624_g* ($\bar{x}=2\%$) (Figura 20). En la Figura 21 se realizó un mapa de calor representando los géneros con una abundancia relativa mayor al 0.01 %.

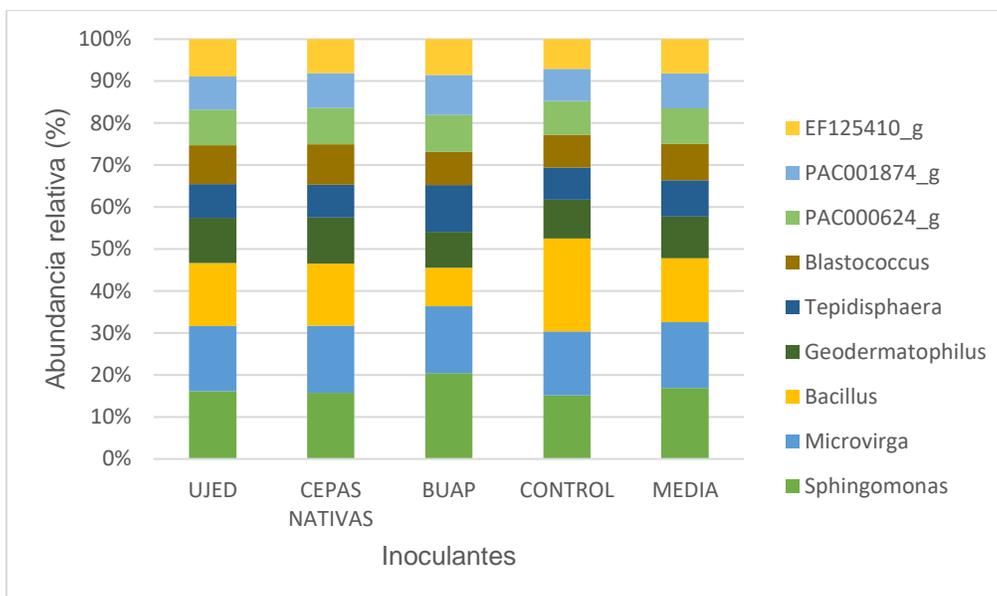


Figura 20. Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros encontrados en la rizósfera de maíz Criollo 2 con aplicación de bioinoculantes.

Las *Sphingomonas* son degradadores de compuestos aromáticos que se encuentran en suelos contaminados; además, son importantes biocatalizadores para la remediación del suelo debido a su distribución y diversidad de sus capacidades metabólicas (Madueño et al., 2009). *Microvirga*, por otro lado, son bacterias cosmopolitas que pueden encontrarse en muestras de aire, aguas termales y suelos contaminados, pueden oxidar elementos como el arsenito o la producción de pigmentos y enzimas como amilasas (Jiménez Gómez, 2020). Los miembros del género *Bacillus* son consideradas como bacterias promotoras del crecimiento vegetal, ya que son capaces de producir diversas fitohormonas, participa en la fijación biológica del nitrógeno (N_2), producen sideróforos y solubilizan minerales como (P y K), entre otros mecanismos (Sánchez et al, 2021). Por su parte, *Geodermatophilus* y *Blastococcus* pertenecen a la familia Geodermatophilaceae y, junto con *Tepidisphaera*, son bacterias que crecen en temperaturas altas y en suelos secos (Kovaleva et al., 2019), como en el área de este estudio.

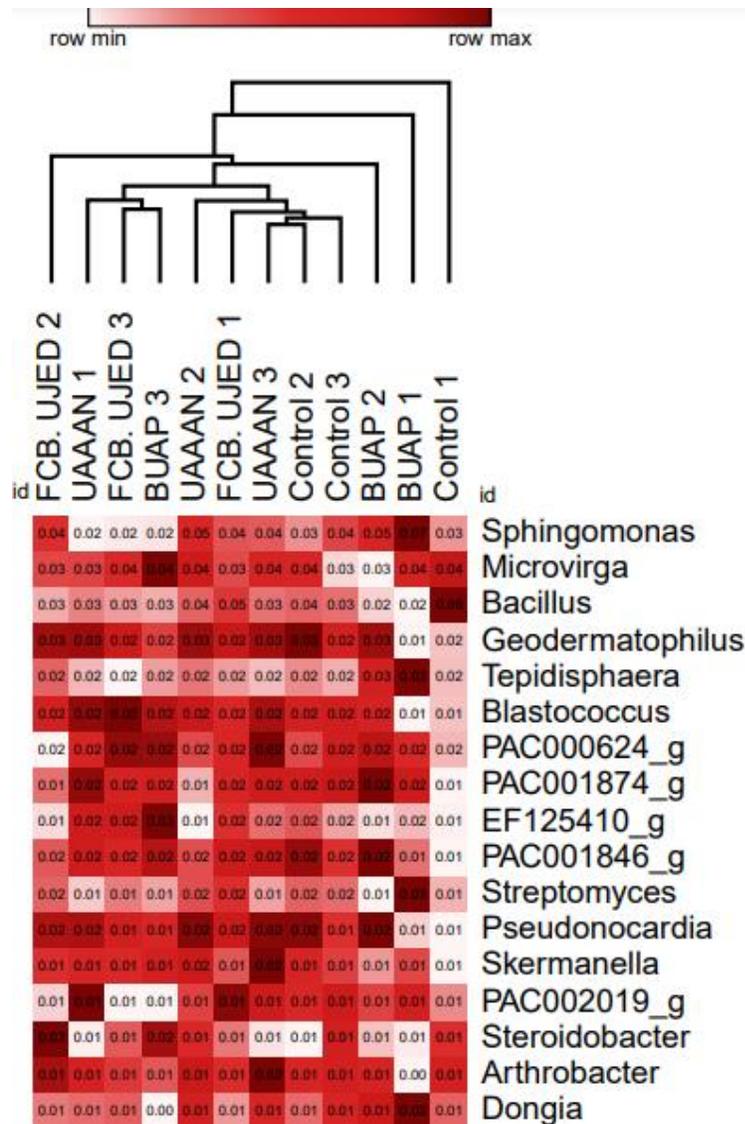


Figura 21. Heatmap de la rizosfera del maíz criollo con la aplicación de los bioinoculantes; se muestran los 17 géneros bacterianos más abundantes.

Adicionalmente se realizó el análisis de similitud porcentual (SIMPER) para determinar la contribución de los taxa en relación a la abundancia relativa y las diferencias observadas mediante el índice de Bray-Curtis (Cuadro 3) presentando las rizobacterias que obtuvieron un promedio de disimilitud >0.10 y que obtuvieron un valor $p \leq 0.05$. Se observa que solo tres niveles taxonómicos resultaron significativos a nivel de Orden Micrococcales ($P \leq 0.0008$), Familia Bradyrhizobiaceae ($P \leq 0.028$) y Genero *Rubellimicrobium* ($P \leq 0.034$).

Cuadro 3. Análisis de similitud porcentual (SIMPER) considerando el promedio de disimilitud (AVD) de bacterias de la rizosfera de maíz criollo con aplicación de bioinoculantes en phylum, clase, orden, familia y género.

	Taxón	Disimilitud prom	Contrib. %	Acumulado %	Media s	Media ss	Media sss	Media ssss	H	P
Phylum	Firmicutes	1.341	19.24	19.24	0.0594	0.0578	0.0355	0.0808	5.821	0.120
	Actinobacteria	1.335	19.15	38.39	0.274	0.282	0.251	0.261	3.205	0.361
	Proteobacteria	1.196	17.15	55.54	0.32	0.335	0.354	0.325	1.667	0.644
	Acidobacteria	0.77	11.04	66.59	0.0903	0.0955	0.103	0.0898	2.179	0.536
	Bacteroidetes	0.5564	7.981	74.57	0.0408	0.033	0.0392	0.0436	2.077	0.556
	Gemmatimonadetes	0.4818	6.912	81.48	0.0645	0.0572	0.0681	0.0612	2.385	0.496
Clase	Alphaproteobacteria	1.232	13.71	28.27	0.227	0.247	0.261	0.234	3.205	0.361
	Actinobacteria_c	1.016	11.31	39.58	0.215	0.221	0.195	0.204	3.359	0.339
	Vicinamibacter_c	0.5796	6.451	46.03	0.0509	0.0535	0.0575	0.0495	1.667	0.644
	Cytophagia	0.3409	3.794	49.82	0.0218	0.0167	0.0195	0.0238	3.513	0.319
	Longimicrobia	0.2749	3.06	52.88	0.0232	0.0182	0.0254	0.0234	1.974	0.577
Orden	Sphingomonadales	0.8586	6.972	17.59	0.0474	0.0445	0.0591	0.0451	1.256	0.739
	Vicinamibacter_o	0.5796	4.706	22.29	0.0509	0.0535	0.0575	0.0495	1.667	0.644
	Streptosporangiales	0.5366	4.357	26.65	0.0236	0.0222	0.0128	0.0198	1.923	0.588
	Rhizobiales	0.4873	3.956	30.61	0.0778	0.0885	0.09	0.0865	5.397	0.143
	Micrococcales	0.299	2.427	48.46	0.0296	0.0313	0.0224	0.0303	11.02	0.0008**
Familia	Bacillaceae	0.9808	6.429	6.429	0.0373	0.0365	0.0225	0.057	7.667	0.053
	Sphingomonadaceae	0.8062	5.285	11.71	0.0424	0.041	0.0542	0.0413	1.103	0.776
	Vicinamibacter_f	0.5631	3.691	15.4	0.0493	0.0521	0.056	0.048	1.667	0.644
	Rhodospirillaceae	0.4542	2.977	18.38	0.0459	0.0565	0.056	0.0504	4.128	0.247
	Streptosporangiaceae	0.3972	2.603	20.99	0.0126	0.0196	0.00963	0.0165	2.282	0.516
	Geodermatophilaceae	0.3643	2.388	23.37	0.0458	0.0485	0.0384	0.0404	6.897	0.075
	Bradyrhizobiaceae	0.1422	0.9324	52.19	0.00794	0.0103	0.0127	0.00844	9.051	0.028*
Genero	<i>Bacillus</i>	0.8782	4.461	4.461	0.0334	0.0337	0.0209	0.0511	7.308	0.062
	<i>Sphingomonas</i>	0.6991	3.551	8.013	0.036	0.036	0.0467	0.0349	1.462	0.691

<i>Streptomyces</i>	0.2983	1.515	9.528	0.0168	0.0137	0.0178	0.0145	1.103	0.776
<i>EF125410_g</i>	0.2563	1.302	10.83	0.0198	0.0185	0.0194	0.0164	0.897	0.826
<i>Tepidisphaera</i>	0.2422	1.231	12.06	0.0179	0.0179	0.0255	0.0177	3.192	0.361
<i>PAC001846_g</i>	0.2277	1.156	13.22	0.0178	0.0187	0.0198	0.0166	0.846	0.838
<i>Rubellimicrobium</i>	0.1229	0.6244	30.6	0.0085	0.0094	0.00575	0.00623	8.641	0.034*

Disimilitud Prom. = disimilitud promedio, Contrib. % = porcentaje de contribución, Acumulado %= porcentaje acumulado, Mean = media poblacional, H = valor Kruskal-Wallis, p = valor de significancia, * Bacteria Promotora del Crecimiento Vegetal.

Las bacterias del orden Micrococcales pertenecen al phylum Actinobacteria, las cuales se enriquece en ambientes áridos y halófitas. Además, estas bacterias son tolerantes a la sequía, a la sal y al estrés (Sun et al., 2020), además de degradar compuestos aromáticos (Wang et al., 2019). Esto explica su presencia en las condiciones ambientes y las altas temperatura del lugar de experimento.

La familia Bradyrhizobiaceae tiene un gran potencial en la agricultura por su propiedad de fijación biológica de nitrógeno y, por lo tanto, son bacterias asociadas a las plantas (Montalvo Martínez, 2015), como es el caso del maíz criollo. Por otro lado, de acuerdo con Santellanez-Arreola (2022), el género *Rubellimicrobium* están presentes en los tratamientos de labranza convencional que a largo plazo desaparecen en un suelo desértico; sin embargo, la proliferación las comunidades de estas bacterias está determinado por el pH, los factores abióticos y el suministro de agua.

En la diversidad alfa entre inoculantes no existieron diferencias significativas en el índice de Shannon ($H = 1.156$, g.l. = 2, $p = 0.561$; $FCB\bar{x} = 11.67$, $NS\bar{x} = 11.63$ y $BUAP\bar{x} = 11.60$) ni en el índice de Simpson ($H = 0.622$, g.l. = 2, $p = 0.733$; $FCB\bar{x} = 0.9991$, $NS\bar{x} = 0.9991$ y $BUAP\bar{x} = 0.9991$). En el índice de diversidad beta el PCoA (Figura 22) utilizando el Bray-curtis no presento una diferencia significativa en todas las muestras de suelo rizosferico independiente del taxón considerado (Permanova: pseudo- $F=0.963$, $p=0.81$).

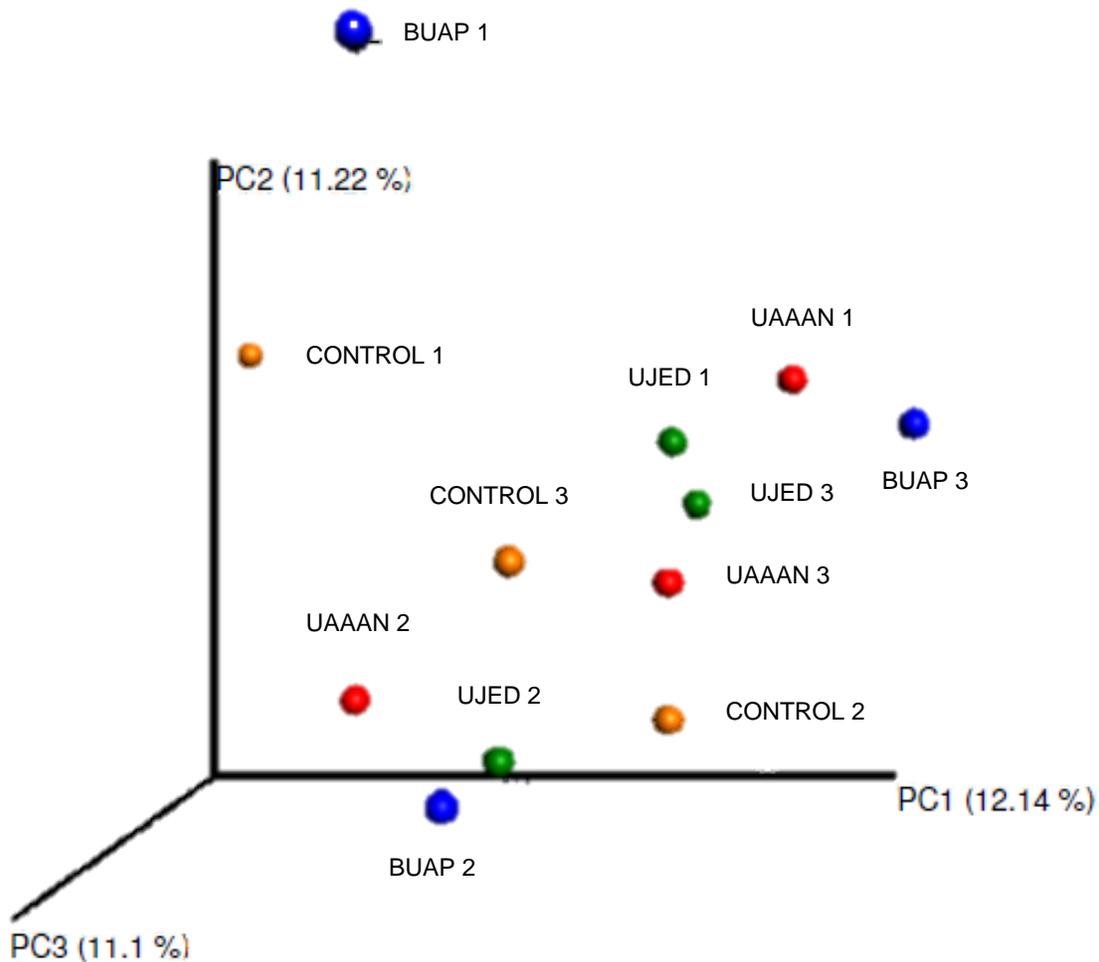


Figura 22. Análisis de coordenadas principales (PCoA) basado en el índice de Bray-Curtis de la rizosfera del maíz criollo con la aplicación de los bioinoculantes.

En la Figura 23 se visualiza el análisis Lefse donde se identificaron los taxones responsables de las diferencias significativas de las comunidades bacterianas entre inoculantes y el control en el C2. En la imagen se observan las bacterias que cumplieron con un valor LDA \geq a 2.0, resultando un total de 26 taxones diferenciales, 8 biomarcadores enriquecidos en el tratamiento BUAP, 3 biomarcadores en el control, 5 y 10 taxas clave en el tratamiento de la UJED y de la UAAAN, respectivamente.

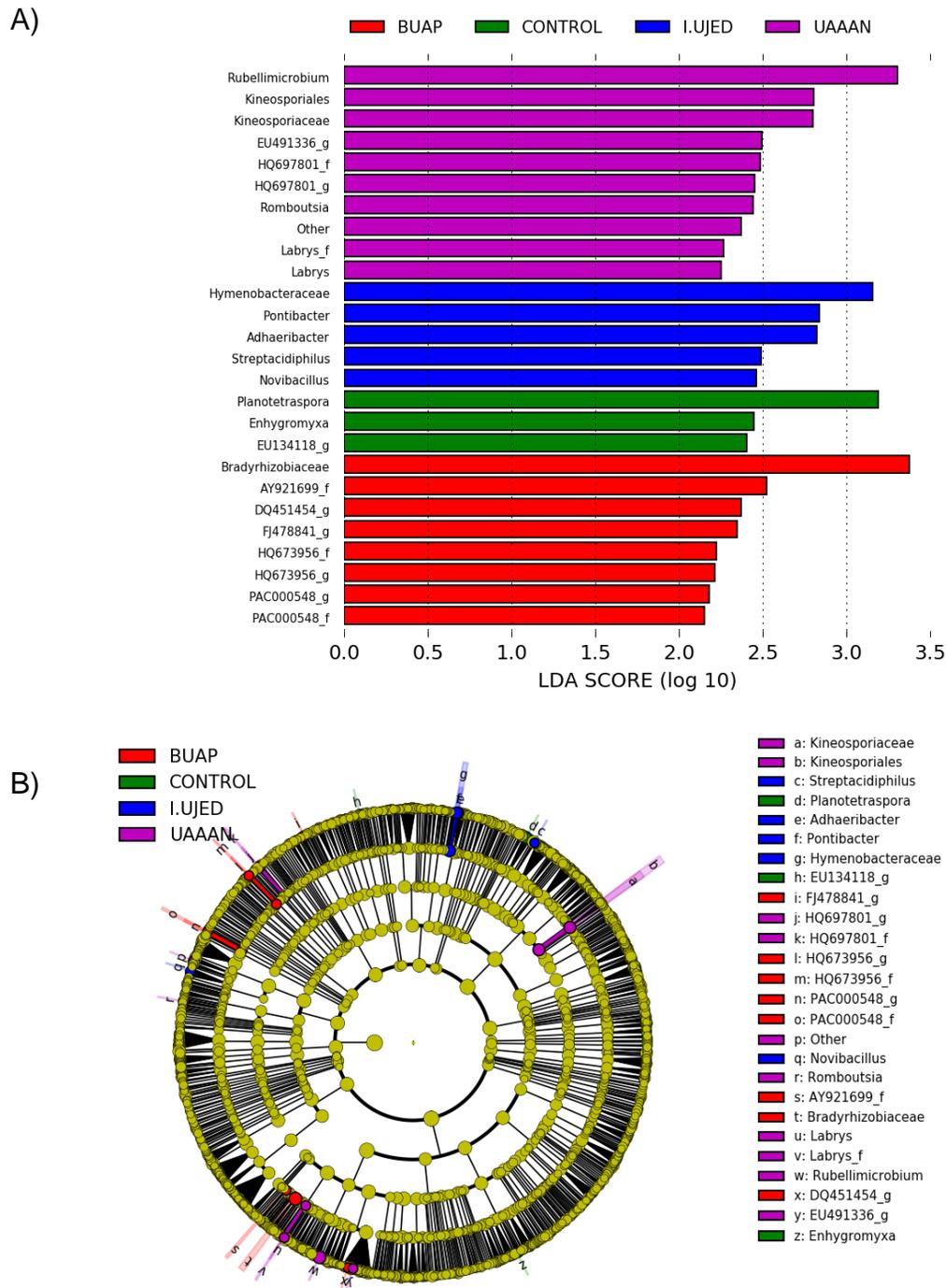


Figura 23. A) Análisis LefSe (Lineal discriminant analysis effect size) B) Cladograma entre taxones de rizobacterias de los inoculantes y el control sobre la variedad de maíz Criollo 2 (BUAP = inoculante de Puebla, FCB = inoculante UJED, UAAAN = cepas nativas y Control= testigo). Las barras horizontales representan el tamaño del efecto para cada taxón: rojo indica los taxones enriquecidos con el inoculante BUAP, verde indica los taxones enriquecidos con el Control, azul indica los taxones enriquecidos con el inoculante UJED y morado los taxones enriquecidos con el inoculante de la UAAAN. Se muestran los biomarcadores con puntajes LDA \geq a 2.0 _o = orden, _f = familia, _g = género.

Como puede observarse en la Figura 23, los taxa clave en la rizósfera de maíz de la variedad Criollo 2 fueron *Rubellimicrobium*, Kineosporiales, Kineosporiaceae, *Labrys*, EU491336_g, HQ697801_f y HQ697801_g y *Romboutsia* cuando se inocularon con cepas nativas de la UAAAN. El orden Kineosporiales y la familia Kineosporiaceae pertenecen al phylum Actinobacteria, uno de los más abundantes en el suelo. Kineosporiales ha sido reportada como indicador para los tratamientos con diferentes tipos de fertilización en suelos agrícolas (Harkes et al., 2019; Inayah et al., 2022), ya que se ha descrito que los tratamientos donde se incrementa el N, favorecen la diversidad de las Actinobacteria (Orr et al., 2015; Wang et al., 2018), aunque también disminuye la descomposición de carbono (C) recalcitrante, por lo cual a la larga reduce a los miembros del phylum Actinobacteria, dado su participación clave en el ciclo del carbono (Craine et al., 2007). Por lo tanto, el efecto de la fertilización sobre la microbiota del suelo depende de la duración del experimento (Ramirez et al., 2010). Por su parte, se ha demostrado la capacidad de las especies del género *Labrys* para promover el crecimiento vegetal (Visioli et al., 2018) y han sido aisladas de diferentes ecosistemas rizosféricos (Nguyen et al., 2015; Kim et al., 2020).

Por otro lado, cuando el inóculo fueron las cepas UJED, los biomarcadores fueron Hymenobacteraceae, *Pontibacter*, *Adhaeribacter*, *Streptacidiphilus* y *Novibacillus*. *Pontibacter* es miembro de la familia Hymenobacteraceae y corresponden a bacterias Gram negativas, no formadoras de esporas que han sido aislados de diferentes ecosistemas, como sedimentos marinos, salinas saladas, bosques, agua marina, montañas, rizósferas vegetales, suelos de vertederos de hexaclorociclohexano, suelos de manchas urbanas, suelos de la Antártida, hielo glacial, desechos de minas de uranio, permafrost, zonas áridas como el desierto de Atacama, entre otros (Dahal et al., 2020; Holm et al., 2016). Algunos miembros de este género han mostrado resistencia a la radiación (Park et al., 2022). Mas aún, este género puede estar relacionado con la respuesta hormética de las fosfatasas alcalinas a bajas concentraciones de Cd en el suelo (Fan et al., 2018) y se ha relacionado con la acumulación de Cd y Pb en las plantas, dada su capacidad de remover Cd en suelos por la promoción de la actividad enzimática y la acumulación

de cationes (Fan et al., 2018; Sun et al., 2020). Por otro lado, *Adhaeribacter* es otro género de la familia Hymenobacteraceae que puede promover el crecimiento de las plantas por su actividad ureasa y fosfomonoesterasa alcalina, que les permite mantener el N y P disponible en el suelo (Lin et al., 2021). *Streptacidiphilus*, por otra parte, son un grupo de cepas acidófilas estrictas compuesta por especies como *Streptacidiphilus albus*, *S. carbonis*, *S. neutrinimicus* y *S. jiangxiensis*, entre otros. Los microorganismos de este género tienen un papel importante en la degradación de la materia orgánica (como quitina y lignocelulosa), producen metabolitos secundarios, tienen potencial como PGPB (Bentley et al., 2002) y tienen un papel esencial en la fijación de nitrógeno (Zheng et al., 2022). En el caso de *Novibacillus*, las especies dentro de este género tienen potencial como PFPB y han sido detectada en aguas subterráneas salinas (Martínez and Dussán, 2018; Mukhtar et al., 2021), así como en suelos irrigados con este tipo de agua (Loganathachetti et al., 2022).

En los suelos donde se empleó el inóculo de la BUAP, los taxones clave fueron Bradyrhizobiaceae, AY921699_f, DQ451454_g, Fj478841_g, HQ673956_f, HQ673956_g PAC000548_g y PAC000548_f. Bradyrhizobiaceae es una familia del orden Rhizobiales en la clase Alphaproteobacteria. Esta familia es muy versátil y tiene diversos hábitats como suelos, plantas o animales, por lo que cuentan con una gran diversidad fenotípica, metabólica y ecológica asociada a cada género, y tienen una participación muy importante en los ciclos biogeoquímicos. Así, su género tipo, *Bradyrhizobium* tiene uno de los papeles ecológicos más importantes, la fijación de nitrógeno, y un gran potencial de aplicación en la agricultura, además de otros miembros diazotróficos. La familia AY921699_f pertenece al orden Rhizobiales, cuyos miembros son parte del linaje núcleo de la microbiota de las plantas que inducen la nodulación en raíces de leguminosos y fijan el nitrógeno atmosférico para el crecimiento de las plantas. DQ451454_g es parte de la familia Rhodosporillaceae, los cuales también tienen el potencial de fijar nitrógeno atmosférico, mientras que el género Fj478841_g se encuentran dentro del orden Rhodospirillaceae, cuyos miembros también tienen potencial para fija N atmosférico (Li et al., 2020). En cuanto al género FJ478841_g, estas bacterias están dentro de la familia

Kouleothrix_f, los cuales muestran resistencia a metales pesados como Cd y Zn (Yang et al., 2023), tanto en agua como sedimentos. Finalmente, el género PAC000548_g forma parte del phylum Elusimicrobia, cuyos miembros son bacterias raras que han sido aislados del intestino de termitas, escarabajos, acuíferos contaminados, entre otros. Se ha asociado positivamente la abundancia de este phylum con la multifuncionalidad y el ciclo de nutrientes en el suelo (Xu et al., 2021).

Finalmente, los suelos control sin ningún inóculo tuvieron como biomarcadores *Planotetraspora*, *Enhygromyxa* y EU134118_g. *Planotetraspora* es un género raro de los actinomicetes, que ha sido reportado como endofítico de plantas tropicales nativas en Papua Nueva Guinea, las islas Mborokua y Solomon (Jason & Carter, 2010), así como de nódulos de raíces de *Elaeagnus angustifolia*. Las bacterias del género *Enhygromyxa* son mixobacterias halofílicas raras marinas. Se han reportado en suelos fangosos para el cultivo de forrajes resistentes a sales en costas suplementados con ácidos húmicos y cáscara de semillas de algodón (Liang et al., 2024).

CONCLUSIONES

En el rendimiento de grano no se reportaron resultados por las crecientes temperaturas presentadas en la región debido al cambio climático, afectando directamente al cultivo, aunque los resultados de peso fresco y seco con el inoculante UJED fue significativamente superior al resto de los tratamientos en el maíz criollo 2. Por otro lado, el peso fresco y seco a los 145 dds se encuentran dentro de la media de la producción en nuestro país.

En el análisis de la microbioma rizosferico bacteriano en el maíz criollo 2, el número de OTUs en el inoculante de la UJED demostró mayor diversidad bacteriana entre los tres inoculantes. Asimismo, se demostró la influencia del uso de distintos bioinoculantes en el bacterioma de la rizósfera, donde los suelos con los bioinoculantes tuvieron como biomarcadores bacterias promotoras del crecimiento vegetal capaces de proliferar en condiciones extremas, como las encontradas en el área de estudio. Cabe mencionar que, dado que entre los principales taxos bacterianos clave en inoculantes UJED, UAAAN y BUAP están géneros resistentes a metales pesados y salinidad alta, los inoculantes analizados presentan un alto potencial para restaurar suelos agrícolas degradados en zonas áridas, aunque es necesario realizar un estudio profundo de su presencia de estos elementos en los suelos de estudio.

REFERENCIAS

- Ali Q, Ashraf S, Kamran M, Ijaz M. 2019. Affirmative Plant-Microbe Interfaces Toward Agroecosystem Sustainability. In: *Microbiome in Plant Health and Disease*. Springer. p. 145–170.
- Altieri, M.A. and Ch. A Francis. 1992. Incorporating agroecology into the conventional agricultural curriculum. *Am. J. of Alternative Agriculture*, V. I. No. 1 and 2: 89-93.
- Amann, R. I., Ludwig, W., & Schleifer, K. H. (1995). Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological reviews*, 59(1), 143-169.
- Andreote, F. D., Azevedo, J. L., & Araújo, W. L. (2009). Assessing the diversity of bacterial communities associated with plants. *Brazilian Journal of Microbiology*, 40(3), 417-432.
- Aparicio, O. 2009. Contribución de las bacterias fotótrofas rojas no sulfuradas a la producción primaria y caracterización de pigmentos en la Llaguna de Sontecomapan, Veracruz [Thesis, Universidad Autónoma Metropolitana. Unidad Xochimilco]. <https://repositorio.xoc.uam.mx/jspui/handle/123456789/2023>
- Arteaga-Garibay, R. I. (2016). Microbiota rizosférica de un cultivo mixto de maíz (*Zea mays* L.) en los Altos de Jalisco: Estudio descriptivo. *Agro Productividad*, 9(8).
- Astier, M., Argueta, J. Q., Orozco-Ramírez, Q., González, M. V., Morales, J., Gerritsen, P. R. W., Escalona, M. A., Rosado-May, F. J., Sánchez-Escudero, J., Martínez Saldaña, T., Sánchez-Sánchez, C., Arzuffi Barrera, R., Castrejón, F., Morales, H., Soto, L., Mariaca, R., Ferguson, B., Rosset, P., Ramírez, H., ... González-Esquivel, C. (2017). Back to the roots: Understanding current agroecological movement, science, and practice in Mexico. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 41(3-4), 329-348. <https://doi.org/10.1080/21683565.2017.1287809>
- Ávila Romero, L. E., Cordero Oseguera, E. I., Ledezma Rivera, J., Galvis, A. C., & Ávila Romero, A. (2019). La agroecología como alternativa: Movimiento, ciencia

- y práctica para la justicia y soberanía alimentaria. *Inter disciplina*, 7(19), 195-218.
- Ayiti, O. E., Ayangbenro, A. S., & Babalola, O. O. (2022). 16S Amplicon Sequencing of Nitrifying Bacteria and Archaea Inhabiting Maize Rhizosphere and the Influencing Environmental Factors. *Agriculture*, 12(9), Art. 9. <https://doi.org/10.3390/agriculture12091328>
- Banziger, M., Edmeades, G.O. & Bolaños, J. 1997. Relación entre el peso fresco y el peso seco del rastrojo de maíz en diferentes estados fenológicos del cultivo. *Agronomía Mesoamericana*. 8(1):20-25
- Berendsen, R. L., Pieterse, C. M. J. & Bakker, P.A. H. M. (2012). The rhizosphere microbiome and plant health. *Trends in Plant Science*, 17(8), 478–486. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.tplants.2012.04.001>
- Blanco, C.E. & Sáenz, M.M. 2015. Ingeniero en Agroecología; Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Coahuila, México. En: SOCLA, Memorias del V Congreso Latinoamericano de Agroecología. La Plata: Universidad Nacional de la Plata. p:518.
- Bou, G., Fernández-Olmos, A., García, C., Sáez-Nieto, J. A., & Valdezate, S. (2011). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 29(8), 601-608. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>
- Bowen, G. D. and Rovira, A. D. 1999. The rizhosphere and its management to improve plant growth. *Adv. Agron.* 66: 1-102.
- Bulgarelli, D., Schlaeppi, K., Spaepen, S., Van Themaat, E. V. L. & Schulze-Lefert, P. (2013). Structure and functions of the bacterial microbiota of plants. *Annual Review of Plant Biology*, 64(1), 807–838. <https://doi.org/https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120106>
- Caballero, J. I. (2022). Estudio de la degradación de esteroides en *Novosphingobium tardaugens* NBRC 16725 y sus aplicaciones biotecnológicas (p. 1) [Http://purl.org/dc/dcmitype/Text, Universidad Complutense de Madrid]. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=313201>

- Camargo Montoya, M. L. (2022). Genes asociados a la síntesis y resistencia de compuestos antimicrobianos en islas de recursos de un ambiente semiárido del Caribe Colombiano. *instname:Universidad Antonio Nariño*. <http://repositorio.uan.edu.co/handle/123456789/6384>
- Cano, M. A. (2011). A review of interaction of beneficial microorganisms in plants: Mycorrhizae, Trichoderma spp. and Pseudomonas spp. *Revista U.D.C.A Actualidad y Divulgación Científica*, 14(2): 15-31.
- Carrillo Trueba, C. (2009). El origen del maíz. *Naturaleza y cultura en Mesoamérica. Ciencias*, 92(092), 4-11.
- Castañeda Neuta, D. C., Contreras Garzon, A. M., & Aguilar Lopez, I. D. (2019). Evaluación del uso del glifosato sobre la microbiota del suelo, en la zona de amortiguación del parque nacional natural paramillo, en Córdoba, Colombia.
- Castañeda, L. E., & Barbosa, O. (2017). Metagenomic analysis exploring taxonomic and functional diversity of soil microbial communities in Chilean vineyards and surrounding native forests. *PeerJ*, 5, e3098.
- Cervantes, P. 2023. Composición química del ensilaje de maíz nativo. [Tesis de licenciatura]. Repositorio UAAAN. Saltillo, Coahuila, Mexico.
- Chiquito-Contreras, R.G., Murillo-Amador, B., ChiquitoContreras, C.J., Márquez-Martínez, J.C., Córdoba-Matson, M.V. y Hernández-Montiel, L.G. 2017. Effect of *Pseudomonas putida* and inorganic fertilizer on growth and productivity of habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) in greenhouse. *Journal of Plant Nutrition*. 40(18): 2595-2601.
- CIMMYT. 2019. Maíz para Mexico Plan Estratégico 2030. <https://repository.cimmyt.org/bitstream/handle/10883/20219/60937.pdf>
- CONABIO. 2015. Distribucion de maíces nativos en México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México.
- CONABIO. 2020. Maíces <https://www.biodiversidad.gob.mx/diversidad/alimentos/maices>. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, Cd. de México. México.

- CONABIO. 2022. Razas de maíz de México. <https://www.biodiversidad.gob.mx/diversidad/alimentos/maices/razas-de-maiz>
- CONABIO.2023. Conferencia Internacional Autosuficiencia Alimentaria y Agroecología en un mundo multipolar. <https://www.biodiversidad.gob.mx/planeta/Conagro2023/>
- Craine, J.M., Morrow, C., Fierer N., 2007. Microbial nitrogen limitation increases decomposition. *Ecology*. 88, 2105–2113. <https://doi.org/10.1890/06-1847.1>
- Dahal, R. H., Chaudhary, D. K., Kim, D. U., & Kim, J. (2020). *Hymenobacter polaris* sp. nov., a psychrotolerant bacterium isolated from an Arctic station. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(9), 4890-4896.
- Damián-Huato, M. A. (2010). Manejo del maíz en el estado de Tlaxcala, México: Entre lo convencional y lo agroecológico. *Revista Latinoamericana de Recursos Naturales*, 6(2), 67-76.
- Daynard, T.B. & Hunter, R.B. 1975. Relationships among whole-plant moisture, grain moisture, dry matter yield, and quality of whole-plant corn silage. *Can. J. Plant Sci.* 55:77-84.
- DeBruyn, J. M., Nixon, L. T., Fawaz, M. N., Johnson, A. M., & Radosevich, M. (2011). Global Biogeography and Quantitative Seasonal Dynamics of Gemmatimonadetes in Soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(17), 6295-6300. <https://doi.org/10.1128/AEM.05005-11>
- Dominati, E., Mackay, A., Green, S., & Patterson, M. (2014). A soil change-based methodology for the quantification and valuation of ecosystem services from agro-ecosystems: A case study of pastoral agriculture in New Zealand. *Ecological Economics*, 100, 119-129. <https://doi.org/10.1016/j.ecolecon.2014.02.008>
- Enríquez-Velázquez, O., Aguilar-Aguilar, R., Valencia-Cantero, E., Velázquez-Becerra, C. (2017). Perfil fisicoquímico y microbiológico de tres distintos suelos forestales y su efecto en el crecimiento de *Pinus Devoniana* Lindl. *Polibotánica*, 44, 109-118. <https://doi.org/10.18387/polibotanica.44.8>

- FAIREY, N.A. 1980. The effects of hybrid maturity, date of planting, and date of harvesting on growth and development of forrage maize. *Can. J. Plant Sci.* 60:1367-1375.
- Fan, D., Han, J., Chen, Y., Zhu, Y., & Li, P. (2018). Hormetic effects of Cd on alkaline phosphatase in soils across particle-size fractions in a typical coastal wetland. *Science of the total environment*, 613, 792-797.
- FAOSTAT (Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database).2021. Production/Yield quantities of maize (corn) in world + (total) 2021. Consultado 12 de marzo, 2023, desde <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>
- Fernández Suárez, R., Morales Chávez, L. A., & Gálvez Mariscal, A. (2013). Importancia de los maíces nativos de México en la dieta nacional: Una revisión indispensable. *Revista fitotecnia mexicana*, 36, 275-283.
- Fierer, N., Ladau, J., Clemente, J. C., Leff, J. W., Owens, S. M., Pollard, K. S., Knight, R., Gilbert, J. A., & McCulley, R. L. (2013). Reconstructing the microbial diversity and function of pre- agricultural tallgrass prairie soils in the United States. *Science*, 342(6158), 621-624.
- García, B. R. y col. (1988). Deterioro ambiental y pobreza en la abundancia productiva. El caso de la Comarca Lagunera. IFAS-IPN, monografía No. 9. 140p.
- Gastélum, G., & Rocha, J. (2020). La milpa como modelo para el estudio de la biodiversidad e interacciones planta-bacteria. *TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*, 23. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2020.0.254>
- Grageda-Cabrera, Oscar Arath, Díaz-Franco, Arturo, Peña-Cabriales, Juan José, & Vera-Nuñez, José Antonio. (2012). Impacto de los biofertilizantes en la agricultura. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 3(6): 1261-1274.
- Grupo ETC., Shand, H., Jo Wetter, K. y Chowdry, K. 2022. Barones de la alimentación 2022. Lucro con las crisis, digitalización y nuevo poder corporativo. Versión española. Grupo ETC. 143 P.
- Guadarrama, A.; Aragón, F. y Willcox, M. 2014. Mejoramiento de maíces nativos. *Enlace*. 5(22):11-15.

- Handelsman, J., Rondon, M. R., Brady, S. F., Clardy, J., & Goodman, R. M. (1998). Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products. *Chemistry y biology*, 5(10), 245-249.
- Harkes, P., Suleiman, A.K.A., Elsen, S.J.J., Haan, J.J., Holterman, M., Kuramae, E.E., Helder, J., 2019. Conventional and organic soil management as divergent drivers of resident and active fractions of major soil food web constituents. *Nature*. 9, 13521. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-49854-y>
- Hartmann, M., & Six, J. (2023). Soil structure and microbiome functions in agroecosystems. *Nature Reviews Earth & Environment*, 4(1), 4-18. <https://doi.org/10.1038/s43017-022-00366-w>
- Holm Hansen, A. C., Paulino-Lima, I. G., Fujishima, K., Rothschild, L. J., & Jensen, P. R. (2016). Draft genome sequence of *Hymenobacter* sp. strain AT01-02, isolated from a surface soil sample in the Atacama Desert, Chile. *Genome Announcements*, 4(1), 10-1128.
- Houšková, B., Bušo, R., & Makovníková, J. (2021). Contribution of Good Agricultural Practices to Soil Biodiversity. *Open Journal of Ecology*, 11(1), Art. 1. <https://doi.org/10.4236/oje.2021.111007>
- Hug, L. A., Baker, B. J., Anantharaman, K., Brown, C. T., Probst, A. J., Castelle, C. J., Butterfield, C. N., Hermsdorf, A. W., Amano, Y., Ise, K., Suzuki, Y., Dudek, N., Relman, D. A., Finstad, K. M., Amundson, R., Thomas, B. C., & Banfield, J. F. (2016). A new view of the tree of life. *Nature Microbiology*, 1, 16048.
- Inayah, M. N., Lestari, Y., & Meryandini, A. (2022). Community of Soil Actinobacteria in PTPN VI Oil Palm Plantation Jambi (Sumatra, Indonesia) Based on Amplicon Sequencing of 16S rRNA Gene. *HAYATI Journal of Biosciences*, 29(3), 389-398.
- Janso, J. E., & Carter, G. T. (2010). Biosynthetic potential of phylogenetically unique endophytic actinomycetes from tropical plants. *Applied and environmental microbiology*, 76(13), 4377-4386.
- Jiménez Gómez, A. (2020). Estudio metagenómico y culturómico de bacterias asociadas a *Phaseolus vulgaris* y *Brassica napus*, implicaciones funcionales y

- nutricionales de su aplicación como biofertilizantes en cultivos de interés agroalimentario y bioenergético y evaluación del rol de la putrescina en la interacción bacteria-planta. <https://doi.org/10.14201/gredos.143751>
- Kim, M. J., Park, Y. J., Park, M. K., Park, C. E., Jo, Y., Tagele, S. B., & Shin, J. H. (2020). Complete genome sequence of *Labrys* sp. KNU-23 isolated from ginseng soil in the Republic of Korea. *The Microbiological Society of Korea*, 56(4), 410-412.
- Kloepper, J.W. y Schroth, M.N. 1978. Plant growth promoting rhizobacteria on radishes. En: Proceeding of the 4th international conference on plant pathogenic bacteria (Vol. 2). Gilbert-Clorey (ed.), pp 879-882. France.
- Kovaleva, O. I., Elcheninov, A. g., Kublanov, I. v., & Bonch-Osmolovskaya, E. (2019). *Tepidisphaera*. En *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-5). John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01509>
- Li, F. L., Wang, X. T., Shan, J. J., Li, S., Zhang, Y. X., Li, X. Z., ... & Wang, L. (2020). *Oleiliquidispirillum nitrogeniifigens* gen. nov., sp. nov., a new member of the family Rhodospirillaceae isolated from oil reservoir water. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(5), 3468-3474.
- Li, S.K.; Zhao, J.R.; Dong, S.T.; Zhao, M.; Li, C.H.; Cui, Y.H.; Liu, Y.H.; Gao, J.L.; Xue, J.Q.; Wang, L.C. 2017. Advances and Prospects of Maize Cultivation in China. *Sci. Agric. Sin.* Vol. (50): 1941–1959.
- Liang, Z., Ruixue, Y., Huiyan, W., Xinbao, L., Wei, X., He, Y., ... & Zhengguo, S. (2024). Effects of exogenous organic acids and biological substrates on the structural characteristics of soil bacterial communities in coastal mudflat soils of salt-tolerant forage growth field.
- Lin, H., Liu, C., Li, B., & Dong, Y. (2021). *Trifolium repens* L. regulated phytoremediation of heavy metal contaminated soil by promoting soil enzyme activities and beneficial rhizosphere associated microorganisms. *Journal of Hazardous Materials*, 402, 123829.

- Loganathachetti, D. S., Alhashmi, F., Chandran, S., & Mundra, S. (2022). Irrigation water salinity structures the bacterial communities of date palm (*Phoenix dactylifera*)-associated bulk soil. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 944637.
- Lopes LD, Pereira e Silva M de C, Andreote FD. Bacterial abilities and adaptation toward the rhizosphere colonization. *Frontiers in microbiology*. 2016; 7:1341.
- López-Carmona, D.A.; Alarcón, A.; Martínez-Romero, E.; Peña-Cabriales, J.J.; Larsen, J. Maize plant growth response to whole rhizosphere microbial communities in different mineral N and P fertilization scenarios. *Rhizosphere* 2019, *9*, 38–46.
- Itieri M. y C. I. Nicholls. 2000. Agroecología: Teoría y práctica para una agricultura sustentable, Programa de Naciones Unidas sobre Medio Ambiente, primera edición. ISBN 968-7913-04-X, México.
- Madueño, L., Coppotelli, B. M., & Morelli, I. S. (2009). Efecto de la inoculación de la cepa *Sphingomonas paucimobilis* 20006FA sobre la composición de un consorcio bacteriano degradador de fenantreno. *Revista argentina de microbiología*, *41*(2), 65-72.
- Marcondes de Souza, J. A., Carrareto Alves, L. M., de Mello Varani, A., & de Macedo Lemos, E. G. (2014). The family bradyrhizobiaceae. *The prokaryotes*, 135-154.
- Margareta-Mühlhauser, P., & Lina-Rivas, J. (2014). Laboratorio de microbiología: Conocimientos básicos para un clínico. *Revista Médica Clínica Las Condes*, *25*(3), 569-579. [https://doi.org/10.1016/S0716-8640\(14\)70072-0](https://doi.org/10.1016/S0716-8640(14)70072-0)
- Marchesi, J.R. y Revel, J. 2015. The vocabulary of microbiome research: a proposal. *Microbiome*: *3* (33). 1-3 DOI 10.1186/s40168-015-0094-5
- Mitter, B., Brader, G., Pfaffenbichler, N. & Sessitsch, A. (2019). Next generation microbiome applications for crop production—limitations and the need of knowledge-based solutions. *Current Opinion in Microbiology*, *49*, 59–65. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.mib.2019.10.006>
- Montalvo Martínez, A. (2015). Impacto del cambio de clima en las comunidades bacterianas del suelo en ecosistemas del monte Tláloc. <http://colposdigital.colpos.mx:8080/xmlui/handle/10521/3296>

- Morales-Barrón, B. M., Vázquez-González, F. J., González-Fernández, R., De La Mora-Covarrubias, A., Quiñonez-Martínez, M., Díaz-Sánchez, Á. G., Martínez-Martínez, A., Nevárez-Moorillón, V., & Valero-Galván, J. (2017). Evaluación de la capacidad antagónica de cepas del orden bacillales aisladas de lixiviados de lombricomposta sobre hongos fitopatógenos. *Acta Universitaria*, 27(5), 44-54. <https://doi.org/10.15174/au.2017.1313>
- Nguyen, N. L., Kim, Y. J., Hoang, V. A., Kang, J. P., Wang, C., Zhang, J., Kang, C.H., & Yang, D. C. (2015). *Labrys soli* sp. nov., isolated from the rhizosphere of ginseng. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65, 3913-3919.
- Nwachukwu, B. C., & Babalola, O. O. (2022). Metagenomics: a tool for exploring key microbiome with the potentials for improving sustainable agriculture. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 6, 886987. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.886987>
- Nesme, J., Achouak, W., Agathos, S. N., Bailey, M., Baldrian, P., Brunel, D., Frostegård, A., Heulin, T., Jansson, J. K., Jurkevitch, E., Kruus, K. L., Kowalchuk, Lagares, A., LappinScott, H. M., Lemanceau, P., Le Paslier, D., Mandic-Mulec, I., Murrell, J. C., David D. Myrold, D. D., ...& Simonet, P. (2016). Back to the future of soil metagenomics. *Frontiers in microbiology*, 7, 73.
- Orr, C. H., Stewart, C. J., Leifert, C., Cooper, J. M. & Cummings, S. P. (2015). Effect of crop management and sample year on abundance of soil bacterial communities in organic and conventional cropping systems. *Journal of Applied Microbiology*, 119, 208–214, <https://doi.org/10.1111/jam.12822>
- Ortiz-López, G., & Deval, L. B. (2022). Ecología microbiana de minas de cobre de seis diferentes regiones geográficas. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 38, 143-154.
- Palacios, V. C., & Dávila, J. P. M. (2023). El agroecosistema como sistema social. *Interciencia*, 48(2), 102-108.
- Park, Y., Chang, Y., & Kim, M. K. (2022). *Hymenobacter armeniacus* sp. nov. and *Hymenobacter montanus* sp. nov., two radiation-resistant bacteria from

soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 72(3), 005267.

- Peiffer, J.A.; Spor, A.; Koren, O.; Jin, Z.; Tringe, S.G.; Dangl, J.L.; Buckler, E.S.; Ley, R.E. Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2013, 110, 6548–6553.
- Peralta Chávez, J. (2016). Caracterización de actinobacteria pertenecientes a la familia Geodermatophilaceae aisladas del cactus *Neobuxbaumia macrocephala*. <https://repositorioinstitucional.buap.mx/handle/20.500.12371/14901>
- Ramirez, K.S., Lauber, C.L., Knight, R., Bradford, M.A., Fierer, N., 2010. Consistent effects of nitrogen fertilization on soil bacterial communities in contrasting systems. *Ecology*. 91, 3463–3470. <https://doi.org/10.1890/10-0426.1>
- Rebollar, E.A., Sandoval-Castellanos, E., Roessler, K., Gaut, B. S., Alcaraz, L. D., Benítez, M. & Escalante, A. E. (2017). Seasonal changes in a maize-based polyculture of central Mexico reshape the co-occurrence networks of soil bacterial communities. *Frontiers in Microbiology*, 8, 2478. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02478>
- Robert M. 2002. Captura de carbono en los suelos para un mejor manejo de la Tierra. Informes sobre recursos mundiales de suelos, Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. ISBN 92-5-304690-2, Roma, Italia, p. 5.
- SADER. 2020. Maíz el cultivo de México. <https://www.gob.mx/agricultura/articulos/maiz-el-cultivo-de-mexico>
- SADER. 2020. Milpa: el corazón de la agricultura mexicana. <https://www.gob.mx/agricultura/articulos/milpa-el-corazon-de-la-agricultura-mexicana?idiom=es#:~:text=En%20nuestro%20pa%C3%ADs%2C%20entendemos%20a,%2C%20chiles%2C%20tomates%2C%20principalmente.>
- SADER. 2022. Bioinsumos transición agroecológica. <https://www.gob.mx/agricultura/documentos/bioinsumos-transicion-agroecologica?idiom=es>

- SADER. 2023. Alternativas para la fertilización en maíz. <https://www.gob.mx/agricultura/articulos/alternativas-para-la-fertilizacion-en-maiz-335508>
- SAGARPA.2017. Maíz grano blanco y amarillo mexicano. Planeación Agrícola Nacional 2017-2030. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/256429/B_sico-Ma_z_Grano_Blanco_y_Amarillo.pdf
- Sánchez, T.E., Castañeda, M.D., Baez, A., Morales, Y.E.2021. Rizobacterias para el mejoramiento del cultivo de maíz (*Zea mays*). Una tecnología prometedora para la producción de maíces criollos. *AyTBUAP* 6, 76,80.
- Santellanez Arreola, K. (2022). Efecto de los métodos de labranza sobre la composición y metabolismo de la microbiota y las propiedades fisicoquímicas del suelo en el altiplano potosino [Universidad Autónoma Chapingo]. <https://repositorio.chapingo.edu.mx/handle/123456789/1489>
- Santiago, C. B. (2018). Caracterización de las comunidades microbianas presentes en los sedimentos de Perdido y Coatzacoalcos del Golfo de México mediante análisis metagenómicos. *Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada: Ensenada, Mexico*.
- Sarandon, S.J. 2014.El agroecosistema: un ecosistema modificado. En: Sarandon, S.J y Flores, C.C. Agroecología: bases teóricas para el diseño y manejo de Agroecosistemas sustentables. Universidad Nacional de la Plata. Buenos aires, Argentina. Capitulo 4. p:467.
- SIAP.2024. Producción mensual agrícola. Avance de siembras y cosechas. https://nube.siap.gob.mx/avance_agricola/
- Silva-Olaya, A. M. et al. 2022. Caracterización florística en bosques de la transición Andino Amazónica del Caquetá. (1° ed.). Editorial Universidad de la Amazonia.
- Suarez-Carrera, V. 2016. Hacia la construcción del Movimiento Agroecológico Mexicano. *La Jornada del Campo* 111, 17 de diciembre. <https://www.jornada.com.mx/2016/12/17/cam-movimiento.html>
- Sun, Y., Zhao, L., Li, X., Xu, H., Weng, L., Yang, L., & Li, Y. (2020). Response of soil bacterial and fungal community structure succession to earthworm addition for

- bioremediation of metolachlor. *Ecotoxicology and environmental safety*, 189, 109926.
- Sun, X., Zhang, L., Pei, J., & Huang, L.-F. (2020). Regulatory relationship between quality variation and environment of *Cistanche deserticola* in three ecotypes based on soil microbiome analysis. *Scientific Reports*, 10(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-63607-2>
- Tilman, D., Balzer, C., Hill, J. & Befort, B. L. (2011). Global food demand and the sustainable intensification of agriculture. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(50), 20260–20264. <https://doi.org/https://doi.org/10.1073/pnas.1116437108>
- Toledo, V.M. & N. Barrera-Bassols. 2016. ¡En México la agroecología es política! *La Jornada del Campo* 111, diciembre 17. <https://www.jornada.com.mx/2016/12/17/cam-mexico.html>
- Toledo, V.M. 2022. El big bang de la agroecología en México. En: Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural - Subsecretaría de Autosuficiencia Alimentaria - Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. *Revoluciones Agroecológicas en México*. CONACYT, México, capítulo 2, 49 p.
- Valencia, R. 2022. Crecimiento y Producción de forraje de cultivares de maíz (*Zea mays* L.) cosechados a diferentes días después de la siembra. [Tesis de licenciatura]. Repositorio UAAAN. Saltillo, Coahuila, Mexico.
- Vargas, L. A. (2014). El maíz, viajero sin equipaje. *Anales de Antropología*, 48(1), 123-137. [https://doi.org/10.1016/S0185-1225\(14\)70492-8](https://doi.org/10.1016/S0185-1225(14)70492-8)
- Visioli, G., Sanangelantoni, A. M., Vamerali, T., Dal Cortivo, C., & Blandino, M. (2018). 16S rDNA profiling to reveal the influence of seed-applied biostimulants on the rhizosphere of young maize plants. *Molecules*, 23, 1461.
- Wang, Q., Wang, C., Yu, W., Turak, A., Chen, D., Huang, Y., Ao, J., Jiang, Y., Huang, Z., 2018. Effects of nitrogen and phosphorus inputs on soil bacterial abundance, diversity and community composition in Chinese fir plantations. *Front Microbiol.* 9, 1543. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01543>

- Wang, C., Zhou, X., Guo, D., Zhao, J., Yan, L., Feng, G., Gao, Q., Yu, H., & Zhao, L. (2019). Soil pH is the primary factor driving the distribution and function of microorganisms in farmland soils in northeastern China. *Annals of Microbiology*, 69(13), 1461-1473. <https://doi.org/10.1007/s13213-019-01529-9>
- Wezel, A., & Soldat, V. (2009). A quantitative and qualitative historical analysis of the scientific discipline agroecology. *International Journal of Agricultural Sustainability*, 7, 3-18.
- Wezel, A., Bellon, S., Doré, T., Francis, C., Vallod, D., & David, C. (2009). Agroecology as a science, a movement and a practice. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 29(4), 503-515.
- Xu, H., Yu, M., & Cheng, X. (2021). Abundant fungal and rare bacterial taxa jointly reveal soil nutrient cycling and multifunctionality in uneven-aged mixed plantations. *Ecological Indicators*, 129, 107932.
- Yang, C., Zeng, Z., Wang, Y., He, G., Hu, Y., Gao, D., ... & Zhang, H. (2023). Ecological risk assessment and identification of the distinct microbial groups in heavy metal-polluted river sediments. *Environmental Geochemistry and Health*, 45(5), 1311-1329.
- Zheng, C., Kong, K., Zhang, Y., Yang, W., Wu, L., Munir, M. Z., ... & Muneer, M. A. (2022). Differential response of bacterial diversity and community composition to different tree ages of pomelo under red and paddy soils. *Frontiers in Microbiology*, 13, 958788.
- Zhou, X., Liang, J., Luan, Y., Song, X., & Zhang, Z. (2020). The influence of genetically modified glyphosate-tolerant maize CC-2 on rhizosphere bacterial communities revealed by MiSeq sequencing. *Plant, Soil and Environment*, 66(8), 387-394. <https://doi.org/10.17221/216/2020-PSE>