

Estrategias para el estudio de las comunidades microbianas del suelo

Gobinath **Chandrakasan**

Cuando pensamos en ecosistemas solemos imaginar grandes selvas lluviosas, densos bosques de pino-encino o incluso matorrales semiáridos, pero pocas veces volteamos hacia abajo, a pensar en el suelo en el que se desarrollan estos ecosistemas. Pues bien, es precisamente en el suelo, pocas veces considerado, en donde se decide qué tipo de vegetación puede establecerse y cuán productivo será, en el caso de los agroecosistemas. En particular, las comunidades microbianas que habitan en el suelo facilitan el establecimiento de determinadas especies vegetales y así mismo la productividad del ecosistema. Existe un creciente interés en el estudio de las comunidades microbianas del suelo, cómo se estructura y controla la estabilidad de los agroecosistemas. Los avances en metodologías, como la metagenómica, se aplican al análisis de suelos y al estudio del patrón espacial de las comunidades microbianas. Las características moleculares a nivel de comunidad pueden utilizarse como indicadores de los procesos del ecosistema, “biomarcadores” de los procesos del ecosistema para el monitoreo y la gestión de la salud sostenible del suelo. Entender las estrategias teóricas y metodológicas para evaluar y comprender mejor la distribución y evolución de las comunidades del suelo, incluyendo bacterias, hongos, nematodos y arqueas, es de vital importancia para promover prácticas agrícolas sustentables que satisfagan la alta demanda de alimentos y energía en la agricultura moderna.

Las comunidades microbianas del suelo (CMS) poseen patrones de distribución espacial coherentes con la distribución de la vegetación y la heterogeneidad ambiental. Uno de los factores que más influye en esta distribución espacial de las CMS es la cantidad y calidad de la materia orgánica del suelo (MOS). Entre los beneficios de la MOS se encuentran la mejora de la capacidad de intercambio iónico, la retención de agua en el suelo, la mejora de la agregación del suelo y reducción de la erosión, así como el almacenamiento y captura de gases de efecto invernadero. En los últimos diez años, las técnicas de genómica ambiental han proporcionado una mejor comprensión de la composición microbiana, pero aún falta información detallada sobre algunos de los grupos microbianos (por ejemplo, bacterias, hongos, nematodos y arqueas) (Wang *et al.*, 2022).

Estos organismos juegan papeles fundamentales en la descomposición de materia orgánica, la ciclación de nutrientes y la formación de la estructura del suelo. Las bacterias del suelo son extremadamente diversas y pueden ser aeróbicas o anaeróbicas, es decir, pueden vivir en presencia de oxígeno o en ausencia de él. Algunas bacterias del suelo son importantes fijadoras de nitrógeno, lo que significa que son capaces de convertir el nitrógeno atmosférico en formas utilizables por las plantas. Los hongos del suelo, por otro lado, son cruciales en la descomposición de la materia orgánica, ya que son capaces de descomponer compuestos orgánicos complejos como la celulosa y la lignina. Esto ayuda a liberar nutrientes esenciales para el crecimiento de las plantas. Los nematodos del suelo son gusanos microscópicos que pueden ser beneficiosos o perjudiciales para las plantas, dependiendo de la especie. Las arqueas del suelo son menos estudiadas en comparación con las bacterias y los hongos, pero se sabe que desempeñan papeles importantes en la transformación de nutrientes y en la estabilidad del suelo. De ahí la importancia de examinar las comunidades microbianas del suelo y revisar el conocimiento actual

de la función microbiana del suelo, destacando al mismo tiempo las diferentes prácticas de manejo del suelo con sistemas metodológicos avanzados para taxones específicos de naturaleza filogenética y funcional.

IMPACTO DEL MANEJO DEL SUELO EN LAS COMUNIDADES MICROBIANAS

Existe un debate sobre el efecto de los distintos manejos de labranza en los nutrientes del suelo, la diversidad microbiana, la actividad de las CMS y el rendimiento de los cultivos. El manejo del suelo puede tener un impacto significativo en las comunidades microbianas presentes en el mismo, y estos cambios en la composición y diversidad microbiana pueden influir en la salud del suelo y en la producción de cultivos.

El manejo de labranza puede afectar a las comunidades microbianas de varias maneras, como alterar la estructura del suelo, la disponibilidad de nutrientes, la humedad y el pH. Estos cambios pueden afectar la actividad microbiana y la biodiversidad en el suelo, lo que a su vez puede influir en la salud de las plantas cultivadas en ese suelo. Además, el manejo del suelo y su influencia en las comunidades microbianas puede jugar un papel importante en la mitigación de la escasez de recursos, como el agua y los nutrientes, así como en la mejora de la productividad agrícola. Sin embargo, es crucial entender que la relación entre el manejo del suelo, las comunidades microbianas y la escasez de recursos es compleja y multifacética.

Los diferentes métodos de labranza pueden afectar la estructura del suelo, su capacidad de retención de agua y nutrientes, y la actividad microbiana. Por ejemplo, las prácticas de labranza mínima o ausencia de labranza pueden promover la formación de una capa superficial de materia orgánica que mejora la retención de agua y nutrientes, así como la diversidad microbiana en el suelo (Li *et al.*, 2020). Esto puede contribuir a la conservación del agua y a una mejor disponibilidad de nutrientes para las plantas, lo que a su vez puede ayudar a mitigar la escasez de recursos.

En términos de calidad de los cultivos, los microorganismos presentes en el suelo pueden influir en la acumulación de nutrientes y compuestos bioactivos en los tejidos de las plantas, así como en su resistencia a enfermedades y estrés ambiental. Por lo tanto, un manejo del suelo que promueva comunidades microbianas saludables puede contribuir a la producción de cultivos de mayor calidad en términos de valor nutricional, sabor, textura y resistencia a factores estresantes.

Adicionalmente, cada vez son más las investigaciones que apuntan al efecto negativo que tiene sobre el microbioma el cambio de uso de suelo de ecosistemas como humedales, bosques, matorrales y, especialmente, plantaciones forestales, a tierras de cultivo. En la microescala del suelo, factores como la porosidad, el contenido de carbono, la disponibilidad de nutrientes y el nivel de protección de los agregados del suelo, se ven seriamente afectados por las perturbaciones asociadas al cambio de uso del suelo. Se sabe que las CMS desempeñan un papel fundamental en la descomposición de la MOS forestal. La conversión de un terreno forestal a agrícola suele ser perjudicial para la diversidad microbiana, ya que altera su diversidad y riqueza, y afecta también las propiedades de agregación del suelo (Wang *et al.*, 2020).

Así pues, diversas perturbaciones como la deforestación, los cambios en el manejo del suelo o incluso los cambios naturales en los ecosistemas a lo largo del tiempo, producen cambios en las estructuras de las CMS. Se requiere un enfoque multidimensional que vincule la taxonomía, la función y un conjunto más amplio de variables ambientales, a fin de describir la diversidad, la ocupación de nichos y los factores ecológicos en los suelos agrícolas.

La conversión de suelos forestales a agrícolas altera la proporción de grupos dominantes en la CMS, favoreciendo a grupos tales como Proteobacterias, Acidobacterias, Planctomicetos, Bacteroidetes y Firmicutes, como respuesta a la entrada de nutrientes con la fertilización nitrogenada (Kim *et al.*, 2021).

En un experimento de campo a largo plazo en el que se compararon los sistemas de agricultura

ecológica y convencional, se encontró que los suelos fertilizados con estiércol fueron capaces de mantener una mayor abundancia de bacterias y hongos a largo plazo (Santoni *et al.*, 2023).

La evaluación de la composición de la comunidad de nematodos puede proporcionar una visión única de los procesos biológicos del suelo (Cui *et al.*, 2024).

Los nematodos desempeñan papeles esenciales en las funciones del ecosistema debido a la especialización de diferentes grupos de acuerdo con sus fuentes de alimento.

RETOS EN LA CARACTERIZACIÓN DE LA COMUNIDAD MICROBIANA DEL SUELO

La composición de una CMS puede describirse a través de caracterizaciones microbiológicas, bioquímicas y moleculares, tanto independientes del medio como dependientes del medio de cultivo. En cuanto a las metodologías microbiológicas, el recuento de colonias en placas de cultivo es una técnica ampliamente utilizada pero muy limitada en el estudio de las CMS.

La principal limitación de esta aproximación es que no refleja la comunidad total de microorganismos, sino solo de aquellos con la capacidad de adaptarse al medio de cultivo y las condiciones controladas. Se utilizan también análisis en microplacas adicionales con diferentes sustratos para obtener perfiles fisiológicos a nivel de comunidad, y patrones de consumo de nutrientes del suelo para estudiar la diversidad microbiana en varios terrenos (Rutgers *et al.*, 2016).

En cuanto a análisis moleculares, algunos estudios se basan en la amplificación de segmentos específicos de DNA por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), para posteriormente realizar el análisis de la composición de la comunidad.

La secuenciación de nueva generación (SNG, por sus siglas en inglés) se ha aplicado ampliamente en la exploración de la composición, la diversidad y la distribución de la comunidad microbiana, y a la



Figura 1. Principales técnicas de caracterización de la comunidad microbiana del suelo.

descripción de las funciones de los microorganismos en diversos ecosistemas (Muñoz-Ramírez *et al.*, 2024).

Los análisis de las muestras pueden basarse en la replicación de una región específica del genoma de los hongos (ITS 1-4), bacterias o arqueas (gen RNA 16S); o bien, puede secuenciarse al azar y tener representados los genomas de todos los organismos de la muestra.

La pirosecuenciación es una técnica de secuenciación de ADN basada en la detección de pirofosfato liberado durante la incorporación de nucleótidos en una cadena de ADN en crecimiento.

Otras técnicas que no se basan en la cuantificación con PCR ni en secuenciación, son el análisis de huellas bioquímicas de ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME, por sus siglas en inglés), ácidos grasos totales (WCFA, por sus siglas en inglés) y de fosfolípidos (PLFA, por sus siglas en inglés); estas técnicas han permitido caracterizar los cambios en la

composición de CMS enteras, incluyendo la biomasa fúngica, la biomasa bacteriana y la proporción entre hongos y bacterias, todas ampliamente relacionadas con los procesos del ecosistema (Balser *et al.*, 2019).

El uso de más de una técnica de manera simultánea permite comprender de mejor manera la diversidad y funcionalidad de los microorganismos del suelo. Así, el estudio combinado de secuenciación, principalmente basado en Illumina, se ha utilizado ampliamente para determinar la diversidad y las distribuciones espaciales de las CMS en diferentes entornos. Por ejemplo, la secuenciación Illumina ofrece un mayor rendimiento, longitudes de lectura más largas y una mayor precisión en comparación con la pirosecuenciación (Akacin *et al.*, 2022). Esta técnica permite encontrar posibles vínculos entre la funcionalidad real de las CMS (actividad enzimática interpretada como el ciclado de nutrientes, y la respiración basal como la actividad metabólica total de la CMS) y la abundancia de genes funcionales (Figura 1).



© Enrique Soto. Serie *Viacrucis*, Huaquechula, Puebla, 2014.

RETOS FUTUROS

Mantener la gran diversidad de la CMS en los agroecosistemas es fundamental para conservar una buena calidad del suelo.

Existe la necesidad de desarrollar enfoques y políticas de protección de la CMS basados en factores ambientales globales como el uso de la tierra, el enriquecimiento de nitrógeno, el cambio climático y los programas de monitoreo de la diversidad microbiana del suelo.

Los métodos modernos de adquisición de datos permiten un mejor análisis de la función microbiana del suelo y proporcionan información sobre las prácticas agrícolas que permitirán aumentar la producción de alimentos de forma sostenible.

Esto es especialmente cierto cuando se combina más de una técnica en el estudio de las comunidades microbianas y se explora de manera conjunta la diversidad y la funcionalidad de las CMS. Una visión completa de los atributos ecológicos y las distribuciones espaciales de la CMS debería mejorar la predicción de los cambios en su estructura y, a su vez, del funcionamiento del suelo.

REFERENCIAS

- Akacin I, Ersoy Ş, Doluca O and Güngörmüşler M (2022). Comparing the significance of the utilization of next generation and third generation sequencing technologies in microbial metagenomics. *Microbiological Research* 264:127154. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127154>.
- Balser TC, Liang C and Gutknecht JL (2019). Linking microbial community analysis and ecosystem studies: a rapid lipid analysis protocol for high throughput. *Soil Ecology Letters* 1:22-32.
- Cui S, Mo X and Zheng G (2024). Body size induced changes in metabolic carbon of soil nematodes under N deposition and precipitation regime change in a temperate grassland. *Ecol Process* 13:9. <https://doi.org/10.1186/s13717-024-00484-x>.
- Kim HS, Lee S, Jo HY, Finneran KT and Kwon MJ (2021). Diversity and composition of soil Acidobacteria and Proteobacteria communities as a bacterial indicator of past land-use change from forest to farmland. *Sci Total Environ* 797:148944. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.148944>.
- Li Y, Zhang Q, Cai Y, Yang Q and Chang SX (2020). Minimum tillage and residue retention increase soil microbial population size and diversity: Implications for conservation tillage. *Science of the Total Environment* 716:137164. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.137164>.
- Muñoz-Ramírez ZY, González-Escobedo R, Avila-Quezada GD, Ramírez-Sánchez O, Higareda-Alvear VM, Zapata-Chávez E, Borrego-Loya A and Muñoz-Castellanos LN (2024). Exploring microbial rhizosphere communities in asymptomatic and symptomatic apple trees using



amplicon sequencing and shotgun metagenomics. *Agronomy* 14:357. <https://doi.org/10.3390/agronomy14020357>.

Rutgers M, Wouterse M, Drost SM, Breure AM, Mulder C, Stone D, Creamer RE, Winding A and Bloem J (2016). Monitoring soil bacteria with community-level physiological profiles using Biolog™ ECO-plates in the Netherlands and Europe. *Applied Soil Ecology* 97:23-35. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2015.06.007>.

Santoni M, Verdi L, Imran Pathan S, Napoli M, Dalla Marta A, Dani FR, Pacini GC and Ceccherini MT (2023). Soil microbiome biomass, activity, composition and CO₂ emissions in a long-term organic and conventional farming systems. *Soil Use and Management*. 39(1):588-605. <https://doi.org/10.1111/sum.12836>.

Wang J, Zou Y, Di Gioia D, Singh BK and Li Q (2020). Conversion to agroforestry and monoculture plantation is detrimental to the soil carbon and nitrogen cycles and microbial communities of a rainforest. *Soil Biology and Biochemistry* 147:107849. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107849>.

Wang YF, Chen P, Wang FH, Han WX, Qiao M, Dong WX, Hu CS, Zhu D, Chu HY and Zhu YG (2022). The ecological clusters of soil organisms drive the ecosystem multifunctionality under long-term fertilization. *Environment International* 161:107133. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2022.107133>.

Gobinath Chandrakasan
Facultad de Ingeniería
Universidad Autónoma de Querétaro
gobi.marine@gmail.com