

Efecto de la aplicación de biofertilizantes sobre las propiedades del suelo en cultivos de naranja

Yahaira Delgado-Esqueda¹, Erika Nava-Reyna^{2*}, Constante-García, Vicenta², García-De la Peña, Cristina³, González-Barrios, José Luis²

¹Instituto Tecnológico de Torreón, Km. 7.5 Carretera Torreón - San Pedro De las Colonias, Ejido Ana, Torreón, Coahuila; ¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias CENID-RASPA, Km. 6.5 margen derecha Canal de Sacramento, Gómez Palacio, Durango; ³FCB-UJED, Av. Universidad s/n, Col. Filadelfia, CP. 35010, Gómez Palacio, Durango.

*Autor de correspondencia: nava.erika@inifap.gob.mx

Introducción

La naranja es un cultivo cítrícola importante que ocupa alrededor del 40% de la superficie cosechada y aporta cerca del 50% de la producción cítrícola en el mundo (Pérez *et al.*, 2018). En la actualidad una de las más grandes preocupaciones de la sociedad es el cuidado y preservación del medio ambiente. El sector agrícola, genera impactos al medio ambiente por la liberación de gases efecto invernadero por la erosión del suelo, contaminación de suelos y aguas y liberación de gases (CO₂, CH₄ Y NO₂), (Fernández y Bojollo, 2008).

Por esta razón, la utilización de los biofertilizantes en los sistemas agrícolas productivos es una alternativa viable para lograr un desarrollo agrícola ecológicamente sostenible. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue determinar cambios en el microbioma del suelo mediante secuenciación masiva en plantaciones del cultivo de naranja con aplicación de *Azospirillum brasilense* y *Glomus intraradices* como biofertilizantes en comparación con fertilización química y convencional (es decir, fertilización NPK tradicional).

Materiales y métodos



Municipio de Martínez de la Torre, Veracruz, México (20°04'00" Norte 97°03'00" Oeste).



Se recolectaron muestras de suelo rizosférico bajo sistemas de plantación convencional (con fertilización química NPK tradicional) y con aplicación de biofertilizante (*A. brasilense* y *G. intraradice*; Biofábrica Siglo XXI®).

El ADN de las bacterias del suelo se extrajo siguiendo las instrucciones del fabricante, se amplificó (ARNr V3-V4 16S) (Klindworth *et al.*, 2013) y se secuenció utilizando Illumina (Illumina, 2017, 2019). Finalmente, las secuencias fueron analizados en QIIME (Quantitative Insights Into Microbial Ecology) (Caporaso *et al.*, 2010).

Resultados y discusión

La media del número total de secuencias obtenidas tanto bajo manejo convencional (C) como con la aplicación de biofertilizantes (O) antes del ensamblaje fue 199,705, la media de secuencias ensambladas fue de 91,181 y la media de secuencias desechadas fue 108,524; en promedio se eliminaron 1,761 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad 89,261. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 82,954 que después de eliminar los singletons fue de 53,784.

Muestra	Totales	Ensambladas	Desechadas	QE	SC	SB	SBSS
Conv1	164,321	50,379	113,942	236	50,127	46,904	25,331
Conv2	192,413	80,544	111,869	543	79,988	74,119	39,705
Conv3	228,765	122,440	106,325	521	121,903	112,892	64,142
Org1	177,980	71,682	106,298	471	71,199	66,395	38,692
Org2	235,841	131,877	103,964	5,565	125,810	117,771	93,365
Org3	198,907	90,163	108,744	3227	86,538	79,642	61,467
Media	199,705	91,181	108,524	1,761	89,261	82,954	53,784

Tabla 1. Número de secuencias obtenidas para cada tratamiento de muestras de suelo.

Se reportaron 726 géneros (Figura 1) y *Sphingomonas* fue el género más abundante en el manejo Conv y Org ($\bar{x}$ = 3.21 y 4.13%, respectivamente). Sin embargo, en el manejo convencional se presentaron también *Pseudolabrys* ($\bar{x}$ = 3.15%), *Tepidisphaera* ($\bar{x}$ = 2.28%), *Solibacter* ($\bar{x}$ = 2.13%), *Rhizomicrobium* ($\bar{x}$ =2.11%), *Rhodoplanes* ($\bar{x}$ = 1.72%), *Bradyrhizobium* ($\bar{x}$ = 1.71%) y *Streptomyces* ($\bar{x}$ =1.21%), mientras que en el manejo agroecológico los más abundantes fueron *Tepisphaera* ($\bar{x}$ = 3.62%), *Pseudolabrys* ($\bar{x}$ = 2.65%), *Solibacter* ($\bar{x}$ = 2.15%), *Rhizomicrobium* ($\bar{x}$ = 2.02%), *Bradyrhizobium* ($\bar{x}$ = 1.60%), *Phenylobacterium* ($\bar{x}$ = 1.30%), *Micromonospora* (1.26%) y *Dongia* (1.23%).

El género *Sphingomonas* tiene un papel multifuncional en el suelo, el cual incluye la remediación de contaminantes como hidrocarburos y compuestos organometálicos (Cheng *et al.*, 2021) y la producción de fitohormonas altamente benéficas para el crecimiento de las plantas como esfingano y goma gelano (Luo *et al.*, 2019). Además, algunos miembros de este género favorecen el crecimiento de las plantas en condiciones estresantes como sequía, salinidad y la presencia de metales pesados en suelos agrícolas, comúnmente relacionado con la producción de giberilinas y ácido índol acético (Luo *et al.*, 2019). Cabe destacar que, aunque fue el género más abundante en ambos tratamientos, la biofertilización presentó una mayor abundancia relativa en comparación a la fertilización convencional.

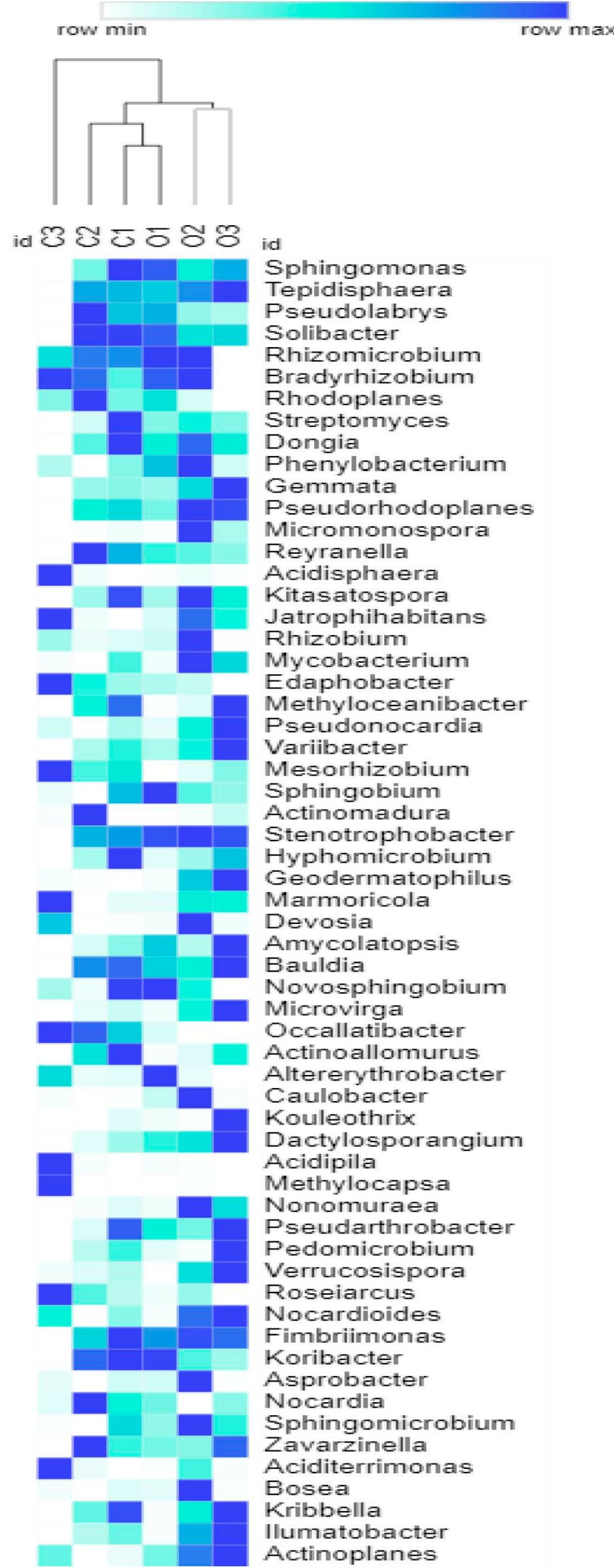


Figura 1. Mapa de calor de los géneros bacterianos de muestras de suelo cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%. C = Convencional, O = Biofertilizantes. Con base en los resultados obtenidos, se presentan 60 géneros bacterianos.

Conclusiones

Aunque la diversidad alfa y beta no fue diferente significativamente entre los tratamientos, si existieron diferencias en la abundancia relativa de las distintas bacterias en el suelo rizosférico, donde la biofertilización de árboles de naranja con *A. brasilense* y *G. intraradices* favoreció la proliferación de géneros bacterianos promotores del crecimiento de las plantas e involucrados en la inducción de resistencia a patógenos.

Literatura citada

Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., Fierer, N., Peña, A. G., Goodrich, J. K., Gordon, J. I., Huttley, G. A., Kelley, S. T., Knights, D., Koenig, J. E., Ley, R. E., Lozupone, C. A., McDonald, D., Muegge, B. D., Pirrung, M., ... Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat. Methods*, 7(5), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>

Fernández, R. M. O., & Bojollo, R. C. (2008). Influencia de la climatología y el manejo del suelo en las emisiones de CO₂ en un suelo arcilloso de la Vega de Carmona. *Carel: Carmona: Rev. estud. locales*, (6), 2339-2354.

Illumina. (2017). 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation.

Illumina. (2019). Nextera XT DNA Library Prep Kit Reference Guide (15031942). www.illumina.com/company/legal.html.

Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Res.*, 41(1), e1.

Luo, Y., Wang, F., Huang, Y., Zhou, M., Gao, J., Yan, T., Sheng, H., & An, L. (2019). *Sphingomonas* sp. Cra20 Increases Plant Growth Rate and Alters Rhizosphere Microbial Community Structure of Arabidopsis thaliana Under Drought Stress. *Front. Microbiol.*, 0, 1221.

Pérez, S. R., Cauich, I. C., & Fernández, V. G. P. Análisis de la distribución del comportamiento de la producción de naranja en los principales países productores. *Turismo, movilidad y desarrollo sostenible*, 85.