

ALTERACIÓN DE LAS COMUNIDADES BACTERIANAS DEL SUELO DESPUÉS DE UN INCENDIO FORESTAL EN LA SIERRA DE ZAPALINAMÉ, MEXICO

Nava-Reyna, Erika^{1*}, Ortega-Esparza, Cinthya Judith², Constante-García, Vicenta¹, García-de la Peña, Cristina³, Vázquez-Arroyo, Jesús²

¹INIFAP CENID-RASPA. Canal del Sacramento km. 6.5, C.P. 35140, Gómez Palacio, Durango, México. ²FCQ-UJED. Artículo 123 s/n, Col. Filadelfia, C.P. 35015, Gómez Palacio, Dgo., ³FCB-UJED, Av. Universidad s/n, Col. Filadelfia, CP. 35010, Gómez Palacio, Durango. *Autor de correspondencia: nava.erika@inifap.gob.mx

Introducción

La diversidad microbiana presente en los ecosistemas es un componente muy importante y un factor determinante del equilibrio biológico. La alteración sufrida en un ecosistema repercute en diferentes escalas y en los parámetros físico-químicos y biológicos. Por lo tanto, los incendios forestales pueden tener efectos significativos en las propiedades físico-químicas y biológicas del suelo, dependiendo de la gravedad del fuego y del tipo de suelo. Muchas bacterias del suelo producen estructuras resistentes capaces de tolerar la desecación y disminuir los aumentos de temperatura de hasta 50-60 °C. A pesar de su ubicuidad en los ecosistemas terrestres y su importancia en el funcionamiento ecológico, la diversidad y los patrones de distribución de los microorganismos sobre el suelo son poco conocidos, contrario al caso de las plantas y los animales. Por lo anterior, el presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el impacto a corto plazo de un incendio forestal sobre las comunidades bacterianas del suelo y las características físico-químicas.

Materiales y Métodos

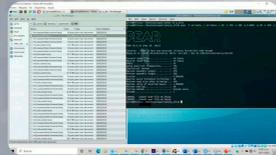
Descripción del sitio de estudio y muestreo. Las muestras se tomaron en la parte alta de la Sierra de Zapalinamé en el municipio de Saltillo, Coahuila (25°34'49.5" N, 100°96'36.8" W) un mes después del siniestro.



0.25 g de 3 muestras compuestas de suelo con 750 ul de buffer lisante/estabilizador Xpedition™ Zymo Research™



Extracción con el kit DNA Zymobiomics MiniPrep de Zymo Research™ y amplificación de las regiones V3 y V4 del gen 16S rRNA (Klindworth *et al.*, 2013).



Las muestras se procesaron de acuerdo con el protocolo de Illumina (2017, 2019) y los resultados se analizaron con el QIIME v.1.9.0 (García-De la Peña *et al.*, 2019)

Resultados y Discusiones

El numero promedio de secuencias ensambladas en las muestras de suelo fueron 66,941 para suelo no incendiado (T1, T2 y T3) y 60,855 para suelo incendiado (F1, F2, F3) (Tabla 1). Después de la asignación taxonómica y la eliminación de singletons, se obtuvo un promedio de 39,596 para las muestras de suelo no incendiado y 41,857 para suelo incendiado. El promedio de OTUs fue de 3,660 y 3,533 respectivamente. Para las curvas de rarefacción se observó que se alcanzaron asíntotas cercanas a las 7,500 secuencias. La muestra T3 fue descartada para los análisis de diversidad alfa y beta. De acuerdo al análisis SIMPER, no hubo diferencia significativa entre la abundancia relativa de ambas muestras. No hubo diferencias significativas entre las poblaciones en los índices de diversidad alfa (Shannon: P = 0.4; Simpson: P = 0.601), tampoco hubo diferencias significativas entre las poblaciones en los índices de diversidad beta (PERMANOVA: pseudo-F = 0.9404, P = 0.6).

Tabla 1. Secuencias de muestras de suelo de la sierra de Zapalinamé, Incendiado (F) y no incendiado (T). Las abreviaturas utilizadas representan QE = quimeras eliminadas, SC = secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, SB = secuencias bacterianas de la asignación taxonómica, SBSS = secuencias bacterianas después de la eliminación de singletons, OTUs = Número de OTUs bacterianos después de la eliminación de singletons.

Muestra	Totales	Ensambladas	Desechadas	QE	SC	SB	SBSS	OTUs
T1	150,259	61,356	88,903	4,095	57,261	53,239	39,985	4,120
T2	179,539	100,128	79,411	3,769	96,359	91,365	72,438	5,253
T3	84,427	39,338	45,088	23,088	16,250	12,688	6,364	1,606
F1	117,086	44,403	72,683	5,769	38,634	36,396	28,154	3,277
F2	159,921	59,355	100,566	8,631	50,724	47,838	38,464	3,600
F3	187,007	78,898	108,109	4,545	74,353	71,131	58,954	3,721
Media	146,373	63,913	82,460	8,316	55,597	52,110	40,727	3,596

Se identificaron organismos pertenecientes a 22 filos, 58 clases, 100 órdenes, 216 familias y 612 géneros bacterianos para todas las muestras de suelo.

Se registraron 20 phylum bacterianos en el suelo incendiado y 21 en el suelo no incendiado (Figura 2). Proteobacteria fue el phylum más abundante en el suelo no incendiado, con un promedio de 48%, mientras que en el suelo incendiado Actinobacteria fue el phylum dominante, con un promedio de 39%. Estudios sugieren un incremento de las bacterias relacionadas con la incorporación de nitrógeno (por la fijación de nitrógeno y la utilización de alantoína), encontrándose los el phylum Actinobacteria en mayor proporción (Prendergast-Miller *et al.*, 2017), resultado que coincide con lo encontrado en este trabajo. El incremento de phylum como Actinobacteria en pruebas de incubación de suelos post-incendio durante 6 meses de incubación con biocarbono derivado de pastos y robles, sugiere la importancia de estos microorganismos en los procesos de degradación de C pirogénico (Khodadad *et al.*, 2011). Además, se ha reportado una mayor abundancia del phyla Proteobacteria en suelos de bosques no incendiados. El phylum proteobacteria tiene estrategias copiotróficas con una respuesta muy rápida a alta humedad y disponibilidad de nutrientes (Fierer *et al.*, 2007), mientras que las Actinobacteria son y proliferan en periodos secos (Lacerda-Júnior *et al.*, 2019).

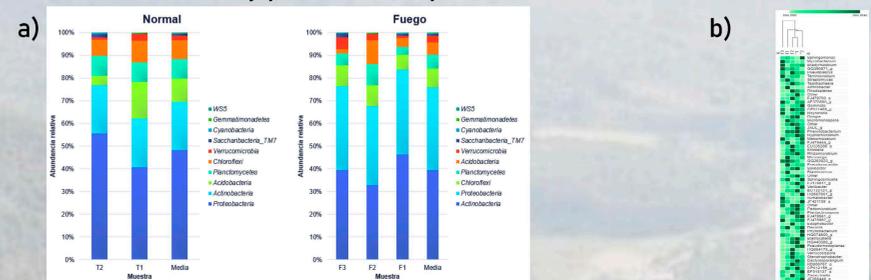


Figura 2. Principales taxones en los suelos incendiado (F) y no incendiado (T) en la sierra de Zapalinamé, Coahuila: a) Abundancia relativa (%) a nivel de phylum; b) Mapa de calor de los principales géneros.

El género *Sphingomonas* fue el más abundante en las muestras de suelo no incendiado, con un promedio del 11%, mientras que, para las muestras de suelo incendiado, el género más abundante fue *Mycobacterium*, con un promedio del 12%. Las bacterias del género *Sphingomonas* tienen diversas funciones ecológicas en el suelo, incluyendo su capacidad para degradar compuestos organometálicos, la producción de fitohormonas benéficas como esfingana y goma gelana y la promoción del crecimiento de las plantas bajo condiciones de estrés (Asaf *et al.*, 2020). Este género fue también el segundo más abundante en la zona incendiada, con una abundancia promedio del 8% (Figura 1b). Sus características para la promoción del crecimiento y la resistencia a condiciones estresantes, juegan un papel importante en la recuperación de ecosistemas vulnerables, como la sucesión después de un incendio forestal, produciendo metabolitos benéficos como fitohormonas y enzimas extracelulares que mejoran la captación de agua y minerales, protegen contra patógenos y participan en la fijación de nitrógeno (Khan *et al.*, 2017). Por su parte, *Mycobacterium* ha sido reportada como uno de los géneros más abundantes tanto en suelos incendiados como no incendiados, al igual que en el presente trabajo (Mikita-Barbato *et al.*, 2015). Además, estas bacterias son capaces de degradar compuestos aromáticos complejos, los cuales pueden estar presentes en el tipo de vegetación característica de la zona de muestreo, así como el biocarbono resultado de la pirólisis de la materia orgánica durante el incendio (Reith *et al.*, 2002).

Conclusiones

El incendio forestal ocurrido en la Sierra de Zapalinamé en abril de 2018 causó cambios a corto plazo en las comunidades bacterianas del suelo, más no en su diversidad, probablemente relacionadas con distintos parámetros físico-químicos afectados. No obstante, es necesario monitorizar la variación de la microbiota a largo plazo para comprender el proceso de recolonización bacteriano después del incendio.