

EFFECTO DE DIFERENTES MÉTODOS DE LABRANZA SOBRE LAS COMUNIDADES BACTERIANAS DEL SUELO

Kassandra Santellanez-Arreola^{1*}, Erika Nava-Reyna², Vicenta Constante-García², Miguel Ángel Martínez-Gamiño³, Jesús Arreola-Ávila¹.

¹Universidad Autónoma Chapingo, Unidad Regional de Zonas Áridas, km 40 Ctra Gómez Palacio - Cd. Juárez, Chih., Bermejillo, Dgo. C. P. 35230. ² Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Relación Agua, Suelo, Planta, Atmósfera. Canal del Sacramento km. 6.5, C.P. 35140, Gómez Palacio, Durango, México. ³INIFAP, CIRNE, Campo Experimental San Luis. Carretera San Luis Potosí-Matehuala km 14.5, Ejido Palma de la Cruz, Soledad de Graciano Sánchez, C.P. 78431, San Luis Potosí, San Luis Potosí.
*Autor de correspondencia: ksantellaneza@chapingo.uruza.edu.mx

Introducción.

Las prácticas de labranza repercuten en los microorganismos del suelo, que son sensibles a las perturbaciones causadas por el manejo al que es sometido el sistema edáfico. Los cuales, además de generar servicios ecosistémicos, participan en los procesos bioquímicos, el ciclaje de nutrientes y la transformación de energía en el suelo. Se ha demostrado que la ausencia de labranza y la incorporación de residuos vegetales aumentan la biomasa microbiana del suelo, las comunidades bacterianas y las actividades enzimáticas en el suelo, además de contribuir a la conservación de carbono (C). Poco se ha explorado sobre la influencia de la agricultura de conservación (AC) sobre los microorganismos del suelo y su abundancia, lo cual podría ampliar la perspectiva de su influencia sobre la estabilidad y calidad del recurso edáfico. Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue evaluar la influencia a largo plazo de diferentes prácticas de labranza sobre el bacterioma del suelo.

Materiales y métodos.

Área de estudio. El estudio se llevó a cabo en el lote experimental en el Campo Experimental INIFAP, ubicado en Soledad de Graciano Sánchez, San Luis Potosí. Se evaluaron seis tratamientos distribuidos en un diseño de bloques al azar y dos repeticiones, de los cuales tres de ellos son basados en labranza convencional y tres en labranza de conservación. Tratamientos: barbecho + rastra (T1), rastra (T2), multiarado (T3), labranza cero (LC) (T4), LC con 33% de cobertura con residuos (T5) y LC con 66% de cobertura (T6). Todos los tratamientos han estado bajo diferentes manejos por 25 años.

Disposición de muestra y estudio de las comunidades bacterianas del suelo. Se tomaron aleatoriamente al azar 3 muestras de suelo de una profundidad de 0- 10 cm de cada tratamiento, que se depositaron en microtubos de 2 ml para lisis BashingBead™ con 750 ul de buffer lisante/estabilizador Xpedition™ Zymo Research™ e inmediatamente agitadas en un disruptor celular (TerraLyzer™). La extracción de ADN se realizó mediante el kit DNA Zymobiomics MiniPrep de Zymo Research™. La amplificación se llevó a cabo a con el empleo de las regiones V3 y V4 del gen 16S rRNA con los primers sugeridos por Klindworth et al. (2013).

Análisis estadístico. Las secuencias de ADN fueron analizadas utilizando el software bioinformático Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME) v.1.9.0 (Caporaso et al., 2010) siguiendo la metodología descrita por García-De la Peña et al. (2019). Se calculó la diversidad beta utilizando el índice de Bray-Curtis (Beals, 1984); esta matriz de diversidad beta se utilizó para llevar a cabo una prueba Permanova (p < 0.05). La diversidad alfa se calculó con los índices de Shannon y Simpson.

Resultados y discusión.

La media de las secuencias obtenidas de los tratamientos de suelo fue de 105, 398, en cuanto a las secuencias ensambladas se obtuvo una media de 47, 415, y un promedio de 65,165 secuencias desechadas, se eliminó una media de 860 quimeras, obteniendo así una media de 42, 802 secuencias de calidad. Luego de realizar la asignación taxonómica, se obtuvo un promedio de 36,249 secuencias bacterianas y después de descartar singletons fue de 14, 982. El número de OTUs bacterianos de las muestras, alcanzó una asíntota cerca de las 10, 000 secuencias.

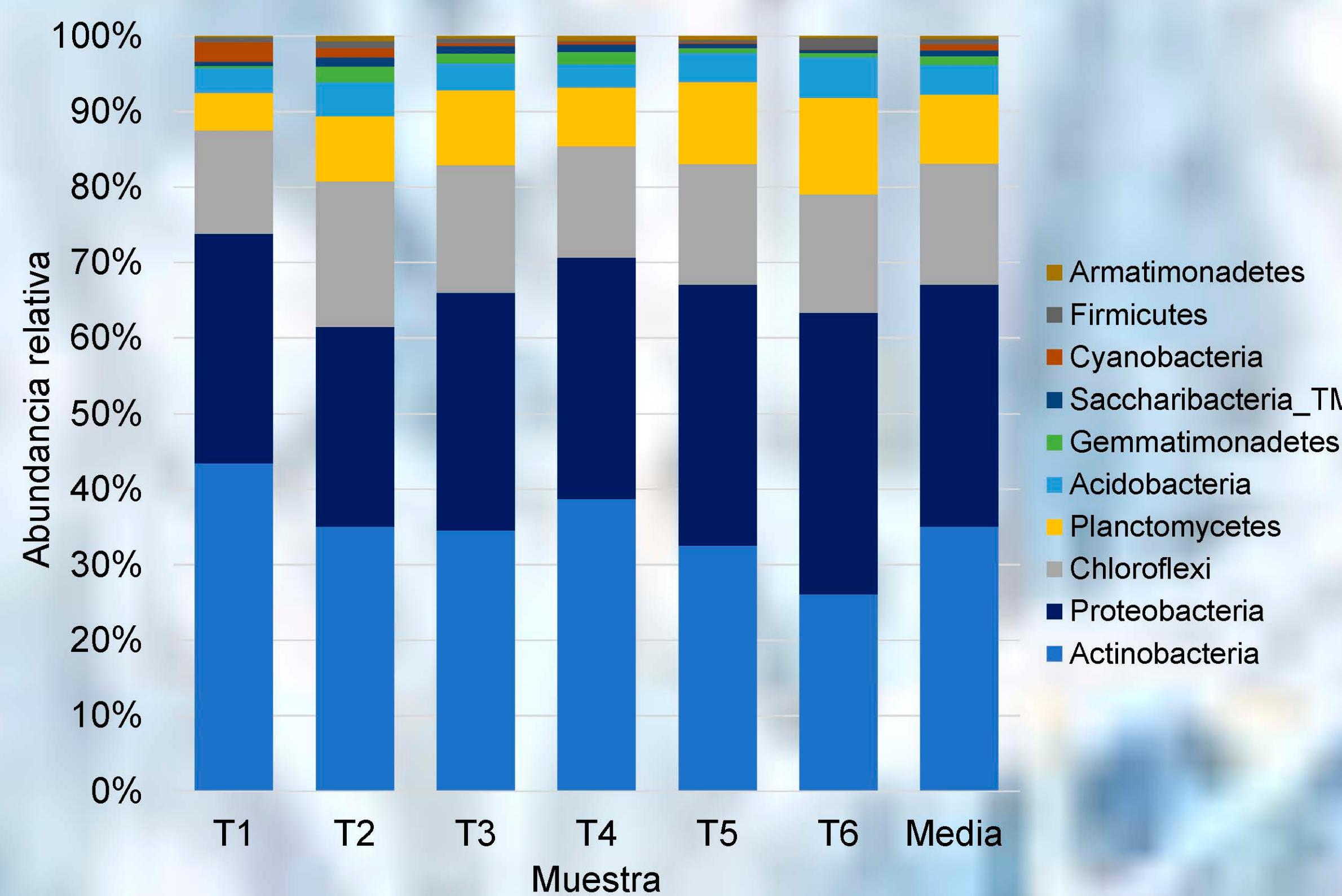


Figura 1. Abundancia relativa de los phyla principales.

Mediante el empleo de la matriz de diversidad beta de Bray-Curtis, se obtuvo una diferencia significativa entre tratamientos de labranza. (Permanova: pseudo-F = 1.42, p = 0.012). La media del índice de diversidad Shannon fue de 9.63 y la de Simpson fue de 0.99. No se observó diferencia significativa entre tratamientos en ninguno de los índices de diversidad alfa (Shannon: t = 0.02, p = 1; Simpson: t = 0.03, p = 1).

Se registraron 24 phyla de los cuales los principales fueron: Actinobacteria (x= 35%), Proteobacteria (x= 32%), Chloroflexi (x= 16%), Planctomycetes (x= 9%) (Figura 1). Las actinobacterias tienen un papel fundamental en la descomposición de los materiales orgánicos, los miembros de este phylum tienen la capacidad de producir esporas, lo que aumentó su capacidad para resistir los eventos de perturbación. El phylum Proteobacteria ha sido considerado muy versátil en cuanto a actividades metabólicas, ya que puede responder de manera significativa cuando se adiciona alguna fuente de carbono. Ya que, en un ambiente de carbono total más alto, las Proteobacterias abarcan una enorme diversidad metabólica, lo que coincide con el estudio realizado por Dong et al., 2017.

Se registraron 733 géneros, de los cuales los principales fueron; GQ396871_g (x= 6%) perteneciente al phylum Chloroflexi, *Nocardioides* (x= 5%), *Streptomyces* (x= 5%), *Sphingomonas* (x= 4%), *Tepidisphaera* (x= 4%) (Figura 2). El phylum Chloroflexi fue identificado como una importante comunidad microbiana de la rizosfera y probablemente especializada en la degradación de materia orgánica del suelo antigua en la rizosfera, creciendo predominantemente en suelos con baja disponibilidad de oxígeno y especializadas en la degradación de polisacáridos. Existe relación entre la abundancia relativa de los géneros *Nocardioides*, y las propiedades químicas del suelo relacionadas con el nitrógeno, materia orgánica y carbono orgánico. Cabe mencionar, que la adición de abonos verdes, propicia el aumento de la propagación de dichos géneros, tal como en el estudio realizado por Zhao *et al.*, 2019.

Conclusiones.

La diversidad bacteriana es muy similar, pero la abundancia difiere entre tratamientos. Las prácticas de labranza tienen un impacto directo en las propiedades fisicoquímicas del suelo, lo que afecta las comunidades microbianas presentes en él. Específicamente, la labranza de conservación propicia la proliferación de microorganismos que juegan un papel crucial para la conservación de carbono en el suelo, como servicio ecosistémico.

Literatura citada.

- Ai, C., Liang, G., Sun, J., Wang, X., He, P., Zhou, W., & He, X. (2015). Reduced dependence of rhizosphere microbiome on plant-derived carbon in 32-year long-term inorganic and organic fertilized soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 80(40875095), 70–78. <https://doi.org/10.1016/j.smbio.2014.09.028>
- Araujo, A. S. F., Leite, L. F. C., De Freitas Iwata, B., De Andrade Lira, M., Xavier, G. R., & Do Vale Barreto Figueiredo, M. (2012). Microbiological process in agroforestry systems. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 32(1), 215–226. <https://doi.org/10.1007/s13593-011-0026-0>
- 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. *Nature Methods*, 7(5), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1303>
- Dong, W., Liu, E., Yan, C., Tian, J., Zhang, H., & Zhang, Y. (2017). Impact of no tillage vs. conventional tillage on the soil bacterial community structure in a winter wheat cropping succession in northern China. *European Journal of Soil Biology*, 80, 35–42. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2017.03.001>
- Ferrier, S., Manion, G., Elith, J., & Richardson, K. (2007). Using generalized dissimilarity modelling to analyse and predict patterns of beta diversity in regional biodiversity assessment. *Diversity and Distributions*, 13(3), 252–264. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2007.00341.x>
- García-De la Peña, C., Garduño-Niño, E., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C., Barrows, C. W., Gomez-Gil, B., & Valenzuela-Núñez, L. M. (2019). Comparison of the fecal bacterial microbiota composition between wild and captive boison tortoises (*Gopherus flavomarginatus*). *Herpetological Conservation and Biology*, 14(3), 587–600.
- García R., D. Y., Cárdenas H., J. F., & Silva Parra, A. (2018). Evaluación de sistemas de labranza sobre propiedades físico-químicas y microbiológicas en un Inceptisol. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 35(1), 16. <https://doi.org/10.22267/rcia.183501.79>
- Gschwend, F., Aregger, K., Gramlich, A., Walter, T., & Widmer, F. (2020). Periodic waterlogging consistently shapes agricultural soil microbiomes by promoting specific taxa. *Applied Soil Ecology*, 155(April), 103623. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103623>
- Illumina. (2017). *16S Metagenomic Sequencing Library Preparation*.
- Illumina. (2019). *Nextera XT DNA Library Prep Kit Reference Guide (15031942)*.
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glockner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Research*, 41(1), 1–11. <https://doi.org/10.1093/nar/gks808>
- Leyva, S. L., Masaguer, A., & Baldoquin, A. (2014). Sistemas de labranza en la producción de pastos Efecto de sistemas de labranza en luviosos dedicados a la producción de pastos. *Pastos y Forrajes*, 37(4), 408–412.
- Li, Y., Chang, S. X., Tian, L., & Zhang, Q. (2018). Conservation agriculture practices increase soil microbial biomass carbon and nitrogen in agricultural soils: A global meta-analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, 121(October 2017), 50–58. <https://doi.org/10.1016/j.smbio.2018.02.024>
- Martínez-Peña, M. D. J., Lara-Aguilera, J., Cadena-Zamudio, J. D., Salinas-Moreno, Y., Ramírez-Vega, H., & Arteaga-Garibay, R. I. (2016). Microbiota rizosférica de un cultivo mixto de maíz(Zea mays L.) en los altos de Jalisco: estudio descriptivo. *Agroproductividad*, 9(8), 65–70.
- Martínez Gamiño, M. Á., Jasso Chaverria, C., Osuna Ceja, E. S., Reyes Muro, L., Huerta Díaz, J., & Figueroa Sandoval, B. (2018). Efecto del fertilizante y labranza de conservación en propiedades del suelo y el rendimiento de maíz. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 5(6), 937. <https://doi.org/10.29312/remexa.v5i6.880>
- Mukherjee, S., Juottonen, H., Siivonen, P., Lloret Quesada, C., Tuomi, P., Pulkkinen, P., & Yrjölä, K. (2014). Spatial patterns of microbial diversity and activity in an aged creosote-contaminated site. *ISME Journal*, 8(10), 2131–2142. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.151>
- Silva Parra, A., Magallón Ortiz, Á. M., & Delgado Huertas, H. (2019). Soil microbiota: Influence of different land use patterns and soil management factors at Villavicencio Oxisol, East Colombia. *Biota Colombiana*, 18(2), 1–11. <https://doi.org/10.21068/bc2017.v18.n02.a1>
- Stevenson, A., & Hallsworth, J. E. (2014). Water and temperature relations of soil Actinobacteria. *Environmental Microbiology Reports*, 6(5), 744–755. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12199>
- Zhalnina, K., Dias, R., de Quadros, P. D., Davis-Richardson, A., Camargo, F. A. O., Clark, I. M., McGrath, S. P., Hirsch, P. R., & Triplett, E. W. (2015). Soil pH Determines Microbial Diversity and Composition in the Park Grass Experiment. *Microbial Ecology*, 69(2), 395–406. <https://doi.org/10.1007/s00248-014-0530-2>
- Zhao, F., Zhang, Y., Dong, W., Zhang, Y., Zhang, G., Sun, Z., & Yang, L. (2019). Vermicompost can suppress Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici via generation of beneficial bacteria in a long-term tomato monoculture soil. *Plant and Soil*, 440(1–2), 491–505. <https://doi.org/10.1007/s11104-019>

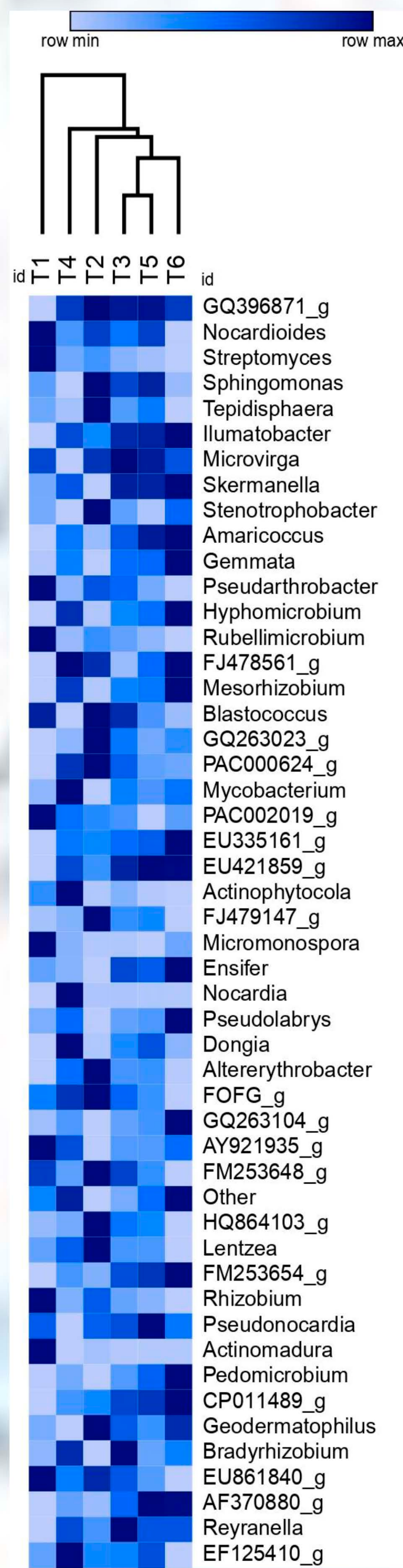


Figura 2. Mapa de calor de los géneros cuya abundancia fue mayor a 0.5%.