

IMPACTO DEL SISTEMA AGROFORESTAL DEL CARDAMOMO SOBRE LA COMPOSICIÓN MICROBIOLÓGICA Y EL ESTADO DE SALUD DEL SUELO

Isabel Alonzo Flores,
ialonzo@uvg.edu.gt

Rolando Cifuentes Velásquez,
rcifuen@uvg.edu.gt

Emerson Herrera Juárez,
eoherrera@uvg.edu.gt

Josué Bocel Pocop,
jibocel@uvg.edu.gt

Dónovan Gómez Blanco,
degomez@uvg.edu.gt

Edwin De León Rangel,
edeleon@uvg.edu.gt

**Centro de Estudios Agrícolas y
Alimentarios**

RESUMEN

En Guatemala el cultivo del cardamomo es de importancia económica y social. Con este estudio se buscó conocer la composición microbiológica y el estado de salud de los suelos en sitios productores de cardamomo en la región norte del país. Se colectaron 18 muestras de suelo, las cuales, fueron agrupadas en función del sistema agroforestal (CL, CP y CS). Se identificaron las especies microbiológicas presentes por medio de extracción del ADN y se representaron en porcentaje relativo. Esta identificación permitió determinar la diversidad de especies y los índices del estado del suelo según las funciones que los microorganismos presentes realizan en el mismo. La diversidad de microorganismos se vio condicionada por el sistema agroforestal, siendo CL el sistema más diverso. La clasificación general de los microorganismos presentes se divide en bacterias (55%), clasificados en los filos proteobacteria, actinobacteria, verrucomicrobia, firmicutes y acidobacteria, y hongos (45%), clasificados en los filos Ascomycota, Basidiomycota y Zygomycota. La evaluación del estado del suelo se llevó a cabo tomando en cuenta los factores biosustentabilidad, biocontrol, salubridad y solubilización de P y K. De los 14 parámetros evaluados, el sistema CS presentó el 54% de mejores índices, CL el 46% y CP el 31%. Los resultados de este estudio pueden ser útiles para mejorar el manejo del cultivo en la región norte del país a fin de garantizar un sistema de producción de cardamomo más sostenible en el tiempo.

PALABRAS CLAVE: cardamomo, microorganismos del suelo, géneros bacterianos y fúngicos, salud del suelo, funciones microbiológicas, sistema agroforestal.

ABSTRACT

IMPACT OF THE CARDAMOM AGROFORESTRY SYSTEM ON THE MICROBIOLOGICAL COMPOSITION AND THE SOIL HEALTH STATUS

In Guatemala, cardamom production is of great economic and social importance. This study sought to know the microbiological composition and the soil health status of cardamom-producing sites in the northern region. Eighteen soil samples were collected, which were grouped according to the agroforestry system (CL, CP and CS). The microbiological species were identified by means of DNA extraction and were represented in relative percentage. This identification allowed determining the diversity of species and the indexes of the status of the soil according to the functions that the microorganisms identified perform. The diversity of microorganisms is conditioned by the agroforestry system, being CL the most diverse system. The general classification of the microorganisms is divided into bacteria (55%), classified in the phyla proteobacteria, actinobacteria, verrucomicrobia, firmicutes

and acidobacteria, and fungi (45%), classified in the phyla ascomycota, basidiomycota and zygomycota. The evaluation of the status of the soil was carried out taking into account the factors biosustainability, biocontrol, health as well as the microbial solubilization of P and K. Based on 14 parameters evaluated, the CS system presented 54% of the best indexes, CL 46% and CP 31%. The results of this study may be useful to improve crop management in the northern region of the country in order to ensure a more sustainable cardamom production system over time.

KEY WORDS: Cardamom, soil microorganisms, bacterial and fungal genera, soil health, microbiological functions, agroforestry system.

INTRODUCCIÓN

El cardamomo es una de las especias más apreciadas en el mundo después del azafrán y la vainilla, utilizándose principalmente en el medio oriente en múltiples platillos (MAGA, 2014).

La producción de cardamomo en el país se concentra principalmente en los departamentos de Alta Verapaz, Baja Verapaz, Izabal y Huehuetenango. Se estima que en la cosecha 2012-2013 el país exportó más de 37 mil toneladas pergamino convirtiendo a Guatemala en uno de los mayores productores y el principal exportador de cardamomo a nivel mundial (MAGA, 2014).

En el país el cardamomo ocupa el 4to lugar de productos exportados después del azúcar, el banano y el café. Según el Banco de Guatemala (Banguat), en 2019 el país exportó 648.1 millones de dólares americanos de cardamomo. Esto representa el 5.8% del total exportado (Banco de Guatemala, n.d.).

El cardamomo fue introducido a Guatemala hace más de 100 años y su producción se lleva a cabo por pequeños y medianos productores. Gran cantidad de familias dependen económicamente del cardamomo y han logrado complementar sus producciones de traspatio con granos básicos y otros árboles que sirven de sombra para el cultivo y les brindan un ingreso extra (Agexport, n.d.).

A pesar de la importancia que ha ganado la producción de cardamomo en el país, la investigación sobre el mismo es prácticamente nula, por lo que se desconoce el estado de los suelos productores y su diversidad microbiológica.

Los microorganismos son los componentes más importantes del suelo, pues constituyen su parte viva y son los responsables

de la dinámica de transformación de los componentes tanto orgánicos como inorgánicos que se incorporan (Ferrera Cerrato y Alarcón, 2001).

El microbioma del suelo se compone por bacterias, actinomicetos, hongos, algas, virus y protozoarios. La mayor actividad de microorganismos se realiza desde la superficie del suelo hasta aproximadamente 20 cm de profundidad, ya que en esta capa se encuentra carbono orgánico y componentes inorgánicos los cuales son su fuente de energía.

Las colonias de microorganismos permanecen adheridas a las partículas de arcilla y humus (fracción coloidal) y a las raíces de las plantas, las cuales les suministran sustancias orgánicas que les sirve de fuente de energía y estimulan su reproducción, fomentando una relación simbiótica entre microorganismo y planta (Durbin y Alexander, 1962).

Los microorganismos pueden cumplir múltiples funciones en el suelo y pueden ser tanto patógenos como benéficos. Los microorganismos eficientes o eficaces (ME) se refiere a un grupo de microorganismos benéficos que cumplen funciones que promueven el crecimiento y desarrollo de la planta. Entre las propiedades funcionales que desempeñan los ME al suelo se encuentran la fijación de nitrógeno atmosférico, descomposición de residuos orgánicos, supresión de agentes fitopatógenos del suelo y solubilización de fuentes de nutrientes como Fósforo, Potasio y otros.

Los ME pueden tener efectos sobre la fisiología de la planta, específicamente en la nutrición y absorción del agua por medio de la estimulación del desarrollo de raíces y mejora en la adquisición de nutrientes. Algunas investigaciones han determinado que los ME pueden modificar múltiples rasgos

de las plantas incluyendo el desarrollo del follaje, la floración y la facilitación de la germinación y crecimiento uniforme de las semillas (Tanya Morocho y Leiva-Mora, 2019).

Las bacterias son uno de los grupos esenciales en la transformación de la materia mineral y orgánica del suelo contribuyendo a la fertilidad y la salud vegetal. Pueden tolerar niveles de pH ácido, neutro y básico. En suelos ácidos algunas bacterias tienen la capacidad de neutralizar el suelo en donde están para cumplir con su función (Valencia-Cantero, 2020). Otras bacterias producen endosporas y quistes latentes que les proporcionan resistencia a las variaciones de temperatura y desecación de suelos.

Cuando los suelos agrícolas están sometidos al monocultivo, riego, constante aplicación de agroquímicos y fertilizantes de síntesis, una mecanización continua y quemadas suelen tener una flora microbiana muy baja viéndose afectada su fertilidad, por lo que la presencia de bacterias benéficas del suelo es indispensable para recuperar su salud (Orius Biotech, n.d.).

Entre los filos bacterianos más comunes están Proteobacteria dentro del cual se encuentran especies que descomponen materia orgánica, depredadoras, patógenas, participación en ciclos de carbono y nitrógeno y especies que pueden mantener la capacidad fotosintética. Verrucomicrobia que da aporte de fertilidad al suelo con introducción de Fósforo, Potasio, Calcio y Magnesio. Actinobacteria las cuales participan en la descomposición de la materia orgánica y controlan microorganismos fitopatógenos (Martínez et al., 2017). Firmicutes las cuales incluyen agentes de biocontrol y Acidobacteria que son capaces de prosperar en condiciones muy ácidas e incluye bacterias fermentativas productoras de azufre (Nieva, 2018).

Entre los géneros bacterianos más importantes en la agricultura por la transformación de los compuestos orgánicos e inorgánicos y que favorecen a la nutrición vegetal se encuentran: *Bacillus*, *Azotobacter*, *Azospirillum*, *Beijerinckia*, *Nitrosomonas*, *Nitrobacter*, *Clostridium*, *Thiobacillus*, *Lactobacillus* y *Rhizobium* (Martínez et al., 2010).

Otros microorganismos esenciales en el suelo son los hongos, dada su capacidad para mineralizar materia orgánica y contribución para el equilibrio de los ciclos biogeoquímicos. Producen enzimas y metabolitos que contribuyen al ablandamiento y transformación de sustancias orgánicas. Metabolizan compuestos carbonados de muy difícil degradación como celulosas, hemicelulosas y ligninas (Sánchez-Yanez, 2007).

Algunos hongos entran en simbiosis con las raíces de las plantas formando micorrizas, mientras que algunas levaduras son importantes fermentadoras de carbohidratos, produciendo alcoholes que son aprovechados por otros microorganismos como fuente de energía (Orius Biotech, n.d.).

Entre los filos fúngicos más comunes está Ascomycota dentro del cual se encuentran especies impulsoras del ciclo del nitrógeno y carbono, e interacciones con plantas. Los roles potenciales de este grupo incluyen la estabilidad del suelo contra la erosión, descomposición de la biomasa vegetal, facilitar el transporte de nutrientes y promover el crecimiento vegetal (Challacombe et al., 2019).

Basidiomycota, el cual lo constituyen especies con gran versatilidad ya que algunas forman ectomicorrizas, otros son causantes de royas y carbones o realizan actividad antifúngica, fitotóxica y nematocida que permiten el manejo de plagas (Ramírez, 2013).

Zygomycota entre los cuales existen especies descomponedoras de frutas, materia orgánica y estiércol por lo que juegan un rol importante en el ciclo del carbono, así como agentes de control biológico siendo parásitos o microparásitos de insectos y otros hongos (Muszewska et al., 2014).

Entre los géneros de hongos más importantes asociados a las raíces de las plantas, control biológico y participación en ciclos de carbono se encuentra *Aspergillus*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Trichoderma*, *Rhizoctonia*, *Sclerotium*, *Absidia*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Mucor*, *Mortierella* o *Rhizopus* (Moreira et al., 2011).

Algunos microorganismos ante condiciones de deficiencia de hierro producen moléculas quelantes llamados sideróforos, los cuales secuestran el hierro en presencia de otros metales o en su entorno y los reducen a Fe^{2+} y pueda ser aprovechable para la nutrición. Los sideróforos bacterianos presentan gran potencial de control biológico de hongos y bacterias fitopatógenas y por constituir un mecanismo de promoción de poblaciones de rizobacterias, promotoras del crecimiento vegetal (Aguado Santacruz et al., 2012).

La determinación de la diversidad microbiológica del suelo, puede ofrecer un panorama integral que permite conocer el estado de salud del suelo.

El objetivo de este estudio fue conocer la diversidad bacteriana y fúngica de los suelos productores de cardamomo en la región norte del país, con la finalidad de identificar la capacidad de realizar actividades microbianas que promueven el crecimiento y desarrollo de la planta.

MATERIALES Y MÉTODOS

Ubicación del estudio

El estudio se llevó a cabo en 18 sitios de la región norte de Guatemala. Se incluyeron comunidades de los departamentos Quiché y Alta Verapaz, específicamente las sub-regiones I (Ixacán), II (Chajul - Nebaj), III (Cobán), VI (San Pedro Carchá), VII (Chahal - Fray Bartolomé de las Casas), VIII (Lanquín - Cahabón) y IX (Senahú, Tamahú y Tukurú).

Las 18 muestras fueron distribuidas entre los sistemas agroforestales cardamomo al sol (CS), bajo sombra de pino (CP) y bajo sombra de especies latifoliadas (CL) (Figura 1).

Colecta y preparación de muestras de suelo

Se tomaron 6 puntos (macollas) por parcela utilizando un muestreo sistemático por medio de un diseño de cuadrícula. Después de limpiar la capa de hojarasca se colectaron aproximadamente 3 libras de suelo de profundidad 0-20 cm.

Una vez transportadas las muestras al laboratorio del Centro de Estudios Agrícolas y Alimentarios de la Universidad del Valle de Guatemala, se tomaron aproximadamente 50 gramos

de suelo con un tubo muestreador brindado por el laboratorio Biome Maker para evitar contaminación. Las muestras fueron identificadas apropiadamente según los requerimientos del laboratorio.

Análisis de laboratorio

Los análisis realizados identifican el estado microbiológico del suelo mediante un análisis de comunidades bacterianas y fúngicas presentes. La determinación de las poblaciones microbiológicas se realizó en el Laboratorio BiomeMaker ubicado en California, EEUU.

La identificación se llevó a cabo utilizando una secuenciación de nueva generación de dos ampliaciones a partir de los cuales se puede obtener información filogenética y taxonómica. Los ácidos nucleicos se extrajeron directamente de las muestras utilizando la metodología de extracción WINESEQ, la cual, evita sesgos, permitiendo detectar los máximos valores de diversidad posibles. La extracción se realizó utilizando diferentes ciclos de batidos de perlas basados en kits de extracción de ADN, como el DNeasy PowerLyzer PowerSoil de Qiagen.

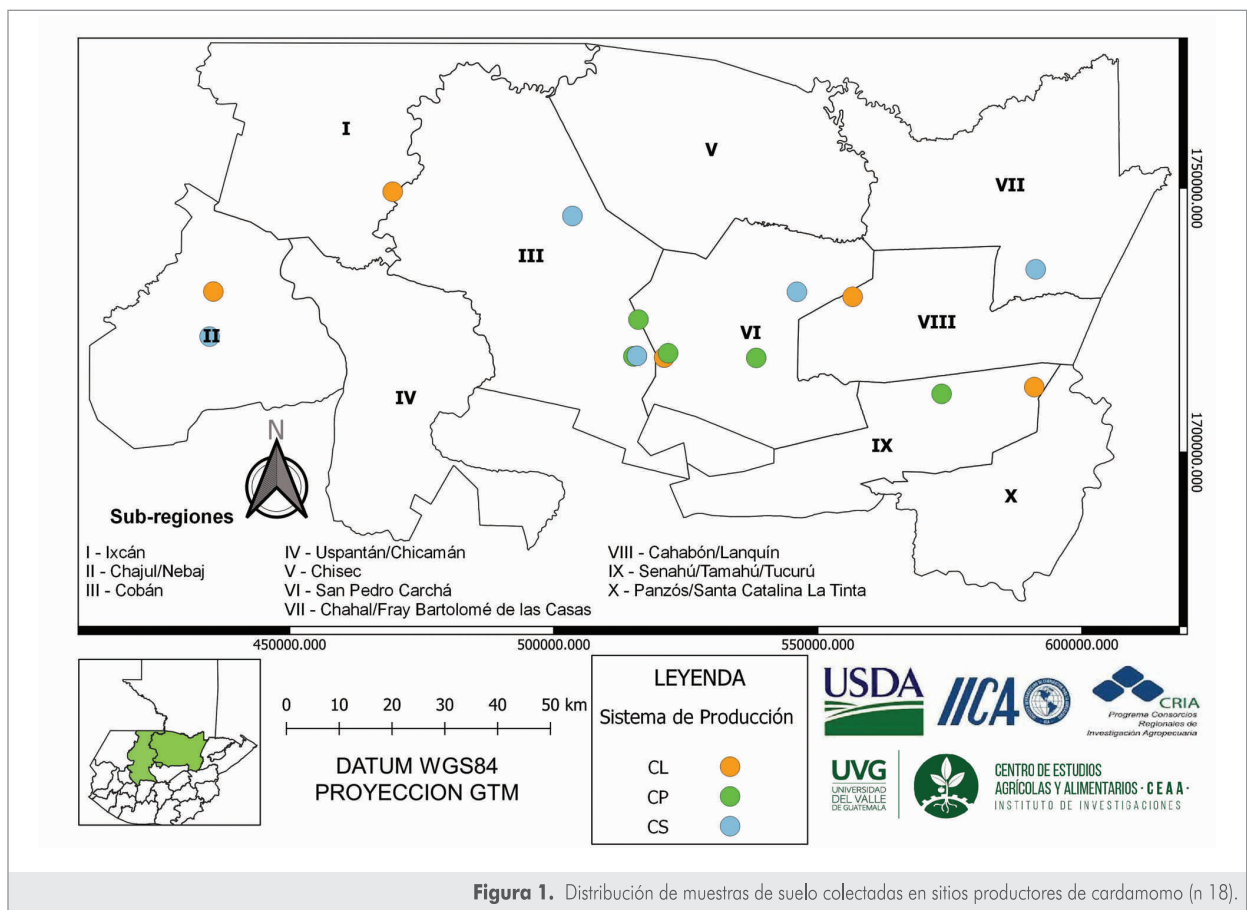


Figura 1. Distribución de muestras de suelo colectadas en sitios productores de cardamomo (n 18).

La región V4 del gen ARNr 16S y la región intergénica ITS1 (Internal Transcribed Spacer 1) se amplifican para identificar distintos grupos filogenéticos bacterianos y de hongos, respectivamente. La amplificación se realiza mediante PCR utilizando los cebadores 515F (GTGYCAGCMGCCGCGTAA) y 806R (GGACTACNVGGGTWTCTAAT). Posteriormente se prepararon las bibliotecas siguiendo el protocolo de PCR de dos pasos de Illumina y se secuenciaron en un instrumento Illumina MiSeq utilizando secuenciación de pares de extremo (2 x 300 pb). Las bibliotecas se prepararon mediante la amplificación de 16S ARNr, región V4 y la región ITS1 utilizando partidores propietarios (Biome Makers, aplicación de patente U.S.15/779,531).

En promedio se obtienen 300,000 lecturas por muestra. El proceso bioinformático de lecturas incluyó la fusión de las

lecturas emparejadas hacia adelante y hacia atrás para crear amplicones robustos, utilizando la herramienta Vsearch, con superposiciones mínimas de 100 nucleótidos, obteniendo lecturas unidad de 70 a 400 nucleótidos. La generación de unidades taxonómicas operacionales (abreviación en inglés OTU) se realizó con una identidad de secuencia del 97%, seguida de un filtrado de calidad mediante la eliminación de la quimera denovo utilizando el algoritmo UCHIME. La anotación taxonómica se realizó usando el algoritmo SINTAX, la cual, utiliza la similitud de k-mer para identificar el candidato de taxonomía superior para cada OTU, usando una confianza de bootstrap > 0.7, ubicando así cada bacteria u hongo dentro de su grupo correspondiente. La anotación taxonómica se hizo contra una base de datos propietaria de Biome Makers que deriva de las bases de datos SILVA 132 y UNITE 7.2.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La diversidad total de microorganismos encontrados en los 18 sitios fue de 1,260 especies. El 46.51% de las especies (586 sp.) se encontraban presentes en los 3 sistemas (Figura 2a).

El sistema más diverso fue CL (952 sp), seguido de CS (922 sp) y CP (805 sp). De todas las especies identificadas se encontró en promedio por muestra 448 sp en el sistema latifoliado, 443 sp en el sistema al sol y 398 sp en producción bajo pino (Figura 2b). De acuerdo con la prueba de t, la diferencia en el número de especies entre sistemas agroforestales no fue significativa ($p > 0.05$).

Estudios de diversidad microbiana realizados en otros cultivos reportan mayor abundancia. Viñedos de Italia reportan una abundancia de más de 19,584 especies bacterianas y 12,101 especies fúngicas (Coller et al., 2019), mientras que Tan (2019) reporta en bosque natural, de arbustos de hoja perenne y árboles pequeños, del sur de China 82,683 y 27,813 especies respectivamente, así mismo en Estados Unidos en cultivo de papa se han reportado 17,241 especies bacterianas y 1,702 especies fúngicas (Imam et al., 2021). La abundancia obtenida en el cultivo de cardamomo en los tres sistemas agroforestales representa menos del 6% de la diversidad microbiológica en otros cultivos, es decir, la biodiversidad microbiana identificada es baja.

En cada sistema se determinó la unicidad de organismos, es decir, las especies que estaban presentes en un sistema y ausentes en los otros. El sistema CL posee un índice de

unicidad más alto, seguido de CS y CP. Sin embargo, en los tres sistemas la fuerza de unicidad es débil ya que dentro de un mismo sistema no se encontró ninguna especie que se haya identificado en todas las muestras analizadas.

De las 586 especies presentes en los tres sistemas (Figura 2a), se identificaron los organismos que están presentes en todas las muestras analizadas de cada sistema, dando un valor de afinidad por sistema. El índice de afinidad es mayor en el sistema CL que en los sistemas CP y CS (Cuadro 1). Esto significa que, aunque gran cantidad de las especies identificadas se encontraron en los tres sistemas, menos del 12% se encontraron en todas las muestras analizadas.

El total de especies fúngicas identificadas se agrupó en 3 filos, siendo Ascomycota el más abundante con un promedio del 54.69%, seguido de Basidiomycota con 23.79% y Zygomycota el menos abundante de 21.43% (Figura 3a).

Se realizó el análisis de varianza para comparar la abundancia de los filos fúngicos entre los diferentes sistemas y se encontró diferencia estadísticamente significativa ($p < 0.05$). El filo Ascomycota fue más abundante en sistema CS (63%), Basidiomycota en sistema CP (40%) y Zygomycota en sistema CL (30%).

Reportes del sur de China indican que los suelos con bosque natural poseen una abundancia relativa de grupos fúngicos del 51% Basidiomycota, 38 % Ascomycota y 4% Zygomycota

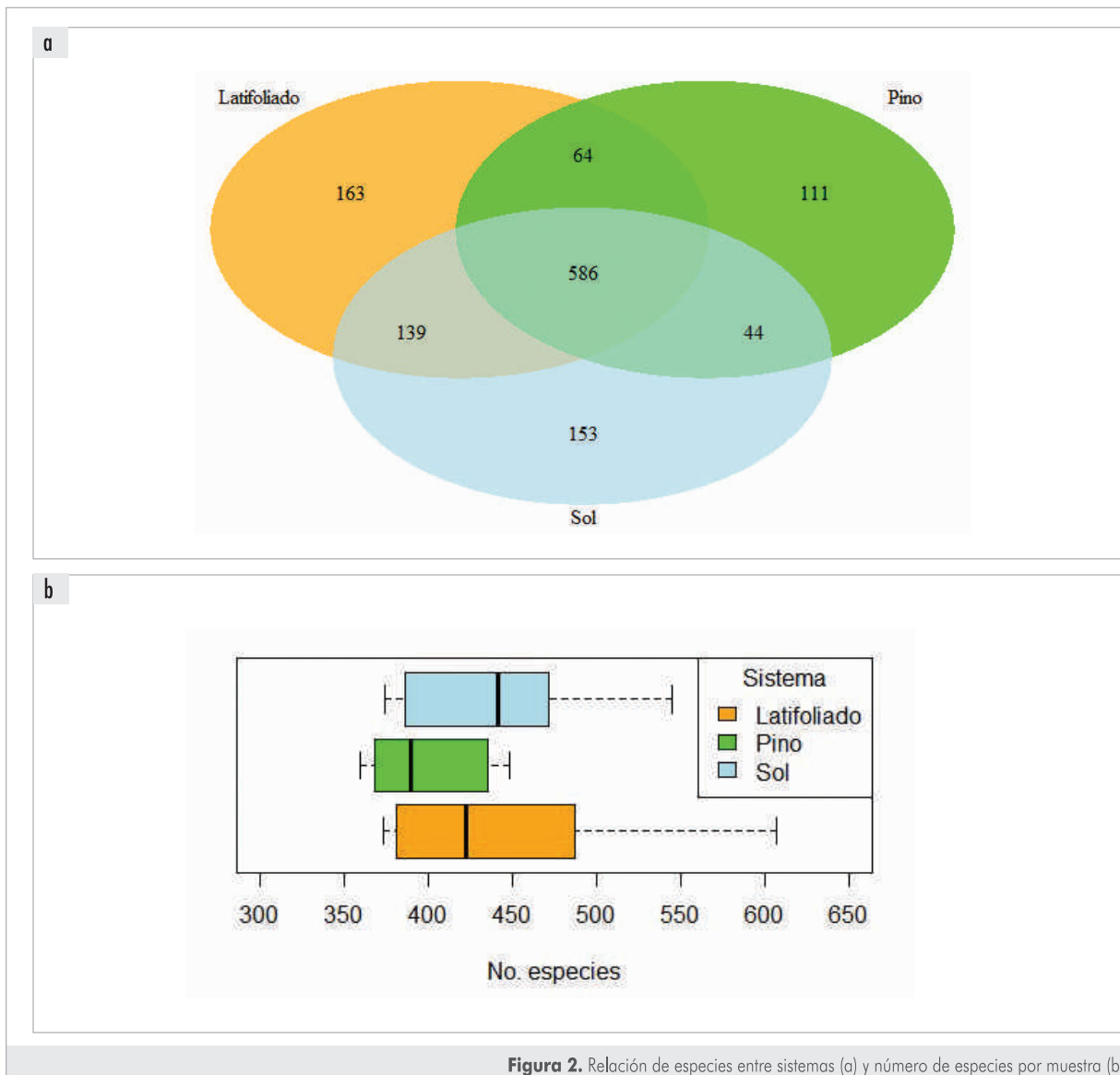


Figura 2. Relación de especies entre sistemas (a) y número de especies por muestra (b).

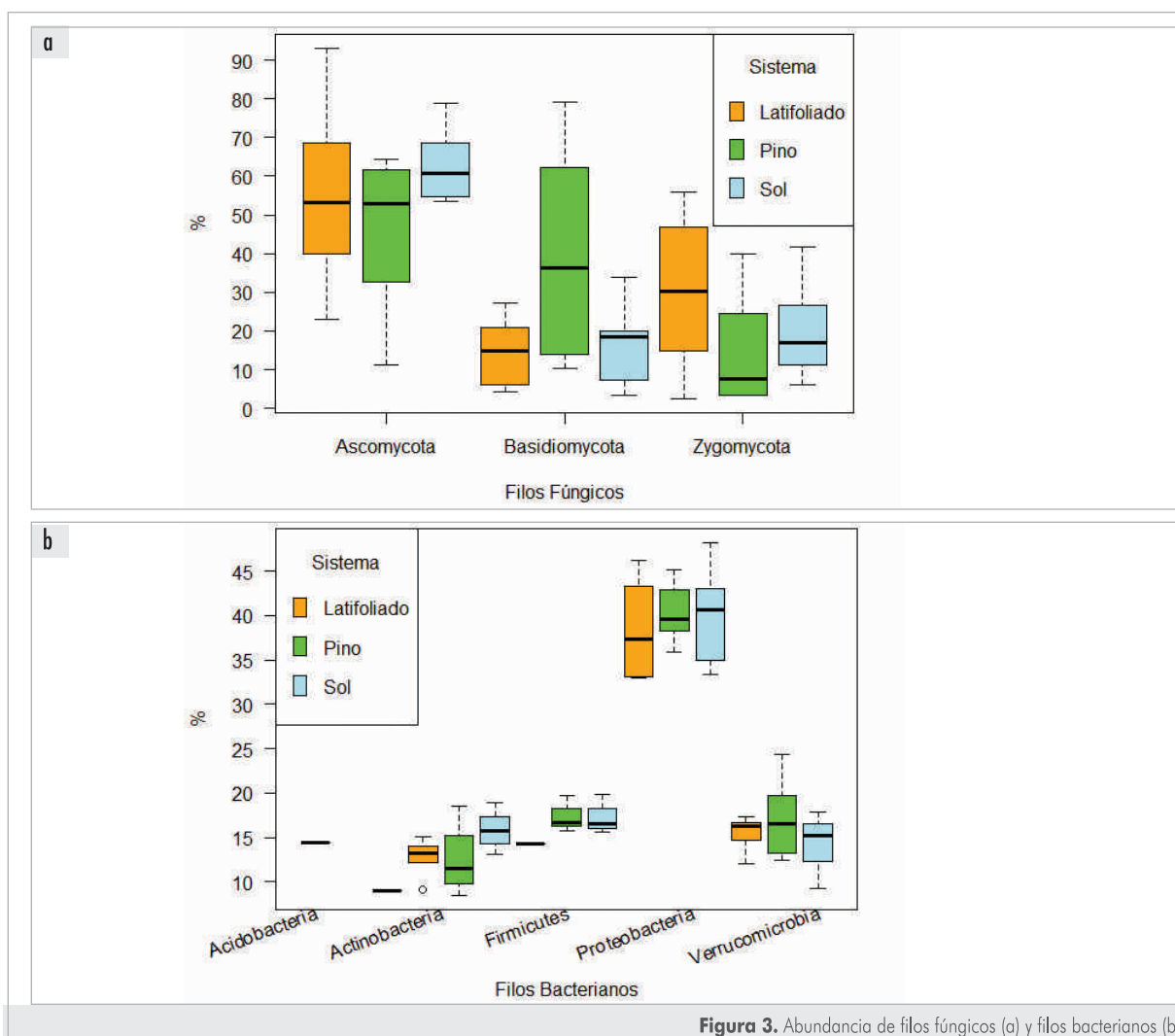
(Tan et al., 2019), mientras que viñedos de la provincia italiana de Trentino reportan los filos dominantes Ascomycota (52%), Zygomycota (20%) y Basidiomycota (11%) (Coller et al., 2019). En el cultivo de Soja en Michigan, Estados Unidos el filo Ascomycota es el más abundante con más del 72% y el filo Basidiomycota oscila entre 7 a 12% (Longley et al., 2020). Los porcentajes de abundancia obtenidos en el cultivo de cardamomo de los filos fúngicos Ascomycota y Zygomycota son similares a los del viñedo. En el sistema CS la abundancia del filo Ascomycota es considerablemente más abundante (63%), mientras que el filo Basidiomycota es menos abundante (16%). Este comportamiento de la abundancia fúngica se asemeja al monocultivo de Soja. Los valores de abundancia de Zygomycota son mucho menos abundantes en los bosques naturales del sur de China que en el cultivo de cardamomo en Guatemala.

Las especies bacterianas se clasificaron en 5 filos (Figura 3b), siendo Proteobacteria el más abundante (39.57%), Firmicutes (16.87%), Verrucomicrobia (15.80%), Actinobacteria (13.62%) y Acidobacteria (11.70%). Este último filo no se encontró en sistema CP y en los sistemas CL y CS únicamente estuvo presente en una muestra analizada respectivamente. La abundancia de los filos bacterianos comparados entre los sistemas agroforestales no mostró diferencia estadística significativa ($p > 0.05$).

De acuerdo con Tan et. al. (2019) los dos filos bacterianos más abundantes en bosque natural del sur de China son Proteobacteria (41%) y Acidobacteria (26%), mientras que, en los viñedos de Trentino, Italia se reporta Acidobacteria como el filo bacteriano más abundante (23%), seguido de Proteobacteria (19%) y

Cuadro 1. Unicidad y afinidad entre especies microbiológicas.

Sistema	n	Unicidad	Fuerza de unicidad	Afinidad
CL	6	163	0	154
CP	6	111	0	153
CS	6	153	0	139
Total	18			

**Figura 3.** Abundancia de filos fúngicos (a) y filos bacterianos (b).

Actinobacteria (17%) (Coller et al., 2019) y la universidad de Michigan, Estados Unidos reporta en Soja una abundancia del 20 a 24% de Proteobacteria (Longley et al., 2020). En todos los reportes se menciona el filo Proteobacteria como uno de los más abundantes en el suelo, los monocultivos de la vid y soja tienen una abundancia de alrededor de 20 %, mientras que el bosque natural del sur de China, que posee diversos arbustos y árboles, duplica el porcentaje de abundancia de este filo. Este valor se asemeja a los datos

obtenidos en el cultivo de cardamomo. Los valores de Acidobacteria y Actinobacteria identificados son menores que en los otros cultivos, sin embargo los grupos Firmicutes y Verrucomicrobia son mayores ya que en los reportes de los otros cultivos no se mencionan como grupos con abundancia significativa.

La abundancia de los géneros bacterianos y fúngicos es 474 (55%) y 395 (45%) respectivamente. Reportes en viñedos de

Italia indican una relación entre bacterias y hongos del suelo del 61% y 39% respectivamente (Coller et al., 2019), mientras que en bosques naturales de China la relación es del 74% y 26% (Tan et al., 2019), sin embargo Longley et al. (2020) reportan en el cultivo de papa una relación del 91% y 9%. Todos los cultivos reportan una mayor abundancia bacteriana, lo cual es esperable ya que las bacterias se consideran el grupo más diverso de microorganismos en el suelo. La relación bacteria-hongo obtenida en el sistema CP (60.6% y 39.4%) se asemeja más a la relación reportada en los viñedos, mientras que los sistemas CS y CL tienen una relación de aproximadamente 56% y 44%.

Entre los géneros bacterianos más abundantes se encuentran *Xiphinematobacter*, *Rodoplanes*, *Nitrososphaera*, *Lysinibacillus*, *Novosphingobium*, *Koribacter*, *Acidothermus*, *Pedomicrobium*, *Bacillus*, *Gemmata*, *Gaiella*, *Nitrosococcus*, *Solibacter*, *Nitrobacter*, *Rubrobacter*, representando casi el 60% de la abundancia total bacteriana en los tres sistemas (Figura 4a). Algunos de estos géneros participan en el ciclo y fijación del nitrógeno (*Nitrososphaera*, *Lysinibacillus*, *Nitrosococcus* y *Nitrobacter*) siendo más abundantes en los sistemas CL y CS. Géneros como *Koribacter* y *Rhodoplanes* fomentan la fijación de carbono y su abundancia relativa es mayor en el sistema CP. Otro género de importancia es *Bacillus* el cual se utiliza en la agricultura como agente de control biológico contra hongos fitopatógenos, este género bacteriano es más abundante en el sistema CS.

Entre los géneros fúngicos más abundantes se encuentran *Mortierella*, *Coniochaeta*, *Saitozyma*, *Talaromyces*, *Pseudeurotium*, *Apiotrichum*, *Penicillium*, *Staphylotrichum*, *Trichoderma*, *Arachnomyces*, *Lipomyces*, *Aspergillus*, *Metarhizium*, *Purpureocillium* y *Purenochaetopsis*, los cuales representan más del 75 % de la abundancia fúngica en los sistemas CL y CP, pero el 55% en el sistema CS. Entre los géneros de importancia para la salud del suelo se encuentran *Trichoderma*, *Metarhizium* y *Purpureocillium* los cuales se utilizan como agentes de control biológico de hongos fitopatógenos, entomopatógenos y nematófagos respectivamente. Estos géneros de control biológico son más abundantes en el sistema CS.

En el cultivo de Soja en Michigan, Estados Unidos se reporta como géneros fúngicos más abundantes *Mortierella*, *Bullera*, *Tetracladium* y para géneros bacterianos *Gaiella*, *Massilia*, *Acidibacter* y *Phenilobacterium* (Longley et al., 2020), mientras que en el cultivo de papa en Estados Unidos los géneros bacterianos más abundantes son *Arthrobacter*, *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Streptomyces* y *Rhizobium* y los géneros fúngicos más abundantes son *Cryptococcus*, *Mortierella* y *Alternaria* (Imam et al., 2021). El género *Mortierella* se encuentra reportado en los cultivos de soja, papa y se encontró en cardamomo, lo cual es esperable ya que es un hongo que siempre se encuentra presente en el suelo.

Influencia del microbioma en el estado del suelo

Biosustentabilidad

Los índices de biosustentabilidad del suelo están relacionados con el ecosistema en el cual se encuentra la parcela y las prácticas de manejo. Estos índices al ser valores bajos indican prácticas agresivas, mientras que los valores altos están vinculados a prácticas sostenibles. La biosustentabilidad del suelo se calcula a partir de 3 índices, biodiversidad, funcionalidad y resistencia.

La biodiversidad, es decir, la riqueza y uniformidad de especies oscila de muy bajo a medio. A pesar que estadísticamente la abundancia de especies es similar entre los diferentes sistemas agroforestales, en los sistemas CL y CS el índice de biodiversidad oscila entre muy bajo a medio, mientras que en el sistema CP el índice es muy bajo (Figura 5a).

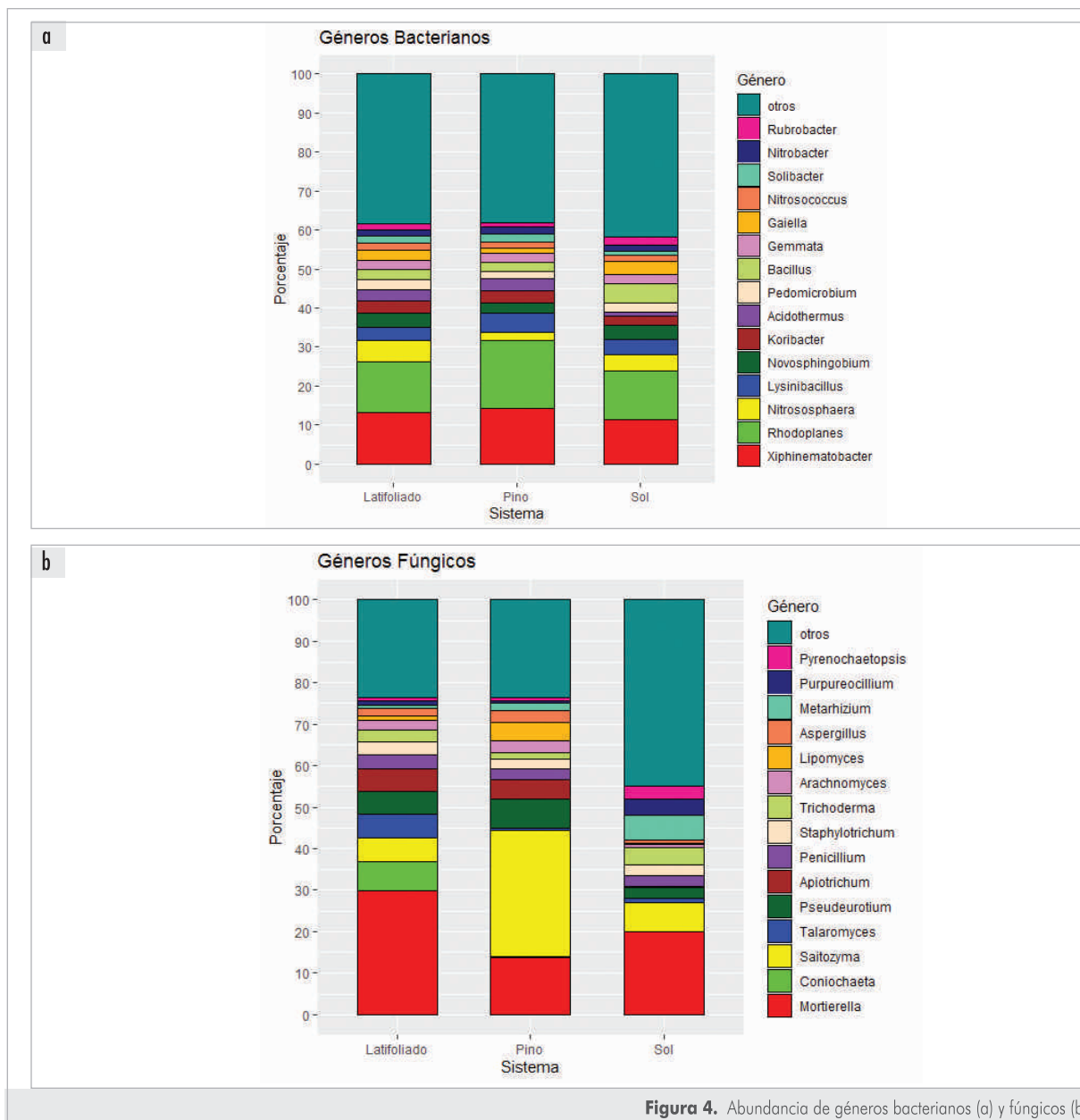
La funcionalidad, es la capacidad de las comunidades microbianas de realizar múltiples funciones. Dicho índice oscila de alto a muy alto en los tres sistemas. Los índices de funcionalidad son más altos en el sistema CS, seguido de CP y CL (Figura 5b).

La resistencia, hace referencia a la capacidad de las poblaciones a permanecer sin cambios ante el estrés causado por alguna perturbación. Esta capacidad se debe a la complejidad de las redes ecológicas de los microorganismos presentes, es decir, que tan emparentados están entre sí. Los índices de resistencia son mayores en el sistema CP, en segundo lugar CL y por último CS (Figura 5c).

Los tres sistemas presentan una baja abundancia de microorganismos, sin embargo, estos poseen gran capacidad de realizar múltiples funciones, lo cual es benéfico para la salud del suelo. El sistema CS posee microorganismos con mayor funcionalidad, sin embargo, los sistemas CL y CP poseen grupos más conectados entre sí, siendo más resistentes a recuperarse ante cambios en su entorno.

La sanidad del suelo se estima por medio de los índices de *biocontrol*. El biocontrol se refiere a la agrupación de especies microbianas que son capaces de evitar que las especies patógenas proliferen en el ecosistema. En general el sistema CS posee los índices de biocontrol más altos, seguido de los sistemas CL y CP (Figura 6a).

Los agentes de control biológico podrían ser especies depredadoras o especies que compiten por el mismo nicho ecológico. Altos índices de biocontrol indican un mayor potencial de acción positiva de la población microbiana para combatir patógenos. Estos agentes de control biológico se clasifican en agentes fungicidas, insecticidas, bactericidas y nematocidas.



En los sistemas CL y CS los índices de agentes fungicidas son más altos que en el sistema CP (Figura 6b).

Los agentes insecticidas oscilan de bajo a muy alto. La abundancia de estos agentes es mayor en el sistema CS, que en los sistemas CL y CP (Figura 6c).

No se identificaron agentes bactericidas en ninguna de las muestras.

Los agentes nematocidas varían de alto a muy alto y no detectado. Estos agentes fueron más abundantes en el sistema CS, seguido de CL y CP (Figura 6d).

A pesar que los monocultivos suelen tener una menor diversidad microbológica la ausencia de un sistema de

sombra fomenta la presencia de microorganismos que estimulan la supresividad del suelo mediada por una sola comunidad microbiana. Esto ejerce mayor control biológico contra patógenos específicos enriqueciendo el suelo con antagonistas de estos patógenos y promoviendo el crecimiento vegetal (Caro-Quintero et al., 2018). Los valores obtenidos indican que el sistema CS posee una mejor respuesta ante posibles patógenos que puedan estar afectando el cultivo, lo cual es esperable ya que el microbioma se encuentra condicionado únicamente al cardamomo, promoviendo la presencia de organismos antagónicos de los posibles patógenos del cultivo.

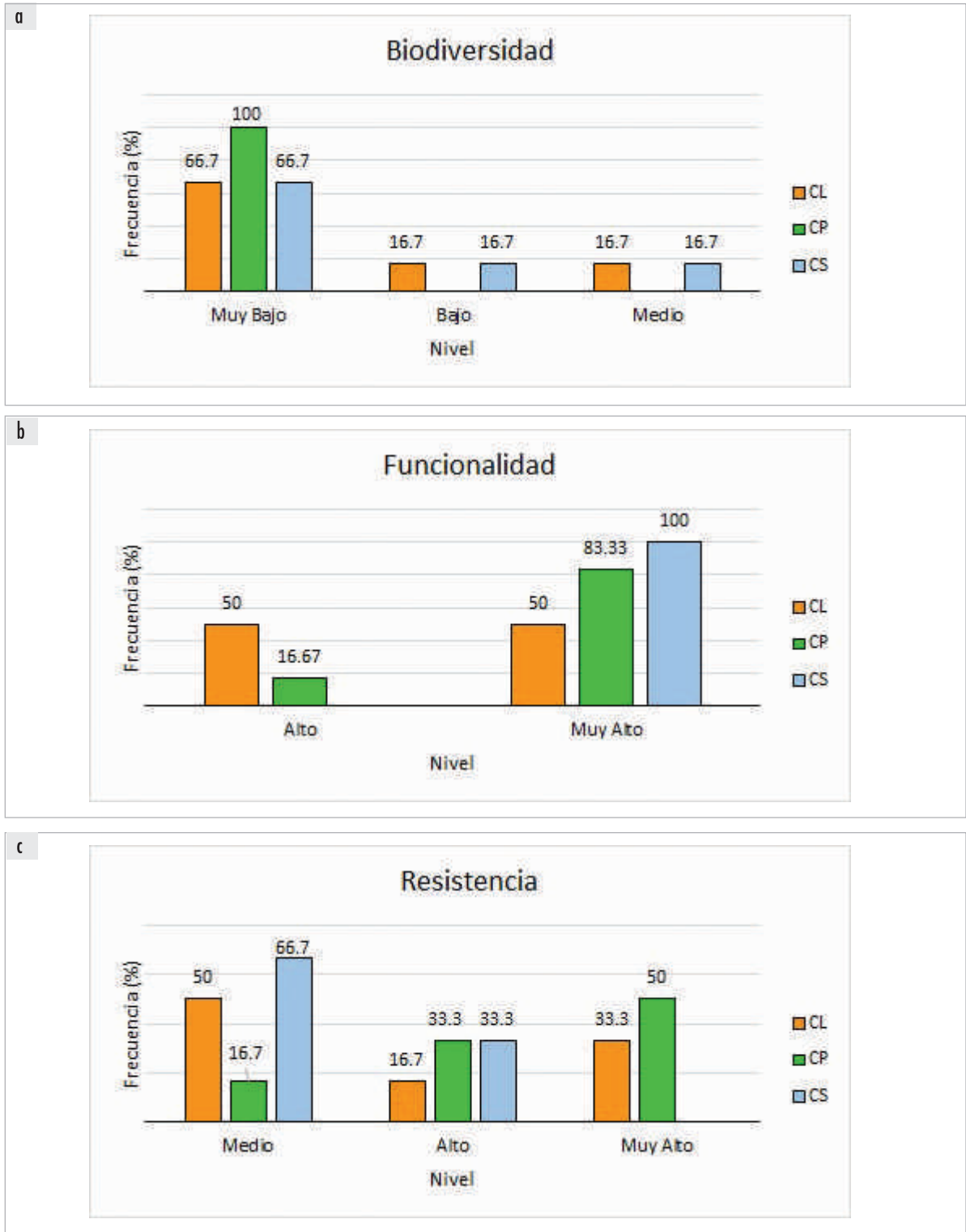


Figura 5. Índices de biodiversidad (a), funcionalidad (b) y resistencia (c).

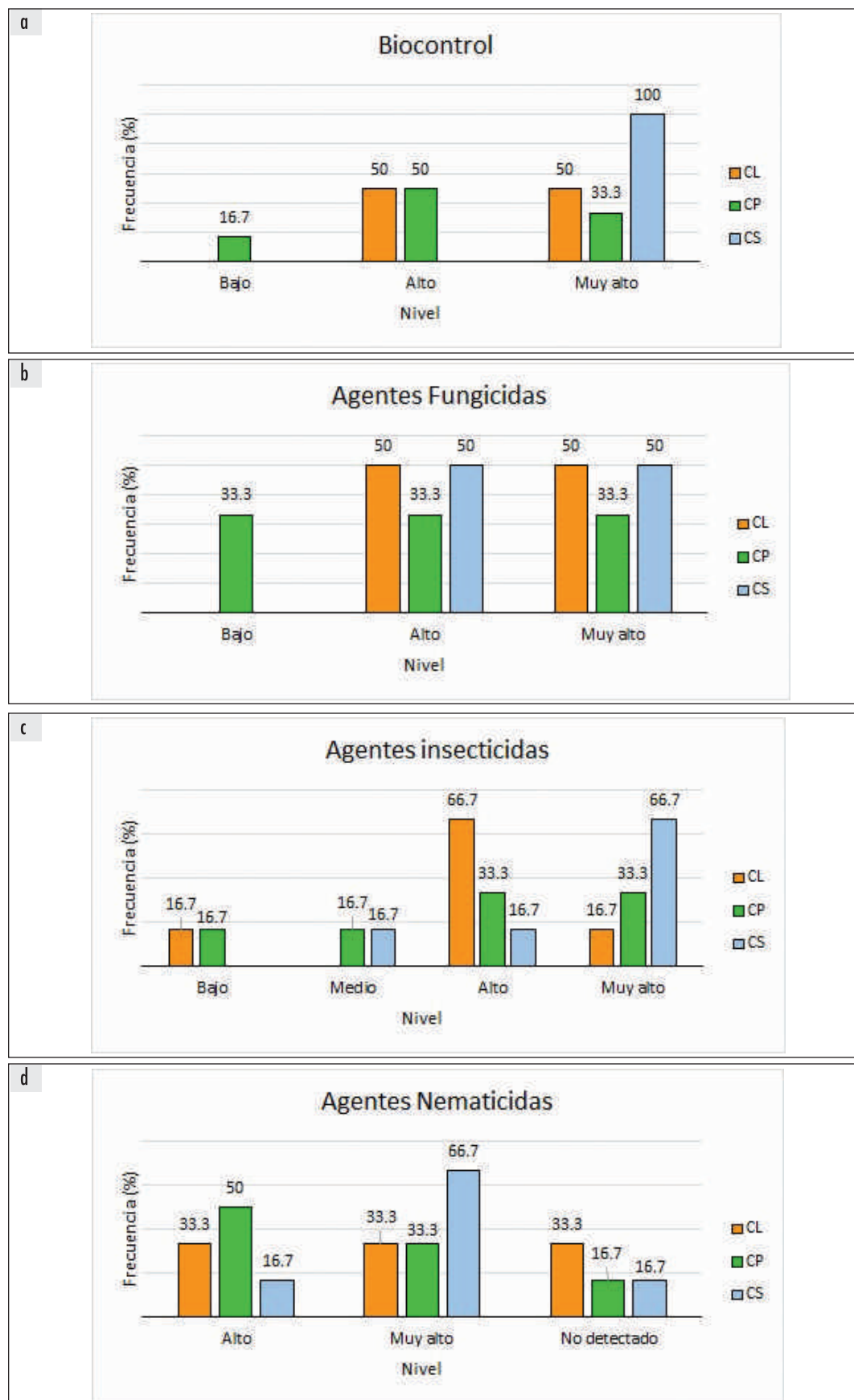


Figura 6. Índices de biocontrol (a), agentes fungicidas (b), agentes insecticidas (c) y agentes nematocidas (d).

La salubridad se refiere a la sanidad de los cultivos con respecto a los patógenos detectados utilizando indicadores epidemiológicos y la vulnerabilidad del ecosistema microbiano analizado. Este valor va de medio a muy alto. Los sistemas CL y CP presentaron índices de salubridad mayores que en el sistema CS (Figura 7a).

Los valores medios en el sistema CS indican la presencia de microorganismos que pueden provocar alguna enfermedad en el cultivo, en este caso podredumbre del rizoma y enfermedad de la plántula. La presencia de estos microorganismos no indica que el cultivo esté enfermo, sin embargo, se les debe prestar atención para evitar que se convierta en una amenaza para la producción.

Las especies microbianas *productoras de hormonas* se agrupan según el tipo de fitohormona que generan. Estas sustancias orgánicas son sintetizadas tanto por la planta como por los microbios formando una interacción y coexistencia. Las fitohormonas son imprescindibles para el crecimiento vegetal,

Los tres grupos considerados de producción de fitohormonas son *citoquininas*, *auxinas* y *giberelinas*. Este índice oscila de muy bajo a alto. En el sistema CS posee valores más altos en producción de hormonas que en los sistemas CL y CP (Figura 7b).

Para evaluar el estado nutricional del suelo se clasifican las vías de producción de elementos clave que tienen gran influencia en la nutrición del cultivo. Una de estas vías es la solubilización de P y K. El fósforo favorece el desarrollo de raíces y su deficiencia conduce al retraso del crecimiento. Mientras que si el potasio biodisponible es deficiente se puede alterar la asimilación de nitrógeno y metabolismo de fósforo, así como otras funciones del potasio como elemento esencial de las plantas. Los índices oscilan de alto a muy alto. Los índices son mayores en los sistemas CP y CS que en el sistema CL (Figuras 8a y 8b), lo cual indica que los sistemas CP y CS poseen mayor abundancia de microorganismos que participan en los procesos de solubilización de P y K.

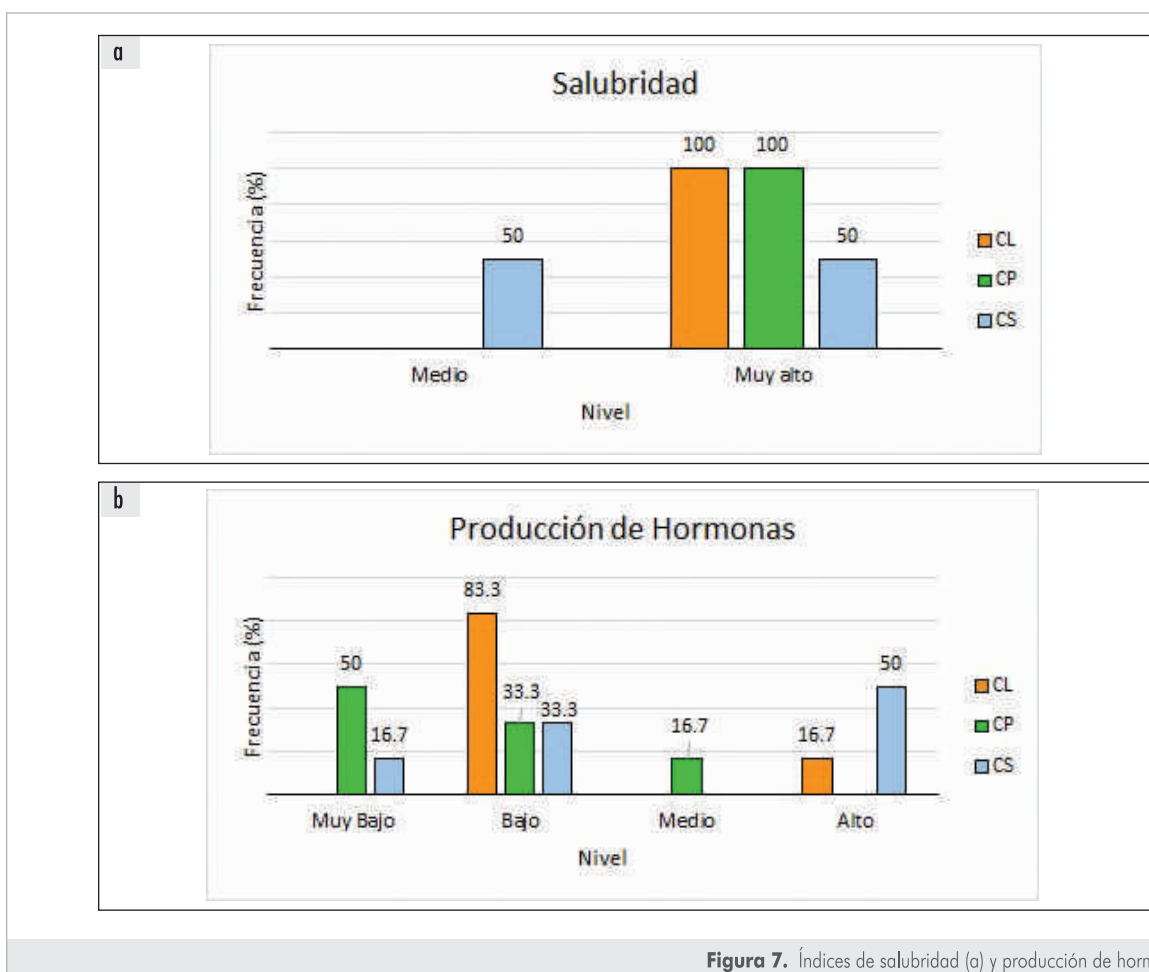


Figura 7. Índices de salubridad (a) y producción de hormonas (b).

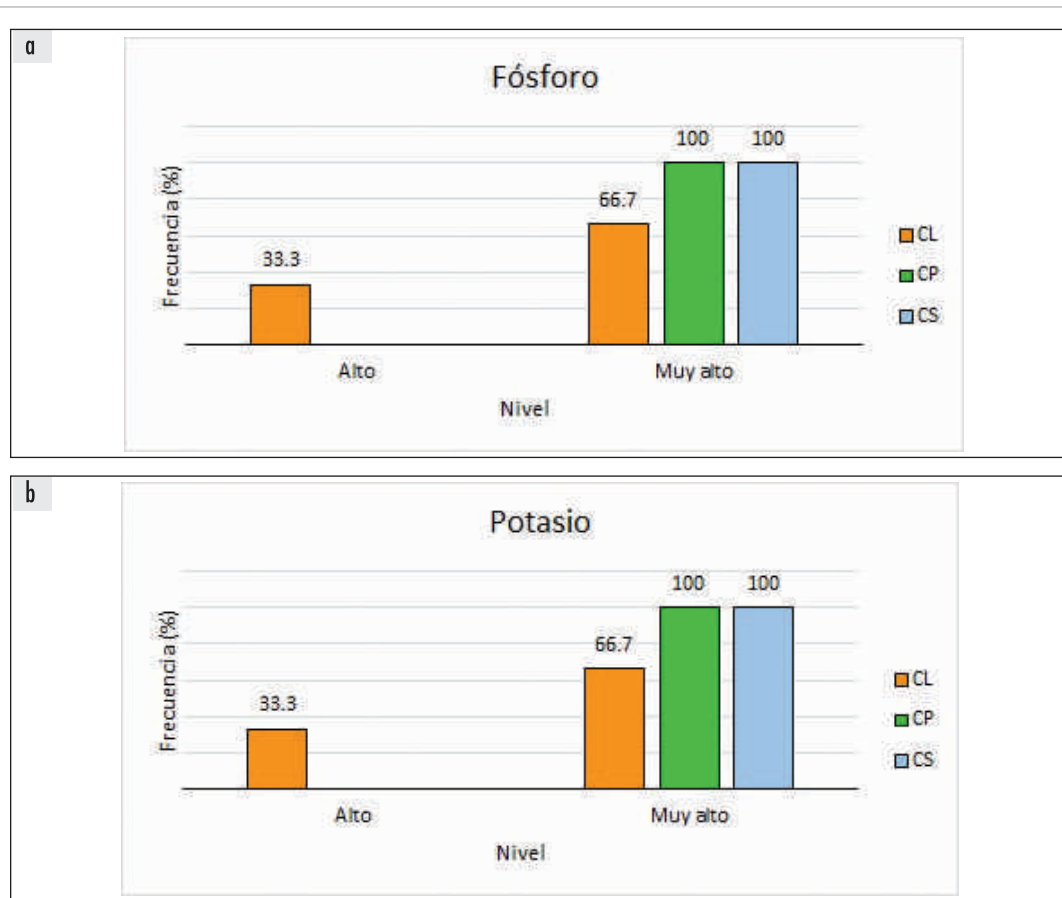


Figura 8. Índices de fósforo (a) y potasio (b).

CONCLUSIONES

- La diversidad microbiana como número total de especies presentes en las 6 muestras de cada sistema siguió el siguiente orden: CL > CS > CP. Estadísticamente no se encontró diferencia entre sistemas agroforestales.
- La riqueza y uniformidad de especies por sitio es baja, sin embargo, las comunidades microbianas presentes poseen alta capacidad de realizar múltiples funciones y buena adaptación al estrés, manteniendo el estado del suelo apto para un buen desarrollo del cultivo.
- El sistema CS posee un mejor índice de biocontrol de agentes fungicidas e insecticidas, seguido por el sistema CL el cual presenta mejor índice de agentes nematocidas.
- La abundancia de microorganismo involucrados en la solubilización de fósforo y potasio es muy alta en los sistemas CP y CS, mientras que oscila de alta a muy alta en sistema CL.
- El sistema CS mostró una mejor influencia en el microbioma del suelo, ya que a pesar de presentar diversidad similar a los otros sistemas también presenta alta funcionalidad y mejor respuesta ante patógenos.
- Entre los sistemas de producción bajo sombra, el sistema CL influye de mejor manera sobre el microbioma ya que presenta mayor diversidad, los índices de funcionalidad, resistencia y solubilización de P y K son aceptables y los índices de agentes de biocontrol son mayores.
- En general con los 14 índices evaluados el sistema CS presentó el 54% de mejores índices, CL el 46% y CP el 31%.
- Es necesario continuar con este tipo de estudios a fin de ampliar la base de datos y tener más evidencia para realizar mejores comparaciones entre sistemas.

AGRADECIMIENTOS

A los productores de cardamomo que apoyaron el estudio con la información sobre el manejo de sus plantaciones, así como el aporte de las muestras de suelo.

Al Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA, por sus siglas en inglés) por el financiamiento de este estudio a través del programa Consorcios Regionales de Investigación Agropecuaria (CRIA) (Contrato IICA-CRIA-043-2018),

ejecutado a través del Convenio de Cooperación Técnica y Administrativa 11-2015 suscrito entre el Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación -MAGA- y el Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura -IICA-.

Al Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura, por todo el apoyo, acompañamiento y seguimiento brindado durante la ejecución de este estudio.

BIBLIOGRAFÍA

- Agexport. (n.d.). Comité de Cardamomo. Recuperado el 23 de mayo de 2021, de <https://export.com.gt/publico/comite-de-cardamomo>.
- Aguado Santacruz, G. A., Moreno Gómez, B., Jiménez Francisco, B., García Moya, E., y Preciado Ortiz, R. E. (2012). Impacto de los sideróforos microbianos y fitosideróforos en la asimilación de hierro por las plantas: Una síntesis. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 35(1), 9-21. <https://doi.org/10.35196/rfm.2012.1.9>.
- Banco de Guatemala. (n.d.). Nota al comercio exterior año 2019. Recuperado el 18 de mayo de 2021, de: https://www.banguat.gob.gt/inc/ver.asp?id=/estaeco/ceie/CG/2019/nota_comercio_mensual.htm&e=143802.
- Caro-Quintero, A., González, C., Balbín-suárez, A., Wisniewski, M., Berg, G., Smalla, K., y Cotes, A. M. (2018). *Estudios del microbioma y su aplicación en el control biológico de fitopatógenos*. Editorial Agrosavia. (2), 260-286.
- Challacombe, J. F., Hesse, C. N., Bramer, L. M., Mccue, L. A., Lipton, M., Purvine, S., Nicora, C., Gallegos-graves, L. V., Porrás-alfaro, A., y Kuske, C. R. (2019). Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis. *Bioscience*. (20), 1-28.
- Coller, E., Cestaro, A., Zanzotti, R., Bertoldi, D., Pindo, M., Larger, S., Albanese, D., Mescalchin, E., y Donati, C. (2019). Microbiome of vineyard soils is shaped by geography and management. *Microbiome*. (7), 1-15.
- Durbin, R. D., y Alexander, M. (1962). Introduction to Soil Microbiology. *Journal of Range Management*. 15 (4), 235. <https://doi.org/10.2307/3895258>.
- Ferrera Cerrato, R., y Alarcón, A. (2001). La microbiología del suelo en la agricultura sostenible. *The Microbial Activity in the Agroecosystem*. *Ciencia ergo sum*. (8), 175-183.
- Imam, N., Belda, I., J. Duehl, A., R. Doroghazi, J., E. Almonacid, D., P. Thomas, V., y Acedo, A. (2021). Soil Microbial Composition and Structure Allow Assessment of Biological Product Effectiveness and Crop Yield Production. *BioRxiv*, (1), 1-37.
- Longley, R., Noel, Z. A., Benucci, G. M. N., Chilvers, M. I., Trail, F., y Bonito, G. (2020). Crop Management Impacts the Soybean (Glycine max) Microbiome. *Frontiers in Microbiology*. (11), 1-25.
- MAGA. (2014). Perfil comercial cardamomo. 22. <https://www.maga.gob.gt/download/Perfil%20cardamomo.pdf>
- Sánchez-Yanez, J.M, Marquez-Benavides, L., Lozano, L. L., y Fernández-Pavía, S. P. (2007). Los hongos fundamentales en la productividad del suelo. Instituto de investigaciones Químico-Biológicas. Universidad Microbiana de San Nicolás de Hidalgo. Morelia, Mich. México. Recuperado el 5 de mayo de 2021 de: https://www.researchgate.net/publication/339438629_Los_hongos_fundamentales_en_la_productividad_del_suelo.
- Martínez, M. M., Gutiérrez, V., y Novo, R. (2010). *Microbiología Aplicada al Manejo Sustentable de Suelos y Cultivos*. Santiago de Chile, Editorial Universidad técnica Federico de Santa María. Chile.
- Martínez, Z. E., Aguilar, E. E. Q., y Enríquez, G. R. (2017). Potencial biotecnológico de las actinobacterias aisladas de suelos de México como fuente natural de moléculas bioactivas: compuestos antimicrobianos y enzimas hidrolíticas. *Temas de Ciencia y tecnología*. (21), 39-51.
- Moreira Fátima M.S, Huising E. Jeroen, y Bignell David E. (2011). *Manual de biología de suelos tropicales: muestreo y caracterización de la biodiversidad bajo el suelo*. (243-280). Instituto nacional de ecología, primera edición. México.
- Muszewska, A., Pawlowska, J., y Krzysciak, P. (2014). Biology, systematics, and clinical manifestations of Zygomycota infections. Recuperado el 12 de mayo de 2021 de: <https://doi.org/10.1007/s10096-014-2076-0>.
- Nieva, A. S. del V. (2018). Estudio de la biodiversidad microbiana asociada con áreas edáficas marginales para la agricultura en la Pampa Deprimida (Buenos Aires, Argentina), bajo la influencia del monocultivo de *Lotus tenuis*. Tesis doctoral. Instituto Tecnológico de Chascomús, Universidad Nacional de San Martín. Argentina.
- Orius Biotech. (n.d.). Los microorganismos del suelo en la nutrición vegetal. Recuperado el 24 de mayo de 2021, de: https://www.oriusbiotech.com/escrito?nom=Los_microorganismos_del_suelo_en_la_nutricion_vegetal.
- Ramírez, L. R. (2013). Los basidiomicetos: una herramienta biotecnológica promisoría con impacto en la agricultura. *Fitosanidad*. (17), 49-55.
- Tan, X., Kan, L., Su, Z., Liu, X., y Zhang, L. (2019). The composition and diversity of soil bacterial and fungal communities along an urban-to-rural gradient in South China. *Forests*. (10), 1-16.
- Tanya Morocho, M., y Leiva-Mora, M. (2019). Microorganismos eficientes, propiedades funcionales y aplicaciones agrícolas. *Centro Agrícola*. (46), 93-103.
- Valencia-Cantero, E. (2020). Las bacterias en la fertilidad y productividad del suelo. *Acta Nova*. (1), 1-12.