

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN MARTÍN - TARAPOTO

ESCUELA DE POSGRADO

**PROGRAMA DE DOCTORADO EN PRODUCCIÓN VEGETAL Y
ECOSISTEMAS AGROFORESTALES**



**Análisis de la comunidad bacteriana en un suelo de bosque húmedo tropical
en San Martín**

**Tesis para optar el Grado Académico de Doctor en Producción Vegetal y
Ecosistemas Agroforestales**

AUTOR:

Guillermo Vásquez Ramírez

ASESOR:

Dr. Winston Franz Ríos Ruiz

CO - ASESOR:

Mbigo, M.Sc. Renzo Alfredo Valdez Núñez

Tarapoto - Perú

2021



Esta obra está bajo una [Licencia Creative Commons Atribución- NoComercial-Compartirigual 2.5 Perú](http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.5/pe/).

Vea una copia de esta licencia en <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.5/pe/>



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN MARTÍN – TARAPOTO

ESCUELA DE POSGRADO

**PROGRAMA DE DOCTORADO EN PRODUCCIÓN VEGETAL Y
ECOSISTEMAS AGROFORESTALES**



**Análisis de la comunidad bacteriana en un suelo de bosque húmedo tropical
en San Martín**

**Tesis para optar el Grado Académico de Doctor en Producción Vegetal y
Ecosistemas Agroforestales**

AUTOR:

Guillermo Vásquez Ramírez

ASESOR:

Blgo. Dr. Winston Franz Ríos Ruiz

CO-ASESOR:

Mblgo. M.Sc. Renzo Alfredo Valdez Núñez

Tarapoto-Perú

2021

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN MARTÍN – TARAPOTO

ESCUELA DE POSGRADO

**PROGRAMA DE DOCTORADO EN PRODUCCIÓN VEGETAL Y
ECOSISTEMAS AGROFORESTALES**



**Análisis de la comunidad bacteriana en un suelo de bosque húmedo tropical
en San Martín**

**Tesis para optar el Grado Académico de Doctor en Producción Vegetal y
Ecosistemas Agroforestales**

AUTOR:

Guillermo Vásquez Ramírez

ASESOR:

Dr. Winston Franz Ríos Ruiz

CO-ASESOR:

Mblgo. M.Sc. Renzo Alfredo Valdez Núñez

Tarapoto-Perú

2021

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN MARTÍN – TARAPOTO

ESCUELA DE POSGRADO

PROGRAMA DE DOCTORADO EN PRODUCCIÓN VEGETAL Y ECOSISTEMAS AGROFORESTALES

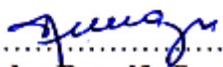


**Análisis de la comunidad bacteriana en un suelo de bosque húmedo tropical
en San Martín**

AUTOR:

Guillermo Vásquez Ramírez

Sustentada y aprobada el 17 de setiembre del 2021, por el siguiente jurado:


.....
Dr. Carlos Rengifo Saavedra
Presidente


.....
Dra. Gabriela Del Pilat Palomino Alvarado
Secretaria


.....
Dr. Enrique Arevalo Gardini
Miembro


.....
Blgo. Dr. Winston Franz Ríos Ruíz
Asesor

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN MARTÍN – TARAPOTO

ESCUELA DE POSGRADO

**PROGRAMA DE DOCTORADO EN PRODUCCIÓN VEGETAL Y
ECOSISTEMAS AGROFORESTALES**



**Análisis de la comunidad bacteriana en un suelo de bosque húmedo tropical
en San Martín**

**Tesis para optar el Grado Académico de Doctor en Producción Vegetal y
Ecosistemas Agroforestales**

**El suscrito y asesor declaran que el presente trabajo de tesis es original, en su
contenido y forma.**

.....
Ing. M.Sc. Guillermo Vásquez Ramírez

Ejecutor

.....
Blgo. Dr. Winston Franz Ríos Ruíz

Asesor

Declaratoria de autenticidad

Guillermo Vásquez Ramírez, con DNI N° 01065187, egresado de la Escuela de Posgrado, Programa de Doctorado en Producción Vegetal y Ecosistemas Agroforestales de la Universidad Nacional de San Martín - Tarapoto, autor de la tesis titulada: **Análisis de la comunidad bacteriana en un suelo de bosque húmedo tropical en San Martín.**

Declaro bajo Juramento:

1. La Tesis presentada es de mi autoría
2. La redacción se ha realizado, teniendo en cuenta las citas y referencias bibliográficas para las fuentes de consulta.
3. La información plasmada en esta tesis, no fue auto plagiada
4. Los datos en los resultados son reales, no fueron alterados, ni copiados; por lo tanto, la información de esta investigación debe considerarse como aporte a la realidad investigada.

Por lo antes mencionado, asumo la responsabilidad y las posibles consecuencias de mi accionar deriven, sometiéndome a las normas vigentes de la Universidad Nacional de San Martín. - Tarapoto.

Tarapoto, 23 de junio de 2021.



.....
Ing. M.Sc. Guillermo Vásquez Ramírez

DNI N° 01065187

Formato de autorización NO EXCLUSIVA para la publicación de trabajos de investigación, conducentes a optar grados académicos y títulos profesionales en el Repositorio Digital de Tesis

1. Datos del autor:

Apellidos y nombres: <i>GUILLERMO VÁSQUEZ RAMÍREZ</i>	
Doctorado / Maestría / Segunda Especialidad: <i>DOCTORADO</i>	Teléfono: <i>943156128</i>
Correo electrónico : <i>gvasquez@unsm.edu.pe</i>	DNI: <i>01065187</i>

(En caso haya más autores, llenar un formulario por autor)

2. Datos Académicos

Facultad de: <i>CIENCIAS AGRARIAS</i>
Programa de: <i>PRODUCCIÓN VEGETAL Y ECOSISTEMAS AGROFORESTALES</i>

3. Tipo de trabajo de investigación

Tesis	(<input checked="" type="checkbox"/>)	Trabajo de investigación	(<input type="checkbox"/>)
Trabajo de suficiencia profesional	(<input type="checkbox"/>)		

4. Datos del Trabajo de investigación

Título : <i>ANÁLISIS DE LA COMUNIDAD BACTERIANA EN UN SUELO DE BOSQUE HÚMEDO TROPICAL EN SAN MARTÍN.</i>
Año de publicación: <i>2021</i>

5. Tipo de Acceso al documento

Acceso público *	(<input checked="" type="checkbox"/>)	Embargo	(<input type="checkbox"/>)
Acceso restringido **	(<input type="checkbox"/>)		

Si el autor elige el tipo de acceso abierto o público, otorga a la Universidad Nacional de San Martín – Tarapoto, una licencia **No Exclusiva**, para publicar, conservar y sin modificar su contenido, pueda convertirla a cualquier formato de fichero, medio o soporte, siempre con fines de seguridad, preservación y difusión en el Repositorio de Tesis Digital. Respetando siempre los Derechos de Autor y Propiedad Intelectual de acuerdo y en el Marco de la Ley 822.

En caso que el autor elija la segunda opción, es necesario y obligatorio que indique el sustento correspondiente:

6. Originalidad del archivo digital.

Por el presente dejo constancia que el archivo digital que entrego a la Universidad Nacional de San Martín - Tarapoto, como parte del proceso conducente a obtener el título profesional o grado académico, es la versión final del trabajo de investigación sustentado y aprobado por el Jurado.

7. Otorgamiento de una licencia *CREATIVE COMMONS*

Para investigaciones que son de acceso abierto se les otorgó una licencia *Creative Commons*, con la finalidad de que cualquier usuario pueda acceder a la obra, bajo los términos que dicha licencia implica

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.5/pe/>

El autor, por medio de este documento, autoriza a la Universidad Nacional de San Martín - Tarapoto, publicar su trabajo de investigación en formato digital en el Repositorio Digital de Tesis, al cual se podrá acceder, preservar y difundir de forma libre y gratuita, de manera íntegra a todo el documento.

Según el inciso 12.2, del artículo 12º del Reglamento del Registro Nacional de Trabajos de Investigación para optar grados académicos y títulos profesionales - RENATI "Las universidades, instituciones y escuelas de educación superior tienen como obligación registrar todos los trabajos de investigación y proyectos, incluyendo los metadatos en sus repositorios institucionales precisando si son de acceso abierto o restringido, los cuales serán posteriormente recolectados por el Repositorio Digital RENATI, a través del Repositorio ALICIA".



Firma y huella del Autor

8. Para ser llenado en el Repositorio Digital de Ciencia, Tecnología e Innovación de Acceso Abierto.

Fecha de recepción del documento:

14/10/2021



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN MARTÍN - T.
Repositorio Digital de Ciencia, Tecnología e
Innovación de Acceso Abierto - UNSM-T.



Ing. M. Sc. Alfredo Ramos Perea
Responsable

***Acceso abierto:** uso lícito que confiere un titular de derechos de propiedad intelectual a cualquier persona, para que pueda acceder de manera inmediata y gratuita a una obra, datos procesados o estadísticas de monitoreo, sin necesidad de registro, suscripción, ni pago, estando autorizada a leerla, descargarla, reproducirla, distribuirla, imprimirla, buscarla y enlazar textos completos (Reglamento de la Ley No 30035).

** **Acceso restringido:** el documento no se visualizará en el Repositorio.

Dedicatoria

A la memoria de mi querida madre Matilde QEPDDG quien desde donde está ilumina mis pasos.

A mi amada esposa Irma, con todo el amor por su permanente compañía, motivación y apoyo.

A Ivone, Juan Alejandro y Karla Patricia, mis adorados hijos.

Agradecimiento

A nuestro Señor Dios por la vida y procura en fortalecernos día a día.

A la Universidad Nacional de San Martín-Tarapoto, Facultad de Ciencias Agrarias que facilitó los servicios del Laboratorio natural Centro Académico de Investigación y Ecoturismo Biodiversidad, así como; los laboratorios de Biología y Genética Molecular, Microbiología Agrícola, Análisis de Derivados Apícolas (LADA) y personal de cada uno.

Al Dr. Gregorio José Arone Gaspar, mentor y guía en la presente Tesis, gracias amigo.

Al Dr. Winston Franz Ríos Ruíz, Asesor de la Tesis y orientador de la ruta a seguir.

A la Ing. Ivone Vásquez Briones, por su inquebrantable apoyo en todas las etapas.

Al Ing. M.Sc. Marvin Barrera Lozano, su incondicional apoyo fue pieza clave.

Al Blgo. MSc. Renzo A. Núñez, Coasesor del trabajo de investigación.

Al Ing. MSc. Mike Anderson Corazón Guivin, apoyo fundamental con su experiencia.

Al Dr. Javier Ormeño Luna, por su apoyo, oportunas observaciones y alcances.

Al Dr. Jaime Alvarado Ramírez, quien siempre estuvo expectante a prestarnos su apoyo.

Al Dr. César Chappa Santa María, por su constante apoyo.

A la Ing. Ana María Abad, por sus orientaciones técnicas de laboratorio.

Al Técnico Forestal José Macedo R, guía forestal durante el trabajo de investigación.

Al Ing. José Wong Villacorta, por su permanente y desinteresado apoyo.

Al Técnico Armando Arévalo, por sus desprendidas atenciones en el Laboratorio.

Al Bach. Roger Cabrera C. por su apoyo diverso.

Al Bachiller Maykson Culqui, Werlin Paredes L, Marcos Isuiza y a todos los jóvenes que estuvieron presentes en las duras jornadas de campo en “El bosque Biodiversidad”.

A la Universidad Politécnica de Valencia – España y plana docente por su dedicación en nuestra formación en sus instalaciones y a todos mis compañeros promoción de traslado y a quienes luego nos acompañaron en la E.P.G. de la Universidad Nacional de San Martín en el doctorado mención “Producción Vegetal y Ecosistemas Agroforestales”, gratitud por siempre.

Índice general

Dedicatoria	vii
Agradecimiento	viii
Índice general	ix
Índice de tablas	xv
Índice de figuras	xviii
Listado de siglas o abreviaturas	xxiii
Resumen	xxv
Abstract	xxvi
Introducción	1
CAPÍTULO I	3
REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	3
1.1. Suelo, bosque y microorganismos en relación a la comunidad bacteriana	3
1.1.1. El bosque y la comunidad microbiana	3
1.1.2. El bosque húmedo tropical	4
1.1.3. La comunidad microbiana en el suelo	6
1.1.3.1. El suelo y la comunidad bacteriana	8
1.1.4. Importancia de los microorganismos del suelo	9
1.2. Factores climáticos y altitudinales y la comunidad bacteriana en el suelo	11
1.3. Análisis de la comunidad bacteriana	13
1.3.1. Diversidad bacteriana del suelo y sistemas de estudio	13
1.3.2. Estudio de la diversidad bacteriana basada en métodos no dependientes de cultivo microbiano.	14
1.3.3. Metagenómica	14
1.3.4. Marcador filogenético universal: El gen 16S rRNA	15
1.3.5. Preparación de la librería del ADN	16
1.3.6. Índices de diversidad Alfa y Beta en comunidades bacterianas	16
CAPÍTULO II	19
MATERIAL Y MÉTODOS	19
2.1. Material	19

2.1.1. Localización geográfica del estudio	19
2.1.2. Factores climáticos y altitudinales de la zona de estudio	21
2.1.3. Distribución espacial de la Biodiversidad de la UNSM	21
2.2. Metodología de la investigación	22
2.2.1. Tipo de investigación	22
2.2.2. Nivel de investigación	22
2.2.3. Diseño de la investigación	22
2.3. Población y muestra	23
2.3.1. Población	23
2.3.2. Muestra	23
2.3.3. Muestreo	24
2.4. Metodología experimental	25
2.4.1. Determinación del índice de diversidad Alpha y Beta de la Biodiversidad de la UNSM	25
2.4.2. Caracterización del suelo del Bosque Biodiversidad de la UNSM	26
2.5. Obtención de ADN metagenómico del suelo del bosque de la Biodiversidad	28
2.5.1. Preparación de las muestras del suelo	28
2.5.2. Extracción de ADN metagenómico de suelo del bosque húmedo tropical de San Martín	30
2.5.3. Comprobación de ADN de las muestras de suelo mediante electroforesis	33
2.6. Secuenciamiento de las bacterias (gen 16S rRNA) en la plataforma de Illumina Miseq	34
2.6.1. Materiales, reactivos y equipos utilizados	35
2.6.1.1. Materiales utilizados en actividades de campo	35
2.6.1.2. Reactivos utilizados en laboratorio	35
2.6.1.3. Equipos utilizados en laboratorio	35
2.6.1.4. Diagrama de flujo de actividades de la investigación	36
2.6.2. Unión de secuencias (Forward y Reverso)	36
2.6.3. Remoción de secuencias ambiguas de la base	36
2.6.4. Edición de la calidad de ADN (Q30)	37
2.6.5. Edición de cluster	37
2.6.6. Alineamiento de frecuencias	37
2.6.7. Clasificación de secuencias y composición bacteriana	37

2.6.8. Análisis de diversidad Alpha y Beta	37
2.6.9. Análisis comparativo de la estructura de las poblaciones bacterianas	38
2.6.10. Actividades biológicas de los géneros bacterianos identificados	38
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	39
3.1. Determinación del índice de diversidad Alpha y Beta de la Biodiversidad de la UNSM	39
3.1.1. Comportamiento con estimadores de la diversidad biológica de las especies del bosque biodiversidad de la UNSM	39
3.1.2. Distribución de especies por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM	45
3.1.3. Distribución de especies únicas por zona y entre zonas del bosque biodiversidad de la UNSM.	45
3.1.4. Especies diferenciadas en cantidad por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM	47
3.2 Caracterización del suelo del bosque húmedo tropical de San Martín.....	47
3.2.1. Análisis de los resultados de la caracterización del suelo procedente del bosque húmedo tropical en el bosque biodiversidad de la UNSM en cada una de las zonas (Zona Alta, Zona Media y Zona Baja) desde el punto de vista de su contenido físico químico e interrelaciones.	50
3.2.1.1. Suelos de la Zona Alta del bosque biodiversidad de la UNSM	50
3.2.1.2. Suelos de la Zona Media del bosque biodiversidad de la UNSM	51
3.2.1.3. Suelos Zona Baja del bosque biodiversidad de la UNSM	52
3.2.1.4. Análisis estadístico de los resultados de la caracterización del suelo procedente del bosque húmedo tropical en el bosque biodiversidad de la UNSM en cada una de las zonas (Zona Alta, Zona Media y Zona Baja).	54
3.3. Biodiversidad bacteriana del suelo procedente de un bosque húmedo tropical de San Martín	55
3.3.1. Presencia de ADN metagenómico de muestras de suelo en geles de agarosa con la técnica de la Electroforesis de ADN	55
3.3.2. Cuantificación de ADN metagenómico del suelo procedente de la zona alta, media y baja de un bosque húmedo tropical de San Martín cuantificado empleando el Nanodrop One	57

3.3.3. Procesamiento y análisis de secuencias de ADN procedentes de la plataforma de Illumina – Miseq	58
3.3.3.1. Alineamiento de frecuencias	58
3.3.3.2. Edición del clúster	59
3.3.3.3. Análisis de los índices de Diversidad bacteriana de las muestras de suelo procedente de un bosque húmedo tropical de San Martín	72
3.3.3.4. Análisis estadístico para Diversidad Bacteriana	74
3.3.3.4.1. Resumen de resultados del análisis estadístico para Diversidad Bacteriana	78
3.3.3.5. Curva de rarefacción	81
3.3.3.6. Análisis comparativo de secuencias de ADN del gen 16s rRNA procedente de la zona alta, media y baja del suelo en un bosque húmedo tropical de San Martín	81
3.3.3.7. Actividades biológicas en las que participan los diferentes géneros de bacterias del bosque húmedo tropical de San Martín.	85
3.3.3.7.1. Géneros bacterianos implicados en la fijación del Nitrógeno	86
3.3.3.7.2. Géneros bacterianos solubilizadores de Fósforo	88
3.3.3.7.3. Géneros bacterianos solubilizadores de Potasio	89
3.3.3.7.4. Géneros bacterianos implicados en biocontrol	90
3.3.3.7.5. Géneros bacterianos implicados en la producción de fitohormonas	91
3.3.3.7.6. Géneros bacterianos productores de sideróforos	92
3.3.3.7.7. Géneros bacterianos productores de ACC - desaminasa	93
3.3.3.7.8. Géneros distribuidos en las zonas A, M y B versus actividades biológicas en las que participan en un bosque húmedo tropical de San Martín.	95
3.3.3.7.8.1. Resumen de cantidad de géneros de bacterias participantes en las actividades biológicas en un bosque húmedo Tropical de San Martín.	97
3.3.3.7.9. Correlación entre las características físicas y químicas del suelo, composición florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias en cada una de las zonas (A, M y B) a través de un análisis multivariable en el bosque húmedo tropical de San Martín.	97
3.3.3.7.9.1. Géneros fijadores de Nitrógeno (N)	98
3.3.3.7.9.2. Géneros Solubilizadores de Fósforo (P)	101
3.3.3.7.9.3. Géneros Solubilizadores de Potasio (K)	104
3.3.3.7.9.4. Géneros Biocontroladores	108

3.3.3.7.9.5. Géneros Productores de Fitohormonas	111
3.3.3.7.9.6. Géneros Productores de Sideróforos	114
3.3.3.7.9.7. Géneros Productores de ACC-Desaminasa	177
CONCLUSIONES	121
RECOMENDACIONES	124
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	125
ANEXOS	138
Anexo 1. Características climáticas de la zona de estudio	139
Anexo 2. Inventario de Flora por zonas (A, M y B)	142
Anexo 3. Estadística de la Flora	147
Anexo 4. Estadística de la Diversidad Bacteriana	155
Anexo 5. Caracterización de suelos: Interpretación y comentarios del Dr. Oscar Loli Figueroa.	162
Anexo 6. Vistas fotográficas para cada etapa del proceso de la toma de muestra	165
Anexo 7. Protocolos	166
Anexo 8. Comprobación de las muestras de ADN	168
Anexo 9. Protocolo para cargar las muestras ADN en gel de agarosa	169
Anexo 10. Cuantificación del ADN metagenómico	170
Anexo 11. Resultados de análisis de biodiversidad	174

Índice de tablas

Tabla 1. Índices de diversidad Simpson y Shannon que indican uniformidad de microorganismos en el nivel de género.....	17
Tabla 2. Índices de diversidad de los genes funcionales observados en nuestros metagenomas R1, R2, B1, B2.....	18
Tabla 3. Distribución de espacios muestrales.....	22
Tabla 4. Ubicación de las parcelas de estudio en la Biodiversidad de la UNSM.....	24
Tabla 5. Codificación de las muestras de suelo.....	28
Tabla 6. Humedad (%) de la muestra de suelo de bosque húmedo tropical para obtención de ADN metagenómico.....	29
Tabla 7. Muestras seleccionadas para realizar la extracción de ADN.....	30
Tabla 8. Porcentaje de eficiencia por estimador.....	40
Tabla 9. Resultados del análisis de biodiversidad del bosque húmedo tropical de San Martín – Índice de Simpson.....	40
Tabla 10. Resultados del análisis de biodiversidad del bosque húmedo tropical de San Martín – Índice de Simpson.....	41
Tabla 11. Inventario de especies de la flora del bosque biodiversidad de la UNSM.	42
Tabla 12. Especies y número de plantas por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM.....	45
Tabla 13. Distribución de especies únicas por zonas y entre zonas del bosque biodiversidad de la UNSM.....	46
Tabla 14. Especies diferenciadas en cantidad por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM.....	47
Tabla 15. Caracterización del suelo del bosque húmedo tropical de San Martín.....	49
Tabla 16. Concentración de ADN metagenómico cuantificado mediante el Nanodrop One.....	57
Tabla 17. Número de secuencias de ADN totales, calificadas y normalizadas de muestras de suelo de bosque húmedo tropical de San Martín.	58
Tabla 18. Secuencias obtenidas por zonas de muestreo.....	60
Tabla 19. Número de géneros de bacterias obtenidos por Zona de muestreo.....	60
Tabla 20. Población de Phylum bacteriano del suelo de un bosque húmedo tropical de San Martín.....	63

Tabla 21. Población de géneros bacterianos del suelo de un bosque húmedo tropical de San Martín.....	64
Tabla 22. Análisis de diversidad por zona de muestreo	72
Tabla 23. Análisis de diversidad beta.....	72
Tabla 24. Índice de diversidad bacteriana procedente de las muestras de suelo de un bosque húmedo tropical de San Martín.....	73
Tabla 25. Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona media a nivel de Phylum.....	82
Tabla 26. Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona media a nivel de género	82
Tabla 27. Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona baja a nivel de Phylum.....	83
Tabla 28. Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona baja a nivel de género.	83
Tabla 29. Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona media vs zona baja a nivel de phylum.	84
Tabla 30. Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona media vs zona baja a nivel de género.....	84
Tabla 31. Géneros bacterianos solubilizadores de nitrógeno	86
Tabla 32. Géneros bacterianos implicados en el ciclo del Fósforo	88
Tabla 33. Géneros bacterianos implicados en el ciclo del potasio	89
Tabla 34. Géneros bacterianos implicados en biocontrol.....	90
Tabla 35. Géneros bacterianos implicados en la producción de fitohormonas	91
Tabla 36. Géneros bacterianos productores de sideróforos.....	92
Tabla 37. Géneros bacterianos productores de ACC - desaminasa.....	93
Tabla 38. Géneros distribuidos en las zonas A, M y B versus actividades biológicas en las que participan en un bosque húmedo tropical de San Martín.....	95
Tabla 39. Géneros de bacterias participantes en las actividades biológicas en un bosque húmedo Tropical de San Martín.	97
Tabla 40. Data Meteorológica 2017 Estación Chazuta (SENAMHI)	139
Tabla 41. Data Meteorológica 2018 Estación Chazuta (SENAMHI)	139
Tabla 42. Data Meteorológica 2019 Estación Chazuta (SENAMHI)	140
Tabla 43. Data Meteorológica 2020 Estación Chazuta (SENAMHI)	140

Tabla 44. Data Meteorológica 2021 Estación Chazuta (SENAMHI)	141
Tabla 45. Análisis de la varianza para el pH	147
Tabla 46. Análisis de la Varianza para la M.O. (%).....	148
Tabla 47. Análisis de la Varianza para el % de arena	149
Tabla 48. Análisis de la Varianza para el % de limo.....	150
Tabla 49. Análisis de la Varianza para el % de arcilla	151
Tabla 50. Análisis de la Varianza para la CIC	152
Tabla 51. Análisis de la Varianza para la suma de bases	153
Tabla 52. Análisis de la Varianza para el % de bases	154
Tabla 53. Análisis de la varianza para la Diversidad bacteriana de índices por zonas ...	155
Tabla 54. Productos y cantidades utilizados.....	168
Tabla 55. Concentración de ADN metagenómico de suelo de tres zonas de muestreo	170
Tabla 56. Análisis de la Varianza para la concentración de ADN (ng/ µl)	171

Índice de figuras

Figura 1. Ubicación del área de estudio	20
Figura 2. Representación gráfica de variables.....	23
Figura 3. Diseño de la parcela para obtención de muestras de suelo en el Bosque de la Biodiversidad de la UNSM	24
Figura 4. Codificación de puntos de colecta de muestras en las parcelas del Bosque Biodiversidad.	27
Figura 5. Secuenciación completa del genoma (WGS).....	34
Figura 6. Diagrama de flujo de actividades de la investigación.....	36
Figura 7. Curva de acumulación de especies de muestreo de flora en el CAIE Biodiversidad de UNSM.....	39
Figura 8. Distribución de especies por zonas y entre zonas del bosque biodiversidad de la UNSM.	46
Figura 9. Corrida electroforética del ADN de las submuestras pertenecientes a las zonas alta (A) y media (M)	55
Figura 10. Corrida electroforética de ADN de las submuestras 2 y 3 de las muestras pertenecientes a las zonas alta (A) y media (M).....	56
Figura 11. Corrida electroforética de ADN las submuestras 1, 2 y 3 de las muestras pertenecientes a la zona baja (B) y 2 y 3 pertenecientes a la zona media (M).....	56
Figura 12. Corrida electroforética de las muestras 1, 2 y 3 pertenecientes a las zonas alta (A), baja (B) y media (M)	56
Figura 13. ADN Metagenómico, forma como se envió al laboratorio de FISABIO Valencia - España	57
Figura 14. Alineamiento de secuencias de la posición inicial y final del gen 16S rRNA mediante el comando “Aligner” de la plataforma RDP 11 de las muestras procedente de un suelo de bosque húmedo tropical de San Martín.	59
Figura 15. Agrupamiento (Clustering) de secuencias de ADN mediante el software Vsearch al 97% de similitud de las muestras que proceden de un suelo de bosque húmedo tropical de San Martín.	59
Figura 16. Microbiota encontrada en las muestras de suelo.....	61

Figura 17. Géneros identificados en las muestras de suelo procedente de la zona alta, media y baja de un bosque húmedo tropical de San Martín	62
Figura 18. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas.....	74
Figura 19. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (9 tratamientos).....	75
Figura 20. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas.	75
Figura 21. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas.	76
Figura 22. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas.....	76
Figura 23. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice CHAO_1 por Zonas	77
Figura 24. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Dominance D por Zonas	77
Figura 25. Regresión para la composición florística por zonas.....	78
Figura 26. Regresión para el número de especies por zona.....	79
Figura 27. Regresión para la Diversidad bacteriana por zona.....	79
Figura 28. Dendograma por conglomerados multivariados para índices de Diversidad Bacteriana con zonas, diversidad bacteriana y diversidad florística.	80
Figura 29. Curva de rarefacción del número de OTUs de las muestras de suelo al 97.0% de similitud de un bosque húmedo tropical de San Martín	81
Figura 30. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros fijadores de Nitrógeno para la zona alta (A)	98
Figura 31. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros fijadores de Nitrógeno para la zona media (M)	99
Figura 32. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros fijadores de Nitrógeno para la zona baja (B)	100
Figura 33. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Fósforo para la zona alta (A).....	101

- Figura 34. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Fósforo para la zona media (M) 102
- Figura 35. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Fósforo para la zona baja (B) 103
- Figura 36. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Potasio para la zona alta (A) 105
- Figura 37. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Potasio para la zona media (M) 106
- Figura 38. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Potasio para la zona baja (B) 107
- Figura 39. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros biocontroladores para la zona alta (A) 108
- Figura 40. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros biocontroladores para la zona media (M) 109
- Figura 41. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros biocontroladores para la zona baja (B) 110
- Figura 42. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de fitohormonas zona alta (A) 111
- Figura 43. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de fitohormonas zona media (M) 112
- Figura 44. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de fitohormonas zona baja (B) 113
- Figura 45. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de sideróforos zona alta (A) 114
- Figura 46. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de sideróforos zona media (M) 115
- Figura 47. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de sideróforos zona baja (B) 116
- Figura 48. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de ACC-Desaminasa zona alta (A) 117
- Figura 49. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de ACC-Desaminasa zona media (M) 118

Figura 50. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de ACC-Desaminasa zona baja (B).....	119
Figura 51. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de pH por tratamiento.	147
Figura 52. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de M.O. (%) por tratamiento.....	148
Figura 53. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arena por tratamiento.	149
Figura 54. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de limo por tratamiento	150
Figura 55. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arcilla por tratamiento.....	151
Figura 56. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la CIC por tratamiento.....	152
Figura 57. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la suma de bases por tratamiento.	153
Figura 58. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de saturación de bases por tratamiento.....	154
Figura 59. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FA: Índices.....	155
Figura 60. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas.....	156
Figura 61. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (9 tratamientos).....	157
Figura 62. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Baja.....	157
Figura 63. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Media.....	158
Figura 64. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Alta.	159
Figura 65. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas.	159

Figura 66. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas.	160
Figura 67. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas.	161
Figura 68. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) en los niveles del FA: Zonas.....	171
Figura 69. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) en los niveles del FB: Muestras.	172
Figura 70. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) por tratamiento (combinaciones).	172
Figura 71. Efecto de la interacción de los promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) en las Zonas (FA) dentro de las Muestras (FB).	173
Figura 72. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FA: Índices.....	180
Figura 73. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas.....	181
Figura 74. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (9 tratamientos).....	181
Figura 75. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Baja.....	182
Figura 76. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Media.....	182
Figura 77. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Alta.	183
Figura 78. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas.	183
Figura 79. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas.	184
Figura 80. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas.	184

Listado de siglas o abreviaturas

ACR: Área de Conservación Regional.

ADN: Ácido Desoxirribonucleico.

ANOSIM: Análisis de Similitudes.

ARN: Ácido Ribonucleico.

ARNr: Ácido Ribonucleico Ribosómico.

BGCI: Botanic Gardens Conservation International.

CAIE: Centro de Aplicación de Investigación Experimental.

CE: Conductividad Eléctrica.

CIC: Capacidad de Intercambio Catiónico.

CINEA: Agencia Ejecutiva Europea de Clima, Infraestructuras y Medio Ambiente.

CONCYTEC: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica.

DGGE: Electroforesis en Gel con Gradiente de Desnaturalización.

EDTA: Ácido Etilendiaminotetraacético.

ENBCC: Estrategia Nacional sobre Bosques y Cambio Climático.

EPA: Agencia de Protección Ambiental de Estados Unidos.

FAO: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura.

K: Potasio.

LBGM: Laboratorio de Biología y Genética Molecular de la Universidad Nacional de San Martín (Tarapoto).

MO: Materia Orgánica.

N: Nitrógeno.

OTUs: Unidades Taxonómicas Operativas.

P: Fósforo.

PCR: Reacción en Cadena de la Polimerasa.

pH: Potencial de Hidrógeno.

PNUMA: Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente.

PLFA: Ácidos Grasos Derivados de Fosfolípidos.

PEHCBM: Proyecto Especial Huallaga Central y Bajo Mayo.

PPM: Partes por Millón.

qPCR: PCR en Tiempo Real.

RAPD: Amplificación Aleatoria de ADN Polimórfico.

RDP: Ribosomal Data Base Project.

RPM: Revoluciones por Minuto.

SDS: Sodio Dodecil Sulfato.

SENAMHI: Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú.

TAE: Tris-acetato-EDTA.

T-RFLP: Polimorfismo de Longitud de Fragmento de Restricción Terminal.

UE: Zona de Uso Especial.

UICN: Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza.

UNALM: Universidad Nacional Agraria la Molina.

UNSM: Universidad Nacional de San Martín.

UTM: Sistema de coordenadas universal transversal de Mercator.

UV: Ultravioleta.

WGS: Secuenciación Completa del Genoma.

Resumen

El objetivo fue caracterizar la población bacteriana del suelo en un bosque húmedo tropical de San Martín. La Población comprende el área de la Biodiversidad nombre del lugar de estudio, 505,000m² en tres parcelas de 10,000 m² Las muestras de suelo fueron preparadas para extracción de ADN metagenómica según el Quick-Start Protocol DNeasy PowerLyzer Powersoil Kit (Qiagen N.V., 2016). La presencia y calidad de ADN se comprobó mediante electroforesis según (Mancilla, 2019); la secuenciación se realizó utilizando el método MiSeq Reagent Nano Kit v2 (Illumina Inc., 2018), en Fisabio, Valencia – España, el análisis de datos fue ejecutado en la plataforma Kraken Metagenomics Base Space, Illumina, que permitió obtener Unidades Taxonómicas Operativas. Las categorías taxonómicas identificadas fueron de 218 géneros de bacterias pertenecientes a 30 filotipos diferentes, siendo el más dominante el filotipo Acidobacteria, 47 clases y 106 familias. Se concluye que las características de la diversidad bacteriana son similares en el total de géneros por muestras; el suelo llega a poblar bacterias que todavía no fueron descritas ni las funciones que realizan y la comparación de librerías de niveles altitudinales muestra estadísticamente que no presentan diferencias significativas. La importante diversidad bacteriana encontrada sugiere estudios específicos en población bacteriana no identificada, así como; de especialidades importantes para la industria, preservación y suministro de cepas para diversos fines (investigación, docencia, aplicaciones biotecnológicas, etc.).

Palabras clave: comunidad bacteriana, bosque húmedo tropical, metagenómico, secuenciación de ADN, géneros identificados.

Abstract

The objective was to characterize the bacterial population of the soil in a tropical humid forest of San Martín. The Population comprises the “La Biodiversidad” area 505,000m² in three plots of 10,000 m² The soil samples were prepared for metagenomic DNA extraction according to the Quick-Start Protocol DNeasy PowerLyzer Powersoil Kit (Qiagen N.V., 2016). The presence and quality of DNA was verified by electrophoresis according to (Mancilla, 2019); The sequencing was carried out using the MiSeq Reagent Nano Kit v2 method (Illumina Inc., 2018), in Fisabio, Valencia - Spain, the data analysis was made in the Kraken Metagenomics Base Space platform, Illumina, which allowed obtaining Operational Taxonomic Units. The taxonomic categories identified were 218 genera of bacteria belonging to 30 different phylotypes, the most dominant being the Acidobacteria phylotype, 47 classes and 106 families. It is concluded that the characteristics of bacterial diversity are similar in the total of genera per sample; the soil comes to populate bacteria that have not yet been described or the functions they perform and the comparison of the elevational level libraries shows statistically that they do not present significant differences. The important bacterial diversity found suggests specific studies in unidentified bacterial population, as well as; of important specialties for the industry, preservation and supply of strains for various purposes (research, teaching, biotechnological applications, etc.).

Key words: bacterial community, tropical humid forest, metagenomic, DNA sequencing, identified genera.



Introducción

Los ecosistemas terrestres, incluidos los sistemas agrícolas y agroforestales, dependen de los servicios del ecosistema proporcionados por los microbios del suelo, incluida la formación del suelo, la agregación del suelo, el ciclo de nutrientes, el biocontrol de patógenos y degradación de xenobióticos (Buyer et al., 2017), adicionalmente la diversidad microbiana es primordial para garantizar los ciclos de los nutrientes y los procesos de descomposición del material vegetal en cualquier ecosistema terrestre debido a los procesos biológicos como la oxidación, la reducción, la descomposición de la materia orgánica y la mineralización, así como las interacciones interespecíficas e intraespecíficas que se establecen en el suelo (Reyes et al., 2016); estudios recientes demuestran que ciertos tipos de bacterias son capaces de descomponer moléculas de contaminantes en el suelo, tales como hidrocarburos y metales pesados. Por otra parte, los actinomicetos (bacterias promotoras de crecimiento) se consideran como biofertilizantes que además de aportar nutrientes a la planta y promover su crecimiento, que además permiten disminuir el crecimiento de hongos patógenos (Contreras et al., 2017), más aún cuando la relación entre composición de la comunidad microbiana del suelo y la función del ecosistema ha atraído considerable interés en la investigación,

Para el presente estudio se encontró como problema principal el escaso conocimiento sobre la conformación de la comunidad bacteriana del suelo en sus distintas formas y lugares como en el caso de en un bosque húmedo tropical en San Martín

En este contexto, hay la necesidad de cuantificar e identificar la diversidad bacteriana del suelo y sus sistemas de estudio para los que se cuenta con los protocolos de extracción de ADN generalmente utilizados que están basados en la separación de los microorganismos de la matriz antes de la extracción de ADN mediante lisis física o química y por otro lado, la extracción directa del ADN microbiana a partir de muestras de suelo, sin embargo, la presencia de sustancias húmicas y fenólicas afectan la calidad del ADN extraído, lo que repercute en el desarrollo de posteriores estudios moleculares (Donaire et al., 2017); así como, es necesario poder identificar los Índices de diversidad Alfa y Beta en comunidades bacterianas, siendo que existe experiencia como que, la diversidad beta indicó similitud entre las muestras influenciadas por la aplicación compost y el incremento de la diversidad en las parcelas muestreadas al final del experimento (90 días).

Se planteó como objetivo general, caracterizar la población bacteriana del suelo en un bosque húmedo tropical de San Martín y como objetivos específicos, determinar los géneros bacterianos del suelo y analizar los índices de diversidad Alpha y beta de la comunidad bacteriana del suelo en un bosque húmedo tropical de San Martín.

Para lo cual se identificó como lugar de estudio al Centro Académico de Investigación y Ecoturismo Biodiversidad de la Universidad Nacional de San Martín, constituida por el área de 505,000 m² al que se representó por tres parcelas de 10,000 m² las que a su vez se seccionó mediante tres transectos en “zig zag” para la recolección de muestras de suelo obteniendo 8 sub muestras de cada transecto que finalmente se constituyó en una muestra cada una, sumando en total 9 muestras. Las muestras de suelo fueron preparadas y la extracción de ADN metagenómico se realizó en el Laboratorio de Biología y Genética Molecular de la Universidad Nacional de San Martín utilizando el kit DNeasy PowerLyzer PowerSoil QIAGEN, que a su vez fueron enviadas al laboratorio de Fisabio, Valencia – España para la secuenciación. El análisis de datos de la secuenciación se realizó mediante el programa SEED2.1 y la plataforma del programa Ribosomal Data base Project RDP11; Como resultado tenemos que las categorías taxonómicas identificadas en las zonas Alta, Media y Baja respectivamente fueron: 26, 24, 25, phylas, 47, 46, 43 clases, 97, 106, 95 familias y 171, 192, 175 géneros.

Como conclusión se encontró que las características de la diversidad bacteriana son similares en total de géneros por muestras; aproximadamente un 0.2 % de la muestra llega a poblar bacterias que todavía no fueron descritas ni las funciones que realizan y la comparación de librerías de niveles altitudinales muestran estadísticamente que presentan ligeras diferencias.

En el estudio resaltaron como impactos, la importante diversidad bacteriana encontrada que sugiere estudios específicos en población bacteriana no identificada, de especialidades importantes para la industria, así como estrategias de reforzar medidas que garanticen la condición de zona de bosque de protección al Centro Académico de Investigación y Ecoturismo Biodiversidad de la Universidad Nacional de San Martín y considerar su registro en el Banco Nacional de Microorganismos (BNM) como una importante colección y fuente viva para la preservación y suministro de cepas para diversos fines (investigación, docencia, aplicaciones biotecnológicas, etc.).

CAPÍTULO I

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

1.1. Suelo, bosque y microorganismos en relación a la comunidad bacteriana

En esta primera parte se pretende recorrer el esquema temático de lo tratado respecto al medio en el que se planteó el estudio, bosque – suelo, considerando la interacción de la diversidad de microorganismos que este último propicia de acuerdo a las condiciones que la favorecen o limitan y su importancia en el medio, centrándose nuestro interés en el análisis de la comunidad bacteriana que alberga el suelo.

1.1.1. El bosque y la comunidad microbiana

Los bosques primarios son aquellos bosques regenerados naturalmente y conformados en su totalidad por especies nativas. En ellos no hay evidencia clara de actividad humana y los procesos ecológicos no cambian significativamente. Estos bosques tienen un valor insustituible por su biodiversidad, fijación de carbono y otros servicios de los ecosistemas, incluyendo los valores culturales y de patrimonio (Estrategia Nacional Sobre Bosques y Cambio Climático, 2016). En la actualidad se cuenta con un registro de más de 60,000 especies de árboles distribuidos en diferentes bosques, de las cuales más de 20,000 se encuentran dentro de la Lista Roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), de la misma forma más de 8,000 especies de árboles se encuentran amenazadas a nivel mundial. Esto tiene su origen en las prácticas agrícolas insostenibles, pérdida y degradación de hábitats y en particular en la explotación ilegal de madera (Botanic Gardens Conservation International, 2021; López-Angulo et al., 2020).

La situación resulta preocupante pues los bosques albergan gran parte de la biodiversidad terrestre de la tierra y además proporcionan hábitats para el 68% de las especies de mamíferos, el 80% de las especies de anfibios y el 75% de las especies de aves (FAO & PNUMA, 2020).

A nivel mundial, las especies registradas de hongos y bacterias del suelo superan las 97,000 y 15,000, respectivamente, en comparación con las 21,000 especies de protistas (protofitos, protozoos, y mohos), las 40,000 especies de ácaros y las

20,000 a 25,000 especies de nematodos (European Comission, 2016); sin embargo, la identidad de gran parte de la biota del suelo de los bosques aún no ha sido determinada. Por otra parte, los microbios del suelo, los escarabajos saproxílicos y los polinizadores dependientes de los bosques (aves, murciélagos, insectos y algunas especies de mamíferos) son muy indispensables en el mantenimiento de la biodiversidad y las funciones ecosistémicas de los bosques (Estrategia Nacional Sobre Bosques y Cambio Climático, 2016). De igual modo, la comunidad microbiana de los suelos de los bosques es crucial para el mantenimiento de este ecosistema pues contribuye con el almacenamiento de carbono en el suelo y con la formación de agregados (Yang et al., 2020b). De igual forma, los bosques proveen, en sus suelos, de un hábitat esencial para diferentes tipos de microbiota que, debido a su actividad enzimática desarrollan funciones esenciales como la formación de humus del suelo, y ciclado de nutrientes para el crecimiento vegetal (Sarti & Effrona, 2019).

El microbiota del suelo de los bosques, interactúa con las raíces de las plantas y componentes del suelo. Esta interacción da lugar al desarrollo de un entorno dinámico conocido como rizósfera, en el cual muchas especies de bacterias pueden desarrollarse activamente y de forma equilibrada (Gurmessa et al., 2021). Estudios demuestran que en los bosques secundarios es posible encontrar una mayor abundancia de microorganismos, debido a que aprovechan la reserva de nutrientes que se encuentran en las raíces profundas y difusas de los árboles de este tipo de bosques (Echeverry & Méndez, 2017). De la misma manera, se sabe que el microbiota del suelo destaca por su alta variabilidad y adaptabilidad a diversos hábitats. En los bosques, esta variabilidad es dependiente de la disponibilidad de sustrato y de la estacionalidad de la lluvia (Enríquez et al., 2017).

1.1.2. El bosque húmedo tropical

El bosque húmedo tropical, se constituye como el eslabón final de comunidades vegetales que se han desarrollado de manera ininterrumpida, en donde crecen entremezclados una amplia variedad de especies forestales y los demás componentes de la flora (Sun et al., 2020b). Esta ecorregión se caracteriza por una

alta diversidad de suelos, comunidades diversas y abundantes de fauna, especialmente de termitas, escarabajos estercoleros, lombrices de tierra y nematodos. Cuenta además con ferralsoles muy degradados, suelos de textura gruesa con pH bajo, que son de color rojo o amarillento debido a la alta concentraciones de óxidos hierro y aluminio, niveles de materia orgánica bajos y los horizontes están ausentes debido a la intensiva bioturbación, en gran parte por termitas (European Comission, 2016; FAO & PNUMA, 2020). Además, aquí, el proceso de descomposición de materia orgánica se desarrolla de manera rápida y continua producto de la actividad microbiana del suelo, la cual se acelera por la humedad y temperatura elevada propias de este bioma (Gautam et al., 2016).

En un gramo de suelo de bosque, se puede encontrar entre 1 a 100 millones de microorganismos, con predominio de bacterias y hongos, creando así relaciones favorables entre la diversidad microbiana, la calidad de las plantas, la función del suelo y la sostenibilidad del ecosistema. Por lo tanto, la función de los ecosistemas está controlada por la dinámica microbiana, que está directamente influenciada por los parámetros químicos y físicos de la tierra (López-Angulo et al., 2020; Reyes et al., 2016). Los ecosistemas terrestres, incluidos los sistemas agrícolas y agroforestales, dependen de los servicios del ecosistema proporcionados por los microbios del suelo, incluida la formación del suelo, la agregación del suelo, el ciclo de nutrientes, el biocontrol de patógenos y degradación de xenobióticos, debido a que la actividad microbiana del suelo es un factor importante en la calidad y salud del suelo ya que las comunidades microbianas de este, están estrechamente vinculadas a las comunidades vegetales, ya que la mayoría de los microbios se energizan a través de los exudados de las raíces y los desechos de las plantas, siendo así, desde un enfoque ecológico los microorganismos participan en el reciclado de la materia en los ecosistemas (Buyer et al., 2017; Palacio, 2020).

La actividad de la comunidad bacteriana en el suelo forestal está vinculada a algunas propiedades funcionales como la densidad, grosor de la hoja o el contenido de nitrógeno; propiedades que inciden directamente en la supervivencia, crecimiento y reproducción de los árboles tropicales. Las relaciones entre distintas especies de bacterias y árboles pueden ser incluso

antiguas y remontarse a los antepasados de las bacterias y los árboles que evolucionaron a la par (Kembel et al., 2015). También el microbioma de la filosfera íntimamente interactúa con la planta e influye en múltiples procesos, desde el nivel de planta individual para influir en la productividad de la tierra ecosistema. Una gran cantidad de microbios (Entre 10^6 - 10^7 células cm^{-2}) se encuentran en la superficie de la hoja. Estos microorganismos pueden prevenir el crecimiento de patógenos bacterianos y fúngicos; sin embargo, la relación de su interacción con la inmunidad de las plantas y las consecuencias para el crecimiento y la defensa de las plantas hospedantes son en gran parte aún desconocidos (Liu et al., 2020; Morales et al., 2021). Por otra parte, estudios recientes demuestran que la presencia o ausencia de determinados géneros de microorganismos en el suelo del bosque húmedo tropical pueden servir como indicadores futuros del daño y la recuperación del suelo después de diferentes tipos de perturbaciones (Eaton et al., 2021).

1.1.3. La comunidad microbiana en el suelo

El suelo está compuesto por minerales de diferentes tamaños, formas y propiedades químicas, raíces de plantas, materia orgánica en diferentes etapas de descomposición y una población de organismos vivos (microorganismos) que pueden influenciar de manera directa las características de este (Álvarez et al., 2017). De igual forma, el suelo constituye un hábitat favorable para el desarrollo de los microorganismos, entre los que se incluyen hongos, bacterias, algas, y actinomicetos, que juegan un papel relevante en estructuración del suelo y en el intercambio de nutrientes (Agencia Ejecutiva Europea de Clima Infraestructura y Medio Ambiente, 2016). Estos microorganismos en conjunto con los componentes de la microfauna, conforman la denominada microbiota del suelo. La diversidad y actividad de la microbiota supedita el nivel de fertilidad del suelo, además de la estabilidad y funcionamiento de ecosistemas naturales y los agroecosistemas (Reyes et al., 2016). Además, la diversidad microbiana es importante para asegurar el ciclo de nutrientes y los procesos de degradación del material vegetal en cada ecosistema terrestre debido a procesos biológicos como oxidación, reducción, degradación y mineralización de materia orgánica, así como interacciones interespecíficas (Melo et al., 2021).

La población microbiana en el suelo está determinada por varios factores, como la profundidad del suelo, la materia orgánica, la porosidad, la concentración de oxígeno y dióxido de carbono, el pH del suelo, etc. (Bhattarai et al., 2015). De igual forma, los sistemas de gestión y los cultivos de cobertura pueden afectar la estructura de la comunidad microbiana del suelo en los sistemas agroforestales tropicales, pero también deben tenerse en cuenta los efectos de las propiedades edáficas del suelo (Buyer et al., 2017). La mayoría de actividades de comunidad microbiana se desarrolla hasta un máximo de 20 cm. de profundidad del suelo, es allí donde las colonias de microorganismos se adhieren a la fracción coloidal del humus y la arcilla y también a las raíces de plantas que actúan como una fuente alimento y promueven la reproducción de estos. Los exudados de las plantas son dependientes del estado de salud de la misma y estimulan la reproducción de microorganismos que son necesarios para ella (Silberman, 2016; Zhang et al., 2021).

La microbiota del suelo y sus funciones ha sido reconocida como un componente integral de la calidad del suelo, porque están involucrada en procesos importantes que mantienen las funciones del suelo, como la descomposición de materia orgánica, formación de estructuras, ciclo del suelo y la descomposición de contaminantes. Además, reaccionan rápidamente a las perturbaciones externas, pues crean una estrecha relación con el medio ambiente gracias a su alta relación superficie-volumen. Por lo tanto, la comunidad microbiana puede ser utilizada como un indicador para monitorear la calidad del suelo pues es sensible a factores ambientales, tipo de suelo, prácticas de manejo y especies de plantas (Montiel, 2016; Morales et al., 2021). De la misma forma, se sabe que, en un solo gramo de suelo, es posible encontrar concentraciones altas de microorganismos, los cuales son responsables de la degradación y reintegración de materia orgánica al medio y también desempeñan procesos que apoyan al crecimiento de las plantas y al ciclo del carbono, lo que permite incrementar el rendimiento de los cultivos; sin embargo, la mayoría de los microbios del suelo aún no ha sido aislado y sus funciones son en gran parte desconocidas (Garbanzo & Vargas, 2017; Jansson & Hofmockel, 2018).

1.1.3.1. El suelo y la comunidad bacteriana

La biota del suelo incluye arqueas, bacterias, protistas, tardígrados, rotíferos, nematodos, ácaros (ácaros), colémbolos (colémbolos), gusanos (enchytraeids y lombrices de tierra), macroartrópodos (por ejemplo, hormigas, termitas, ciempiés, milpiés, cochinillas, etc.) y mamíferos excavadores. También incluye raíces de plantas, hongos y líquenes. Los exudados de las raíces atraen una variedad de organismos que se alimentan directamente de estas secreciones o se alimentan de los microorganismos concentrado cerca de las raíces, dando a este entorno ajetreado nombre "rizosfera" (European Comission, 2016; FAO & PNUMA, 2020). El suelo es capaz de proporcionar microhábitats para la comunidad bacteriana presente en él. Sin embargo, esto dependerá de las condiciones abióticas, nutricionales, del tipo de plantas y uso de suelo (Gómez, 2015). De acuerdo con (D. Ramírez, 2016), el microbiota, está influenciada directamente por las propiedades fisicoquímicas del suelo y las prácticas agrícolas. De igual forma, la comunidad bacteriana puede verse afectada de forma negativa o positiva dependiendo de las prácticas de manejo de suelos.

La diversidad y actividad del microbiota presente en el suelo, es fundamental en la descomposición del material vegetal, así como en los ciclos de los nutrientes, lo cual influye directamente en la calidad del suelo y en su fertilidad (Martini, 2016). También, la actividad de la comunidad bacteriana, puede modificar los procesos de la rizósfera y contribuir con el crecimiento de las raíces de diversos sistemas agrícolas (Tanya & Leiva, 2019). Las actividades de la comunidad bacteriana son extremadamente importantes para que las plantas funcionen con normalidad. Sin embargo, esta comunidad puede verse afectada dramáticamente por cambios físicos, químicos y biológicos; también por el valor del pH, el contenido de materia orgánica, la fertilidad, la temperatura, la variedad de cultivos, la porosidad del suelo, etc. Por lo que todos los métodos de manejo también tienen a afectar (preparación, incineración, fertilizantes químicos, etc.) Cuando el proceso microbiano se ve afectado negativamente, generalmente se observan efectos indirectos que reducen la salud y fortaleza de la planta. Cuando se influye

positivamente, se manifiesta en la mejora de la fuerza de la planta, la resistencia a las plagas y la tolerancia al estrés (González, 2015; Kembel et al., 2015).

De esta primera revisión podemos resumir que los bosques primarios son aquellos regenerados naturalmente y conformados en su totalidad por especies nativas (Estrategia Nacional Sobre Bosques y Cambio Climático, 2016), en el mundo, las especies registradas de hongos y bacterias del suelo superan las 97,000 y 15,000, respectivamente, en comparación con las 21,000 especies de protistas (protofitos, protozoos, y mohos), las 40,000 especies de ácaros y las 20,000 a 25,000 especies de nematodos (European Commission, 2016) en los bosques, esta variabilidad es dependiente de la disponibilidad de sustrato y de la estacionalidad de la lluvia (Enríquez et al., 2017). En un gramo de suelo de bosque, se puede encontrar entre 1 a 100 millones de microorganismos, con predominio de bacterias y hongos, creando así relaciones favorables entre la diversidad microbiana, la calidad de las plantas, la función del suelo y la sostenibilidad del ecosistema, (López-Angulo et al., 2020; Reyes et al., 2016).

La mayoría de actividades de la comunidad microbiana se desarrolla hasta un máximo de 20 cm. (Silberman, 2016; Zhang et al., 2021), se conoce también que las bacterias del suelo producen metabolitos que se pueden utilizar para combatir enfermedades en humanos y plantas (Bernal, 2019). La comunidad bacteriana puede verse afectada de forma negativa o positiva dependiendo de las prácticas de manejo de suelos (D. Ramírez, 2016). Cuando se influye positivamente, se manifiesta en la mejora de la fuerza de la planta, la resistencia a las plagas y la tolerancia al estrés (González, 2015; Kembel et al., 2015).

1.1.4. Importancia de los microorganismos del suelo

El microbiota del suelo se encuentra conformada principalmente por bacterias y hongos, además se constituyen como un componente fundamental de los ecosistemas naturales y agrícolas. Esto se debe a que participan activamente en la mayoría de procesos ecológicos necesarios para el mantenimiento de la vida. Entre

los cuales destacan la fijación de nitrógeno atmosférico en el suelo y la descomposición de materia orgánica, estos mecanismos a través de los cuales se incrementa la fertilidad del suelo y la disponibilidad de macro y micronutrientes para los cultivos (European Commission, 2016; Zhu et al., 2021). La actividad microbiana es determinante en la calidad y salud del suelo. Las comunidades microbianas están estrechamente vinculadas a las comunidades vegetales, pues los microbios se energizan a través de los exudados de las raíces y los desechos de las plantas (Buyer et al., 2017). Los microorganismos del suelo se asocian con las raíces de las plantas, beneficiando su crecimiento y el rendimiento de los cultivos mediante diversos mecanismos biológicos, como la síntesis de sustancias reguladoras del crecimiento vegetal, la reducción del nitrógeno atmosférico, etc. (Rocha et al., 2015).

Por otra parte, ciertos tipos de bacterias son capaces de descomponer moléculas de contaminantes en el suelo, tales como hidrocarburos y metales pesados. Además, los actinomicetos se consideran como biofertilizantes que pueden aportar nutrientes a la planta y promover su crecimiento (Contreras et al., 2017). De igual forma, se sabe que las bacterias de suelo producen metabolitos que se pueden utilizar para combatir enfermedades en humanos y plantas, sin embargo, se sabe poco sobre cómo esta comunidad microbiana puede llegar a afectar a los diversos ecosistemas, donde la diversidad de especies vegetales, la competencia y las presiones por competencia son altas (Bernal, 2019). De igual forma, es factible obtener compuestos antimicrobianos a partir de los metabolitos extracelulares del microbiota del suelo, con lo que se podría combatir patógenos humanos en su estado planctónico (Raffaelli & Hartmann, 2018).

La viabilidad ecológica del suelo en los sistemas agrícolas depende de las propiedades de las raíces (frecuencia y composición). Las raíces proporcionan una fuente más permanente de sustratos para el crecimiento microbiano porque contienen más lignina y celulosa que los brotes. Las raíces y los subproductos estimulan el crecimiento de microbios en la rizosfera, lo que afecta la disponibilidad de nutrientes del suelo y la composición de la materia orgánica (de Oliveira-Pessoa Paes et al., 2018).

Además, los microorganismos del suelo juegan un rol importante en el proceso de descomposición de la hojarasca y el ciclo de nutrientes en los ecosistemas forestales y también participan en los procesos beneficiosos para las plantas y el suelo, como la nutrición vegetal, antagonismo con bacterias patógenas y plagas, fijación de nitrógeno y promueven el crecimiento de los tejidos vegetales (Aupic-Samain et al., 2021; González, 2015).

1.2. Factores climáticos y altitudinales y la comunidad bacteriana en el suelo

La actividad microbiana mejora significativamente con el incremento de la humedad en el suelo, la tasa de producción de CO₂ y la actividad deshidrogenasa (Mancilla, 2019). Además, la temperatura influye directamente en los procesos edafológicos del suelo y afecta a la materia orgánica presente en él. A su vez, influye en la actividad microbiana del suelo, la cual aumenta con temperaturas altas (25-35 C°) y disminuye con temperaturas bajas (Díaz, 2020). Del mismo modo, la humedad y temperatura pueden llegar a solapar las variaciones en la actividad microbiana del suelo y la biomasa, particularmente cuando están asociadas a cambios en la localización y disponibilidad del sustrato (Vercenillo, 2019). Siendo así, para mejorar el manejo del suelo es necesaria una comprensión predictiva y detallada de cómo las comunidades microbianas pueden responder al estrés ambiental y cambio climático (Boccolini, 2016).

Los microorganismos del suelo son extremadamente sensibles a las condiciones ambientales como la temperatura y las condiciones de humedad que controlan sus parámetros demográficos y su actividad. Por lo tanto, el cambio climático en curso podría afectar directamente a las comunidades de la biota del suelo y los procesos que impulsan. Además, el cambio climático también puede afectar indirectamente la biota del suelo al alterar los rasgos funcionales de los árboles (por ejemplo, N, Ca, Mg, capacidad de retención de agua) con efectos en cascada sobre la calidad de la hojarasca (Aupic-Samain et al., 2021; Maestre, 2016). Por otra parte, algunos microorganismos del suelo tienen un alto grado de tolerancia fisiológica y flexibilidad metabólica a los cambios en las condiciones ambientales, lo que los vuelve resistentes al cambio. Esto se debe a la adaptación evolutiva desarrollada por la transferencia horizontal de genes, lo que posibilita que la comunidad microbiana se adapte a nuevas condiciones ambientales y que también pueda volver a su composición original. Siendo así, las

variaciones climáticas que afecten a un ecosistema, podrían alterar la composición microbiana del suelo si la microbiota es frágil, no resiliente y si sus miembros son funcionalmente redundantes. Sin embargo, si la microbiota es resistente a la perturbación y es resiliente podría restaurar su composición original (Contreras et al., 2017; Gómez, 2015).

La evaluación de la estructura de la comunidad microbiana del suelo y la diversidad de los ecosistemas forestales ha generado un gran interés en el contexto del cambio climático global en los últimos años. Los cambios en la estructura y diversidad de la comunidad microbiana del suelo y el aumento de la temperatura global, debido a actividades antropogénicas, tienen un impacto significativo en el ciclo bioquímico de los ecosistemas forestales (Dinakaran et al., 2019). Uno de los principales desafíos científicos de la actualidad es comprender mejor los mecanismos biológicos que regulan los flujos de carbono (C) entre el suelo y la atmósfera y determinar cómo estos flujos impactan el cambio climático a través de circuitos de retroalimentación entre el clima y el ecosistema. Incluso pequeñas modificaciones de los flujos de carbono entre el suelo y la atmósfera pueden tener un impacto sustancial en el clima futuro (Guttières et al., 2021). Las retroalimentaciones entre el suelo y el clima se han identificado como la principal incertidumbre en los modelos del sistema terrestre. Estos modelos simulan la eliminación de CO₂ de la atmósfera por la superficie terrestre a través de la fotosíntesis y los aumentos en las concentraciones de CO₂ atmosférico a través de la actividad respiratoria de organismos vivos, incluidas las plantas y el suelo. Por otra parte, las posibles interacciones entre el aumento de la deposición de nitrógeno y el cambio climático y sus consecuencias ecológicas aún no están claras, sin embargo, se sabe que el aumento de la deposición de nitrógeno puede modificar la estructura y composición de las comunidades microbianas del suelo (Eaton et al., 2021; Ochoa-Hueso et al., 2016).

La comunidad bacteriana presente en el suelo tiene un rol importante en el ecosistema. Los microorganismos son sensibles a cambios ambientales, por lo que sirven como indicadores de la entrada e influencia a dicho ecosistema de las partículas atmosféricas (de la Parra, 2018). Por otra parte, el valor de la biomasa bacteriana es inversamente proporcional a la altura. De igual manera existe una baja actividad metabólica y una eficiencia de la población microbiana menor en ecosistemas con mayor altitud y menor temperatura (Palacio, 2020). En suelos de páramo (3400 – 5000 msnm) se puede

encontrar mayor actividad bacteriana, lo que se traduce en una mayor fertilidad, además existe una diferencia significativa entre la respiración edáfica y la altura del suelo (Paucar & Velastegui, 2019). Las diferentes gradientes altitudinales condicionan la actividad de la comunidad bacteriana, los cambios climáticos no solo actúan directamente sobre el suelo y las comunidades microbianas, sino que también las afectan indirectamente mediante la alteración de las propiedades del suelo y la vegetación (Sun et al., 2020a).

1.3. Análisis de la comunidad bacteriana

Conociendo que la biota del suelo incluye entre otras a las bacterias y éstas al encontrarse en un medio adecuado en el que se mantienen constantes todos sus parámetros nutricionales y ambientales, crece de forma tal que el incremento por unidad de tiempo de masa celular, número de células, ADN, ARN, proteínas, etc., es un valor constante y similar en cada caso y que las actividades de la comunidad bacteriana son extremadamente importantes para que las plantas funcionen con normalidad, más teniendo en cuenta el avance indiscriminado de la intervención a los bosques por acción antropogénica, se hace necesario explorar los sistemas de estudio del análisis de su diversidad a partir de muestras ambientales como el suelo.

1.3.1. Diversidad bacteriana del suelo y sistemas de estudio

Se pueden utilizar diferentes estrategias para la identificación y aislamiento del microbiota, entre las que destacan: Separación física mediante diluciones seriadas y siembra; utilización de medios de cultivos selectivos y diferenciales y aprovechamiento de características particulares de los microorganismos. Para facilitar y mejorar el proceso generalmente se combinan estas estrategias (Álvarez et al., 2017).

Para el estudio de diversidad bacteriana en el suelo, la tecnología de reconstrucción del ADN supera la limitación de que la mayoría de bacterias no pueden cultivarse en un entorno determinado (Melo et al., 2021).

La necesidad de un cultivo bacteriano en el producto se reemplaza por la capacidad de aislar y caracterizar material genético existente (Gurmessa et al., 2021). Además, las técnicas moleculares permiten acceder a la diversidad total de

microorganismos presentes en el suelo. Dichas técnicas utilizan ácidos nucleicos extraídos directamente de muestras ambientales y permiten el análisis de la comunidad (Silberman, 2016). Los protocolos de extracción de ADN están basados en la separación de los microorganismos de la matriz antes de la extracción de ADN mediante lisis física o química y, por otro lado, la extracción directa del ADN microbiano a partir de muestras de suelo (Donaire et al., 2017).

1.3.2. Estudio de la diversidad bacteriana basada en métodos no dependientes de cultivo microbiano.

Las comunidades microbianas del suelo se analizaron mediante análisis de ácidos grasos fosfolípidos (PLFA) y análisis de polimorfismo de longitud del fragmento de restricción terminal (TRFLP) (Buyer et al., 2017).

El desarrollo de técnicas para la extracción del ADN o ARN de toda la comunidad microbiana a partir de muestras ambientales y su análisis ha hecho posible un mayor conocimiento de la diversidad microbiana. Las técnicas para la extracción de ADN usualmente son una combinación de métodos físicos y químicos para romper las células tratando de minimizar el daño causado a los ácidos nucleicos. Los métodos para extraer metagenomas bacterianos de diversos ambientes se dividen en dos grupos: lisis directa de las células contenidas en una suspensión amortiguada de la muestra y seguidamente la separación del ADN del substrato y los residuos celulares, o la lisis indirecta con la separación primero de las células del substrato para luego ser lisados (Carver et al., 2016).

Los avances en la secuenciación de la próxima generación han abierto nuevas fronteras para los programas de descubrimiento de productos que permitan la explotación de una fracción mayor de la comunidad microbiana sobre todo con la aparición de patógenos resistentes a los antibióticos que ha creado la necesidad urgente de nuevos antimicrobianos (Borsetto et al., 2019).

1.3.3. Metagenómica

La metagenómica está basada en el uso de técnicas de biología molecular con la finalidad de analizar la diversidad de genomas microbianos, conocidos como metagenomas, a partir de muestras ambientales (Cortéz et al., 2020) La

secuenciación metagenómica revela identidades microbianas e información genética funcional, incluye ADN de microorganismos en estados fisiológicos muy variables (Jansson & Hofmockel, 2018) Por lo tanto, la metagenómica solo es predictiva de funciones potencialmente comunitarias (Ngara & Zhang, 2018). Gracias al desarrollo de diferentes disciplinas como la metagenómica se ha logrado tener el acceso al estudio de diferentes microorganismos (Ospino et al., 2018).

Asimismo, a través de la metagenómica podemos recuperar nueva diversidad genética, acceder al estudio de rutas metabólicas y comportamiento ecológico de estas comunidades y acceder a la secuencia de sus genes (Ospino et al., 2018). Mediante la metagenómica se ha podido estudiar a profundidad uno de los ecosistemas más complejos, el suelo, que alberga comunidades microbianas de mucho interés en la academia, industria, salud y demás (Corrales et al., 2015).

1.3.4. Marcador filogenético universal: El gen 16S rRNA

Los investigadores generaron un método confiable, rápido y sobre todo reproducible, el cual se basó en el aumento de una región del ADN considerada como estándar, por la prueba PCR, siglas en inglés de “Reacción en Cadena de la Polimerasa”. La región seleccionada fue un fragmento de 600 pares de bases del ADN mitocondrial, que codifica para la subunidad I del citocromo c oxidasa (COI) (Valenzuela et al., 2015).

La secuencia más frecuentemente usada es la del gen que codifica para el ARN ribosómico, y específicamente el gen que codifica para la subunidad menor del ribosoma bacteriano, ARNr 16S. Esta aproximación ha sido utilizada para caracterizar la diversidad bacteriana en diferentes tipos de suelos y diferentes tipos de ambientes como sedimentos, aguas termales, suelos contaminados por relaves, etc. Este marcador ha sido extensamente usado dado que está presente en todos los microorganismos y tiene la misma función en todos ellos debido a sus restricciones estructurales en grados de variabilidad en su secuencia, lo que permite realizar comparaciones con diferente nivel de resolución (Carver et al., 2016).

1.3.5. Preparación de la librería del ADN

Ilumina: La plataforma Illumina se basa en la incorporación de nucleótidos marcados con determinadores reversibles de manera que en cada ciclo de ligación se une un nucleótido complementario al ADN molde emitiendo una señal luminosa que es captada por un sistema óptico altamente sensible (secuenciación por síntesis). La química empleada por Illumina permite generar lecturas de hasta 300 nucleótidos llegando a producir hasta 6000 Gb de datos.

La relación coste-efectividad que ofrecen las plataformas de Illumina y el elevado rendimiento obtenido con ellas hace que actualmente sea una de las compañías líder en el sector. Illumina ofrece equipos que se adaptan a diferentes tipos de laboratorios, desde máquinas de menor rendimiento como el MiniSeq (7.5 Gb de secuencia por run) hasta el NovaSeq (6000 Gb de secuencia por run). (Pérez et al., 2017).

1.3.6. Índices de diversidad Alfa y Beta en comunidades bacterianas

Biodiversidad es la riqueza de organismos vivos de un ecosistema, así como los complejos ecológicos de los que forman parte; comprende la variación dentro de cada especie, entre las especies y los ecosistemas (Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, 2016). El conocimiento de la biodiversidad requiere considerar los diferentes niveles jerárquicos de organización de la vida (genes, especies, poblaciones, comunidades y ecosistemas), junto con sus atributos de composición, estructura y funcionalidad (Martínez et al., 2019).

En los estudios de biodiversidad se debe especificar la escala geográfica, definir si es local o regional, para asociarla a las medidas de la diversidad alfa, beta y gamma (Cruz et al., 2015). El número de especies o diversidad Alfa, está referida a un nivel local y refleja la coexistencia de las especies en una comunidad (Chen et al., 2018).

La diversidad es la riqueza de especies de una comunidad determinada y que se considera homogénea. La diversidad es la medida del grado de cambio o reemplazo en la composición de especies entre diferentes comunidades en una región (Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, 2016).

Se presenta resultados del trabajo de investigación “Conocimiento metagenómico de la estructura comunitaria y Genes funcionales en el microbioma de la rizosfera de girasol” en el que los autores explican y grafican resultados que se enmarcan en el tema de los índices de diversidad:

Caso 1. La diversidad de la comunidad microbiana, la riqueza y la uniformidad de la rizosfera de girasol R1, R2 y suelos a granel B1, B2.

Examinados los índices de diversidad α (Shannon y uniformidad) a nivel de género no presentaron diferencia ($p > 0.05$) entre la rizosfera y las muestras de suelo a granel. R2 tuvo la mayor Diversidad de Shannon, pero no se detectaron diferencias significativas ($p > 0,05$) entre otros microhábitats.

Además, no hubo diferencia significativa ($p > 0.05$) entre la diversidad microbiana de los dos lugares. Los resultados mostraron que B2 tenía la menor cantidad de microbios en la diversidad comunitaria (Tabla 1).

Para probar una diferencia significativa entre la diversidad de las muestras de suelo de la rizosfera y las muestras de suelo a granel, ANOSIM mostró que Hubo una diferencia significativa entre la diversidad de la rizosfera y los microbios del suelo a granel (Alawiye & Babalola, 2021).

Tabla 1

Índices de diversidad Simpson y Shannon que indican uniformidad de microorganismos en el nivel de género.

<i>Índice</i>	<i>R1</i>	<i>R2</i>	<i>B1</i>	<i>B2</i>	<i>P Value</i>
Simpson-1-D	0.6891	0.7804	0.7137	0.6817	0.54
Shannon-H	1.673	2.096	1.745	1.637	
Evenness- e^H/S	0.2538	0.3537	0.2604	0.2235	-

Caso 2. Índices de diversidad de genes funcionales observados en la rizosfera de girasol y suelos a granel.

Los índices alfa que representan Simpson, Shannon y la uniformidad (Tabla 2) mostraron que no hubo una diferencia significativa en la diversidad alfa, que es la diversidad genética dentro de los hábitats. Además, se comprobó si existía una

diferencia significativa en la diversidad beta, que indica la diversidad de los genes funcionales responsables de crecimiento de las plantas en la rizosfera de girasol en comparación con los suelos a granel. ANOSIM, que proporciona una forma de probar estadísticamente si existe una diferencia significativa entre dos o más grupos de ubicaciones de muestreo, mostró que había una diferencia significativa entre los ortólogos genéticos identificados en el suelo de la rizosfera de los dos lugares (valor de $p = 0,01$; $R = 0.58$) (Alawiye & Babalola, 2021).

Tabla 2

Índices de diversidad de los genes funcionales observados en nuestros metagenomas R1, R2, B1, B2.

<i>Índice</i>	<i>R1</i>	<i>R2</i>	<i>B1</i>	<i>B2</i>	<i>P Value-</i>
Simpson-1-D	0.7774	0.7841	0.7748	0.7755	0.76
Shannon-H	2.0110	2.0630	2.0040	2.0030	
Eveness-e^H/S	0.2576	0.2714	0.2649	0.2646	-

Se pueden utilizar diferentes estrategias para la identificación y aislamiento de la microbiota, entre las que destacan: Separación física mediante diluciones seriadas y siembra; utilización de medios de cultivos selectivos y diferenciales y aprovechamiento de características particulares de los microorganismos, más para el estudio de la diversidad bacteriana en el suelo, la tecnología de reconstrucción del ADN supera la limitación de que la mayoría de bacterias no pueden cultivarse en un entorno determinado (Melo et al., 2021). Además, las técnicas moleculares permiten acceder a la diversidad total de microorganismos presentes en el suelo. Dichas técnicas utilizan ácidos nucleicos extraídos directamente de muestras ambientales y permiten el análisis de la comunidad (Silberman, 2016), mediante la extracción directa del ADN microbiano a partir de muestras de suelo (Donaire et al., 2017). La metagenómica a su vez está basada en el uso de técnicas de biología molecular con la finalidad de analizar la diversidad de genomas microbianos, conocidos como metagenomas, a partir de muestras ambientales (Cortéz et al., 2020), gracias al desarrollo de diferentes disciplinas como la metagenómica se ha logrado tener el acceso al estudio de diferentes microorganismos (Ospino et al., 2018).

CAPÍTULO II

MATERIAL Y MÉTODOS

2.1. Material

2.1.1. Localización geográfica del estudio

El Centro Académico de Investigación y Ecoturismo Biodiversidad de la Universidad Nacional de San Martín llamada la “Biodiversidad de la UNSM”, lugar donde se desarrolló la presente investigación, se encuentra dentro del área de Conservación Regional Cordillera Escalera – ACR Cordillera Escalera, la cual cuenta con una superficie de ciento cuarenta y nueve mil ochocientos setenta hectáreas (149 870) ubicada en los distritos de Pinto Recodo, San Roque de Cumbaza, Caynarachi y Barranquita, pertenecientes a la provincia de Lamas; y en los distritos de San Antonio, Tarapoto, La Banda de Shilcayo, Shapaja, Chazuta, pertenecientes a la provincia de San Martín, Región San Martín, la cual comprende una muestra significativa de los bosques nublosos montanos tropicales típicos del norte del Perú (Proyecto Especial Huallaga Central y Bajo Mayo, 2018).

Con respecto al área que le corresponde a la Biodiversidad de la UNSM, ésta cuenta con 141 hectáreas, la cual está ubicada en el km 18 de la carretera Tarapoto – Yurimaguas, dicha área fue otorgada en concesión el 02 de diciembre de 1992 a la Universidad Nacional de San Martín, con el compromiso de propiciar la conservación y protección y facilitar la investigación para los estudiantes, docentes e investigadores, se encuentra en la jurisdicción de Alto Ahuashiyacu (Figura 1).

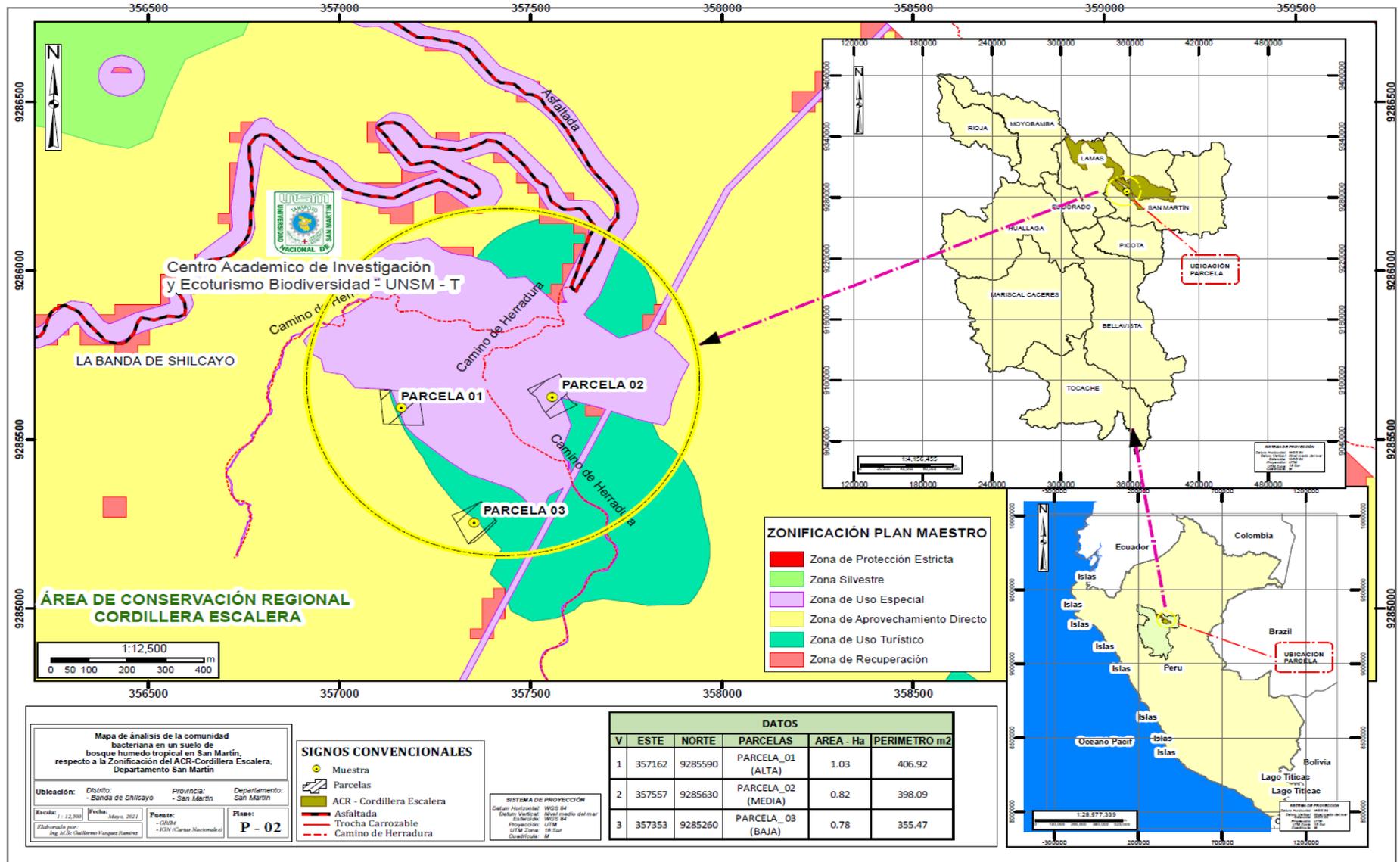


Figura 1. Ubicación del área de estudio

2.1.2. Factores climáticos y altitudinales de la zona de estudio

Según la Zonificación del ACR-Cordillera Escalera, ésta se divide en 06 zonas, cada una con sus características particulares. La Biodiversidad de la UNSM, se encuentra en su mayoría en la Zona de Uso Especial (UE), que cubre una superficie de 12,609.69 ha, lo que representa el 8.41 % del ACR-Cordillera Escalera.

El 95.43 % de la Zona UE (12,032.90 ha) está conformado por montañas altas extremadamente empinadas, muy empinadas y empinadas (que representa al 8.03 % de montañas altas del ACR-CE); por tanto, las pendientes oscilan de (8 a > 50) % de inclinación y con altitudes que varían de (200 a >1600) msnm. (Proyecto Especial Huallaga Central y Bajo Mayo, 2018). Se registra una temperatura media anual de 24.4 °C Estación Meteorológica Chazuta (Anexo 33)

2.1.3. Distribución espacial de la Biodiversidad de la UNSM

La distribución espacial de la Biodiversidad de la UNSM se realizó con la finalidad de determinar los índices de diversidad que permiten obtener un solo valor a partir de un sin número de datos, con lo cual se puede realizar comparaciones estadísticas entre diversidades de sitios diferentes o diversidades de un mismo sitio, pero en tiempos diferentes. Entre los índices más conocidos está el de Margalef, Simpson y Shannon (parámetros que nos permiten medir la riqueza, así como, categorizar la alta o baja diversidad que expresa con un número positivo y para estimar la biodiversidad de una comunidad con base a la distribución numérica de los individuos de las diferentes especies en función del número de individuos existentes en la muestra analizada.), fue necesario realizar un inventario de las especies de flora (Tabla 8) que se encontraban presentes en las 3 parcelas en estudio de la Biodiversidad de la UNSM; de donde se tomaron las muestras de suelo, según metodología propuesta por (Chen et al., 2018). Cada parcela se sub dividió en transectos, con lo que se obtuvo un total de 9 espacios muestrales (ver tabla 3).

Tabla 3
Distribución de espacios muestrales

Parcela (Zona)	Muestra		
Alta	A1	A2	A3
Media	M1	M2	M3
Baja	B1	B2	B3

Entre las actividades dentro el inventario de especies de la flora, fue el marcado de las mismas según identificación a cargo del técnico matero (Experto en identificación de especies de flora del bosque), para lo cual se utilizó tiras plásticas de diferentes colores según espacio muestral, en donde utilizando plumón indeleble se realizó el marcado con una clave para cada especie identificada de las que se anotó los siguientes datos: Nombre Común, Nombre Científico. Familia, Característica (Ejem: Planta acaulescente, que alcanza los 16–29 cm de alto, en flor) y cantidad.

2.2. Metodología de la investigación

2.2.1. Tipo de investigación

Investigación científica básica, debido a que se desarrolló un estudio original y planificado que tuvo como finalidad obtener nuevos conocimientos científicos (Ley Que Modifica Diversos Artículos de La Ley 28303, Ley Marco de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica; y de La Ley 28613, Ley Del Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC), 2018).

2.2.2. Nivel de investigación

Investigación transeccional de alcance descriptivo, pues buscó definir las propiedades, características y rasgos de las variables (Hernández & Mendoza, 2018).

2.2.3. Diseño de la investigación

La presente investigación es no experimental debido a que no se manipuló ninguna de las variables. Su formato se representa de la siguiente manera:



Figura 2. Representación gráfica de variables

Donde:

- Se recolectan datos y se describe categoría, concepto, variable (X_1 = Parcela 1).
- Se recolectan datos y se describe categoría, concepto, variable (X_2 = Parcela 2).
- Se recolectan datos y se describe categoría, concepto, variable (X_3 = Parcela 3).

2.3. Población y muestra

2.3.1. Población

Estuvo constituida por el suelo de toda el área de la Biodiversidad de la UNSM que tiene un área de 505 000 m².

2.3.2. Muestra

Fue conformada por la resultante de las colectas de suelo realizadas como sub muestras (8) por transecto (3); que representa a la población para cada piso altitudinal (3), total 9 muestras:

Tabla 4

Ubicación de las parcelas de estudio en la Biodiversidad de la UNSM

N°	ESTE	NORTE	PARCELAS ZONAS	ÁREA (Ha)	PERÍMETRO (m)
1	357162	9285590	PARCELA_01 (ALTA)	1.03	406.92
2	357557	9285630	PARCELA_02 (MEDIA)	0.82	396.09
2	357353	89285260	PARCELA_03 (BAJA)	0.78	355.47
PROMEDIO PARCELA				0.88	386.16

2.3.3. Muestreo

El tipo de muestreo fue simple y aleatorio. (8 sub muestras componen una muestra). El detalle se presenta a continuación en la figura 3.

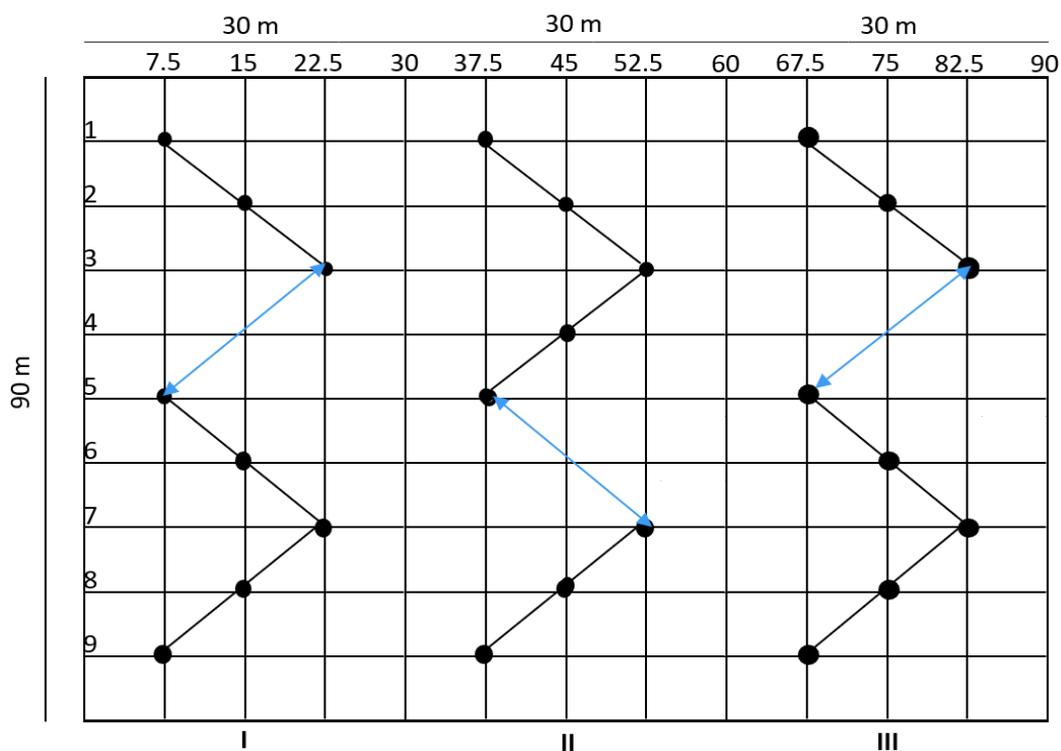


Figura 3. Diseño de la parcela para obtención de muestras de suelo en el Bosque de la Biodiversidad de la UNSM

2.4. Metodología experimental

2.4.1. Determinación del índice de diversidad Alpha y Beta de la Biodiversidad de la UNSM

Se contabilizó la cantidad de individuos por especie para cada espacio muestral. Con ello, se diseñó una matriz en la que se resalta la cantidad de individuos por especie encontrado en cada espacio muestral.

Una vez realizado el inventario, se procedió a determinar si la muestra es representativa del atributo medido. Para lo cual se hizo uso de las de curvas de acumulación, las cuales permiten estimar el número de especies esperadas a partir de un muestreo.

Cabe resaltar que una curva de acumulación de especies representa de manera gráfica la forma como las especies van apareciendo en las unidades de muestreo.

Es por esto que, en una gráfica de curvas de acumulación, el eje Y es definido por el número de especies acumuladas y el X por el número de unidades de muestreo o el incremento del número de individuos.

Para poder graficar la curva de acumulación de especies fue necesario cargar la matriz de especies, en la que se trabajó con 9 muestras (A1, A2, A3, M1, M2, M3, B1, B2 y B3) en el software libre EstimateS 9.1.0. del Departamento de Ecología y Biología Evolutiva de la Universidad de Connecticut – Estados Unidos. Este programa toma los datos provenientes de un sistema de muestreo estandarizado, aleatoriza toda la información y realiza cálculos del número de especies observado y esperado utilizando estimadores y considerando las desviaciones estándar provenientes del proceso de aleatorización. Se utilizaron los estimadores ACE, Chao 1, Bootstrap, MMmean y Jackknife.

Aunque los valores esperados que generan estos estimadores pueden representar medidas de la diversidad alfa, solamente fueron usados para determinar cuán eficiente fue el muestreo realizado.

En este contexto, se utilizó la información de los estimadores para conocer qué porcentaje de las especies esperadas fueron inventariadas en el muestreo y así definir si la información generada puede ser utilizada para realizar análisis de

complementariedad o similitud. Valores sobre el 85% se consideran adecuados (Villarreal et al., 2016).

Seguidamente se procedió a determinar los índices de Shannon-Wiener y Simpson para determinar el nivel de abundancia. Para este fin también se hizo uso del del software libre EstimateS 9.1.0.

2.4.2. Caracterización del suelo del Bosque Biodiversidad de la UNSM

La caracterización de las muestras del suelo se realizó en el Laboratorio de suelos de la Universidad Nacional Agraria la Molina, que consistió en la determinación del pH, conductividad eléctrica, fósforo, potasio, CaCO₃ o acidez cambiante, % materia orgánica, Textura (% arena, % limo, % arcilla), CIC (Capacidad de Intercambio Catiónico) y Cationes Cambiables (calcio, magnesio, sodio, potasio), tomando en consideración los siguientes métodos de ensayo:

- pH: EPA Method 9045D.
- Conductividad eléctrica: ISO 11265:1994/Cor 1:1996.
- Fósforo: EPA Method 200.7 Rev 4.4 / EPA Method 3050-B Rev 02.
- Potasio: EPA Method 200.7 Rev 4.4 /EPA Method 3050-B Rev 02.
- CaCO₃: Bernard Method.
- % Materia Orgánica: NOM-021-SEMARNAT-2000; Ítem 7.1.7 AS 07 2da Sección. 2002.
- Textura: Bouyoucos Method.
- CIC: EPA Method 9080 - Cationes Cambiables (calcio, magnesio, sodio, potasio): EPA Method 3051 A. Revisión1. February 2007/ EPA METHOD 6020A. Revisión 1. January 1998.

Para la obtención de las muestras de suelo se procedió mediante los siguientes pasos:

- Dentro de cada una de las parcelas identificadas para cada zona (alta, media y baja), tomando equidistancias de los bordes externos y entre sí, considerando la característica altitudinal favorable a la pendiente, se trazaron los nueve (09) puntos en forma de “zig zag” transversal a la pendiente,

ubicados con sus coordenadas (UTM) correspondientes para formando transectos en “zigzag” en número de tres (03) por parcela o zona, asignándolos los números 1, 2, y 3 (ver figura 4).

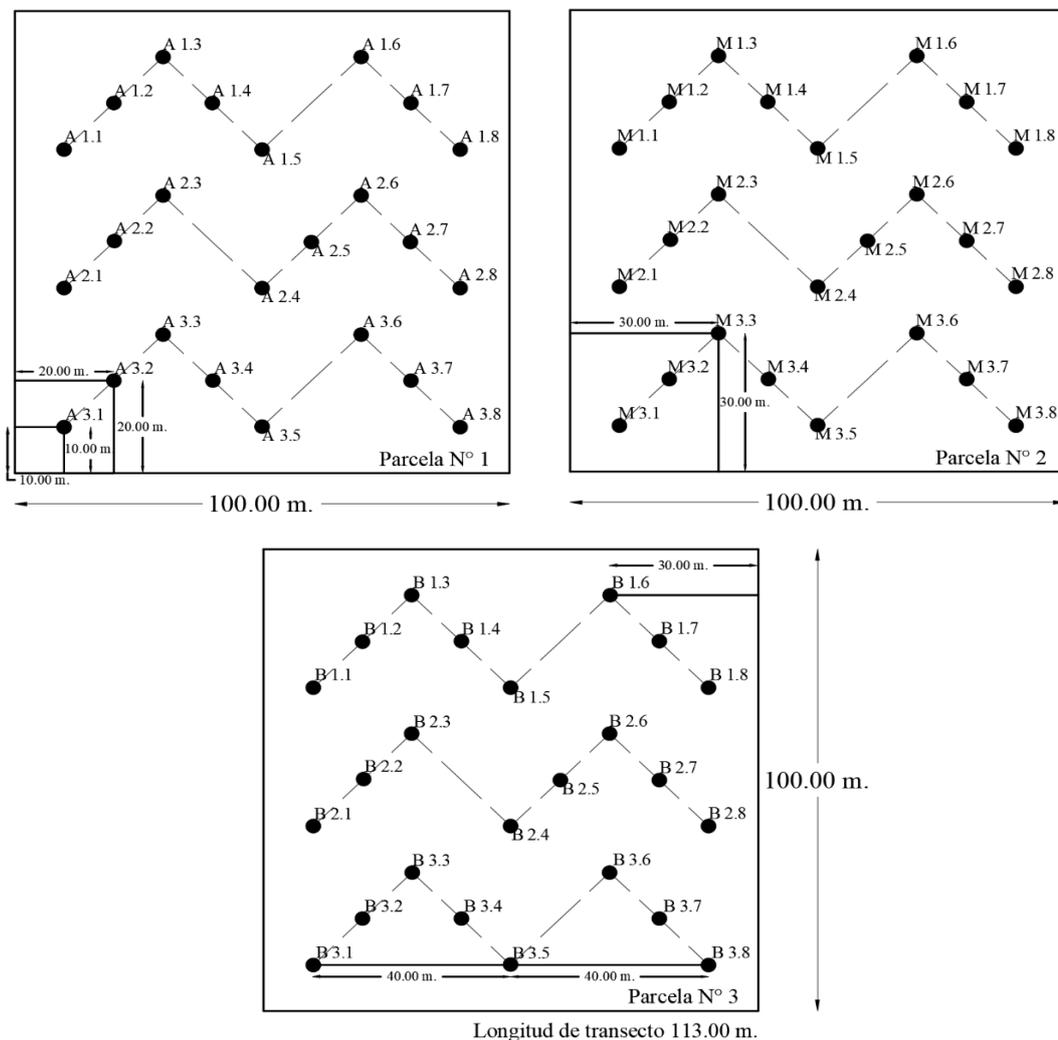


Figura 4. Codificación de puntos de colecta de muestras en las parcelas del Bosque Biodiversidad.

Sobre la base de los transectos construidos en el campo, se realizó la toma de muestras del suelo en 8 puntos de cada uno de los transectos (Mendoza & Espinoza, 2017), considerando que cada punto de muestreo cumpla con las siguientes condiciones:

- Estar a más de un metro de distancia de un árbol.
- Despejada de arbustos, plantines, lianas u otros vegetales.
- Superficie libre de rastrojos, hojarascas o cuerpos en descomposición.
- Libre de encharcamiento.

Dada las condiciones indicadas se procedió a la georreferenciación de cada punto, seguidamente, con una palana recta se hizo un corte vertical a los cuatro lados alrededor del punto profundizándola hasta 20 cm, de cuyo perfil desde 5cm a 20 cm de profundidad se tomó la muestra de suelo (Mendoza & Espinoza, 2017) en una cantidad de 200 gr. por cada uno de los 8 puntos que se constituyeron en 8 submuestras por transecto; inmediatamente obtenida la muestra de cada punto las herramientas se sometían a lavado con agua destilada y una pasada a chorro de alcohol de 96°.

Seguidamente se mezcló de manera homogénea las submuestras de cada uno de los transectos obteniéndose 9 muestras de 1.5 Kg cada uno, codificándose según (Tabla 5) de las que se separó 1.0 kg para análisis físico y caracterización química en el Laboratorio de Suelos de la Universidad Nacional Agraria La Molina y 500 gr para obtención del ADN metagenómico en el laboratorio de Genética Molecular de la Universidad Nacional de San Martín.

Tabla 5

Codificación de las muestras de suelo

ZONA	MUESTRA	SUB MUESTRAS							
ALTA	A1	A1.1	A1.2	A1.3	A1.4	A1.5	A1.6	A1.7	A1.8
	A2	A2.1	A2.2	A2.3	A2.4	A2.5	A2.6	A2.7	A2.8
	A3	A3.1	A3.2	A3.3	A3.4	A3.5	A3.6	A3.7	A3.8
MEDIA	M1	M1.1	M1.2	M1.3	M1.4	M1.5	M1.6	M1.7	M1.8
	M2	M2.1	M2.2	M2.3	M2.4	M2.5	M2.6	M2.7	M2.8
	M3	M3.1	M3.2	M3.3	M3.4	M3.5	M3.6	M3.7	M3.8
BAJA	B1	B1.1	B1.2	B1.3	B1.4	B1.5	B1.6	B1.7	B1.8
	B2	B2.1	B2.2	B2.3	B2.4	B2.5	B2.6	B2.7	B2.8
	B3	B3.1	B3.2	B3.3	B3.4	B3.5	B3.6	B3.7	B3.8

2.5. Obtención de ADN metagenómico del suelo del bosque de la Biodiversidad

2.5.1. Preparación de las muestras del suelo

Con los 500 g de suelo para cada muestra se implementaron los protocolos para la extracción directa del ADN microbiano a partir de muestras de suelo según (Donaire et al., 2017); por lo que tres días posteriores a la recolección y codificación de las muestras de cada uno de los transectos, éstas fueron homogenizadas y tamizadas a través de una malla de 4 mm para eliminar raíces y

algunos otros residuos de plantas, luego se homogenizó el porcentaje de humedad para determinar el peso de suelo en base seca y se almacenaron las muestras en criotubos debidamente codificadas, en una congeladora de -40 °C, para luego extraer el ADN metagenómico (Tabla 6).

Tabla 6

Humedad (%) de la muestra de suelo de bosque húmedo tropical para obtención de ADN metagenómico.

Peso microtubo + suelo seco(g)	Promedio micro tubo+suelo seco (g) Peso Seco	Peso de agua evaporada(g)	Promedio de agua evaporada(g)	% Humedad	Promedio % Humedad
1.575	1.6112	0.345	0.351	34.4	34.9023992
1.634		0.301		29.57	
1.66		0.361		35.81	
1.538		0.385		38.27	
1.649		0.365		36.46	
1.824	1.8224	0.201	0.182	19.86	17.9703684
1.777		0.143		14.26	
1.846		0.183		18.01	
1.84		0.182		18.04	
1.825		0.199		19.68	
1.829	1.8088	0.197	0.178	19.45	17.5580781
1.78		0.152		14.98	
1.807		0.123		12.14	
1.812		0.204		20.34	
1.816		0.212		20.89	
1.758	1.771	0.262	0.235	26.02	23.1841927
1.788		0.238		23.49	
1.785		0.243		23.94	
1.754		0.273		26.92	
1.77		0.157		15.54	
1.838	1.837	0.176	0.148	17.58	14.6541855
1.856		0.176		17.27	
1.849		0.172		17.06	
1.807		0.117		11.62	
1.835		0.099		9.73	
1.785	1.7972	0.142	0.188	14.06	18.6143076
1.812		0.212		20.97	
1.779		0.145		14.4	
1.788		0.234		23.19	
1.822		0.208		20.45	
1.48	1.5546	0.441	0.388	43.92	38.5626719
1.572		0.352		34.96	

1.573		0.348		34.66	
1.6		0.425		42	
1.548		0.375		37.28	
1.652	1.6616	0.279	0.268	27.51	26.4688774
1.663		0.268		26.43	
1.674		0.26		25.57	
1.673		0.258		25.44	
1.646		0.275		27.39	
1.654	1.6676	0.376	0.359	36.97	35.4443811
1.672		0.359		35.27	
1.689		0.341		33.53	
1.663		0.364		35.9	
1.66		0.357		35.56	

2.5.2. Extracción de ADN metagenómico de suelo del bosque húmedo tropical de San Martín

La extracción de ADN metagenómico, se realizó en el Laboratorio de Biología y Genética Molecular (LBGM) de la Universidad Nacional de San Martín (Tarapoto). Se emplearon muestras de suelo colectadas en el bosque húmedo de la Cordillera Escalera específicamente en la Biodiversidad de la UNSM con el respaldo técnico de DNeasy® PowerLyzer® Powersoil® Kit de QIAGEN, (Quick-Start Protocol, 2016). La extracción se realizó con tres sub muestras para cada muestra (Tabla 7)

Para ello se consideró las muestras según la codificación de las muestras de suelo.

Tabla 7

Muestras seleccionadas para realizar la extracción de ADN

ZONA	MUESTRA	SUB MUESTRAS		
ALTA	A1	A1.1	A1.2	A1.3
	A2	A2.1	A2.2	A2.3
	A3	A3.1	A3.2	A3.3
MEDIA	M1	M1.1	M1.2	M1.3
	M2	M2.1	M2.2	M2.3
	M3	M3.1	M3.2	M3.3
BAJA	B1	B1.1	B1.2	B1.3
	B2	B2.1	B2.2	B2.3
	B3	B3.1	B3.2	B3.3

Posterior a la extracción de ADN, se seleccionaron aquellas submuestras con concentraciones superiores a 7 ng/ μ l para ser secuenciadas.

A continuación, se detallan los procedimientos realizados para la extracción de ADN utilizando el kit y el protocolo de extracción de ADN sugeridas por el fabricante (Qiagen) DNeasy PowerLyzer PowerSoil (Quick-Start Protocol August 2016), con cambios en el proceso disruptivo:

1. Inicialmente, pesar 250 mg de suelo seco de cada muestra y colocar en microtubos estériles 2 ml.
2. Adicionar 750 μ l de la solución PowerBead a cada microtubo. Este reactivo cuenta con perlas de vidrio de 0.1 mm que golpean las muestras, mediante el movimiento durante el homogeneizado de las muestras (disrupción), ya sea mediante movimiento por vórtice o un ruptor de tejidos.
3. Adicionar 60 μ l de la solución C1 y mezclar suavemente por inversión.
4. Homogeneizar utilizando el ruptor de tejidos a 2500 RPM, durante 1 minuto. Este paso es crucial, por esta razón en el manual del fabricante, indica diferentes revoluciones y depende del tipo del suelo. Para suelos bajos en biomasa y arcillosos, corresponde una configuración de 4000 RPM durante 45 segundos y para suelos arcillosos como suelos forestales, las configuraciones varían entre 2500–2800 RPM y el tiempo, puede ser mayor mientras proporcionan los mayores rendimientos sin comprometer la integridad del ADN. En nuestro experimento, utilizamos el equipo Digital Disruptor Genie®, Models SI-DD38 through SI-DD98 a 1000 RPM durante 5 minutos.
5. Centrifugar el microtubo a 12200 RPM durante 1 minuto.
6. Retirar entre 400 a 500 μ l del sobrenadante y colocar en un tubo nuevo de 2 ml.
7. Adicionar 250 μ l de la solución C2 al nuevo tubo y mezclar mediante vórtex durante 5 a 1 segundos.
8. Incubar de 2 a 8°C durante 5 minutos.
9. Centrifugar a 12200 RPM durante 1 minuto.
10. Transferir hasta 750 μ l del sobrenadante a un nuevo tubo de 2 ml.
11. Adicionar 1200 μ l de la solución C4 al sobrenadante y agitar mediante vortex por 5 minutos.

12. Cargar 675 μ l de la mezcla obtenida a una columna provista por el kit y centrifugar a 12200 RPM durante 1 minuto. Esta columna, retiene el ADN, gracias a las partículas de sílice que la componen.
13. Descartar el producto eluido y cargar 675 μ l de la mezcla restante en el tubo del paso 11.
14. Centrifugar a 12200 RPM durante 1 minuto y descartar el producto eluido.
15. Cargar por última vez el producto restante del paso 11.
16. Centrifugar a 12200 RPM durante 1 minuto y descartar el producto eluido.
17. Adicionar a la columna 500 μ l de la solución C5. Este paso, consiste en lavar el ADN obtenido.
18. Centrifugar a 12200 RPM durante 30 segundos y descartar el producto eluido, por contener los productos resultantes del lavado.
19. Centrifugar a 12200 RPM durante 1 minuto.
20. Colocar con cuidado la columna en un microtubo limpio de 2 ml.
21. Adicionar 100 μ l de agua grado molecular e incubar durante 5 minutos para hidratar el ADN capturado en el filtro.
22. Centrifugar a 12200 RPM durante 30 segundos, para liberar el ADN del filtro.
23. Descartar la columna y conservar el producto eluido, el cual contiene el ADN metagenómico.
24. Almacenar el producto entre -20 a -80°C.

Cabe resaltar que este kit, “Dneasy PowerLyzer PowerSoil” producido por la empresa Qiagen es útil para suelos con altos contenidos de ácidos húmicos, ya que elimina los inhibidores que afectan la reacción de PCR; lo que permitió obtener un ADN de alta calidad y pureza, (Centeno, 2018) Este protocolo utiliza como método de extracción de ADN una solución de detergente aniónico compuesto de sodio dodecil sulfato (SDS), el cual se encarga de romper los ácidos grasos y lípidos que se encuentran en la membrana celular de varios organismos, permitiendo la salida de la información genética (Qiagen N.V., 2020).

Posteriormente, se realizó la cuantificación del ADN obtenido, utilizando el espectrofotómetro nanodrop One de la marca ThermoFisher. Para ello se colocó 1 μ l del producto eluido.

Asimismo, para observar la integridad del ADN, se realizó una corrida electroforética en la cubeta electroforética horizontal de marca Cleaver Scientific, en un gel de agarosa al 1%, con buffer TAE (Tris base 2-amino-2-[hidroximetil]-1,3-propanodiol), ácido acético y EDTA (ácido etilendiaminotetraacético) 1X. La función de este buffer fue permitir la migración del ADN a través del gel, por estar compuesto por una base y un ácido débil, que transportan la corriente eléctrica. Asimismo, posee un aditivo que retiene los iones Mg^{2+} , cofactor de algunas nucleasas, por lo que son inactivadas (Sanderson et al., 2015)

El producto para electroforesis, se preparó utilizando 10 μ l de ADN metagenómico mezclado con 2.5 μ l de diamond y 2.5 μ l de azul de bromofenol. El primero es un tinte que se adhiere a la superficie de la hebra del ADN, otorgándole fluorescencia cuando se somete a luz UV o azul (Haines et al., 2016). Por otro lado, el azul de bromofenol, se utiliza como un buffer de carga, ya que proporciona el peso suficiente para la precipitación del ADN en el fondo de los pocillos del gel, además permite observar de forma directa la migración de la muestra a través del gel. Como marcador de tamaño, se utilizó el generuler 1 kb plus DNA Ladder de 75 a 20000 pb.

De la misma manera, las condiciones para la corrida fueron las siguientes: 100 V, 180 mA y durante 30 minutos. Finalmente, para observar la migración de los fragmentos, el gel fue colocado en el sistema de foto documentación con cámara integrada OmniDoci, de la marca Cleaver Scientific, mediante la exposición a luz azul.

2.5.3. Comprobación de ADN de las muestras de suelo mediante electroforesis

La presencia y la calidad de ADN extraído se comprobó mediante la técnica de electroforesis, antes de ello realizamos el preparado de los geles de agarosa, donde se pondrán las muestras de ADN (Mancilla, 2019).

La necesidad de ampliar los conocimientos respecto a los mecanismos bioquímicos y fisiológicos desarrollados por los microorganismos presentes en suelos requiere de una descripción completa de la diversidad microbiana, para lo cual en las últimas décadas se han desarrollado diferentes técnicas moleculares

(qPCR, DGGE, T-RFLP, RAPD.) las mismas que requieren una adecuada técnica de extracción de ADN que aseguren el éxito de la descripción de la diversidad microbiana, considerando las características de las muestras de suelos a ser estudiadas (Donaire et al., 2017). La diversidad microbiana del suelo está dada por el gran número de microorganismos que lo habitan. Los principales grupos microbianos que se encuentran en el son: hongos, bacterias, protozoos, algas y virus, estos últimos principalmente representados por los fagos, las plataformas de secuenciamiento como Illumina detectan diferenciadamente a los genes de hongos mediante el código ITS y los genes de las bacterias mediante el 16S rRNA.

2.6. Secuenciamiento de las bacterias (gen 16S rRNA) en la plataforma de Illumina Miseq

La plataforma Illumina está basada en la incorporación de nucleótidos marcados con determinadores reversibles de manera que en cada ciclo de ligación se une un nucleótido complementario al ADN molde emitiendo una señal luminosa que es captada por un sistema óptico altamente sensible (secuenciación por síntesis). La química empleada por Illumina permite generar lecturas de hasta 300 nucleótidos llegando a producir hasta 6000 Gb de datos (Pérez et al., 2017).

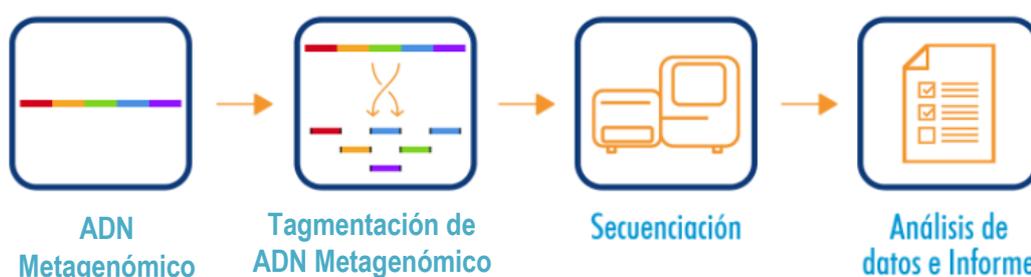


Figura 5. Secuenciación completa del genoma (WGS)

<https://www.merieuxnutrisciences.com/es/calidad-seguridad-alimentaria/food-science-center/secuenciacion-completa-genoma-wgs>

La secuenciación del gen 16S rRNA se realizó en el laboratorio de Fisabio – Valencia – España mediante la metodología Illumina Miseq. Las secuencias obtenidas se procesaron empleando la plataforma de SEED 2.1 y la plataforma del programa Ribosomal Data Base Project RDP 11, donde se analizaron las secuencias empleando las herramientas disponibles como el “Aligner” que permiten el alineamiento de las

secuencias, el “Complete link Age clustering” las agrupaciones en Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs) (Monzó et al., 2017).

En este trabajo las secuencias se agruparon (clustering) al 97% de similitud. La clasificación taxonómica de las secuencias se llevó a cabo con la herramienta “Classifier” utilizando un umbral de confianza del 80. Los índices de diversidad y las curvas de rarefacción se calcularon en el programa SEED 2.1 para luego mostrar los datos en el programa Excel, en cuanto a los índices de diversidad se calculó de acuerdo a Chao1 y Shannon, Simpson y Jackknife con el programa SEED2.1 Y RDP 11 (Cole et al., 2014).

2.6.1. Materiales, reactivos y equipos utilizados

A continuación, se detallan los materiales, reactivos y equipos utilizados en la presente investigación:

2.6.1.1. Materiales utilizados en actividades de campo

- Pico, Bolsa, Malla, Tubos falcón, Espátula, Rotulador, Tips de 100 a 1000 μ l, Tips de 0 a 200 μ l, Tips de 0.5 a 10 μ l, Tips de 0.1 a 10 μ l, Micro tubo de 2 ml, Heppendorf de 1.5 ml, Heppendorf de 2 ml, Spin filter de 2 ml, Guantes de nitrilo, Mascarilla, Algodón, Para film, Probeta de 100 ml, Frasco de borosilicato de 250 ml, Racks.

2.6.1.2. Reactivos utilizados en laboratorio

- Solución C1, Solución C2, Solución C3, Solución C4, Solución C5, Alcohol, Agarosa, Tampón TBE 10X, Agua ultra pura, DNA marcador, Loading dye 6x, Gelred, Loading buffer.

2.6.1.3. Equipos utilizados en laboratorio

- Balanza de precisión, Agitador vortex, Disruptor, Mini centrífuga, Baño María, Micro pipetas, Congeladora de -20°C , Foto documentador, Laptop, Cámara de electroforesis, Estufa

2.6.1.4. Diagrama de flujo de actividades de la investigación

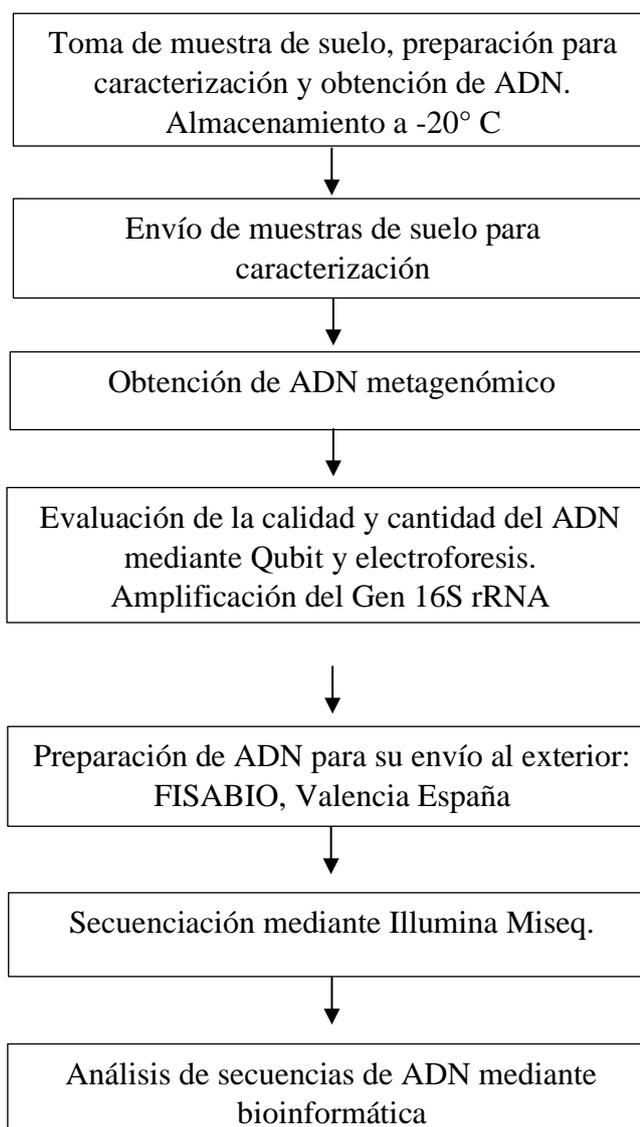


Figura 6. Diagrama de flujo de actividades de la investigación

2.6.2. Unión de secuencias (Forward y Reverso)

Las secuencias obtenidas a través de la metodología empleada en FISABIO, se unieron el Forward y el Reverso en la plataforma de SEED 2.1.

2.6.3. Remoción de secuencias ambiguas de la base

En la plataforma SEED 2.1 se realizó la remoción de secuencias ambiguas, lo que permitió eliminar aquellas secuencias con bases ambiguas.

2.6.4. Edición de la calidad de ADN (Q30)

La plataforma de datos del programa SEED2.1 se tiene una opción para editar la calidad del ADN como mínimo a un valor de Q30, y se considera el punto de referencia para la obtención de datos de alta calidad.

2.6.5. Edición de cluster

La agrupación de grupos (clusters) dentro del conjunto de secuencias en cada muestra de suelo se realizó en la plataforma de Seed 2 a una similitud del 97%.

2.6.6. Alineamiento de frecuencias

El alineamiento de las secuencias para cada suelo se realizó en la plataforma de del RDP 11 con el comando “aligner” al 97% de similitud.

2.6.7. Clasificación de secuencias y composición bacteriana

Las secuencias de ADN de cada muestra de suelo se clasificaron en la plataforma del RDP 11, donde se clasificó e identificó a un umbral de confianza del 80% a nivel de género, familia, clase, orden, phylum y además muestra las secuencias no clasificadas como *unclassified*. Para esta operación se envió a clasificar 99999 secuencias por cada suelo, finalizado la clasificación, se ordenaron los resultados en el programa Excel.

2.6.8. Análisis de diversidad Alpha y Beta

Para estimar la diversidad específica se calcularon los índices de Simpson y Shannon – Wiener, en los 9 espacios muestrales. En el caso del índice de Simpson se considera que cuanto más se acerca el valor de D a 1, menor es la diversidad del hábitat, mientras que cuanto más se acerca el valor de D a 0, mayor es la diversidad del hábitat. Por otra parte, en el índice de Shannon-Wiener; los valores menores a 2 se considera ecosistema con diversidad de especies baja mientras que los valores sobre 3 se considera ecosistema con diversidad de especies alta (Universidad Nacional de la Plata, 2018).

2.6.9. Análisis comparativo de la estructura de las poblaciones bacterianas

Se utilizó el comando de comparación de muestras o bibliotecas (Library Compare) de la plataforma del RDP11 para comparar comunidades microbianas de las zonas Alta, Media y Baja, basadas en secuencias de ADN del gen 16S rRNA.

Esta herramienta de comparación de muestras utiliza el clasificador bayesiano del RDP 11 para proporcionar una clasificación rápida de secuencias de las muestras sometidas a comparación en la taxonomía bacteriana, donde cada secuencia de la muestra se asigna a un conjunto de taxones jerárquicos desde el Phylum hasta el rango de género, junto con una estimación probabilística de confianza para cada asignación. Se empleó 40000 secuencias por muestra a comparar y un umbral de confianza del 80% (Wang et al., 2007).

2.6.10. Actividades biológicas de los géneros bacterianos identificados

- Géneros bacterianos implicados en la fijación de Nitrógeno.
- Géneros bacterianos solubilizadores de Fósforo.
- Géneros bacterianos solubilizadores de Potasio.
- Géneros bacterianos implicados en biocontrol.
- Géneros bacterianos implicados en producción de fitohormonas.
- Géneros bacterianos productores de Sideróforos.
- Géneros bacterianos productores de ACC-desaminasa.

CAPÍTULO III

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Determinación del índice de diversidad Alpha y Beta de la Biodiversidad de la UNSM

La determinación del índice de diversidad Alpha y Beta de la Biodiversidad de la UNSM como indicador que permita conocer el comportamiento de la comunidad biológica del área de estudio identificada, en relación a las características del área en general, se realizó a partir del inventario de las especies de flora de dicha área (Tabla 11) (U.S. Geological Survey & Smithsonian Institution, 2021) y muestra los siguientes resultados:

3.1.1. Comportamiento con estimadores de la diversidad biológica de las especies del bosque biodiversidad de la UNSM

Las curvas de acumulación de especies se muestran asintóticas, lo que indica que, aunque se incremente el número de unidades de muestreo (muestras) o de individuos censados, no se incrementará el número de especies, lo que refleja que se realizó un muestreo adecuado.

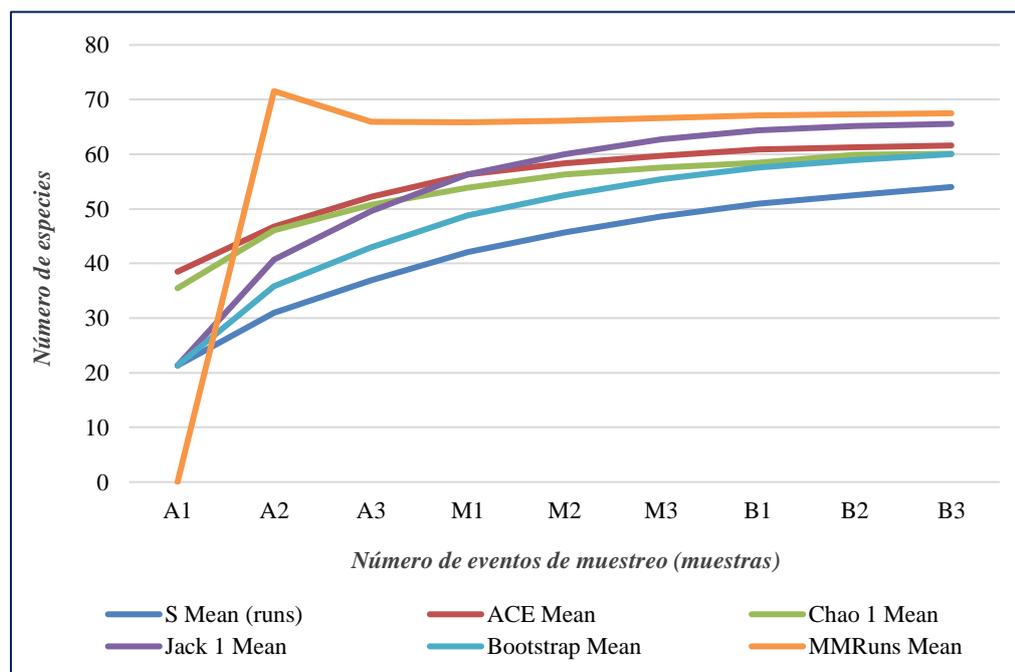


Figura 7. Curva de acumulación de especies de muestreo de flora en el CAIE Biodiversidad de UNSM

En este contexto, los indicadores de Ace, Chao 1 y Bootstrap presentan valores superiores al 85% (tabla 8) de las especies esperadas en una muestra lo que refleja también un proceso de muestreo adecuado (Villarreal et al., 2016).

Tabla 8

Porcentaje de eficiencia por estimador

Samples	Individuals (computed)	S Mean (runs)	ACE Mean	Chao 1 Mean	Jack 1 Mean	Bootstrap Mean	MMRuns Mean
A1	56.56	21.33	38.5	35.48	21.33	21.33	0
A2	113.11	30.99	46.76	46.05	40.73	35.86	71.55
A3	169.67	36.9	52.23	50.78	49.62	42.92	65.89
M1	226.22	42.1	56.3	53.91	56.34	48.77	65.82
M2	282.78	45.66	58.32	56.33	60.04	52.49	66.11
M3	339.33	48.6	59.68	57.55	62.68	55.43	66.59
B1	395.89	50.92	60.83	58.45	64.35	57.6	67.08
B2	452.44	52.51	61.31	59.91	65.14	58.9	67.33
B3	509	54	61.6	60.1	65.56	60.02	67.54
	Eficiencia		87.66	89.85	82.37	89.97	79.95

Por otra parte, para los análisis de biodiversidad se utilizaron los estimadores de Simpson y Shannon-Wiener (tabla 9 y 10) donde se obtuvieron los siguientes resultados:

Tabla 9

Resultados del análisis de biodiversidad del bosque húmedo tropical de San Martín – Índice de Simpson

Estimador	A1	A2	A3	M1	M2	M3	B1	B2	B3
Simpson_1-D	0.93	0.92	0.92	0.91	0.85	0.91	0.94	0.90	0.90

*Cuanto más se acerca el valor de D a 1, menor es la diversidad del hábitat.
Cuanto más se acerca el valor de D a 0, mayor es la diversidad del hábitat.*

Tabla 10

Resultados del análisis de biodiversidad del bosque húmedo tropical de San Martín – Índice de Simpson

Estimador	A1	A2	A3	M1	M2	M3	B1	B2	B3
Shannon_H	2.91	2.72	2.65	2.81	2.33	2.64	2.98	2.60	2.67

Valores menores a 2 se considera ecosistema con diversidad de especies baja. Valores sobre 3 se considera ecosistema con diversidad de especies alta.

De acuerdo a los valores obtenidos en los estimadores de la biodiversidad del bosque húmedo tropical en la biodiversidad de UNSM, la diversidad se considera como media – baja y con existencia de dominancia de especies en el que se puede apreciar la presencia de especies de las familias más diversas que por lo general se encuentra en este tipo de bosque como son: Rubiaceae, Arecacea, Meliaceae y Euphorbiaceae (Mora, 2013, citado por Maldonado, 2016) y (Fernández, 2007, citado por Moreira, 2021) quien refiere sobre los bosques húmedos tropicales que su principal característica es una gran diversidad de especies y un alto grado de complejidad en las transformaciones ecosistémicas que allí se realizan.

Tabla 11

Inventario de especies de la flora del bosque biodiversidad de la UNSM.

Nº	Nombre Común	Nombre Científico	Familia	Característica	Baja	Medi a	Alta
1	Cumala Blanca	<i>Caraipa densifolia</i>	Clusiaceae	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	3	13	20
2	Ungurahui	<i>Oenocarpus bataua</i> Mart	Arecaceae	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	7	15	17
3	Casha Pona	<i>Iriarhea</i> sp	Arecaceae	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	31	35	13
4	Bromelia	<i>Guzmania lingulata</i> (L.) Mez	Bromeliáceas	Planta acaulescente, alcanza los 16–29 cm de alto en flor.	27	26	13
5	Huacrapona	<i>Iriarteia deltoidea</i>	Arecaceae	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	0	0	9
6	Siamba	** <i>Oenocarpus mapora</i> H. Karst.	Arecaceae	Palmera polígama dioica, flores masculinas, femeninas o bisexuales puede alcanzar hasta 13 a 15 metros de altura.	0	0	9
7	Huasaí	<i>Euterpe oleracea</i>	Arecaceae	Plantas monocotiledóneas.	18	3	6
8	Remocaspi	<i>Aspidosperma rigidum</i>	Apocynaceae	Especie arbórea.	11	2	6
9	Pichirina Gigante	<i>Vismia tarapotensis</i>	Gutiferaceae	Especie arbórea.	0	0	6
10	Helecho Macho	<i>Dryopteris affinis</i>	Dryopteridaceae	Planta vivaz, con un rizoma corto y robusto.	6	8	5
11	Sombrero de Diablo	<i>Petasites hybridus</i>	Asteraceae	Planta herbácea perenne.	11	2	4
12	Clavo Huasca	<i>Mandevilla scabra</i>	Apocynaceae	Dicotiledónea. Enredadera grande y leñosa.	3	1	3
13	Cetico	<i>Cecropia membranacea</i>	Urticaceae	Planta herbácea con flor.	0	0	3
14	Pamashto	<i>Manilkara balata</i>	Sapotaceae	Especie arbórea.	0	0	3
15	Gomacaspi	<i>Vochysia haenkeana</i> Mart.	Vochysiaceae	Planta de flor.	0	0	3
16	Ucshaquiro	<i>Tachigali setifera</i> Ducke	Fabaceae	Planta con flores.	0	0	3
17	Shiringa	<i>Hevea brasiliensis</i>	Euphorbiaceae	Especie arbórea.	4	8	2
18	Ponilla	<i>Virola sebifera</i>	Myristicaceae	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	3	1	2

19	Chupo Sacha	<i>Ocotea costulata</i>	Lauraceae	Especie arbórea maderable.	1	0	2
20	Sacha Uvilla	<i>Physalis angulata</i> L.	Solanaceae	Planta herbácea.	1	0	2
21	Chullachaqui Caspi - Bachufa	<i>Terminalia amazonia</i> (J.F. Gmel.) Exell	Combretaceae	Árbol tropical de bosque perennifolio húmedo	0	0	2
22	Cumala Colorada	<i>Compsonera sprucei</i> (A. DC.) Warb.	Myristicaceae	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	0	0	2
23	Ubiamba	<i>Miconia eriocalyx</i> cogn.	Melastomataceae	Especie arbórea.	5	15	1
24	Sacha Cacao	<i>Terminalia amazonia</i> (J.F. Gmel.) Exell	Combretaceae	Árbol tropical de bosque perennifolio húmedo	1	8	1
25	Lagarto Caspi	<i>Solanum obliquum</i> Ruiz & Pav	Solanaceae	Planta herbácea.	1	2	1
26	Palmera Cuya Coroto	<i>Jacaranda copaia</i> (Aubl.) D. Don	Bignoniaceae	Especie arbórea maderable.	6	1	1
27	Breacaspi	<i>Aniba</i> sp.	Lauraceae	Especie arbórea maderable.	3	0	1
28	Shimbillo Colorado	<i>Inga marginata</i>	Fabaceae	Leguminosa.	0	0	1
29	Mohena Amarilla	<i>Endlicheria dysodantha</i> (Ruiz & Pav.) Mez	Lauraceae	Especie arbórea maderable.	0	0	1
30	Chullachaqui Caspi - Bachufa	<i>Terminalia amazonia</i> (J.F. Gmel.) Exell	Combretaceae	Árbol tropical de bosque perennifolio húmedo	0	5	0
31	Pumaquiro	<i>Aspidosperma macrocarpon</i>	Apocynaceae	Especie dicotiledónea.	15	3	0
32	Mullaca Pubescente Herbácea	<i>Calophyllum brasiliense</i>	Calophyllaceae	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	1	2	0
33	Abuta	<i>Abuta grandifolia</i>	Menispermaceae	Liana robusta, aplanada, con ramas glabras.	0	2	0
34	Cordoncillo	<i>Piper aduncum</i>	Piperaceae	Árbol perenne de 6-7 metros de altura con tallo leñoso.	0	2	0
35	Cumala Colorada	<i>Compsonera sprucei</i> (A. DC.) Warb.	Myristicaceae	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	0	2	0
36	Sacha Curarina	<i>Chimarrhis hookeri</i> K. Schum	Rubiaceae	Especie arbórea.	0	2	0
37	Yanchama	<i>Poulsenia armata</i> (Miq.) Standl	Moraceae	Especie arbórea.	0	2	0
38	Huamanzamana	<i>Elaeis guineensis</i> Jacq.	Arecaceae.	Palmera monoica con tronco recto.	6	1	0
39	Copal	<i>Geonoma macrostachys</i>	Arecaceae	Palmera con un único tallo muy corto.	2	1	0
40	Alcanfor Moena	<i>Ocotea aciphylla</i> (Nees) Mez	Lauraceae	Especie arbórea maderable.	0	1	0

41	Cetico	<i>Cecropia membranacea</i>	Urticaceae	Planta herbácea con flor.	0	1	0
42	Huacrapona	<i>Iriartea deltoidea</i>	Arecaceae	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	0	1	0
43	Huayruro	<i>Ormosia coccinea</i> (Aubl.) Jacks.	Faboidea	Árbol grande, de hasta 30 m de altura	0	1	0
44	Labio de Turista	<i>Psychotria elata</i>	Rubiaceae	Arbusto de 1,5 hasta 2 m de altura.	0	1	0
45	Mishquipanga	<i>Renealmia alpina</i>	Zingiberaceae	Planta herbácea perenne.	0	1	0
46	Pamashto	<i>Manilkara balata</i>	Sapotaceae	Especie arbórea.	0	1	0
47	Planta Ornamental NN	-	-	-	0	1	0
48	Sacha Casho	<i>Anacardium giganteum</i>	Anacardiaceae	Especie arbórea.	0	1	0
49	Shimbillo Colorado	<i>Inga marginata</i>	Fabaceae	Leguminosa.	0	1	0
50	Vainilla	* <i>Vainilla palmarum</i>	Orchidaceae	Orquídea epífita de tamaño grande	0	1	0
51	Pona	<i>Socratea exorrhiza</i>	Arecaceae	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	9	0	0
52	Moena	<i>Qualea paraensis</i> Ducke	Vochysiaceae	Especie arbórea maderable.	3	0	0
53	Moena Blanca	<i>Wettinia augusta</i>	Arecaceae	Palma que alcanzan un tamaño de 2.5 m.	3	0	0
54	Punga	<i>Pachira aquatica</i> Aublet	Bombacaceae	Especie arbórea.	3	0	0
55	Calzon Panga	<i>Bursera graveolens</i>	Burseraceae	Árbol que alcanza un tamaño de 1.5 a 8 m de altura	2	0	0
56	Mullaca Amarilla	<i>Clidemia hirta</i> L.	Melastomataceae	Arbusto perenne.	2	0	0
57	Shimbillo Tarrasca	<i>Inga sp.</i>	Fabaceae	Leguminosa.	2	0	0
58	Chullachaqui Caspi-Bachufa	<i>Tetracera volubilis</i> L.	Dilleniaceae	Arbustos escandente.	1	0	0
59	Moena Negra	<i>Herrania breviligulata</i> R.E. Schult.	Malvaceae	Especie arbórea	1	0	0
60	Paujil Chaqui	<i>Pourouma minor</i> Benois	Urticaceae	Especie arbórea.	1	0	0
61	Shamoja	<i>Amaioua guianensis</i> H.B.K	Rubiaceae	Especie arbórea.	1	0	0

*(Damian & Janovec, 2018)

3.1.2. Distribución de especies por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM

En cuanto al número de especies por zonas, la distribución es similar 21, 20 y 21 unidades para las zonas Alta, Media y Baja respectivamente, sin embargo, en lo que se refiere el número de plantas, la Zona Baja tiene notablemente la mayor cantidad, con 130 unidades, mientras que las Zonas Alta y Media tienen 111 y 109 unidades respectivamente (Tabla 12).

Tabla 12

Especies y número de plantas por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM

ZONA	Número de especies	Número de plantas
Alta	21	111
Media	20	109
Baja	21	130

3.1.3. Distribución de especies únicas por zona y entre zonas del bosque biodiversidad de la UNSM.

Del análisis al Inventario de especies de la flora del bosque biodiversidad; (Tabla 13 y Figura 8) se observó que son 15 especies que comparten entre las tres zonas, Alta, Baja y Media; las zonas Alta y Media comparten 6 especies; las zonas Alta y Baja comparten 3 especies, las zonas Baja y Media comparten 4 especies, a su vez, las zonas Alta, Media y Baja albergan 5, 11 y 11 especies únicas respectivamente.

Tabla 13

Distribución de especies únicas por zonas y entre zonas del bosque biodiversidad de la UNSM

ZONA	Total	Especies únicas
Zona Alta	15	Ponilla, Bromelia, Sacha Cacao, Lagarto Caspi, Remocaspi,
Zona Baja		Palmera, Cuya, Coroto. Ungurahui, Sombrero de Diablo,
Zona Media		Ubiamba, Casha Pona, Cumala Blanca, Huasaí, Shiringa. Helecho Macho, Clavo Huasca.
Zona Alta	6	Chullachaqui Caspi - Bachufa, Pamashto, Cumala Colorada,
Zona Media		Shimbillo Colorado, Cetico. Huacrapona
Zona Alta	3	Chupo Sacha, Sacha Uvilla, Breacaspi.
Zona Baja		
Zona Baja	4	Copal, Huamanzamana, Pumaquiro, Mullaca Pubescente,
Zona Media		Herbácea.
Zona Alta	5	Pichirina Gigante, Ucshaquiro, Mohena Amarilla, Siamba, Gomacaspi.
Zona Media	11	Planta Ornamental, NN, Sacha Curarina, Alcanfor, Moena, Abuta, Labio de Turista. Huayruro, Sacha Casho, Mishquipanga, Cordoncillo, Yanchama, Vainilla.
Zona Baja	11	Paujil Chaqui, Moena Blanca, Moena, Shimbillo, Tarrasca, Mullaca Amarilla, Pona. Chullachaqui Caspi-Bachufa, Punga, Shamoja, Calzon Panga, Moena Negra.

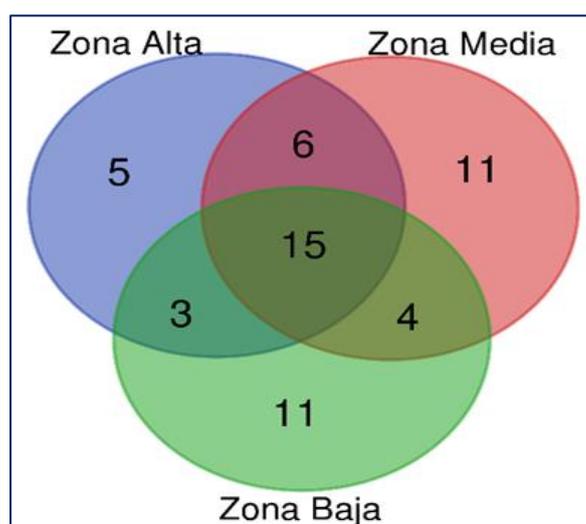


Figura 8. Distribución de especies por zonas y entre zonas del bosque biodiversidad de la UNSM.

3.1.4. Especies diferenciadas en cantidad por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM

Por otro lado, se observó especies diferenciadas en cantidad por cada zona, con predominancia en la zona Baja de 4 especies (Huasaí, Remocaspi, Sombrero de Diablo y Pumaquiru) respecto a las zonas Alta y Media en donde comparten con importante cantidad dos especies (Cumala Blanca y Hungurahui) y dos especies en menor cantidad que están en la zona Alta (Huacrapona y Siamba) (Tabla 14).

Tabla 14

Especies diferenciadas en cantidad por zona en el bosque biodiversidad de la UNSM

N°	Especie (Nombre común)	Z O N A S		
		Baja	Media	Alta
1	Cumala Blanca	-	13	20
2	Ungurahui	-	15	17
3	Huacrapona	-	-	9
4	Siamba	-	-	9
5	Huasaí	18	-	-
5	Remocaspi	11	-	-
6	Sombrero de Diablo	11	-	-
7	Pumaquiru	15	-	-

La vegetación, así como los exudados que producen algunas raíces, cambian las propiedades físicas y químicas de los suelos; en particular, la estructura, la porosidad, el pH y el potencial redox, factores que en su conjunto actúan de un modo u otro para influir sobre la densidad y la actividad de los microorganismos (Instituto Geográfico Agustín Codazzi, 1993, citado por Mora, 2016).

3.2 Caracterización del suelo del bosque húmedo tropical de San Martín

Los resultados de las muestras de suelo del bosque húmedo tropical en la biodiversidad de la UNSM, ensayos con código de referencia: H.R. 69787-106C-19, realizados en el laboratorio de suelos de la Universidad Nacional Agraria la Molina se presentan en la tabla 15.

El mayor contenido de M.O. (3.89%) en la zona Alta, similar a la zona Media (3,87%), sin embargo, se evidencia un mayor contenido de Limo (13,67%) y Arcilla (9.33%) en la zona Alta, lo que definiría un promedio superior de 8.48 meq/100g de CIC respecto a las zonas Media y Baja con 5.76 meq/100g y 5,33 meq/100g respectivamente. Indicamos que los coloides como la M.O., el Limo y Arcillas del suelo tienen la propiedad de comportarse como iones de carga negativa, aniones, de forma que son capaces de retener o adsorber cationes. Respecto al pH, éste resultó menor en la zona Alta con pH de 3.45 respecto a las zonas Media con un pH promedio de 3.73 y en la zona Baja con un pH de 3.69.

Frente a estos resultados y respecto a la población y diversidad bacteriana edáfica enorme y considerando que un solo gramo de suelo puede contener entre 1×10^3 y 1×10^6 especies únicas de bacterias (Torsvik et al. 2002; Tringe et al. 2005; Fierer et al. 2007) tomado de Arone, (2012). Naturalmente las comunidades bacterianas han evolucionado a través de miles de años de selección natural y debido a múltiples interacciones han establecido consorcios microbianos diversos y complicados de simular de manera artificial.

Tabla 15

Caracterización del suelo del bosque húmedo tropical de San Martín

N° de Muestra		pH	C.E. (1:1)	CaCO ₃	M.O.	P	K	Análisis Mecánico			Clase Textural*	CIC	Cationes Cambiables					Suma de Cationes	Suma de Bases	% Sat. De Bases
Zona	Muestra	(1:1)	dS/m	%	%	ppm	ppm	Arena	Limo	Arcilla			Ca ²⁺	Mg ²⁺	K ⁺	Na ⁺ Al	Al ⁺³ +H ⁺			
								%	%	%			meq/100g							
Alta	A1	3.46	0.43	0.00	4.05	3.50	106.00	77.00	13.00	10.00	Fr.A.	10.40	0.81	0.30	0.21	0.10	1.35	2.77	1.42	
	A2	3.42	0.28	0.00	3.03	16.80	77.00	85.00	9.00	6.00	A.Fr.	7.04	0.63	0.22	0.12	0.09	0.60	1.65	1.05	15
	A3	3.46	0.34	0.00	4.60	13.50	94.00	69.00	19.00	12.00	Fr.A.	8.00	0.66	0.27	0.16	0.10	1.45	2.64	1.19	15
Promedio	A	3.45	0.35	0.00	3.89	11.27	92.33	77.00	13.67	9.33	-	8.48	0.70	0.26	0.16	0.10	1.13	2.35	1.22	15
Media	M1	3.85	0.22	0.00	2.76	10.70	76.00	87.00	7.00	6.00	A.Fr.	4.00	0.64	0.23	0.11	0.07	0.55	1.61	1.06	26
	M2	3.64	0.23	0.00	2.90	4.20	79.00	85.00	9.00	6.00	A.Fr.	5.28	0.55	0.20	0.11	0.09	0.60	1.55	0.95	18
	M3	3.59	0.20	0.00	3.06	15.20	69.00	87.00	7.00	6.00	A.Fr.	6.40	0.58	0.20	0.12	0.10	0.35	1.34	0.99	16
Promedio	M	3.69	0.22	0.00	2.91	10.03	74.67	86.33	7.67	6.00	-	5.23	0.59	0.21	0.11	0.09	0.50	1.50	1.00	20
Baja	B1	3.98	0.25	0.00	5.32	29.20	106.00	89.00	7.00	4.00	A.	5.60	0.61	0.27	0.17	0.10	0.35	1.49	1.14	20
	B2	3.59	0.27	0.00	2.15	17.10	71.00	81.00	11.00	8.00	A.Fr.	4.80	0.61	0.22	0.10	0.10	0.40	1.42	1.02	21
	B3	3.63	0.20	0.00	4.14	4.10	84.00	79.00	13.00	8.00	A.Fr.	6.88	0.54	0.22	0.15	0.08	1.00	1.99	0.99	14
Promedio	B	3.73	0.24	0.00	3.87	16.80	87.00	83.00	10.33	6.67	-	5.76	0.59	0.24	0.14	0.09	0.58	1.63	1.05	18

Leyenda:

*pH = potencial de hidrogenación; C.E. = Conductividad Eléctrica; CaCO₃ = Carbonato de Calcio; M.O. = Materia Orgánica; P = Fósforo expresado en Partes por Millón; K = Potasio expresado en Partes por Millón; CIC = Capacidad de Intercambio Catiónico; Ca²⁺ = Ion Calcio; Mg²⁺ = Ion Magnesio; K⁺ = Ion Potasio; A = Arena; A.Fr. = Arena Franca; Fr.A. = Franco Arenoso; Fr. = Franco; Fr.L. = Franco Limoso; L = Limoso; Fr.Ar.A. = Franco Arcillo Arenoso; Fr.A. = Franco Arcilloso; Fr.Ar.L. = Franco Arcillo Limoso; Ar.A. = Arcillo Arenoso; Ar.L. = Arcillo Limoso; Ar. = Arcilloso.

3.2.1. Análisis de los resultados de la caracterización del suelo procedente del bosque húmedo tropical en el bosque biodiversidad de la UNSM en cada una de las zonas (Zona Alta, Zona Media y Zona Baja) desde el punto de vista de su contenido físico químico e interrelaciones.

3.2.1.1. Suelos de la Zona Alta del bosque biodiversidad de la UNSM

Los suelos se caracterizan por presentar una reacción extremadamente ácida, bajos en salinidad, pero éstas están en mayor concentración que otras muestras a diferentes pisos altitudinales. Son medios a altos en materia orgánica, pero si la relacionamos con la presencia del coloide inorgánico, se puede indicar que existe una acumulación de materia orgánica, ello puede ocurrir por una baja temperatura que afecta la actividad de bacterias aerobias por acumulación de agua debido a problemas en el drenaje o por el mismo pH que condiciona la proliferación de microorganismos en el suelo (predominancia de hongos), afectando la descomposición de materia orgánica. Así mismo, el promedio de pH en relación al promedio de las zonas Media y Baja resultaron estadísticamente iguales entre sí (figura 9).

De acuerdo con la clase textural debería presentarse una buena infiltración y percolación del agua, pero por la acumulación de materia orgánica pueden presentarse problemas con el drenaje, al ser un coloide retiene una buena cantidad de humedad.

La capacidad de retención de suelos es baja, ello es debido a la baja presencia de arcillas y al tipo presente, pues por efecto del pH deben estar presentes sólo arcillas del tipo 1:1 y óxidos, con mayor problema con la concentración de hidrógenos que aluminio, debido a la falta de arcillas del tipo 2:1.

La CIC efectiva es muy baja (CIC real), cuya diferencia con la CIC total es debida a la materia orgánica presente debido a su capacidad de ionización, ello permite indicar que es un suelo con muy baja capacidad de almacenamiento o de un potencial nutricional bajo. Hacemos hincapié que el promedio de CIC en la zona Alta (8.48 meq/100g) superó estadísticamente a los promedios arrojados en las zonas Baja y Media con 5.76 meq/100g y 5.23 meq/100g respectivamente (figura 10).

La presencia de fósforo disponible es de concentraciones medias, pero bajos

en potasio (Loli, 2019).

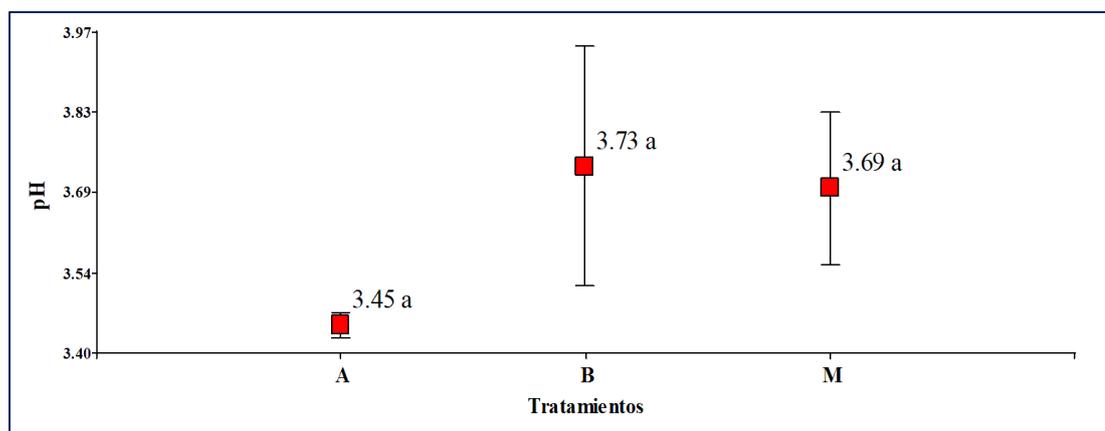


Figura 9. Test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del pH por zonas

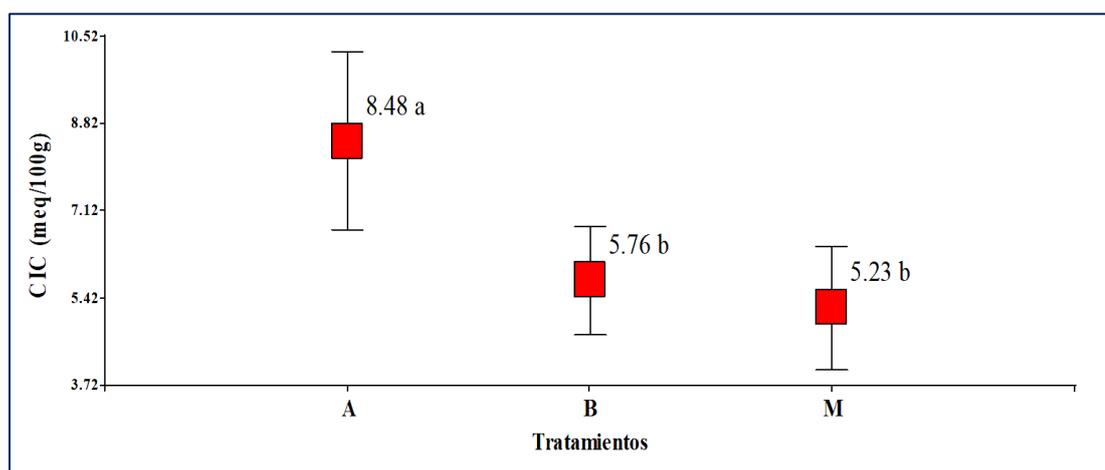


Figura 10. Test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la CIC (meq/100g) por zonas

3.2.1.2. Suelos de la Zona Media del bosque biodiversidad de la UNSM

Los suelos presentan una reacción extremadamente ácida, sin problemas de salinidad, valores inferiores a los encontrados en los suelos anteriores más alta, con valores en promedio de materia orgánica y medios, pero si lo relacionamos con el contenido de arcillas existe una acumulación, lo que puede ser debido al efecto de la temperatura baja, al pH o a problemas en la circulación del agua.

Son suelos textura ligera teóricamente de buen drenaje y bien aireados, propiedades que pueden verse afectadas por la presencia de materia orgánica, cuyo promedio de 3.87% resulto estadísticamente igual a los promedios

arrojados en las zonas Alta con 3.89% y baja con 2.91% (figura 11). Su capacidad de retención de agua y nutrientes es baja, en función de la CIC total, valor que se ve incrementado por la materia orgánica que por ionización otorga el suelo un valor incrementado de retención.

La CIC efectiva es muy baja, debido al tipo y cantidad de arcillas presentadas al pH de la muestra, por lo que se puede pensar en un efecto tóxico más debido a los protones.

El fósforo disponible es de medio a bajos, mientras que el potasio es bajo (Loli, 2019)

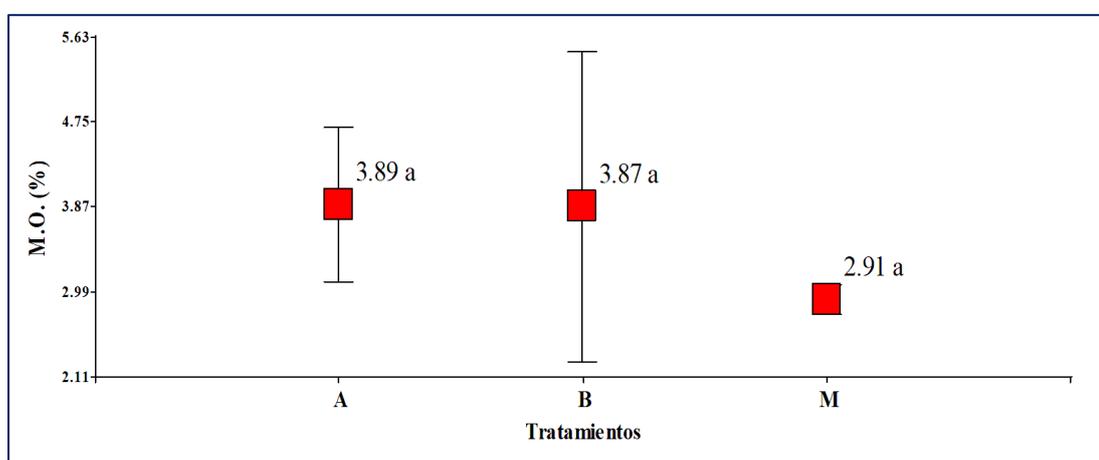


Figura 11. Test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la M.O. (%) por zonas

3.2.1.3. Suelos Zona Baja del bosque biodiversidad de la UNSM

Los suelos presentan una reacción extremadamente ácida, sin problemas de salinidad, pero con valores inferiores a los encontrados en la parte más alta, con valores en promedio altos de materia orgánica, lo que puede ser debido al efecto de la temperatura baja, al pH o a problemas en la circulación de agua.

Son suelos textura ligera teóricamente de buen drenaje y bien aireados, propiedades que pueden verse afectadas por la presencia de materia orgánica. Su capacidad de retención de agua y nutrientes es baja, en función de la CIC total, valor que se ve incrementado por la materia orgánica que por ionización otorga al suelo un valor incrementado de retención.

La CIC efectiva es muy baja, ello es debido al tipo y cantidad de arcillas presentadas al pH de la muestra, por lo que se puede pensar en un efecto tóxico más debido a los protones.

El fósforo disponible es de medio a alto, mientras que el potasio es bajo

En resumen, la interpretación del comportamiento físico químico de los elementos del suelo del bosque biodiversidad de la UNSM se puede expresar de la siguiente manera:

- Los suelos observados son extremadamente ácidos, a ese valor de pH se asume que la concentración de arcilla del tipo 2:1, si se presenta es una mínima concentración, aunque lo normal es su ausencia, ello condiciona que el abastecimiento de aluminio se encuentra limitado, por ello y por la meteorización el principal catión que está determinando la acidez cambiante sería el hidrógeno.
- La toxicidad del hidrógeno normalmente se presenta en una eliminación de la lámina de pectado de calcio (otorga la semi permeabilidad a la célula), con el hidrógeno se presentaría una permeabilidad, lo que involucraría problema en la absorción de los nutrientes en forma activa, es decir limitaciones en el movimiento de los nutrientes en contra de un gradiente de concentración.
- Con respecto a la materia orgánica, se puede indicar que entre esta y el coloide inorgánico debe existir una estrecha relación, no se podría dar un valor estable a las diferentes concentraciones de arcilla, en el caso de estos suelos, presentan acumulación, debido a diferentes factores que limitan la actividad de bacterias aeróbicas.
- Los suelos presentan bajo porcentaje de saturación de bases (desbasificación), es decir un bajo potencial nutricional, ello es debido a la presencia de arcillas 1:1 y óxidos de hierro y de aluminio (Loli, 2019)
- El Fósforo (P) y Potasio (K) son dos de los tres macronutrientes requeridos por las plantas para un crecimiento óptimo. Estos nutrientes son requeridos en grandes cantidades, en tanto que los promedios de P en todas las zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí (figura 12) con valores que superaron los niveles óptimos para los cultivos, así mismo, los promedios de K en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con

valores desde 13.67 ppm, 10.33 ppm y 1.67 ppm en las zonas A, B y M respectivamente.

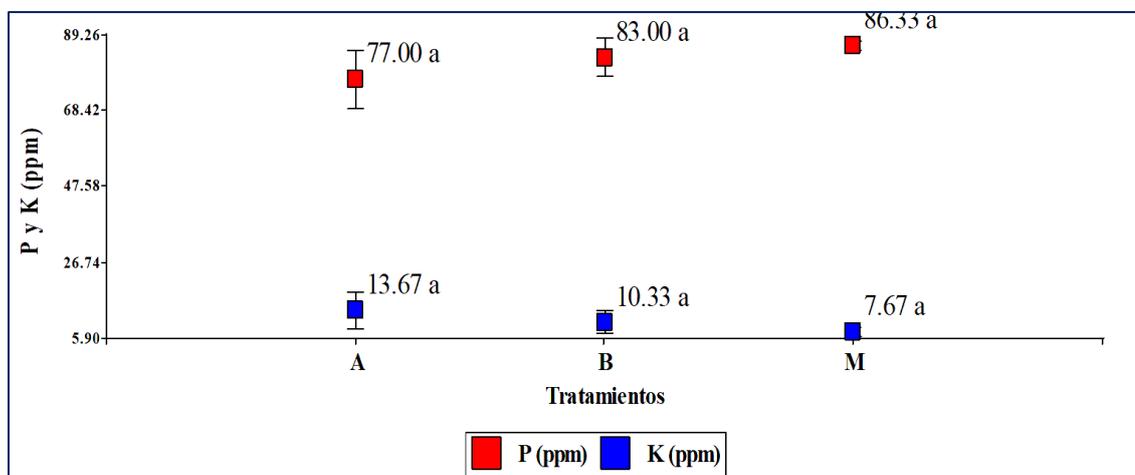


Figura 12. Test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de P (ppm) y K (ppm) por zonas

3.2.1.4. Análisis estadístico de los resultados de la caracterización del suelo procedente del bosque húmedo tropical en el bosque biodiversidad de la UNSM en cada una de las zonas (Zona Alta, Zona Media y Zona Baja).

Del resumen de los análisis estadísticos para los resultados de la caracterización del suelo del bosque de la biodiversidad de la UNSM tenemos que:

Los promedios de pH (extremadamente ácidos) y % de M.O. (alto) resultaron estadísticamente iguales entre sí, con pH de 3.45, 3.69 y 3.73 y 3.89%, 2.91% y 3.87% de M.O. en las zonas alta, media y baja respectivamente.

Las texturas predominantes en las zonas alta, media y baja fueron Franco arenoso (Fr.A.), Arena Franca (A.Fr.) y Arena Franca (A.Fr.) respectivamente, con porcentajes estadísticamente iguales entre sí para los contenidos de Arena, Limo y Arcilla. El Mayor promedio de Arcilla en la zona alta determinó el mayor promedio de 8.48 de C.I.C. superior estadísticamente a las zonas baja y media) con 5.76 y 5.23 de CIC respectivamente. Sin embargo, los valores de C.I.C. son bajos debido a los altos porcentajes de Arena existente en cada zona (desde 69 hasta 89%).

La saturación de bases representa el porcentaje de los sitios de intercambio en el suelo ocupados por los iones básicos Ca, Mg, Na y K. La diferencia entre ese número y 100 es el porcentaje de los sitios de intercambio ocupados por cationes ácidos: Al y H. En la mayoría de las situaciones. Los promedios obtenidos resultaron bajos y estadísticamente iguales entre sí, con 15%, 18% y 20% de saturación de bases para las zonas alta, baja y media respectivamente.

Una saturación con bases relativamente alta (>60%) es deseable. El pH del suelo aumenta a medida que aumenta el porcentaje de saturación de bases, con saturaciones de base del 70% al 80% que representan suelos con pH >6.0. En tanto, los valores de pH fueron extremadamente ácidos, lo que justifica el bajo % de saturación y suma de bases para el presente estudio.

3.3. Biodiversidad bacteriana del suelo procedente de un bosque húmedo tropical de San Martín

3.3.1. Presencia de ADN metagenómico de muestras de suelo en geles de agarosa con la técnica de la Electroforesis de ADN

El tamaño del ADN fue superior a 20000 pb, ya que el marcador indica un máximo de 20000 pb (Fig. 9, 10, 11 y 12), así la electroforesis en gel de agarosa permite apreciar la integridad del ADN. Una vez realizada la mezcla de las sub muestras, estas se homogenizaron y también fueron evaluadas su integridad en geles, mostrando ser íntegras.

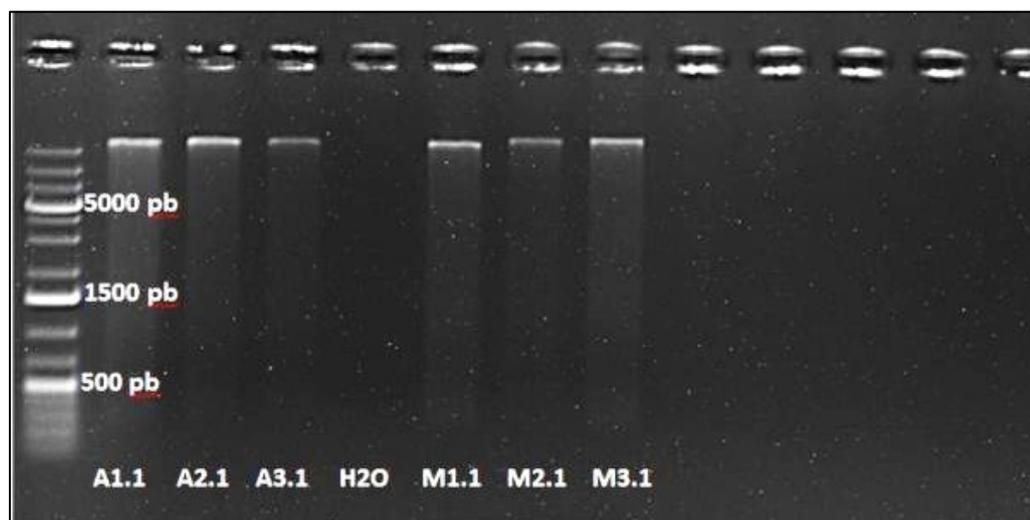


Figura 9. Corrida electroforética del ADN de las submuestras pertenecientes a las zonas alta (A) y media (M)

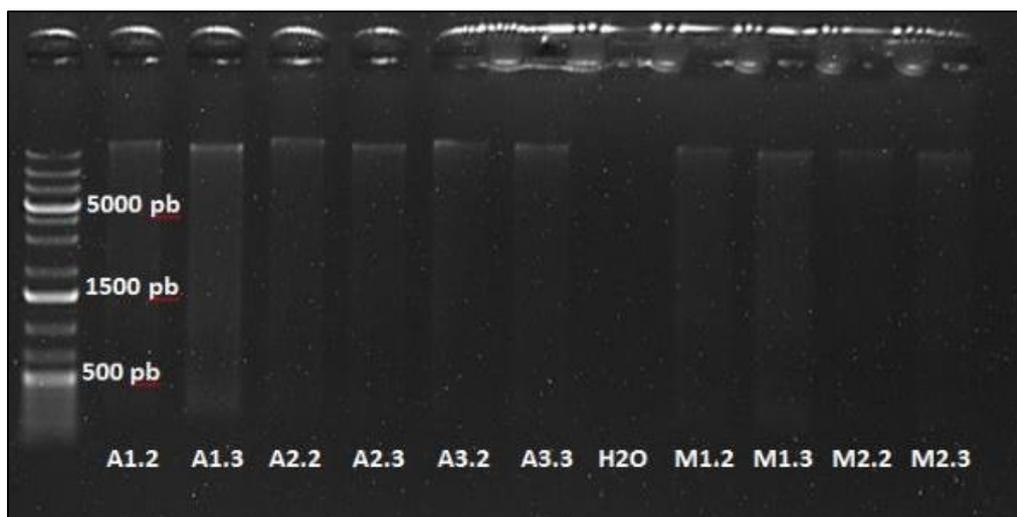


Figura 10. Corrida electroforética de ADN de las submuestras 2 y 3 de las muestras pertenecientes a las zonas alta (A) y media (M)

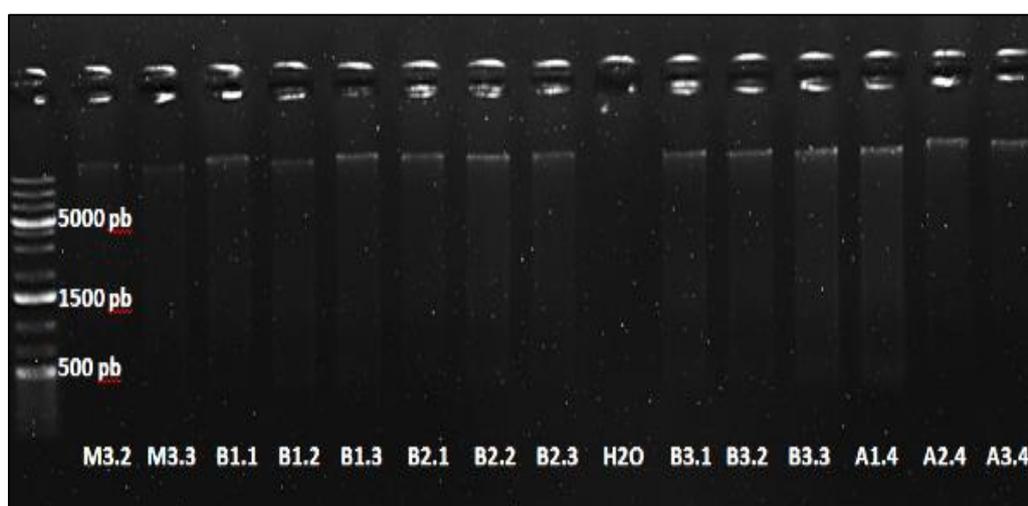


Figura 11. Corrida electroforética de ADN las submuestras 1, 2 y 3 de las muestras pertenecientes a la zona baja (B) y 2 y 3 pertenecientes a la zona media (M)

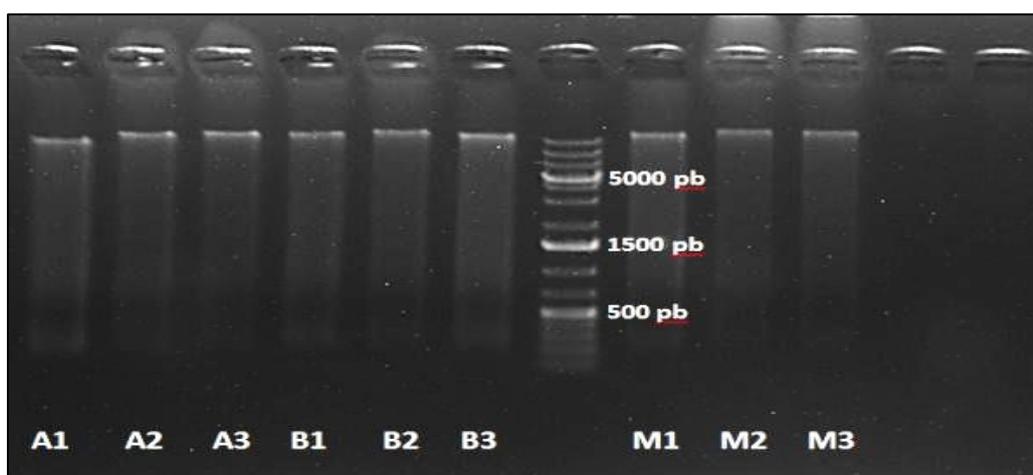


Figura 12. Corrida electroforética de las muestras 1, 2 y 3 pertenecientes a las zonas alta (A), baja (B) y media (M)

3.3.2. Cuantificación de ADN metagenómico del suelo procedente de la zona alta, media y baja de un bosque húmedo tropical de San Martín cuantificado empleando el Nanodrop One

Tabla 16

Concentración de ADN metagenómico cuantificado mediante el Nanodrop One

Zonas de Muestra	ADN	
muestreo	(ng/ul)	
Zona Alta	A1	19.90
	A2	10.17
	A3	10.07
Zona Media	M1	14.85
	M2	9.80
	M3	8.35
Zona Baja	B1	11.47
	B2	8.97
	B3	14.00

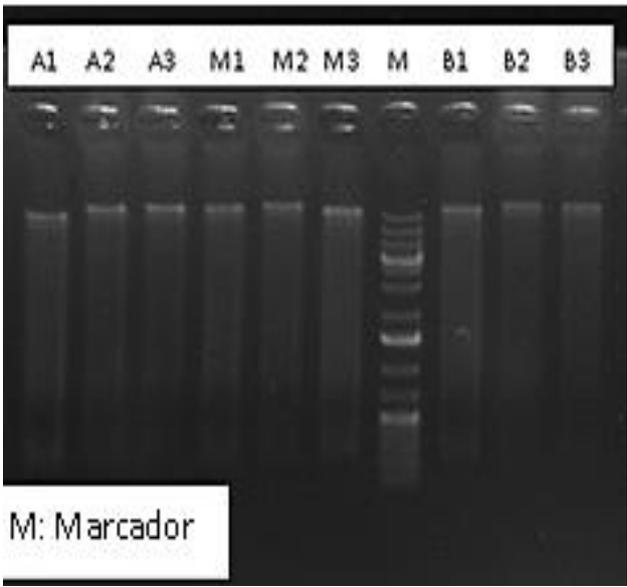
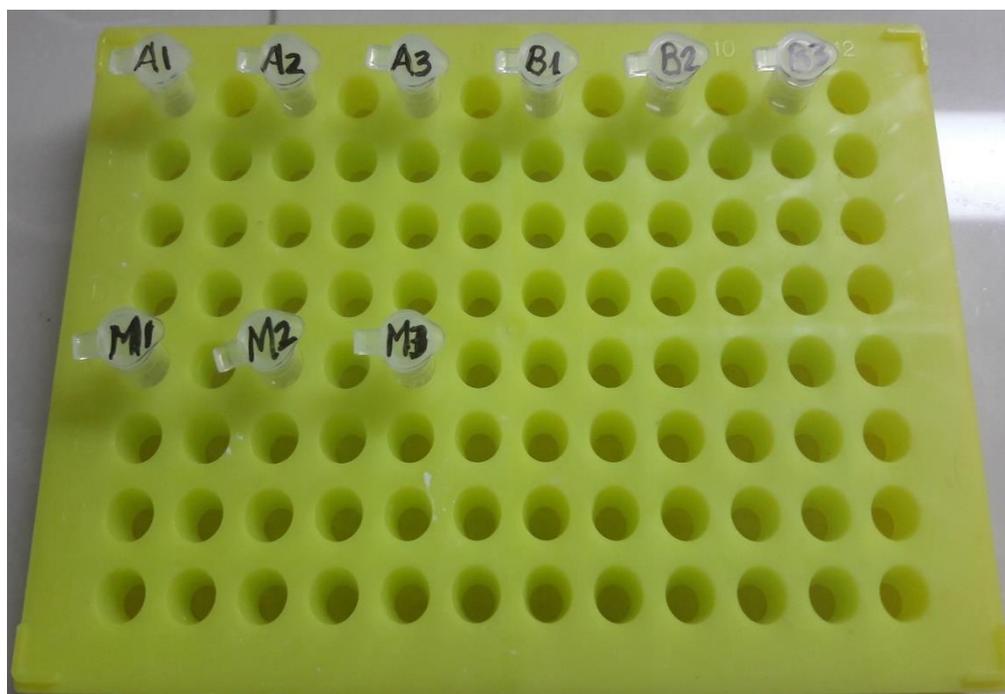



Figura 13. ADN Metagenómico, forma como se envió al laboratorio de FISABIO Valencia - España

3.3.3. Procesamiento y análisis de secuencias de ADN procedentes de la plataforma de Illumina – Miseq

Las secuencias de ADN procedentes de FISABIO, Valencia, España, se procesaron utilizando distintas plataformas bioinformáticas entre ellas SEED2, Ribosomal Data base Project versión 11, Past 4.0 y otras, cuyos resultados se muestran en la Tabla 17 y otras.

Tabla 17

Número de secuencias de ADN totales, cualificadas y normalizadas de muestras de suelo de bosque húmedo tropical de San Martín.

Zona de muestreo	Submuestras de suelos	Número y tamaño medio de las secuencias				
		Totales	Cualificadas	Normalizadas	Muestreadas para la clasificación	Tamaño (pb)
Zona Alta	A1	164798	129339	128705	99999	> a 400
	A2	174111	128705	128705	99999	> a 400
	A2	165639	128996	128705	99999	> a 400
	A			128705	99999	
Zona Media	M1	193401	129127	128705	99999	> a 400
	M1	192956	129185	128705	99999	> a 400
	M1	168304	138400	128705	99999	> a 400
	M			128705	99999	> a 400
Zona Baja	B1	175092	128718	128705	99999	> a 400
	B2	152802	134555	128705	99999	> a 400
	B3	189722	133936	128705	99999	> a 400
	B			128705	99999	> a 400

3.3.3.1. Alineamiento de frecuencias

Los alineamientos para los suelos se realizaron en la plataforma del RDP 11 empleando el comando “aligner” donde se cargó las muestras normalizadas (128705 secuencias) en formato Fasta (Figura 14).



Figura 14. Alineamiento de secuencias de la posición inicial y final del gen 16S rRNA mediante el comando “Aligner” de la plataforma RDP 11 de las muestras procedente de un suelo de bosque húmedo tropical de San Martín.

3.3.3.2. Edición del clúster

Para agrupar las secuencias por su longitud (Clúster) se empleó el programa Vsearch en la plataforma del Seed2, actividad realizada para cada muestra a un nivel de similitud del 97% (Figura 15).

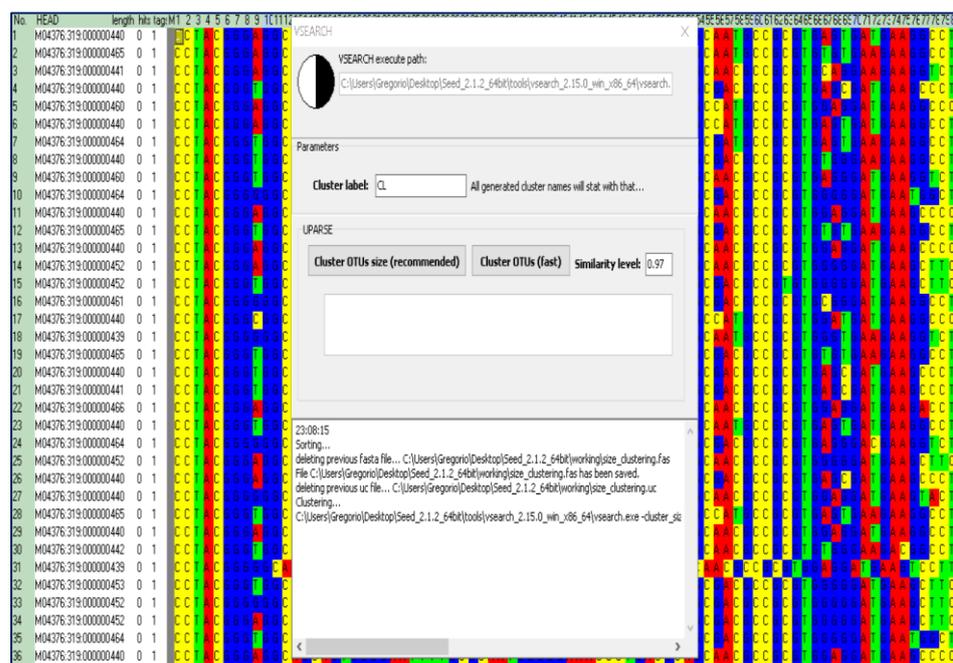


Figura 15. Agrupamiento (Clustering) de secuencias de ADN mediante el software Vsearch al 97% de similitud de las muestras que proceden de un suelo de bosque húmedo tropical de San Martín.

Tabla 18*Secuencias obtenidas por zonas de muestreo*

Dominio	Zonas de Muestreo					
	A		M		B	
	%	Número de Secuencias	%	Número de Secuencias	%	Número de Secuencias
Archaea	0,20	199,0	0,10	99,0	0,20	199,0
Bacteria	99,80	99800,0	99,80	99801,0	99,70	99701,0
Unclassified_Root	0,00	0,0	0,10	99,0	0,10	99,0
Total	100,00	99999,0	100,00	99999,0	100,00	99999,0

Igualmente, una vez clasificada las secuencias en la plataforma del RDP 11, se encontró en la muestra de suelo procedente de la Zona Alta 26 phyla, 47 Clases, 97 Familias y 171 géneros, en cambio en la Zona Media se cuantificó 24 Phyla, 47 Clases, 106 Familias y 192 géneros, en la Zona Baja se halló 25 Phyla, 43 Clases, 95 Familias y 177 géneros (Figura 24), identificadas en las muestras de suelo procedente de la zona alta, media y baja de un bosque húmedo tropical de San Martín.

Tabla 19*Número de géneros de bacterias obtenidos por Zona de muestreo*

Dominio	Zonas de Muestreo		
	A	M	B
Phyla	26	24	25
Clase	47	47	43
Familia	97	106	95
Género	171	192	177

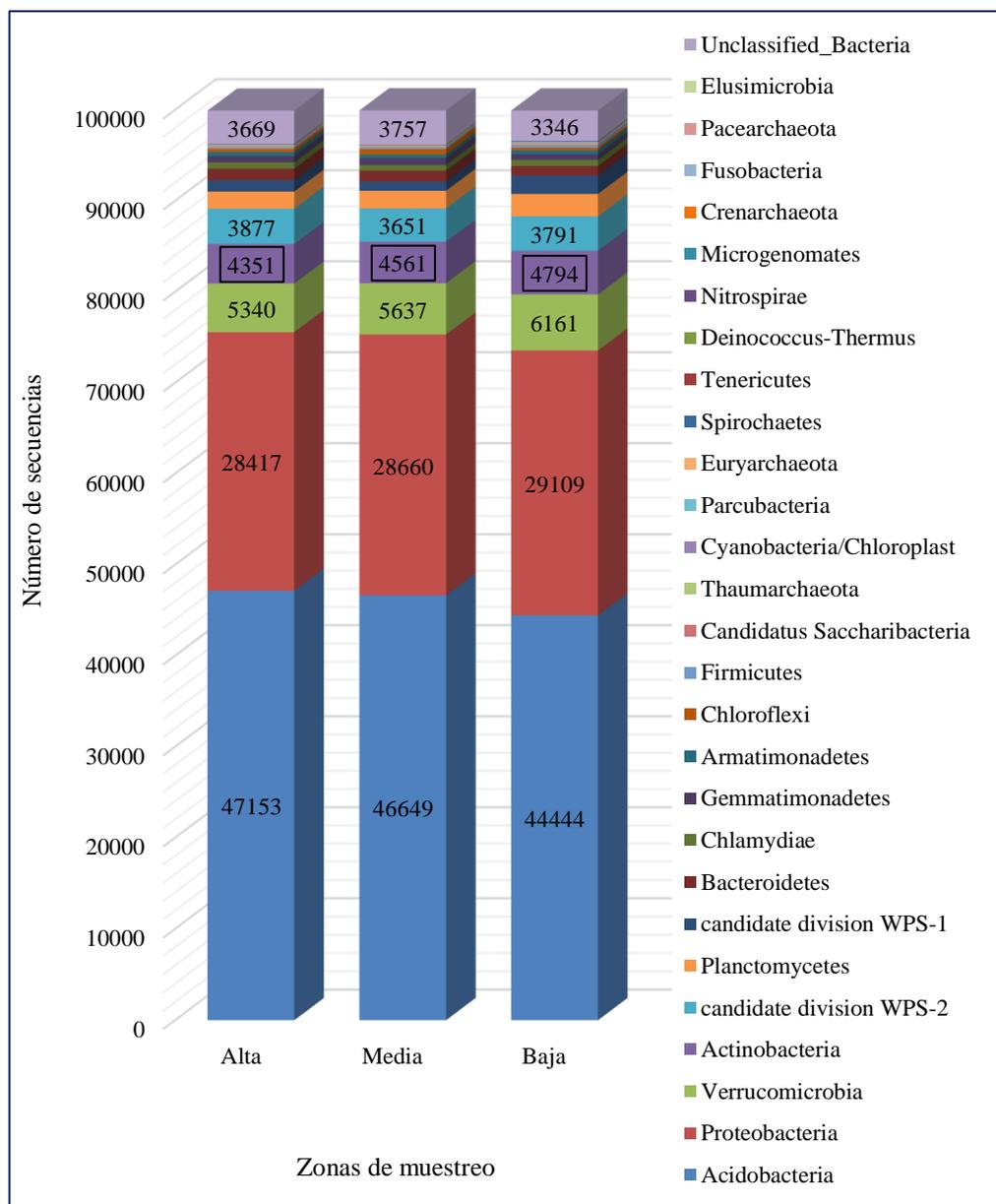


Figura 16. Microbiota encontrada en las muestras de suelo

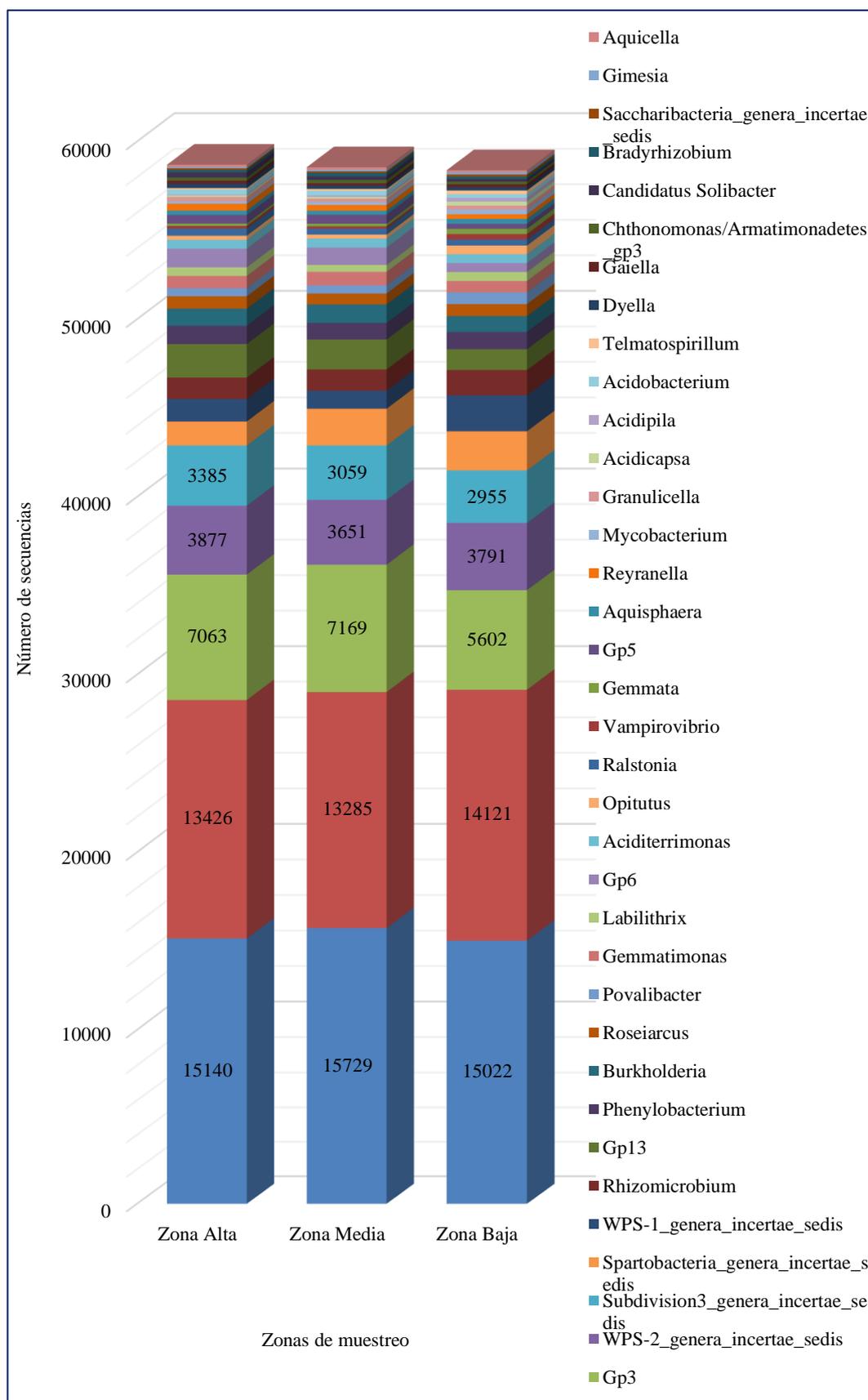


Figura 17. Géneros identificados en las muestras de suelo procedente de la zona alta, media y baja de un bosque húmedo tropical de San Martín

Tabla 20

Población de Phylum bacteriano del suelo de un bosque húmedo tropical de San Martín

Phylum	A	%	M	%	B	%
Acidobacteria	47153	47,153	46649	46,649	44444	44,444
Proteobacteria	28417	28,417	28660	28,660	29109	29,109
Verrucomicrobia	5340	5,340	5637	5,637	6161	6,161
Actinobacteria	4351	4,351	4561	4,561	4794	4,794
candidate division WPS-2	3877	3,877	3651	3,651	3791	3,791
Planctomycetes	1869	1,869	1949	1,949	2457	2,457
candidate division WPS-1	1263	1,263	1015	1,015	2022	2,022
Bacteroidetes	1262	1,262	1192	1,192	1051	1,051
Chlamydia	692	0,692	627	0,627	655	0,655
Gemmatimonadetes	691	0,691	761	0,761	642	0,642
Armatimonadetes	435	0,435	386	0,386	426	0,426
Chloroflexi	350	0,350	613	0,613	293	0,293
Firmicutes	125	0,125	139	0,139	244	0,244
Candidatus Saccharibacteria	95	0,095	89	0,089	123	0,123
Thaumarchaeota	92	0,092	82	0,082	100	0,100
Cyanobacteria/Chloroplast	71	0,071	24	0,024	39	0,039
Parcubacteria	51	0,051	38	0,038	54	0,054
Euryarchaeota	31	0,031	20	0,020	64	0,064
Spirochaetes	25	0,025	21	0,021	82	0,082
Tenericutes	18	0,018	1	0,001	0	0,000
Nitrospirae	9	0,009	21	0,021	8	0,008
Deinococcus-Thermus	9	0,009	25	0,025	4	0,004
Microgenomates	8	0,008	0	0,000	1	0,001
Crenarchaeota	6	0,006	10	0,010	3	0,003
Pacearchaeota	1	0,001	0	0,000	1	0,001
Elusimicrobia	0	0,000	1	0,001	2	0,002
Fusobacteria	1	0,001	0	0,000	0	0,000
unclassified_Root	30	0,030	35	0,035	19	0,019
unclassified_Archaea	58	0,058	35	0,035	64	0,064
unclassified_Bacteria	3669	3,669	3757	3,757	3346	3,346

Tabla 21*Población de géneros bacterianos del suelo de un bosque húmedo tropical de San Martín*

Género	Zona Alta	%	Zona Media	%	Zona Baja	%
Gp2	15140	24,871	15729	25,983	15022	24,895
p1	13426	22,056	13285	21,946	14121	23,402
Gp3	7063	11,603	7169	11,843	5602	9,284
WPS-2_genera_incertae_sedis	3877	6,369	3651	6,031	3791	6,283
Subdivision3_genera_incertae_sedis	3385	5,561	3059	5,053	2955	4,897
Spartobacteria_genera_incertae_sedis	1352	2,221	2068	3,416	2197	3,641
WPS-1_genera_incertae_sedis	1263	2,075	1015	1,677	2022	3,351
Rhizomicrobium	1212	1,991	1195	1,974	1427	2,365
Gp13	1886	3,098	1686	2,785	1176	1,949
Phenylobacterium	1030	1,692	936	1,546	965	1,599
Burkholderia	958	1,574	1040	1,718	896	1,485
Roseiarcus	699	1,148	616	1,018	677	1,122
Povalibacter	454	0,746	457	0,755	658	1,090
Gemmatimonas	691	1,135	761	1,257	642	1,064
Labilithrix	484	0,795	389	0,643	508	0,842
Gp6	1050	1,725	974	1,609	506	0,839
Aciditerrimonas	504	0,828	516	0,852	493	0,817
Opitutus	226	0,371	218	0,360	489	0,810
Ralstonia	402	0,660	336	0,555	338	0,560
Vamprovibrio	147	0,241	127	0,210	308	0,510
Gemmata	136	0,223	154	0,254	295	0,489
Gp5	484	0,795	504	0,833	283	0,469
Aquisphaera	240	0,394	221	0,365	274	0,454
Reyranella	392	0,644	323	0,534	264	0,438
Mycobacterium	134	0,220	168	0,278	260	0,431
Granulicella	244	0,401	189	0,312	227	0,376
Acidicapsa	90	0,148	98	0,162	222	0,368
Acidipila	47	0,077	80	0,132	213	0,353
Acidobacteria	284	0,467	262	0,433	210	0,348
Telmatospirillum	80	0,131	104	0,172	202	0,335

Dyella	246	0,404	188	0,311	195	0,323
Gaiella	174	0,286	135	0,223	160	0,265
Chthonomonas/Armatimonadetes_gp3	176	0,289	189	0,312	149	0,247
Candidatus Solibacter	282	0,463	192	0,317	142	0,235
Bradyrhizobium	148	0,243	206	0,340	134	0,222
Saccharibacteria_genera_incertae_sedis	95	0,156	89	0,147	123	0,204
Gimesia	71	0,117	85	0,140	121	0,201
Aquicella	122	0,200	142	0,235	116	0,192
Armatimonadetes_gp5	160	0,263	125	0,206	116	0,192
Edaphobacter	146	0,240	159	0,263	112	0,186
Pedomicrobium	66	0,108	91	0,150	99	0,164
Armatimonas/Armatimonadetes_gp1	55	0,090	48	0,079	95	0,157
Nitrososphaera	85	0,140	67	0,111	89	0,147
Conexibacter	113	0,186	81	0,134	88	0,146
Mucilaginibacter	119	0,195	86	0,142	75	0,124
Gp4	72	0,118	60	0,099	75	0,124
Nevskia	44	0,072	53	0,088	72	0,119
Rhodomicrobium	61	0,100	4	0,007	63	0,104
Bacillus	5	0,008	10	0,017	60	0,099
Bdellovibrio	52	0,085	43	0,071	57	0,094
Parcubacteria_genera_incertae_sedis	51	0,084	38	0,063	54	0,089
Zavarzinella	39	0,064	31	0,051	54	0,089
Ktedonobacter	36	0,059	79	0,131	43	0,071
Neochlamydia	46	0,076	40	0,066	41	0,068
Acinetobacter	2	0,003	2	0,003	40	0,066
Streptophyta	18	0,030	19	0,031	39	0,065
Anaeromyxobacter	33	0,054	13	0,021	39	0,065
Kofleria	38	0,062	18	0,030	38	0,063
Gp17	100	0,164	124	0,205	35	0,058
Gp14	60	0,099	29	0,048	29	0,048
Blastochloris	12	0,020	5	0,008	27	0,045
Telmatobacter	38	0,062	18	0,030	22	0,036
Diplorickettsia	17	0,028	14	0,023	21	0,035

Gp12	10	0,016	6	0,010	20	0,033
Sporichthya	9	0,015	6	0,010	19	0,031
Singulisphaera	22	0,036	33	0,055	16	0,027
Steroidobacter	58	0,095	46	0,076	15	0,025
Acidocella	51	0,084	26	0,043	15	0,025
Nitrospirillum	12	0,020	24	0,040	14	0,023
Candidatus Koribacter	16	0,026	24	0,040	13	0,022
Actinocorallia	24	0,039	11	0,018	13	0,022
Legionella	5	0,008	8	0,013	13	0,022
Schlesneria	12	0,020	4	0,007	12	0,020
Gp15	49	0,080	70	0,116	11	0,018
Methylocystis	15	0,025	18	0,030	10	0,017
Iamia	14	0,023	5	0,008	10	0,017
Parachlamydia	14	0,023	4	0,007	10	0,017
Coxiella	10	0,016	12	0,020	9	0,015
Rudaea	11	0,018	7	0,012	9	0,015
Massilia	2	0,003	2	0,003	9	0,015
Methylomonas	0	0,000	0	0,000	9	0,015
Nitrospira	9	0,015	21	0,035	8	0,013
Pseudomonas	8	0,013	10	0,017	8	0,013
Fictibacillus	5	0,008	0	0,000	8	0,013
Nocardia	3	0,005	0	0,000	8	0,013
Bryocella	7	0,011	1	0,002	7	0,012
Aeromonas	1	0,002	0	0,000	7	0,012
Chitinimonas	6	0,010	6	0,010	6	0,010
Asticcacaulis	9	0,015	2	0,003	6	0,010
Methanomassiliicoccus	7	0,011	1	0,002	6	0,010
Gp10	53	0,087	48	0,079	5	0,008
Chryseolinea	6	0,010	17	0,028	5	0,008
Geobacillus	6	0,010	12	0,020	5	0,008
Acidisoma	3	0,005	4	0,007	5	0,008
Thermogutta	8	0,013	2	0,003	5	0,008
Chondromyces	6	0,010	1	0,002	5	0,008
Leptonema	0	0,000	1	0,002	5	0,008
Verrucomicrobia	0	0,000	1	0,002	5	0,008
Paenibacillus	3	0,005	4	0,007	4	0,007

Pseudonocardia	0	0,000	4	0,007	4	0,007
Escherichia/Shigella	8	0,013	3	0,005	4	0,007
Dysgonomonas	4	0,007	2	0,003	4	0,007
Aggregicoccus	2	0,003	1	0,002	4	0,007
Caulobacter	2	0,003	1	0,002	4	0,007
Sphingomonas	2	0,003	0	0,000	4	0,007
Meiothermus	9	0,015	23	0,038	3	0,005
Actinospica	10	0,016	6	0,010	3	0,005
Phycisphaera	7	0,011	6	0,010	3	0,005
Simkania	4	0,007	4	0,007	3	0,005
Kitasatospora	0	0,000	3	0,005	3	0,005
Chromobacterium	2	0,003	1	0,002	3	0,005
Lysinibacillus	1	0,002	1	0,002	3	0,005
Weissella	0	0,000	1	0,002	3	0,005
Fimbriimonas	2	0,003	0	0,000	3	0,005
Beijerinckia	0	0,000	0	0,000	3	0,005
Niveispirillum	7	0,011	11	0,018	2	0,003
Thermosporothrix	3	0,005	11	0,018	2	0,003
Spirochaeta	6	0,010	6	0,010	2	0,003
Heliimonas	6	0,010	4	0,007	2	0,003
Bauldia	5	0,008	4	0,007	2	0,003
Geobacter	2	0,003	4	0,007	2	0,003
Armatimonadetes_gp4	0	0,000	4	0,007	2	0,003
Novosphingobium	12	0,020	2	0,003	2	0,003
Jatrophihabitans	4	0,007	2	0,003	2	0,003
Ferruginibacter	6	0,010	1	0,002	2	0,003
Cohnella	1	0,002	1	0,002	2	0,003
Alicyclobacillus	0	0,000	1	0,002	2	0,003
Chitinophaga	6	0,010	0	0,000	2	0,003
Acidisphaera	5	0,008	0	0,000	2	0,003
Azospirillum	2	0,003	0	0,000	2	0,003
Stella	1	0,002	0	0,000	2	0,003
Xiphinematobacter	1	0,002	0	0,000	2	0,003
Brevibacterium	0	0,000	0	0,000	2	0,003
Streptacidiphilus	0	0,000	0	0,000	2	0,003
Chryseobacterium	0	0,000	0	0,000	2	0,003

Bordetella	0	0,000	0	0,000	2	0,003
Fulvimonas	0	0,000	0	0,000	2	0,003
Clostridium XIVb	0	0,000	0	0,000	2	0,003
Terrimicrobium	0	0,000	0	0,000	2	0,003
Staphylococcus	0	0,000	5	0,008	1	0,002
Neisseria	1	0,002	4	0,007	1	0,002
Haemophilus	2	0,003	3	0,005	1	0,002
Rickettsia	1	0,002	3	0,005	1	0,002
Stenotrophomonas	0	0,000	3	0,005	1	0,002
Methyloversatilis	7	0,011	2	0,003	1	0,002
Gp16	2	0,003	2	0,003	1	0,002
Rhodopila	0	0,000	2	0,003	1	0,002
Alkanindiges	0	0,000	2	0,003	1	0,002
Thermus	0	0,000	2	0,003	1	0,002
Variovorax	1	0,002	1	0,002	1	0,002
Thermaerobacter	1	0,002	1	0,002	1	0,002
Micrococcus	0	0,000	1	0,002	1	0,002
Comamonas	0	0,000	1	0,002	1	0,002
Rhizobium	0	0,000	1	0,002	1	0,002
Microgenomates_genera_incertae_sedis	8	0,013	0	0,000	1	0,002
Candidatus Procabacter	3	0,005	0	0,000	1	0,002
Mucinivorans	1	0,002	0	0,000	1	0,002
Aquabacterium	1	0,002	0	0,000	1	0,002
Sphingobium	1	0,002	0	0,000	1	0,002
Lactobacillus	1	0,002	0	0,000	1	0,002
Pacearchaeota Incertae Sedis AR13	1	0,002	0	0,000	1	0,002
Kineococcus	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Streptomyces	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Atopobium	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Treponema	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Taibaiella	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Rikenella	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Alloprevotella	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Rhodoferax	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Ochrobactrum	0	0,000	0	0,000	1	0,002

Devosia	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Rhodanobacter	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Granulicatella	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Ammoniphilus	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Brevibacillus	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Turcibacter	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Telmatocola	0	0,000	0	0,000	1	0,002
Cytophaga	0	0,000	14	0,023	0	0,000
Streptococcus	1	0,002	7	0,012	0	0,000
Gp7	11	0,018	6	0,010	0	0,000
Catenulispora	3	0,005	6	0,010	0	0,000
Hydrogenophilus	0	0,000	5	0,008	0	0,000
Staphylococcus	0	0,000	5	0,008	0	0,000
Pseudolabrys	5	0,008	4	0,007	0	0,000
Pseudonocardia	0	0,000	4	0,007	0	0,000
Gryllotalpicola	0	0,000	4	0,007	0	0,000
Hyphomicrobium	0	0,000	4	0,007	0	0,000
Armatimonadetes_gp4	0	0,000	4	0,007	0	0,000
Dokdonella	2	0,003	3	0,005	0	0,000
Kitasatospora	0	0,000	3	0,005	0	0,000
Pandoraea	0	0,000	3	0,005	0	0,000
Stenotrophomonas	0	0,000	3	0,005	0	0,000
Aeribacillus	0	0,000	3	0,005	0	0,000
Roseimicrobium	5	0,008	2	0,003	0	0,000
Alistipes	3	0,005	2	0,003	0	0,000
Byssovorax	1	0,002	2	0,003	0	0,000
Niabella	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Myxococcus	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Rhodoblastus	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Orientia	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Rhodopila	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Alkanindiges	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Lactococcus	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Thermus	0	0,000	2	0,003	0	0,000
Paracoccus	3	0,005	1	0,002	0	0,000
Corynebacterium	2	0,003	1	0,002	0	0,000

Nocardioides	1	0,002	1	0,002	0	0,000
Propionibacterium	1	0,002	1	0,002	0	0,000
Labrys	1	0,002	1	0,002	0	0,000
Terriglobus	1	0,002	1	0,002	0	0,000
Acholeplasma	1	0,002	1	0,002	0	0,000
Spirillospora	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Crossiella	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Actinomycetospora	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Janibacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Micrococcus	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Cellulomonas	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Leucobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Propionicimonas	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Dietzia	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Leptonema	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Parafilimonas	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Flavitalea	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Pedobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Desulfovibrio	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Syntrophorhabdus	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Comamonas	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Sterolibacterium	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Bosea	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Nitrobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Rhizobium	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Rhizorhabdus	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Altererythrobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Gluconobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Enhydrobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Pseudoxanthomonas	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Holophaga	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Clostridium sensu stricto	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Anaerococcus	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Romboutsia	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Clostridium XI	0	0,000	1	0,002	0	0,000

Weissella	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Carnobacterium	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Alicyclobacillus	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Planococcaceae_incertae_sedis	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Anaerospora	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Verrucomicrobium	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Candidatus Endomicrobium	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Sphaerobacter	0	0,000	1	0,002	0	0,000
Spiroplasma	16	0,026	0	0,000	0	0,000
Pelomonas	9	0,015	0	0,000	0	0,000
Duganella	2	0,003	0	0,000	0	0,000
Dongia	2	0,003	0	0,000	0	0,000
Rhizobacter	2	0,003	0	0,000	0	0,000
Fusobacterium	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Nesterenkonia	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Prevotella	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Derxia	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Cupriavidus	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Ramlibacter	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Silvinas	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Roseomonas	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Orbus	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Halomonas	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Serratia	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Faecalibacterium	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Kurthia	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Shimazuella	1	0,002	0	0,000	0	0,000
Total	60873	100,00	60535	100,00	60341	100,00

3.3.3.3. Análisis de los índices de Diversidad bacteriana de las muestras de suelo procedente de un bosque húmedo tropical de San Martín

Tabla 22

Análisis de diversidad por zona de muestreo

	A	M	B
Taxa_S	6595,6667	6450,6667	6513,0000
Individuals	128705,0000	128705,0000	128705,0000
Dominance_D	0,0032	0,0034	0,0035
Simpson_1-D	0,9968	0,9966	0,9965
Shannon_H	6,7163	6,6697	6,7077
Evenness_e^H/S	0,1254	0,1223	0,1258
Brillouin	6,6390	6,5940	6,6307
Menhinick	18,3867	17,9833	18,1533
Margalef	560,5333	548,2000	553,5000
Equitability_J	0,7637	0,7604	0,7639
Fisher_alpha	0,0000	0,0000	0,0000
Berger-Parker	0,0187	0,0175	0,0195
Chao-1	13336,6667	13286,6667	12980,0000al

Tabla 23

Análisis de diversidad beta

Índice	Valor
Whittaker	0,016511
Harrison	0,008255
Cody	203,000000
Routledge	0,004779
Wilson-Shmida	0,030015
Mourelle:	0,015007
Harrison 2	0,000000
Williams	0,000000

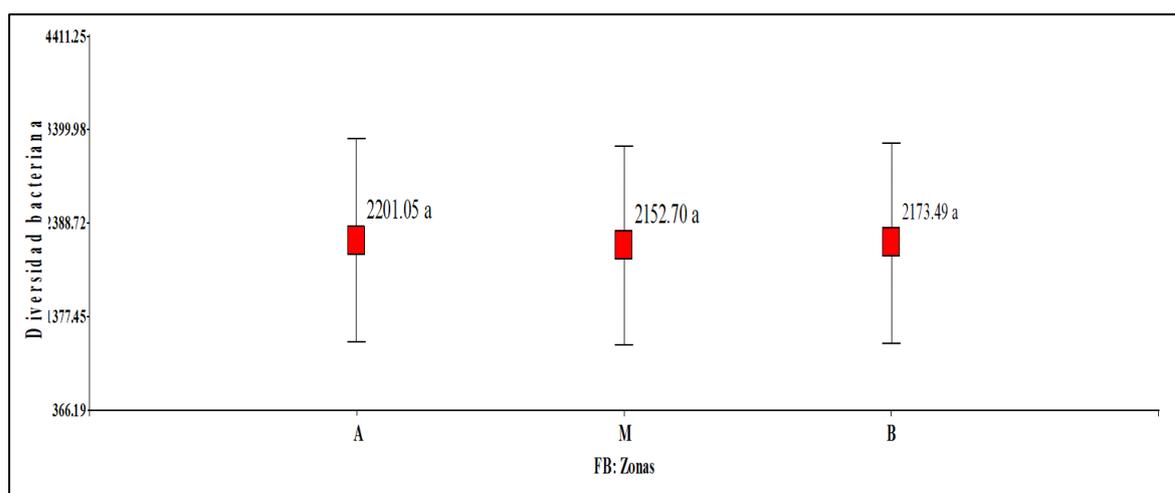
Tabla 24

Índice de diversidad bacteriana procedente de las muestras de suelo de un bosque húmedo tropical de San Martín

Índices	A1	A2	A3	Prom. Zona Alta	M1	M2	M3	Prom. Zona Media	B1	B2	B3	Prom. Zona Baja
Taxa_S	6568	6432	6787	6595,666	6628	6151	6573	6450,666	6310	6354	6875	6513
Individuals	128705	128705	128705	128705	128705	128705	128705	128705	128705	128705	128705	128705
Dominance_D	0,002	0,0036	0,00324	0,00321	0,00340	0,00346	0,00330	0,003391	0,00341	0,00370	0,00346	0,00352
Simpson_1-D	0,997	0,9964	0,9968	0,9968	0,9966	0,9965	0,9967	0,9966	0,9966	0,9963	0,9965	0,99646
Shannon_H	6,793	6,66	6,696	6,71633	6,683	6,645	6,681	6,66966	6,655	6,679	6,789	6,70766
Evenness_e^H/S	0,135	0,1213	0,1192	0,12543	0,1205	0,125	0,1213	0,122266	0,1231	0,1252	0,1292	0,12583
Brillouin	6,715	6,584	6,618	6,639	6,606	6,572	6,604	6,594	6,581	6,603	6,708	6,63066
Menhinick	18,31	17,93	18,92	18,3866	18,48	17,15	18,32	17,98333	17,59	17,71	19,16	18,1533
Margalef	558,2	546,6	576,8	560,5333	563,3	522,7	558,6	548,2	536,2	540	584,3	553,5
Equitability_J	0,7728	0,7594	0,759	0,76373	0,7595	0,7617	0,76	0,7604	0,7606	0,7627	0,7684	0,7639
Fisher_alpha	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Berger-Parker	0,01493	0,025	0,01626	0,01873	0,0190	0,0177	0,01565	0,01746	0,01562	0,02246	0,02048	0,01952
Chao-1	1,31E+04	1,30E+04	1,40E+04	13336,666	1,34E+04	1,22E+04	1,43E+04	13286,666	1,31E+04	1,24E+04	1,35E+04	12980,00

3.3.3.4. Análisis estadístico para Diversidad Bacteriana

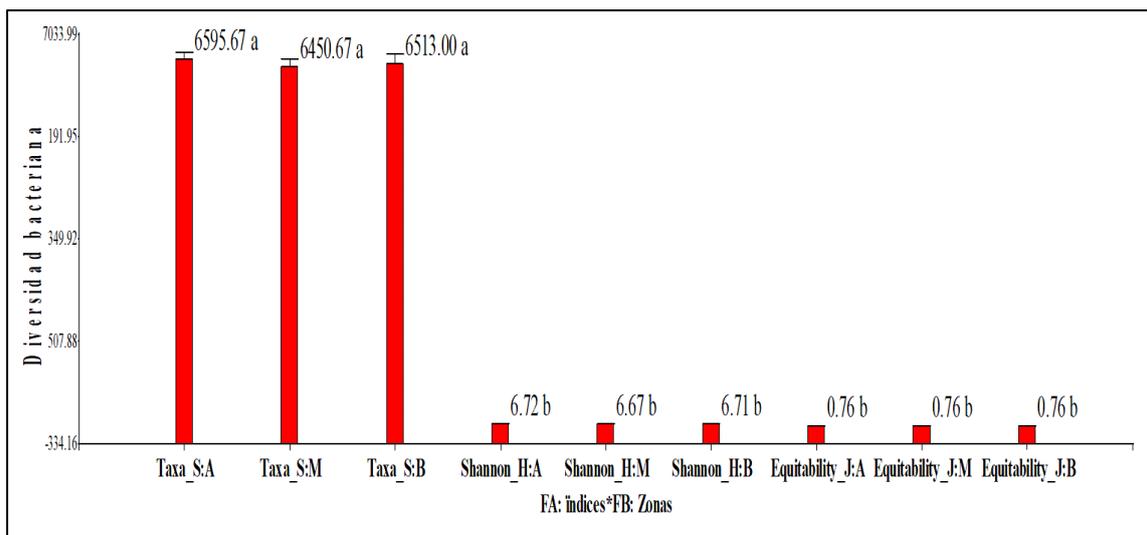
El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas (figura 18), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos (niveles) resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 2201.05, 2152.70 y 2173.49 de diversidad bacteriana para los niveles A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 18. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (figura 19), muestra que con el nivel **Taxa_S** en las tres zonas (Alta, Media y Baja) se obtuvieron los mayores promedios con 6595.67, 6450.67 y 6513.00 de diversidad bacteriana respectivamente, los cuales no difirieron estadísticamente entre sí, pero, estos si superaron estadísticamente a los promedios alcanzados por tratamientos niveles **Shannon_H Alta**, **Shannon_H Media**, **Shannon_H Baja**, **Equitability_J Alta**, **Equitability_J Media** y **Equitability_J Baja**, quienes arrojaron promedios de 6,72, 6.67, 6.71, 0.76, 0.76 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 19. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (9 tratamientos).

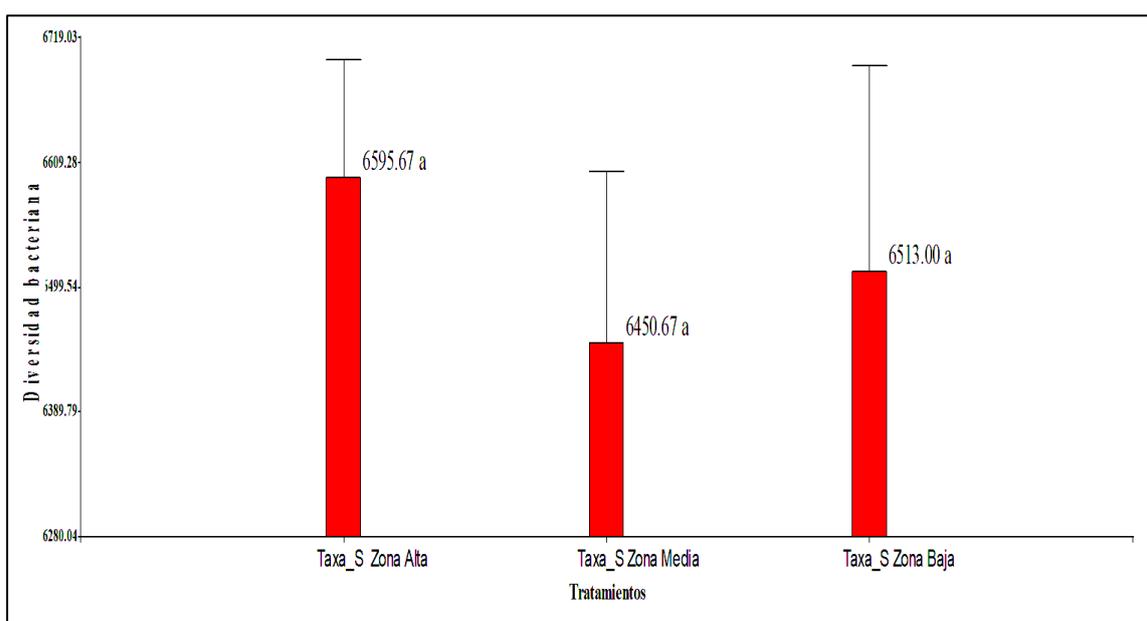


Figura 20. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas (figura 20), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 6 595.67, 6 513.00 y 6 450.67 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

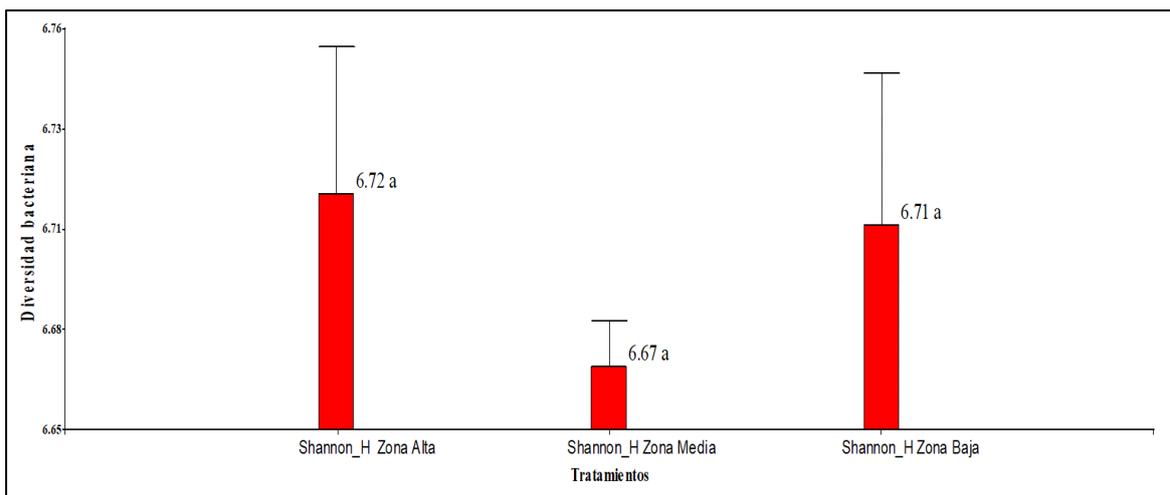


Figura 21. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas (figura 21), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 6.72, 6.71 y 6.67 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

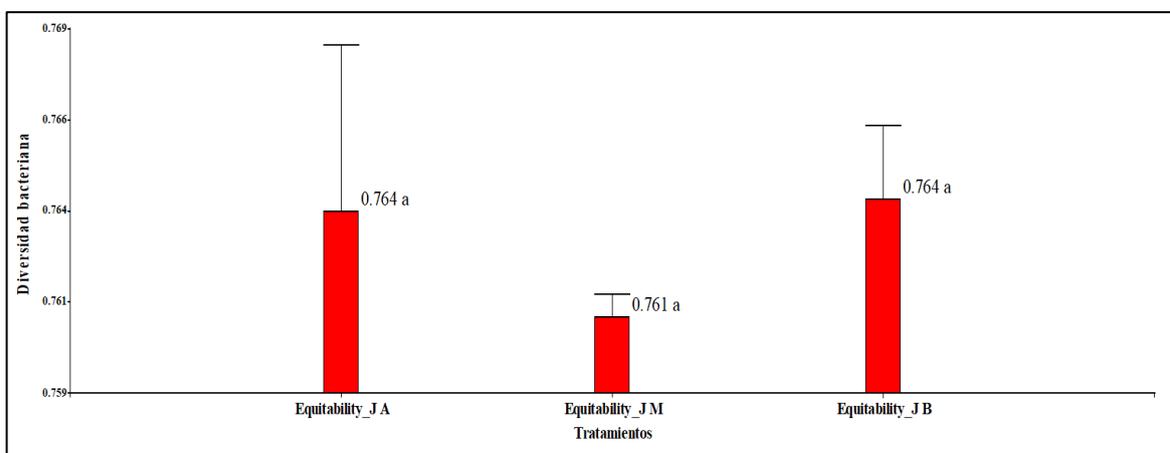


Figura 22. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas (figura 22), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 0.764, 0.764 y 0.761 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

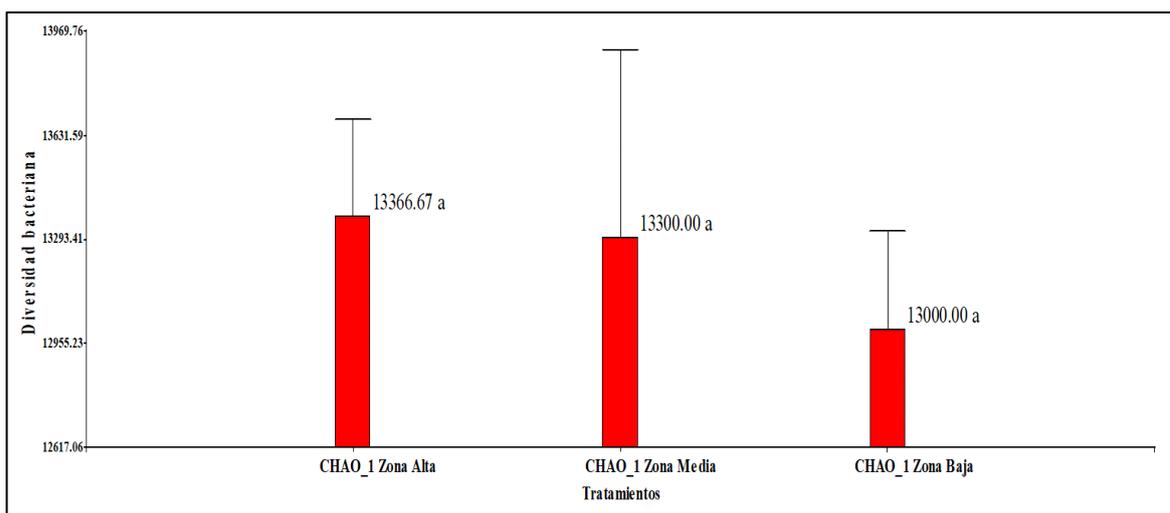


Figura 23. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice CHAO_1 por Zonas

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Chao_1 por Zonas (figura 23), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 13 366.67, 13 300.00 y 13 000.00 de diversidad bacteriana en las zonas Alta, Media y Baja respectivamente.

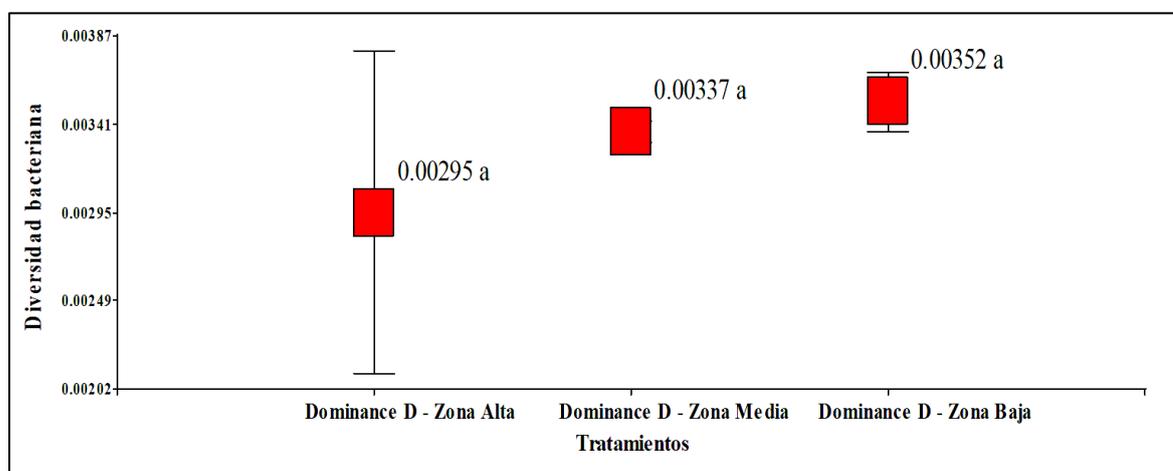


Figura 24. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Dominance D por Zonas

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Chao_1 por Zonas (figura 24), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 0.00295, 0.00337 y 0.00352 de diversidad bacteriana en las zonas Alta, Media y Baja respectivamente.

3.3.3.4.1. Resumen de resultados del análisis estadístico para Diversidad Bacteriana

Los promedios obtenidos con el Índice Taxa_S fueron superiores en la zona baja, media y alta con 6 513.00, 6 450.67 y 6 595.67 de diversidad bacteriana respectivamente y estadísticamente superiores a los promedios obtenidos por los índices Shannon_H, Equitability_J. y Dominance D.

La evaluación de la Diversidad bacteriana por Índices utilizados determinó respuestas estadísticamente iguales entre si dentro cada índice y entre zonas.

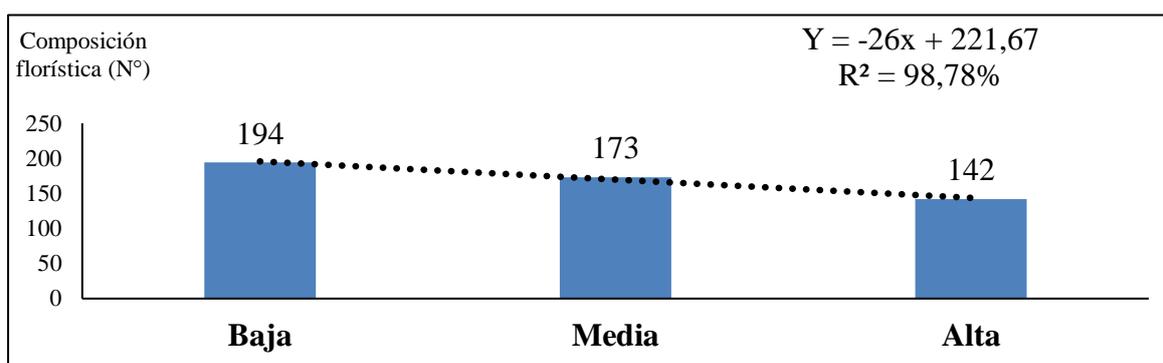


Figura 25. Regresión para la composición florística por zonas

En la zona Baja se encontró la mayor composición florística con un promedio de 194 unidades por área de muestreo, seguida de la zona media y la zona Alta con promedios de 173 y 142 unidades respectivamente, esta respuesta describió un comportamiento lineal negativo como consecuencia del incremento su altitud y que es descrita por la ecuación $Y = -26x + 221,67$ con una explicación de 98,78% (R^2) (figura 28). Sin embargo, las respuestas a la información del Número de especies y la Diversidad bacteriana describieron comportamientos polinómicos descritas por las ecuaciones $Y = -5x^2 + 18x + 20$ y $Y = 34,57x^2 - 124,5x + 2263,4$ con R^2 de 100% para el Número de especies y para la Diversidad Bacteriana respectivamente (figuras 26 y 27).

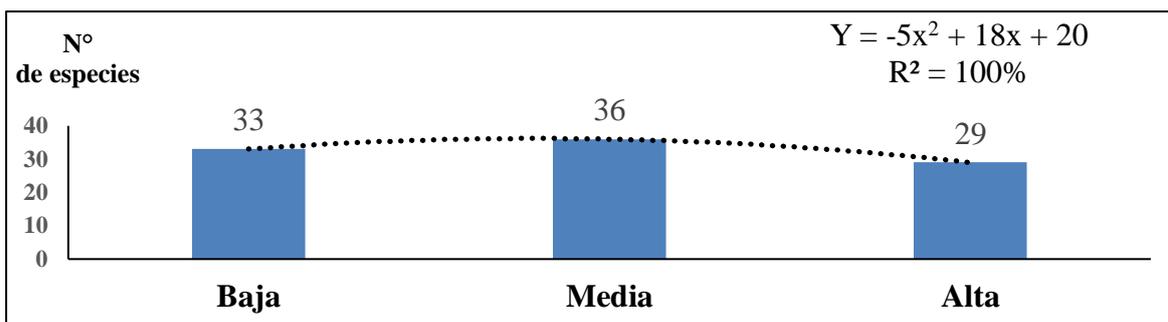


Figura 26. Regresión para el número de especies por zona

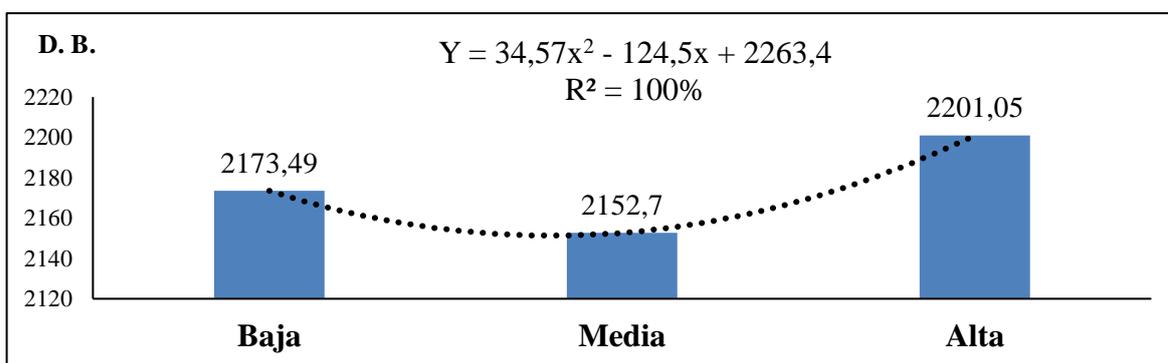


Figura 27. Regresión para la Diversidad bacteriana por zona

El dendograma (figura 28), muestra en un primer corte como solución más acertada la formada por dos clústeres, el del índice Taxa_S en la zona media y baja relacionada fuertemente a Shannon_H en la zona media, Equitability_J en la zona media, Shannon_H en la zona baja y Equitability_J en la zona baja, con una fuerte relación de similitud entre la Diversidad bacteriana y la Diversidad florística. En un segundo corte más amplio, los elementos agrupados en el primer corte agrupan también a Taxa_S en la zona Alta, Shannon_H en la zona Alta y Equitability_J en la zona Alta lo que lo define con valores similares y todos agrupados en la zona Alta. Un tercer corte, agrupa al Índice Chao_1 en las zonas Media, Baja y Alta con los elementos agrupados en el segundo corte, nótese que con el Índice Chao_1 se obtuvieron los mayores promedios de 13 366.67, 13 300.00 y 13 000.00 de diversidad bacteriana en las zonas Alta, Media y Baja respectivamente, en comparación a los demás.

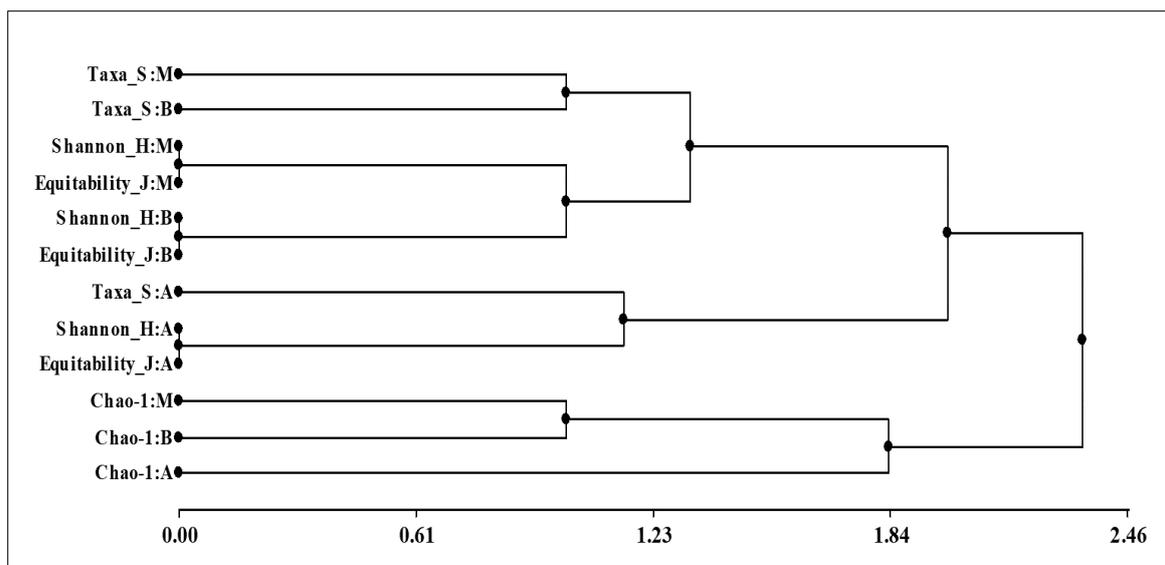


Figura 28. Dendrograma por conglomerados multivariados para índices de Diversidad Bacteriana con zonas, diversidad bacteriana y diversidad florística.

Los Phylum Acidobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia y Actinobacteria se reportan como las poblaciones más abundantes en suelo de las zonas estudiadas (Alta, media y baja), desde 44.44% hasta 47.15% para la Acidobacteria, desde 28.41% hasta 29.10% para la Proteobacteria, de 5.34% hasta 6.16% para la Verrucomicrobia y de 4,35 hasta 4,79% para la Actinobacteria. Estos resultados nos aproximan a la proliferación de trabajos donde se describe el aislamiento de estos nuevos y, hasta ahora, desconocidos microorganismos, entre los que se cuentan representantes de grupos importantes mencionados anteriormente como Acidobacteria y Verrucomicrobia.

Las posibilidades que genera la metagenómica y las demás técnicas moleculares son múltiples por lo que se espera importantes avances en el conocimiento del funcionamiento de las comunidades microbianas de suelo, es el caso de *Phenylobacterium* sp. bacteria mesófila, perteneciente al Filo Proteobacterias con una población 1.692% en la zona Alta, 1.546% en la zona Media y 1.599% en la zona baja, revierte gran importancia para su aislamiento en el campo de la biorremediación, puesto que es capaz de degradar pesticidas de la familia de los carbamatos en suelos agrícolas, se puede cultivar en medio expansivo a 20°C., utilizando como anfitrión plantas herbáceas (césped – cultivos),

las fuentes de aislamiento son accesibles en las fuentes de búsqueda de aislamiento microbiano, (Schulze-Lefert, 2020).

Recordando que las bacterias son los organismos más numerosos y con mayor biodiversidad. Generalmente la mayor parte de los filos bacterianos se encuentran presentes en todos los suelos. La distribución vertical de las bacterias en el suelo muestra que las bacterias Gram negativas dominan los horizontes superficiales del suelo, mientras que las Gram positivas se distribuyen en horizontes inferiores (Hartmann et al., 2015).

3.3.3.5. Curva de rarefacción

Para cada una de las muestras de suelo, el tamaño de las secuencias varió de 430 a 470 pb.

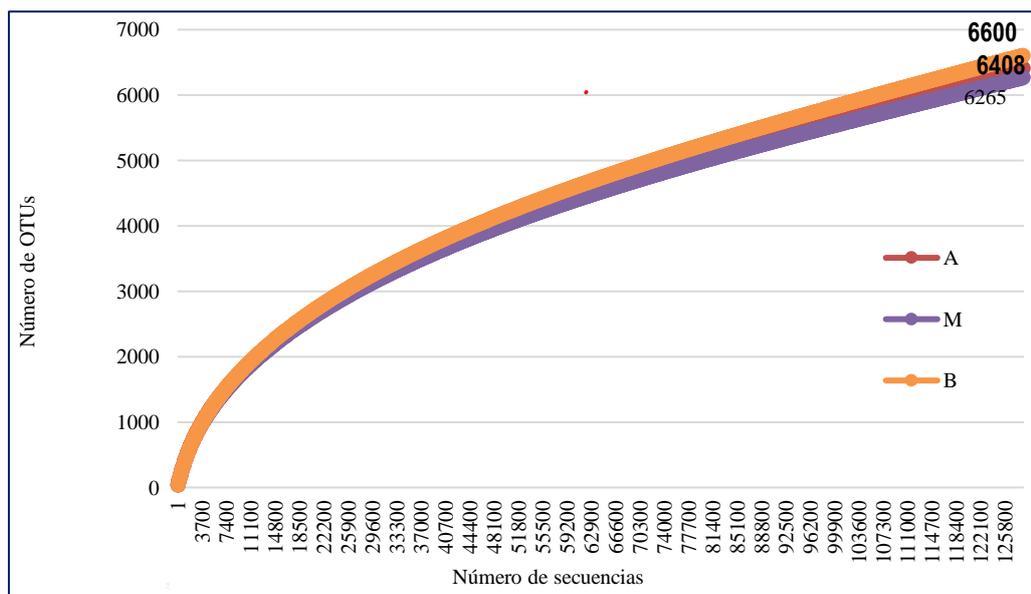


Figura 29. Curva de rarefacción del número de OTUs de las muestras de suelo al 97.0% de similitud de un bosque húmedo tropical de San Martín

3.3.3.6. Análisis comparativo de secuencias de ADN del gen 16s rRNA procedente de la zona alta, media y baja del suelo en un bosque húmedo tropical de San Martín

En las tres zonas (A, M y B) se detectó predominio de los Fila Acidobacteria, Proteobacteria, seguidos de Verrucomicrobia y

Actinobacteria. Aunque no se encontraron diferencias significativas ($p = 0,18$) entre la composición de las comunidades microbianas en las zonas A, M y B, sí se observaron leves diferencias relacionadas con la población como Acidobacteria 47, 153 en la zona A y 44, 444 en la zona B; Proteobacteria 29, 109 en la zona B y 28, 417 en la zona A; Verrucomicrobia 6,161 en la zona B y 5,340 en la zona A y Actinobacteria 4,794 en la zona B y 4351 en la zona A.

Similar comportamiento observamos en el caso de los géneros que no se encontraron diferencias significativas entre la composición de las comunidades microbianas en las zonas A, M y B, igualmente sí se observaron leves diferencias relacionadas con la población indistintamente en cada una de las tres zonas.

Tabla 25

Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona media a nivel de Phylum

Phylum	A	M	Significance
<i>Chloroflexi</i>	119	208	9.6E-7
<i>Candidate division WPS-1</i>	537	412	6.34E-5
<i>Tenericutes</i>	8	0	3.91E-3
<i>Cyanobacteria/Chloroplast</i>	27	10	5.12E-3

Tabla 26

Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona media a nivel de género

Género	A	M	Significance
<i>Spartobacteria_genera_incertae_sedis</i>	557	814	2.58E-12
<i>WPS-1_genera_incertae_sedis</i>	537	412	6.34E-5
<i>Rhodomicrobium</i>	22	3	8.8E-5
<i>Trinickia</i>	56	23	2,00E-4
<i>Subdivision3_genera_incertae_sedis</i>	1332	1182	2.36E-3

Tabla 27

Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona baja a nivel de Phylum.

Phylum	A	B	Significance
<i>Acidobacteria</i>	18951	17729	6E-14
<i>candidate division WPS-1</i>	537	817	6E-14
<i>Verrucomicrobia</i>	2134	2478	2.00E-07
<i>Planctomycetes</i>	781	989	5.74E-7
<i>Firmicutes</i>	29	75	6.8E-6
<i>Actinobacteria</i>	1720	1915	9.4E-4
<i>Spirochaetes</i>	12	33	1.74E-3
<i>Proteobacteria</i>	11203	11591	2.36E-3
<i>Bacteroidetes</i>	507	419	3.62E-3
<i>Tenericutes</i>	8	0	3.91E-3

Tabla 28

Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona alta vs zona baja a nivel de género.

Género	A	B	Significance
<i>Gp3</i>	2813	2247	6E-14
<i>Gp6</i>	375	160	6E-14
<i>Spartobacteria_genera_incertae_sedis</i>	557	911	6E-14
<i>WPS1_genera_incertae_sedis</i>	537	817	6E-14
<i>Gp13</i>	746	490	2.8E-13
<i>Occallatibacter</i>	334	181	2.1E-11
<i>Acidicapsa</i>	34	100	1.2E-8
<i>Trinickia</i>	56	11	3.81E-8
<i>Gp17</i>	44	10	4.23E-6
<i>Mycobacterium</i>	58	120	4.23E-6
<i>Gp5</i>	191	117	2.67E-5
<i>Vampirovibrio</i>	49	101	2.67E-5
<i>Acinetobacter</i>	0	15	3.05E-5
<i>Acidibacter</i>	2805	3115	4.13E-5
<i>Candidatus Solibacter</i>	94	49	1.6E-4
<i>Gp15</i>	22	4	3.11E-4
<i>Rhizomicrobium</i>	304	395	5.4E-4
<i>Gp10</i>	16	2	7.29E-4
<i>Opitutus</i>	50	89	9.4E-4
<i>Flavitalea</i>	17	3	1.49E-3
<i>Armatimonas/Armatimonadetes_gp1</i>	18	42	1.94E-3
<i>Cytobacillus</i>	0	9	1.95E-3
<i>Gemmata</i>	20	44	2.7E-3
<i>Subdivision3_genera_incertae_sedis</i>	1332	1192	4.66E-3
<i>Acidocella</i>	20	6	5.96E-3
<i>Mesobacillus</i>	0	7	7.81E-3

Tabla 29

Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona media vs zona baja a nivel de phylum.

Phylum	M	B	Significance
Candidate division WPS-1	412	817	6E-14
Acidobacteria	18709	17729	5.24E-12
Chloroflexi	208	91	2.1E-11
Planctomycetes	794	989	4.23E-6
Verrucomicrobia	2188	2478	1.71E-5
Spirochaetes	7	33	4.13E-5
Euryarchaeota	6	21	3.86E-3
Firmicutes	44	75	4.52E-3
Gemmatimonadetes	314	249	5.96E-3
Armatimonadetes	137	186	6.34E-3

Tabla 30

Comparación de secuencias de ADN del suelo de la zona media vs zona baja a nivel de género

Género	M	B	Significance
<i>Gp3</i>	2891	2247	6E-14
<i>Gp6</i>	353	160	6E-14
<i>WPS-1_genera_incertae_sedis</i>	412	817	6E-14
<i>Gp13</i>	690	490	6.65E-9
<i>Occallatibacter</i>	304	181	2.15E-8
<i>Acidibacter</i>	2710	3115	3.81E-8
<i>Acidicapsa</i>	36	100	6.68E-8
<i>Gp17</i>	50	10	3.4E-7
<i>Mycobacterium</i>	55	120	9.6E-7
<i>Rhizomicrobium</i>	269	395	9.6E-7
<i>Rhodomicrobium</i>	3	29	1.4E-6
<i>Vampirovibrio</i>	44	101	2.6E-6
<i>Gp15</i>	29	4	6.16E-6
<i>Gp5</i>	194	117	1.71E-5
<i>Acinetobacter</i>	0	15	3.05E-5
<i>Gp2</i>	6312	5904	6.34E-5
<i>Opitutus</i>	46	89	2.2E-4
<i>Gp10</i>	16	2	7.29E-4
<i>Gp1</i>	5364	5692	7.8E-4
<i>Acidipila</i>	24	53	9.4E-4
<i>Gemmata</i>	18	44	9.6E-4
<i>Aquisphaera</i>	23	50	1.58E-3
<i>Candidatus Solibacter</i>	85	49	1.88E-3
<i>Cytobacillus</i>	0	9	1.95E-3
<i>Labilithrix</i>	157	211	4.8E-3
<i>Telmatospirillum</i>	37	64	7.14E-3
<i>Blastochloris</i>	0	7	7.81E-3
<i>Mesobacillus</i>	0	7	7.81E-3
<i>Armatimonas/Armatimonadetes_gp1</i>	21	42	8.04E-3

3.3.3.7. Actividades biológicas en las que participan los diferentes géneros de bacterias del bosque húmedo tropical de San Martín.

Diversos estudios demuestran que la mayoría de los grupos de microorganismos se incrementan con relación a disponibilidad de nutrientes, algunos por procesos de descomposición, otros por solubilización, como es el caso del fosfato inorgánico transformándolo a ortofosfato, que es una forma asimilable para las plantas; este tipo de adaptabilidad específica por parte de los microorganismos hace que estas poblaciones se denominen grupos funcionales (Bashan *et al.*, 2015), citado por (Beltrán Pineda *et al.*, 2017).

Los grupos funcionales de microorganismos involucrados en diferentes etapas de los ciclos de nutrientes son parte integral de los procesos de revegetalización y pueden ser usados como indicadores de la calidad del suelo o como una herramienta biotecnológica disponible para reducir su erosión en general (Bashan *et al.*, 2015, citado por Beltrán Pineda *et al.*, 2017), se llegó a identificar 12 cepas degradadoras de PET del género *Bacillus* de consorcios bacterianos procedentes de diferentes tipos de humus Concluyéndose que hay presencia de microorganismos que tienen la capacidad de degradar el polietileno tereftalato (Palacios & Prado, 2018).

Por otra parte, expertos en la materia afirman que los estudios demuestran la relevancia de las bacterias para el suelo y los servicios que éste presta, sin embargo, aún es desconocida la función concreta hace cada especie, por lo que se vuelve imprescindible el desarrollo de estudios que permitan llenar este vacío de conocimiento (Delgado-Baquerizo *et al.*, 2018).

El reciente auge de la agricultura orgánica ha despertado la necesidad de encontrar métodos alternativos a los productos químicos. Las PGPR (rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal) son bacterias rizosféricas que contribuyen de manera favorable al

desarrollo de las plantas a través de diferentes mecanismos como la producción de exudados (que potencian el enraizamiento de las plantas), la solubilización de nutrientes o la resistencia a agentes patógenos (1). El estudio de estos microorganismos y su posterior uso para diferentes requerimientos agrícolas es una opción viable para obtener buenos resultados de una forma más sostenible. Además, es un enfoque interesante para promover la capacidad de regeneración del suelo de algunas plantas, como la halófito *Arthrocnemum macrostachyum*.

Se prevé que el PGPR sustituirá a los compuestos sintéticos en la agricultura, la horticultura, la silvicultura y los enfoques de limpieza de contaminantes ambientales (Adedeji et al., 2020).

Consideraciones citadas en el presente estudio nos conllevó a incorporar un espacio en grupos para los géneros identificados, tomando en cuenta las funciones en los que individualmente o de manera consorciada participan en el bosque Biodiversidad de la UNSM-T identificadas con el apoyo de bibliografía citadas en cada uno de los casos.

3.3.3.7.1. Géneros bacterianos implicados en la fijación del Nitrógeno

Tabla 31

Géneros bacterianos solubilizadores de nitrógeno

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Kurthia</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Herbaspirillum</i>	0.00	0.00	0.00
<i>Roseomonas</i>	0.67	0.00	0.00
<i>Cupriavidus</i>	1.67	0.00	0.00
<i>Rhodococcus</i>	2.33	0.00	0.00
<i>Enterococcus</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Achromobacter</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Serratia</i>	1.00	1.67	0.00
<i>Corynebacterium</i>	1.33	1.67	0.00

<i>Stenotrophomonas</i>	1.33	5.67	0.00
<i>Brevibacillus</i>	0.00	0.00	0.33
<i>Aeromonas</i>	0.33	0.00	0.33
<i>Rhodanobacter</i>	0.33	0.33	0.67
<i>Brevibacterium</i>	0.00	1.33	0.67
<i>Variovorax</i>	1.00	1.67	1.00
<i>Micrococcus</i>	0.33	2.33	1.00
<i>Acinetobacter</i>	1.33	0.00	1.33
<i>Ochrobactrum</i>	0.00	0.33	1.33
<i>Azospirillum</i>	1.67	0.67	1.33
<i>Rhizobium</i>	0.00	1.33	1.33
<i>Chryseobacterium</i>	0.33	0.33	2.00
<i>Streptomyces</i>	0.00	5.67	2.33
<i>Staphylococcus</i>	0.00	5.67	2.33
<i>Labrys</i>	0.67	3.00	3.00
<i>Kitasatospora</i>	1.67	5.33	3.33
<i>Sphingomonas</i>	4.33	1.33	4.66
<i>Paenibacillus</i>	6.66	7.33	7.00
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Bradyrhizobium</i>	191.33	237.33	170.66
<i>Dyella</i>	306.33	247.33	241.33
<i>Ralstonia</i>	513.33	436.33	347.00
<i>Mycobacterium</i>	161.66	236.33	351.33
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

Los organismos fijadores de nitrógeno se pueden clasificar en tres categorías: fijadores de N de vida libre, fijadores de N asociativos y fijadores de N simbióticos. Los dos últimos grupos se pueden encontrar en la rizosfera de plantas leguminosas y no leguminosas (Mus et al., 2016). Entre las bacterias que fijan N en vida libre y asociada a gramíneas se han citado a *Acetobacter* spp., *Arthrobacter* sp p., *Azospirillum* spp., *Azotobacter* spp., *Bacillus* spp., *Burkholderia* spp., *Citrobacter* spp., *Clostridium* spp., *Enterobacter* spp., *Erwinia* spp., *Klebsiella* spp., *Kluyvera* spp., *Phyllobacterium* spp., *Pseudomonas* spp., *Serratia* spp., *Streptomyces* spp., *Azoarcus* spp. y *Herbaspirillum* spp (Ariza et al., 2020). Entre las bacterias simbióticas tenemos a

Rhizobium, Ensifer, Mesorhizobium, Phyllobacterium, Devosia, Bradyrhizobium, Ochrobactrum, Cupriavidus, Azorhizobium, Methylobacterium, Burkholderia y Blastobacter.

3.3.3.7.2. Géneros bacterianos solubilizadores de Fósforo

Tabla 32

Géneros bacterianos implicados en el ciclo del Fósforo

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Nitrospira</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Herbaspirillum</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Cupriavidus</i>	1.66	0.00	0.00
<i>Dechloromonas</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Desulfovibrio</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Clostridium sensu stricto</i>	0.33	0.33	0.00
<i>Clostridium XI</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Serratia</i>	1.00	1.66	0.00
<i>Corynebacterium</i>	1.33	1.66	0.00
<i>Stenotrophomonas</i>	1.33	5.66	0.00
<i>Cellulomonas</i>	0.00	0.33	0.03
<i>Beijerinckia</i>	0.33	1.00	0.66
<i>Acinetobacter</i>	1.33	2.33	1.00
<i>Rhodoferrax</i>	0.00	0.00	1.33
<i>Azospirillum</i>	1.66	0.33	1.33
<i>Pelomonas</i>	10.66	0.33	1.33
<i>Rhizobium</i>	0.00	0.66	1.33
<i>Chryseobacterium</i>	0.33	1.33	1.33
<i>Geobacter</i>	1.33	3.33	1.33
<i>Novosphingobium</i>	14.66	2.33	5.00
<i>Devoisa</i>	2.33	2.00	5.66
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Nitrospira</i>	21.00	38.33	7.66
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Nitrospirillum</i>	24.33	31.33	21.00
<i>Bradyrhizobium</i>	191.33	237.33	170.66
<i>Mycobacterium</i>	161.66	236.33	351.33
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

El fósforo (P) es un elemento vital en las moléculas biológicas y uno de los principales elementos limitantes para la

producción de biomasa, ya que el P disponible para las plantas representa solo una pequeña fracción del P total del suelo, donde la presencia de los microorganismos como las bacterias intervienen en su disponibilidad mediante sus mecanismos metabólicos. Entre los géneros citados tenemos a *Klebsiella variicola*, *Ochrobactrum pseudogrignonense* (Nacoon et al., 2020), *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus cohnii* (Hii et al., 2020), *Pseudomonas putida*, *Leclercia adecarboxylata* (Teng et al., 2019), *Rahnella aquatilis* HX2, *Burkholderia cenocepacia* (Liu et al., 2020; Zhang et al., 2021), *Pseudomonas fulva*, *Enterobacter* sp. (Munir et al., 2019); (Suleman et al., 2018), *Bacillus megaterium*, *Bacillus licheniformis*, *Rhizobium* sp. (Biswas et al., 2018; Saxena et al., 2020). *Arthrobacter defluvii*, *Pseudomonas frederiksbergensis*, *Rhodanobacter* sp., *Bacillus cepacia*, *Vibrio paradoxus* (Yang et al., 2020a), *Acinetobacter rizocephalae*, *Tetrathlobacter* sp.

3.3.3.7.3. Géneros bacterianos solubilizadores de Potasio

Tabla 33

Géneros bacterianos implicados en el ciclo del potasio

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Achromobacter</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Rhizobium</i>	0.00	0.66	1.33
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Sphingomonas</i>	4.33	1.33	4.66
<i>Micrococcus</i>	0.33	1.66	1.00
<i>Paenibacillus</i>	6.33	7.33	7.00
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

El K + no es solo el nutriente esencial requerido para apoyar el crecimiento y rendimiento óptimos de las plantas, también es un importante agente de señalización que media una amplia gama de respuestas adaptativas de las plantas al estrés abiótico y biótico como la sequía, la salinidad, el estrés oxidativo y la

apoptosis. La principal fuente de K + para la planta es el suelo que es absorbido por las raíces de la planta a través de las células epidérmicas y corticales y transportado al brote y distribuido a las hojas. Investigaciones recientes han demostrado que los exudados orgánicos de algunos microorganismos como *Pseudomonas* spp., *Burkholderia* spp., *Acidithiobacillus ferrooxidans*, *Bacillus mucilaginosus*, *B. edaphicus*, *B. megaterium* y *Aspergillus* spp. (Meena et al., 2016).

3.3.3.7.4. Géneros bacterianos implicados en biocontrol

Tabla 34

Géneros bacterianos implicados en biocontrol

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Brevibacillus</i>	0.00	0.00	0.33
<i>Brevibacterium</i>	0.00	0.33	0.66
<i>Ochrobactrum</i>	0.00	0.00	1.33
<i>Staphylococcus</i>	0.00	5.66	2.33
<i>Rhizobium</i>	0.00	0.66	1.33
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Desulfovibrio</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Cellulomonas</i>	0.00	0.33	0.33
<i>Proteus</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Aeromonas</i>	0.33	0.00	0.33
<i>Micrococcus</i>	0.33	1.66	1.00
<i>Herbaspirillum</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Lactobacillus</i>	0.66	0.00	1.66
<i>Serratia</i>	1.00	1.66	0.00
<i>Streptomyces</i>	1.33	0.33	2.00
<i>Stenotrophomonas</i>	1.33	5.66	0.00
<i>Acinetobacter</i>	1.33	2.33	1.00
<i>Azospirillum</i>	1.66	0.33	1.33
<i>Rhodococcus</i>	2.33	0.00	0.00
<i>Sphingomonas</i>	4.33	1.33	4.66
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Paenibacillus</i>	6.33	7.33	7.00
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Bradyrhizobium</i>	191.33	237.33	170.66
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

El estrés abiótico es una de las amenazas más importantes para las plantas; si bien el uso de microorganismos beneficiosos asociados con las plantas para reducir estos estreses es una estrategia asequible y respetuosa con el medio ambiente, la posibilidad de reducir el daño mediado por estrés no biológico mediante el uso de microorganismos útiles abre una nueva ventana en la agricultura y puede considerarse como un paso importante hacia el logro de un sistema agrícola sostenible y producción orgánica. El punto más importante es que los microorganismos PGP pueden inducir resistencia en las plantas contra una variedad de estreses abióticos y bióticos, por lo que el aislamiento, la detección y la aplicación de estos microorganismos pueden ser muy valiosos (Adedeji et al., 2020).

3.3.3.7.5. Géneros bacterianos implicados en la producción de fitohormonas

Tabla 35

Géneros bacterianos implicados en la producción de fitohormonas

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Proteus</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Herbaspirillum</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Rhodococcus</i>	2.33	0.00	0.00
<i>Achromobacter</i>	0.00	0.33	0.00
<i>Pedobacter</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Pandoraea</i>	0.66	1.66	0.00
<i>Serratia</i>	1.00	1.66	0.00
<i>Stenotrophomonas</i>	1.33	5.66	0.00
<i>Aeromonas</i>	0.33	0.00	0.33
<i>Variovorax</i>	1.00	1.33	0.66
<i>Micrococcus</i>	0.33	1.66	1.00
<i>Acinetobacter</i>	1.33	2.33	1.00
<i>Azospirillum</i>	1.66	0.33	1.33
<i>Rhizobium</i>	0.00	0.66	1.33
<i>Chryseobacterium</i>	0.33	1.33	1.33

<i>Streptomyces</i>	1.33	0.33	2.00
<i>Sphingomonas</i>	4.33	1.33	4.66
<i>Nocardia</i>	6.33	4.00	6.66
<i>Paenibacillus</i>	6.33	7.33	7.00
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Bradyrhizobium</i>	191.33	237.33	170.00
<i>Dyella</i>	306.66	247.33	241.33
<i>Mycobacterium</i>	161.33	236.33	251.33
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

La fitohormona más estudiada es el ácido Indol Acético (IAA), y los esfuerzos por conocer su biosíntesis en bacterias se ha descrito en cepas del género *Azospirillum*, el IAA induce al alargamiento y la división celular de las plantas, permitiendo un mayor crecimiento de las raíces y por lo tanto mayor superficie de absorción de nutrientes. El IIA es responsable de un mejor aprovechamiento de nutrientes del suelo y mayor crecimiento de las plantas, entre las bacterias capaces de producir IAA se encuentran *G. diazotrophicus*, *Azospirillum brasiliense*, *Pseudomonas* sp. *Bacillus amyloliquefaciens* (Vivanco et al., 2016).

3.3.3.7.6. Géneros bacterianos productores de sideróforos

Tabla 36

Géneros bacterianos productores de sideróforos

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Rhizobium</i>	0	0.66	1.33
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Proteus</i>	0.33	0.00	0.00
<i>Chryseobacterium</i>	0.33	1.33	1.33
<i>Pandoraea</i>	0.66	1.66	0.00
<i>Variovorax</i>	1.00	1.33	0.66
<i>Serratia</i>	1.00	1.66	0.00
<i>Streptomyces</i>	1.33	0.33	2.00
<i>Acinetobacter</i>	1.33	2.33	1.00
<i>Stenotrophomonas</i>	1.33	5.66	0.00
<i>Azospirillum</i>	1.66	0.33	1.33

<i>Rhodococcus</i>	2.33	0.00	0.00
<i>Sphingomonas</i>	4.33	1.33	4.66
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Paenibacillus</i>	6.33	7.33	7.00
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Novosphingobium</i>	14.66	2.33	5.00
<i>Mycobacterium</i>	161.66	236.33	351.33
<i>Bradyrhizobium</i>	191.33	237.33	170.66
<i>Dyella</i>	306.33	247.33	241.33
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

Debido a la importancia que tienen los sideróforos fluorescentes en la asimilación y transporte de metales, ha sido importante desarrollar métodos prácticos para determinar la capacidad de producción de estos compuestos por los microorganismos. Estudios realizados han demostrado que microorganismos capaces de sintetizar sideróforos como *Pseudomonas fluorescens*, facilitan a los cultivos la asimilación de nutrimentos como el hierro, cuando las células se encuentran asociados a las raíces de las plantas, promoviendo así su desarrollo (Carrillo et al., 2011).

3.3.3.7.7. Géneros bacterianos productores de ACC - desaminasa

Tabla 37

Géneros bacterianos productores de ACC - desaminasa

Género Bacteriano	A	M	B
<i>Cupriavidus</i>	1.66	0.00	0.00
<i>Rhodococcus</i>	2.33	0.00	0.00
<i>Acidovorax</i>	0	0.33	0.00
<i>Achromobacter</i>	0	0.33	0.00
<i>Flavobacterium</i>	0.00	1.00	0.00
<i>Pandoraea</i>	0.66	1.66	0.00
<i>Serratia</i>	1.00	1.66	0.00
<i>Stenotrophomonas</i>	1.33	5.66	0.00
<i>Variovorax</i>	1.00	1.33	0.66
<i>Acinetobacter</i>	1.33	2.33	1.00
<i>Caulobacter</i>	2.66	2.33	1.00
<i>Ochrobactrum</i>	0.00	0.00	1.33

<i>Azospirillum</i>	1.66	0.33	1.33
<i>Rhizobium</i>	0.00	0.66	1.33
<i>Chryseobacterium</i>	0.33	1.33	1.33
<i>Streptomyces</i>	1.33	0.33	2.00
<i>Paenibacillus</i>	6.33	7.33	7.00
<i>Bacillus</i>	6.00	11.33	7.66
<i>Pseudomonas</i>	10.00	9.66	13.00
<i>Bradyrhizobium</i>	191.33	237.33	170.66
<i>Dyella</i>	306.33	247.33	241.33
<i>Ralstonia</i>	513.33	436.33	347.00
<i>Mycobacterium</i>	131.66	236.33	351.33
<i>Burkholderia</i>	1558.00	1475.33	1323.33

Cuando las plantas son expuestas a perturbaciones bióticas y/o abióticas, aumentan los niveles de etileno en sus tejidos, provocando efectos deletéreos en estas. Estos daños podrían verse disminuidos por acción de la enzima ACC-desaminasa, la que es sintetizada por bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR). Esta enzima hidroliza al precursor del etileno ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico (ACC) en α -cetobutirano y amonio (Aztrosa, 2018).

Se han buscado estrategias para disminuir el estrés salino en los cultivos. En este contexto se tienen reportes del uso de bacterias productoras de ACC (ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico,) desaminasa, que es una enzima que cataliza la conversión del ACC un precursor inmediato de la síntesis del etileno en plantas, en α -cetobutirato y amoniaco, que mitiga el estrés salino, al disminuir la cantidad de etileno (Ramírez, 2016)

La ACC desaminasa ha sido ampliamente reportada en numerosas especies microbianas de bacterias Gram negativas, bacterias Gram positivas, La bacteria *Pseudomonas fluorescens* proporciona resistencia al estrés salino en plantas de cacahuate, las bacterias halotolerantes como *Arthrobacter nicotianae*, *Bacillus stratosphericus*, *Corynebacterium variabile*, *Exiguobacterium acetylicum*, *Halomonas neptunia*, *Oceanimonas smirnovii*, *Planococcus rifietensis* y *Zhihen*.

3.3.3.7.8. Géneros distribuidos en las zonas A, M y B versus actividades biológicas en las que participan en un bosque húmedo tropical de San Martín.

Tabla 38

Géneros distribuidos en las zonas A, M y B versus actividades biológicas en las que participan en un bosque húmedo tropical de San Martín

Género	Zona Alta	Zona Media	Zona Baja	ACC-DESAMI NASA	BIOCON TROL	FITOHOR MONAS	SOLUBILI ZADORES DE P	FIJADORES DE N	SOLUBILIZA DORAS DE K	PRODUCTORAS DE SIDERÓFOROS
Paenibacillus	3	4	4	X	X	X	X	0	X	X
Variovorax	1	1	1	X	X	X	X	0	0	X
Streptomyces	0	0	1	X	X	X	X	0	0	X
Burkholderia	958	1040	896	X	X	X	X	X	X	X
Bacillus	5	10	60	X	X	X	X	X	X	X
Pseudomonas	8	10	8	X	X	X	X	X	X	X
Rhizobium	0	1	1	X	X	X	X	X	X	X
Rhizobium	0	1	0	X	X	X	X	X	X	X
Bradyrhizobium	148	206	134	X	X	X	X	X	0	X
Acinetobacter	2	2	40	X	X	X	X	X	0	X
Azospirillum	2	0	2	X	X	X	X	X	0	X
Stenotrophomonas	0	3	1	X	X	X	X	X	0	X
Rodhococcus	0	3	0	X	X	X	X	X	0	X
Serratia	1	0	0	X	X	X	X	X	0	X
Ochrobactrum	0	0	1	X	X	0	X	0	0	0
Dyella	246	188	195	X	0	X	X	0	0	X
Mycobacterium	134	168	260	X	0	X	X	X	0	X
Chryseobacterium	0	0	2	X	0	X	X	X	0	X
Pandoraea	0	3	0	X	0	X	0	0	0	X
Ralstonia	402	336	338	X	0	0	X	0	0	0
Cupriavidus	1	0	0	X	0	0	X	X	0	0
Caulobacter	2	1	4	X	0	0	0	0	0	0
Micrococcus	0	1	1	0	X	X	X	0	X	0
Micrococcus	0	1	0	0	X	X	X	0	X	0
Sphingomonas	2	0	4	0	X	X	X	0	X	X
Aeromonas	1	0	7	0	X	X	X	0	0	0
Brevibacterium	0	0	2	0	X	0	X	0	0	0
Staphylococcus	0	5	1	0	X	0	X	0	0	0
Brevibacillus	0	0	1	0	X	0	X	0	0	0

Staphylococcus	0	5	0	0	X	0	X	0	0	0
Lactobacillus	1	0	1	0	X	0	0	0	0	0
Cellulomonas	0	1	0	0	X	0	0	X	0	0
Desulfovibrio	0	1	0	0	X	0	0	X	0	0
Nocardia	3	0	8	0	0	X	0	0	0	0
Pedobacter	0	1	0	0	0	X	0	0	0	0
Kitasatospora	0	3	3	0	0	0	X	0	0	0
Rhodanobacter	0	0	1	0	0	0	X	0	0	0
Kitasatospora	0	3	0	0	0	0	X	0	0	0
Labrys	1	1	0	0	0	0	X	0	0	0
Roseomonas	1	0	0	0	0	0	X	0	0	0
Kurthia	1	0	0	0	0	0	X	0	0	0
Corynebacterium	2	1	0	0	0	0	X	X	0	0
Nitrospirillum	12	24	14	0	0	0	0	X	0	0
Nitrospira	9	21	8	0	0	0	0	X	0	0
Beijerinckia	0	0	3	0	0	0	0	X	0	0
Geobacter	2	4	2	0	0	0	0	X	0	0
Rhodoferax	0	0	1	0	0	0	0	X	0	0
Devosia	0	0	1	0	0	0	0	X	0	0
Clostridium sensu stricto	0	1	0	0	0	0	0	X	0	0
Clostridium XI	0	1	0	0	0	0	0	X	0	0
Pelomonas	9	0	0	0	0	0	0	X	0	0
Novosphingobium	12	2	2	0	0	0	0	X	0	X
X=Presencia										
0=Ausencia										

3.3.3.7.8.1. Resumen de cantidad de géneros de bacterias participantes en las actividades biológicas en un bosque húmedo Tropical de San Martín.

Tabla 39

Géneros de bacterias participantes en las actividades biológicas en un bosque húmedo Tropical de San Martín.

ACTIVIDADES BIOLÓGICAS	Solubiliza dores de P y K	Fijadores de N	Biocontrol	Fitohor monas	ACC- Desami nasa	Sideróforos
CANTIDAD DE GÉNEROS POR ACTIVIDAD BIOLÓGICA	30	25	22	21	20	18

Los géneros de bacterias comunes que se encuentran participando en varias actividades biológicas en un bosque húmedo tropical de San Martín, de mayor a menor población tenemos:

Burkholderia, Azospirillum, Bacillus, *Stenotrophomonas*, Pseudomonas, Acinetobacter
Rhizobium, Bradyrhizobium, Serratia.

3.3.3.7.9. Correlación entre las características físicas y químicas del suelo, composición florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias en cada una de las zonas (A, M y B) a través de un análisis multivariable en el bosque húmedo tropical de San Martín.

Gráficos PCA del análisis multivariable

El análisis multivariable se realizó a partir de la construcción de los gráficos del Análisis de los Componentes Principales PCA (Principal Component Analysis) elaborado para cada uno de los grupos de las variables constituidas por las características físicas y químicas del suelo, composición florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias para cada una de las zonas (A, M y B).

3.3.3.7.9.1. Géneros fijadores de Nitrógeno (N)

3.3.3.7.9.1.1. Géneros fijadores de Nitrógeno Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales que se presentan en la figura 30.

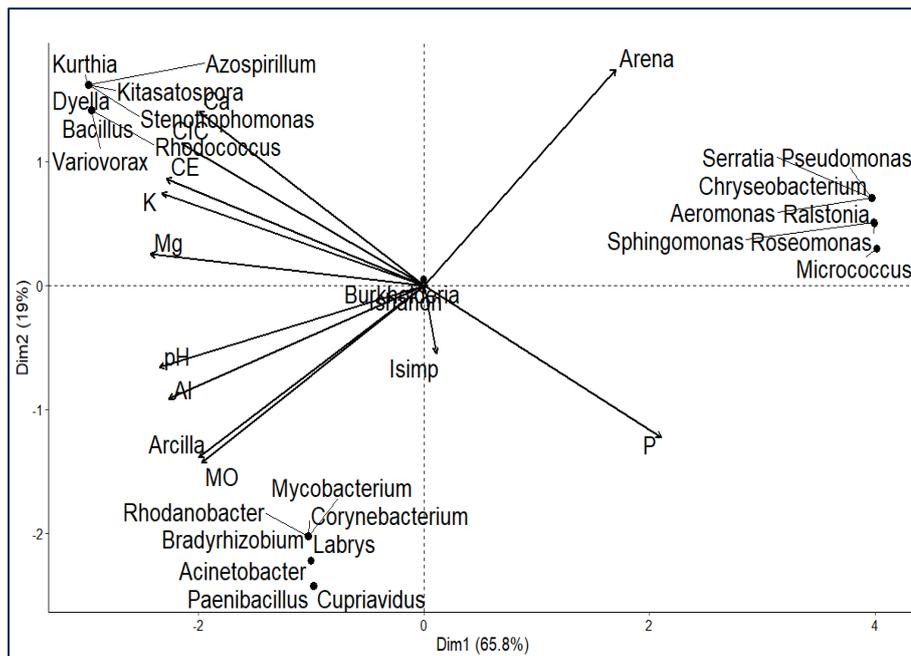


Figura 30. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros fijadores de Nitrógeno para la zona alta (A)

1. En el caso de las bacterias fijadoras de Nitrógeno, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 65.8% y 19% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 85%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, el género Burkholderia se correlacionó positivamente con la diversidad florística, los géneros Stenotrophomonas, Rhodococcus, Kurthia, Dyeella, Bacillus, Variovorax, Kitasatospora y Azospirillum se correlacionó positivamente con CIC, CE, Ca, K y Mg y se correlacionó negativamente con el P.

- En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias fijadoras de Nitrógeno del género *Burkholderia*.

3.3.3.7.9.1.2. Géneros fijadores de Nitrógeno Zona Media

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidades florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales que se presentan en la figura 31.

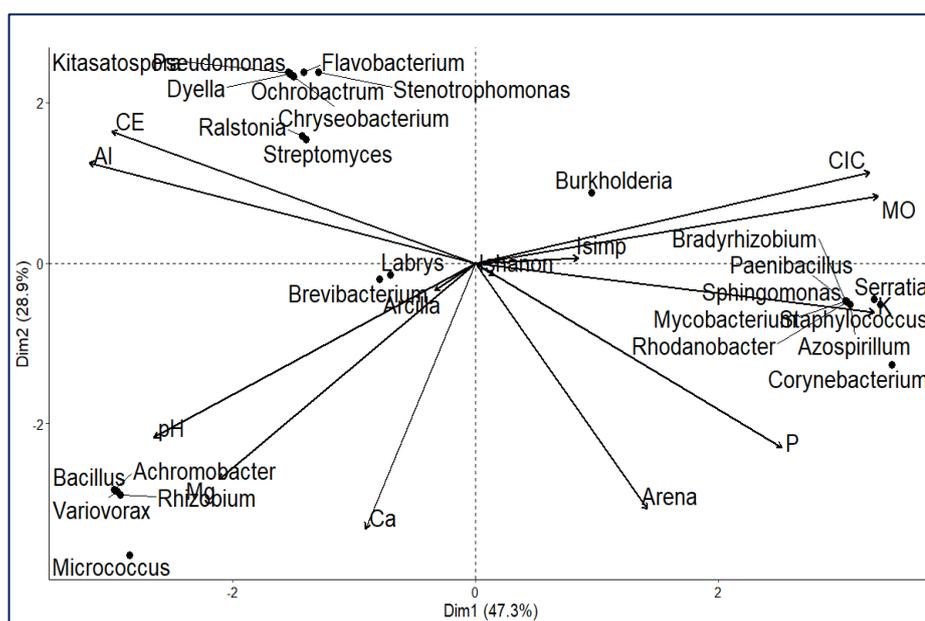


Figura 31. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros fijadores de Nitrógeno para la zona media (M)

- En el caso de las bacterias fijadoras de Nitrógeno, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 47.3% y 28.9% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 76.2%.
Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.
- En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Bacillus*, *Achromobacter*, *Variovorax*, *Rhizobium* y *Micrococcus* correlacionaron positivamente con el pH y Mg, los géneros *Bradyrhizobium*, *Paenibacillus*, *Sphingomonas*, *Serratia*, *Mycobacterium*, *Staphylococcus*, *Rhodanobacter* y *Azospirillum*, se correlacionó positivamente con el Potasio.

3. En general, el pH, Mg y K parecen ser buenos indicadores para la presencia de importantes bacterias fijadoras de Nitrógeno.

3.3.3.7.9.1.3. Géneros fijadores de Nitrógeno Zona Baja

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 32.

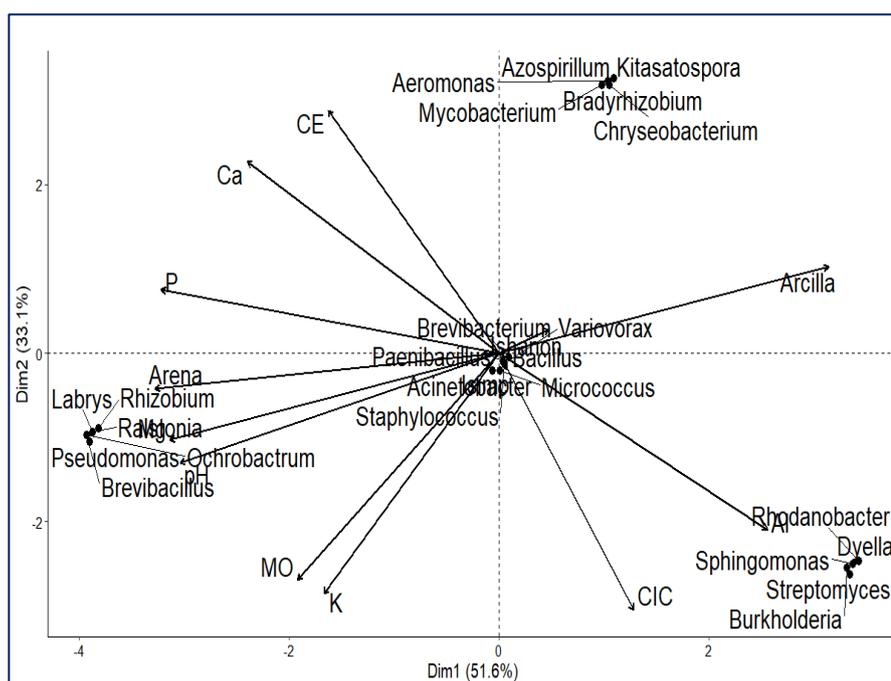


Figura 32. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros fijadores de Nitrógeno para la zona baja (B)

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura xx3.

1. En el caso de las bacterias fijadoras de Nitrógeno, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 51.6% y 33.1% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 84.7%. Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

- En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Brevibacterium*, *Variovorax*, *Paenibacillus*, *Bacillus*, *Acinetobacter*, *Micrococcus* y *Rhodanobacter*, *Dyella*, *Sphingomonas*, *Atreptomyces* y *Burkholderia*, se correlacionaron positivamente con Aluminio.
- En este caso, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de importantes géneros de bacterias fijadoras de Nitrógeno.

3.3.3.7.9.2. Géneros Solubilizadores de Fósforo (P)

3.3.3.7.9.2.1. Géneros Solubilizadores de Fósforo Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 33.

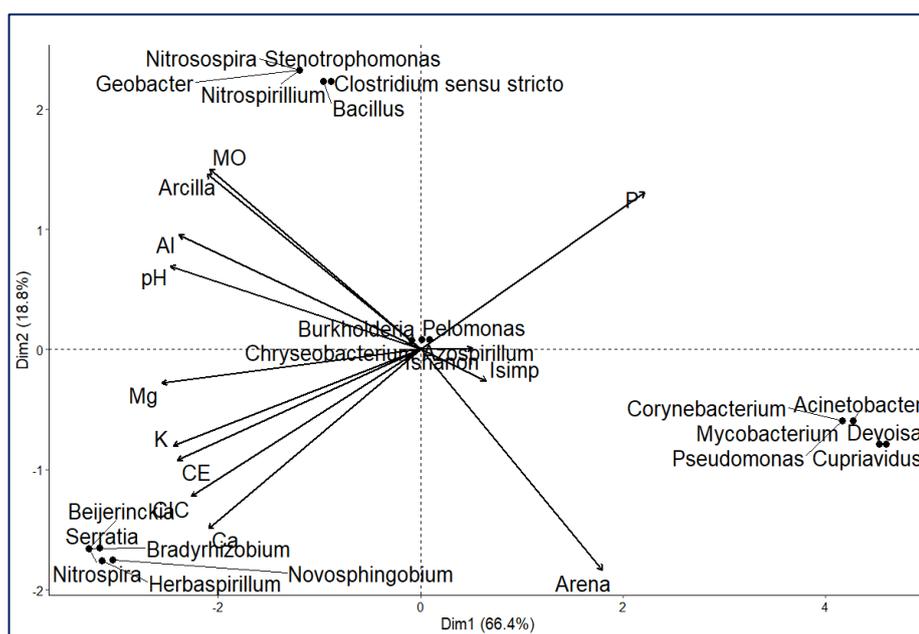


Figura 33. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Fósforo para la zona alta (A)

- En el caso de las bacterias solubilizadores de Fósforo, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 66.4% y 18.8% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 85.2%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

- En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Burkholderia*, *Pelomonas* y *Azospirillum*, se correlacionaron positivamente con la diversidad florística; los géneros *Stenotrophomonas*, *Rhodococcus*, *Kurthia*, *Dyella*, *Bacillus*, *Variovax*, *Kitasatospora* y *Azospirillum* se correlacionó positivamente con CIC, CE, Ca, K y Mg y se correlacionó negativamente con el P.
- En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias fijadoras de Nitrógeno del género *Burkholderia*.

3.3.3.7.9.2.2. Géneros Solubilizadores de Fósforo Zona Media

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 34.

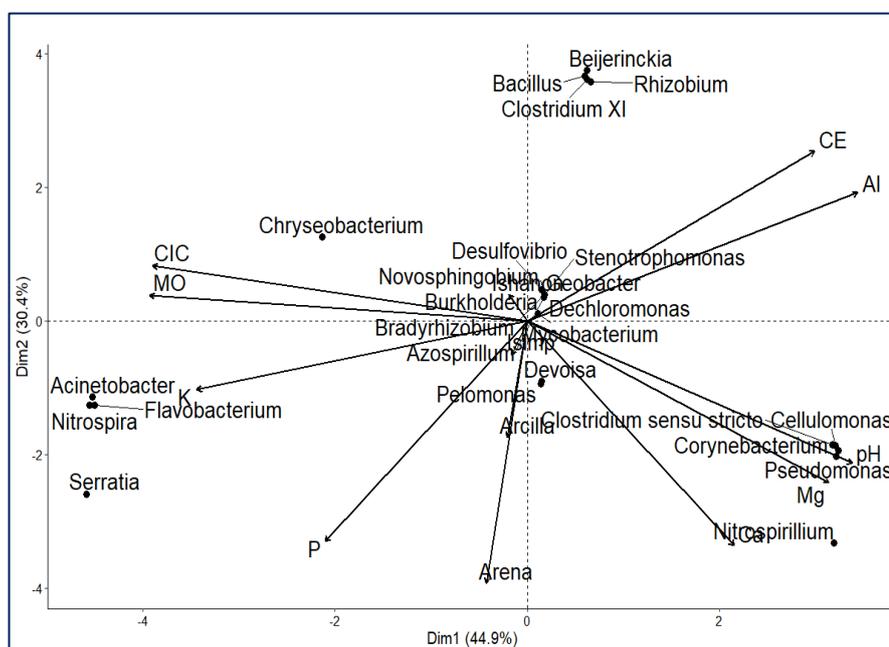


Figura 34. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Fósforo para la zona media (M)

- En el caso de las bacterias solubilizadores de Fósforo, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde

la variación fue de 44.9% y 30.4% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 74.3%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Desulfovibrio*, *Stenotrophomonas*, *Burkholderia*, *Novosphingobium*, *Dechloromonas*, *Azospirillum*, *Chryseobacterium* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística; los géneros *Acinetobacter*, *Flavobacterium*, *Nitrospira* y *Corynebacterium* y *Pseudomonas*, se correlacionaron positivamente con K y CIC, CE, Ca, K y Mg y se correlacionó negativamente con el P y pH respectivamente.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias solubilizadores de Fósforo.

3.3.3.7.9.2.3. Géneros Solubilizadores de Fósforo Zona Baja

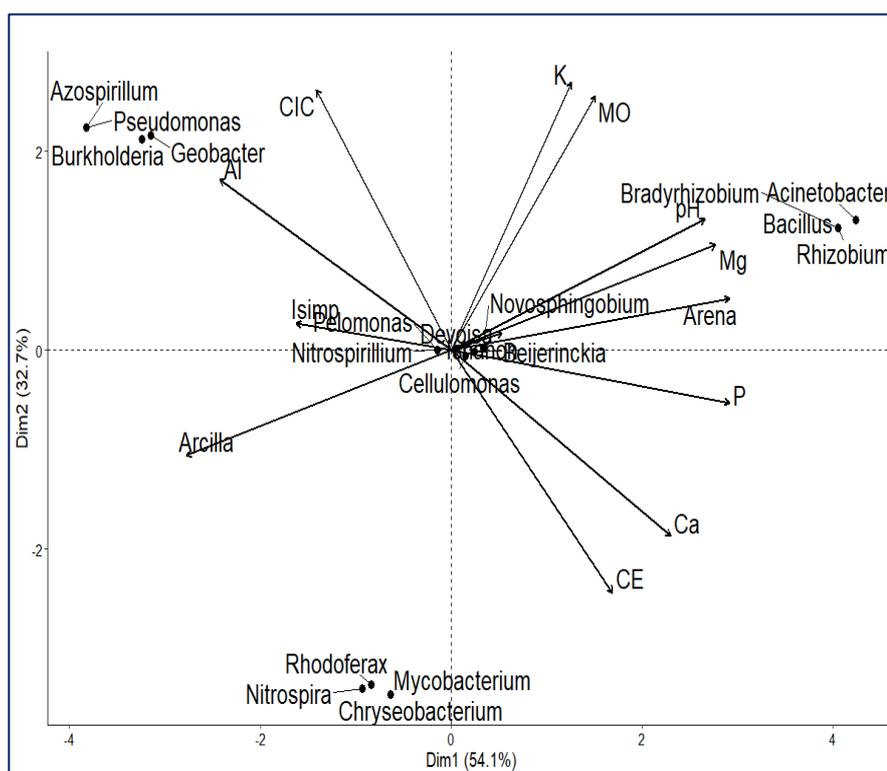


Figura 35. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Fósforo para la zona baja (B)

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 35.

En el caso de las bacterias fijadoras de Nitrógeno, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 65.8% y 19% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 85%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

1. En el caso de las bacterias solubilizadores de Fósforo, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 54.1% y 32.7 % respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 86.8%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Pelomonas*, *Stenotrophomonas*, *Novosphingobium*, *Nitrospirillum*, *Cellulomonas*, y *Beijerinckia*, se correlacionaron positivamente con la diversidad florística; en tanto *Azospirillum*, *Pseudomonas*, *Burkholderia* y *Geobacter* se correlacionaron positivamente con el aluminio.
3. En general la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias solubilizadores de Fósforo.

3.3.3.7.9.3. Géneros Solubilizadores de Potasio (K)

3.3.3.7.9.3.1. Géneros Solubilizadores de Potasio Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 36.

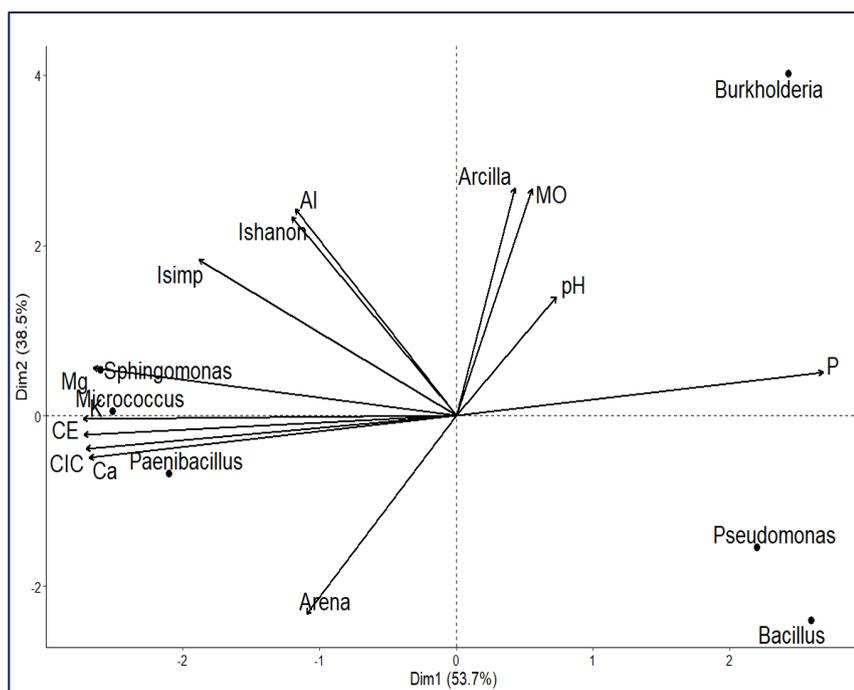


Figura 36. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Potasio para la zona alta (A)

1. En el caso de las bacterias solubilizadores de potasio, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 53.7% y 38.5% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 29.2%.
Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.
2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, el género *Micrococcus*, *Sphingomonas* y *Paenibacillus* se correlacionaron positivamente con potasio, magnesio y calcio respectivamente y negativamente con el fósforo.
3. En general, la correlación con K, Mg, y Ca parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias solubilizadores de potasio.

3.3.3.7.9.3.2. Géneros Solubilizadores de Potasio Zona Media

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 37.

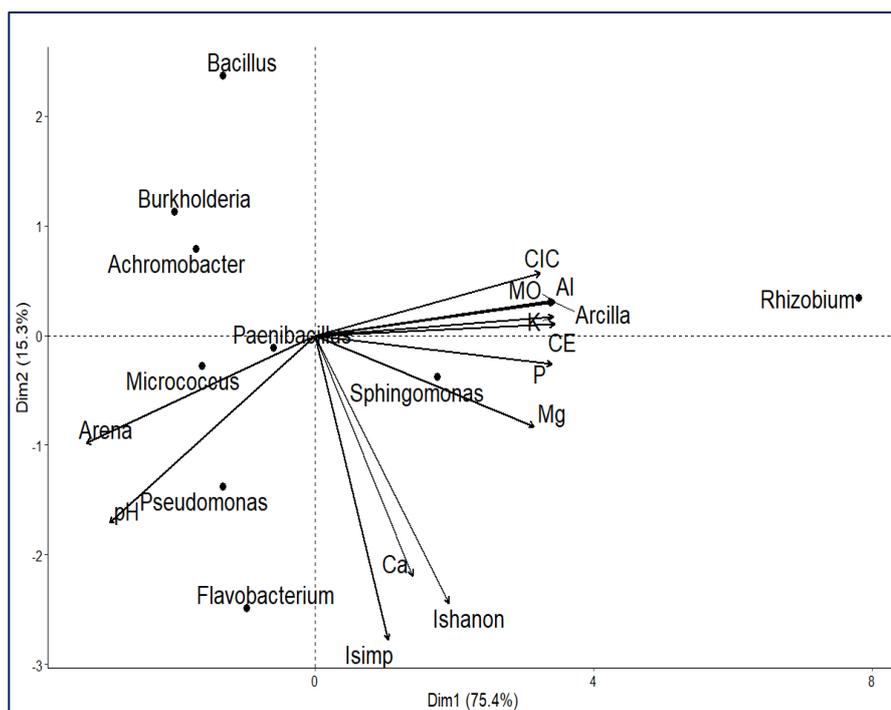


Figura 37. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Potasio para la zona media (M)

1. En el caso de las bacterias solubilizadores de potasio, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 75.4% y 15.3% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 90.7%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, el género Paenibacillus, Sphingomonas se relacionan positivamente con la Arena y el Mg respectivamente.
3. En general, la Arena y el Mg parecen ser un buen indicador para la presencia de bacterias solubilizadores de potasio.

3.3.3.7.9.3.3. Géneros Solubilizadores de Potasio Zona Baja

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades

biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 38.

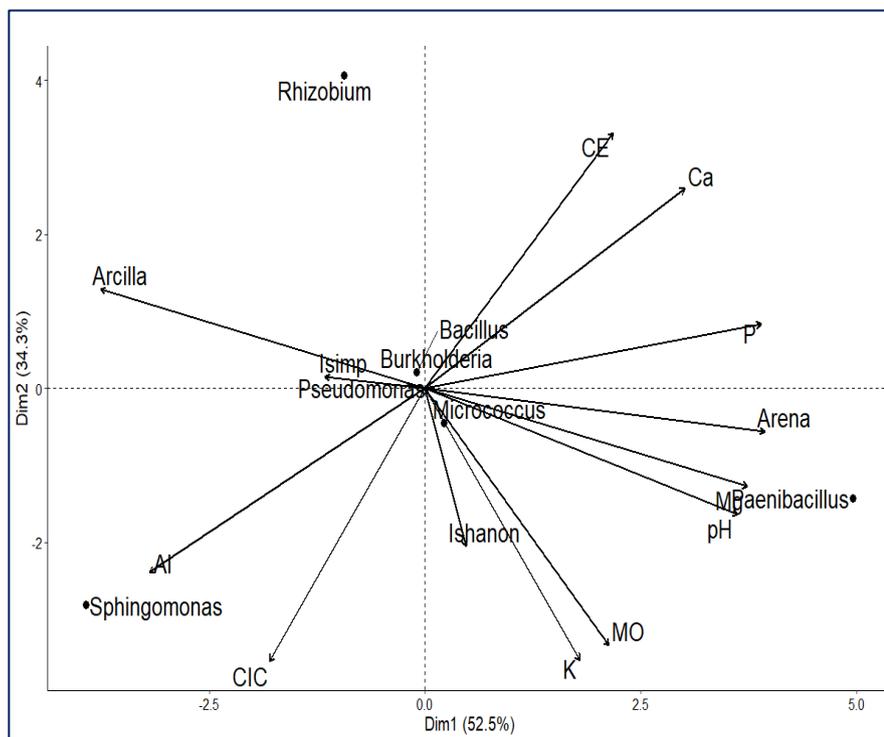


Figura 38. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros solubilizadores de Potasio para la zona baja (B)

1. En el caso de las bacterias solubilizadores de potasio, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 52.5% y 34.3% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 86.8%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros Burkholderia, Bacillus, Pseudomonas se correlacionaron positivamente con la diversidad florística; los géneros Sphingomonas y Paenibacillus, se correlacionaron positivamente con al Mg.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias solubilizadores de potasio.

3.3.3.7.9.4. Géneros Biocontroladores

3.3.3.7.9.4.1. Géneros Biocontroladores Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 39.

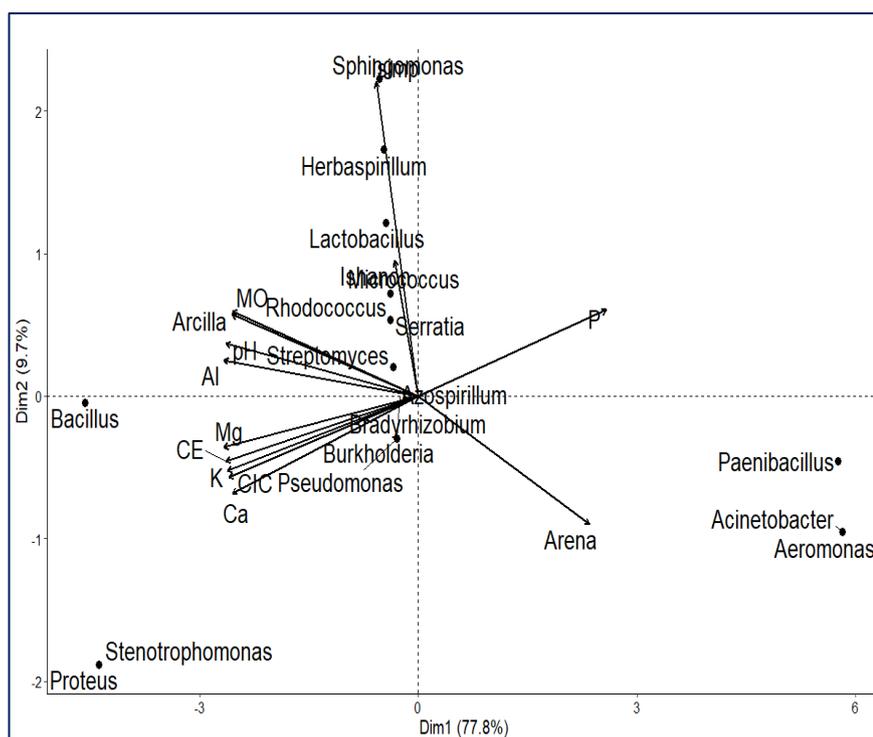


Figura 39. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros biocontroladores para la zona alta (A)

1. En el caso de las bacterias biocontroladoras, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 77.8% y 9.7% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 87.5%.
Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.
2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros Sphingomonas, Herbaspirillum, Lactobacillus, Micrococcus y Rhodococcus se correlacionaron positivamente con la diversidad florística.

- En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias fijadoras de Nitrógeno de los géneros *Sphingomonas*, *Herbaspirillum*, *Lactobacillus*, *Micrococcus* y *Rhodococcus*

3.3.3.7.9.4.2. Géneros Biocontroladores Zona Media

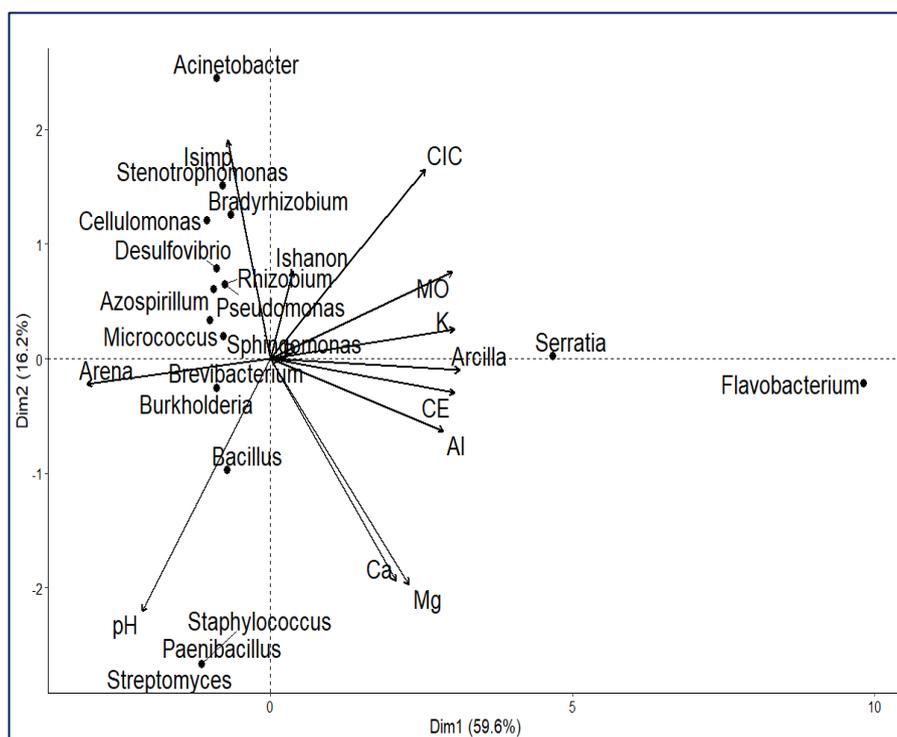


Figura 40. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros biocontroladores para la zona media (M)

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 40.

- En el caso de las bacterias bicontroladoras, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 59.6% y 16.2% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 75.8%.
Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Stenotrophomonas* y *Bradyrhizobium* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias fijadoras de Nitrógeno de los géneros *Stenotrophomonas* y *Bradyrhizobium*.

3.3.3.7.9.4.3. Géneros Biocontroladores Zona Baja

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 41.

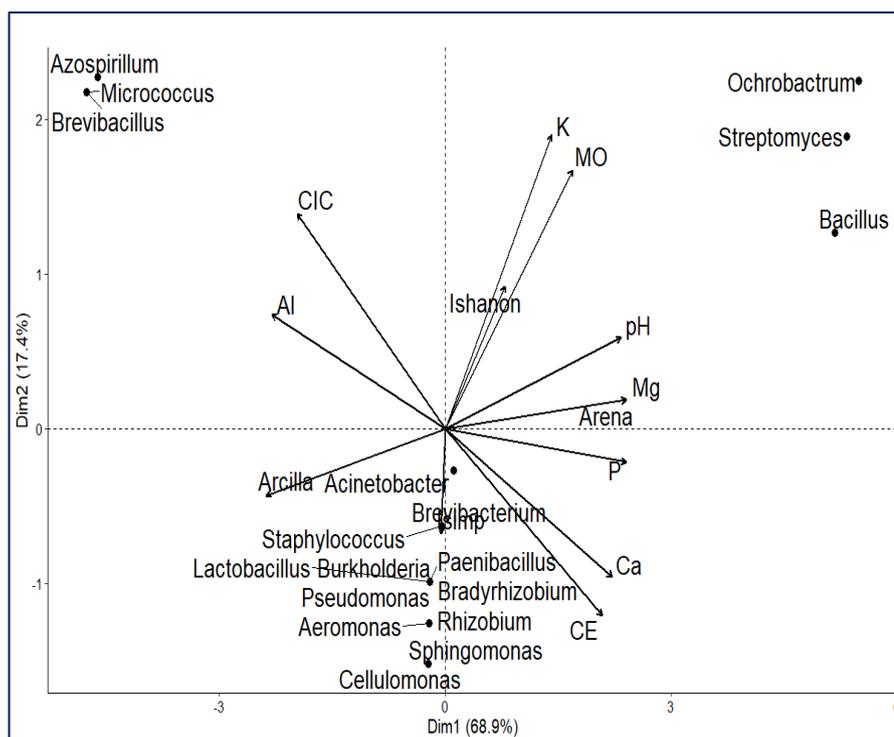


Figura 41. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y géneros biocontroladores para la zona baja (B)

1. En el caso de las bacterias biocontroladores, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 68.9% y 17.4% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 86.3%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Staphylococcus* y *Acinetobacter* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias fijadoras de Nitrógeno de los géneros *Staphylococcus* y *Acinetobacter*.

3.3.3.7.9.5. Géneros Productores de Fitohormonas

3.3.3.7.9.5.1. Géneros Productores de Fitohormonas Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 42.

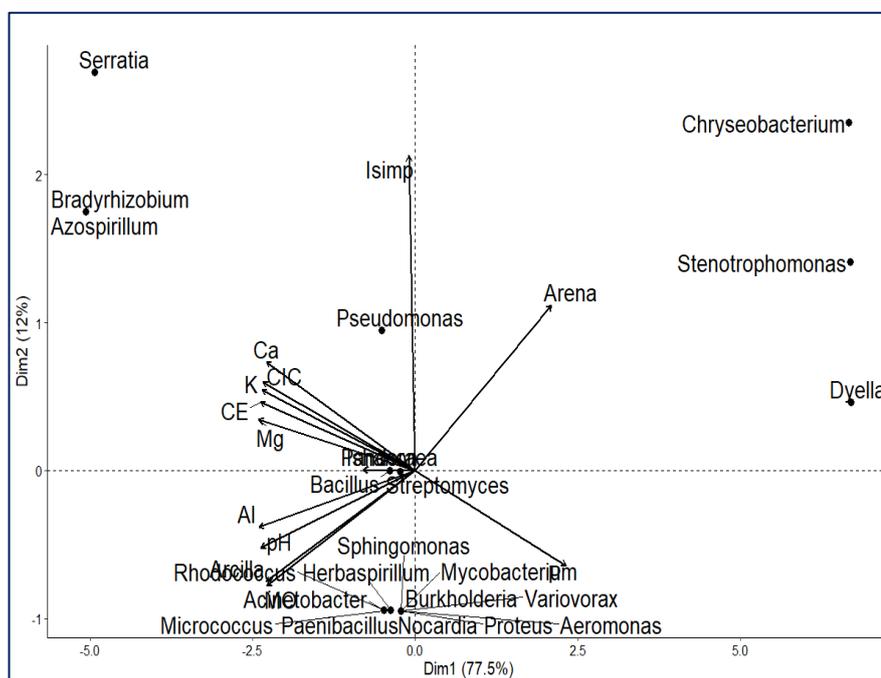


Figura 42. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de fitohormonas zona alta (A)

1. En el caso de las bacterias productoras de fitohormonas, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y

PC2, donde la variación fue de 77.5% y 12% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 89.5%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Pandoraea*, *Bacillus* y *Streptomyces* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias productoras de fitohormonas de los géneros *Pandoraea*, *Bacillus* y *Streptomyces*.

3.3.3.7.9.5.2. Géneros Productores de Fitohormonas Zona Media

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florísticas y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 43.

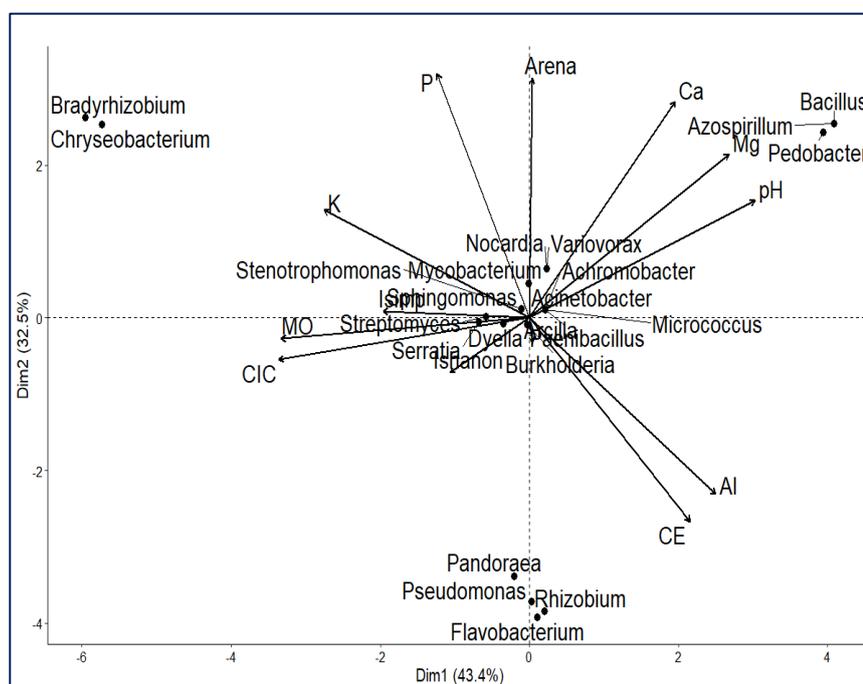


Figura 43. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de fitohormonas zona media (M)

1. En el caso de las bacterias productoras de fitohormonas, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y

PC2, donde la variación fue de 43.4% y 32.5% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 75.9%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Serratia* y *Streptomyces* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística, en tanto el género *Dyella* se relaciona positivamente con la materia orgánica.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias productoras de fitohormonas de los géneros *Serratia* y *Streptomyces*, y las bacterias del género *Dyella* prosperan en presencia de materia orgánica.

3.3.3.7.9.5.3. Géneros Productores de Fitohormonas Zona Baja

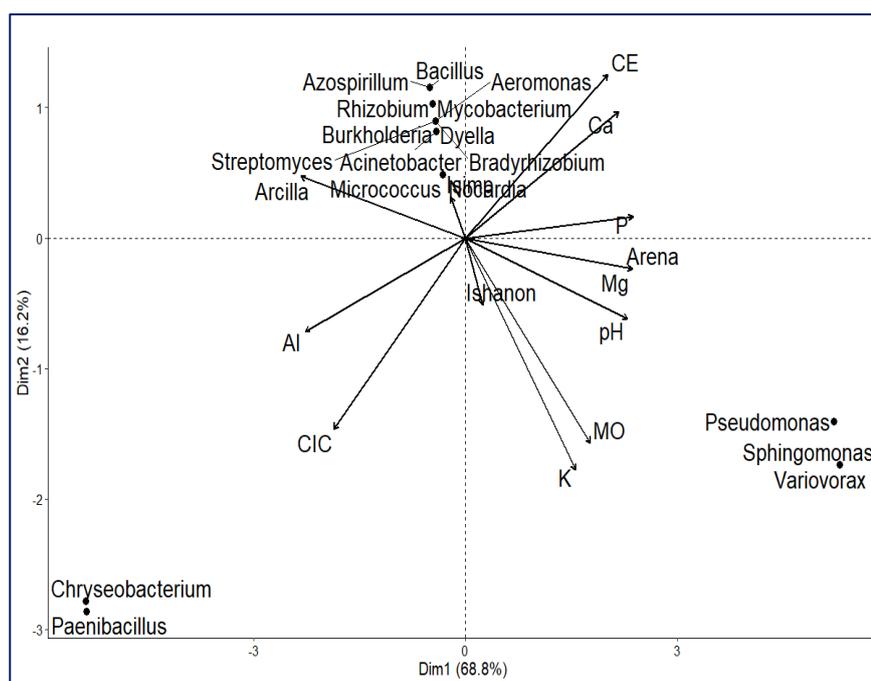


Figura 44. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de fitohormonas zona baja (B)

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 44.

1. En el caso de las bacterias productoras de fitohormonas, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 68.8% y 16.2% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 85%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, el género *Nocardia* se correlacionó positivamente con la diversidad florística, y se correlacionó negativamente con el K.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias productoras de fitohormonas del género *Nocardia*.

3.3.3.7.9.6. Géneros Productores de Sideróforos

3.3.3.7.9.6.1. Géneros Productores de Sideróforos Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 45.

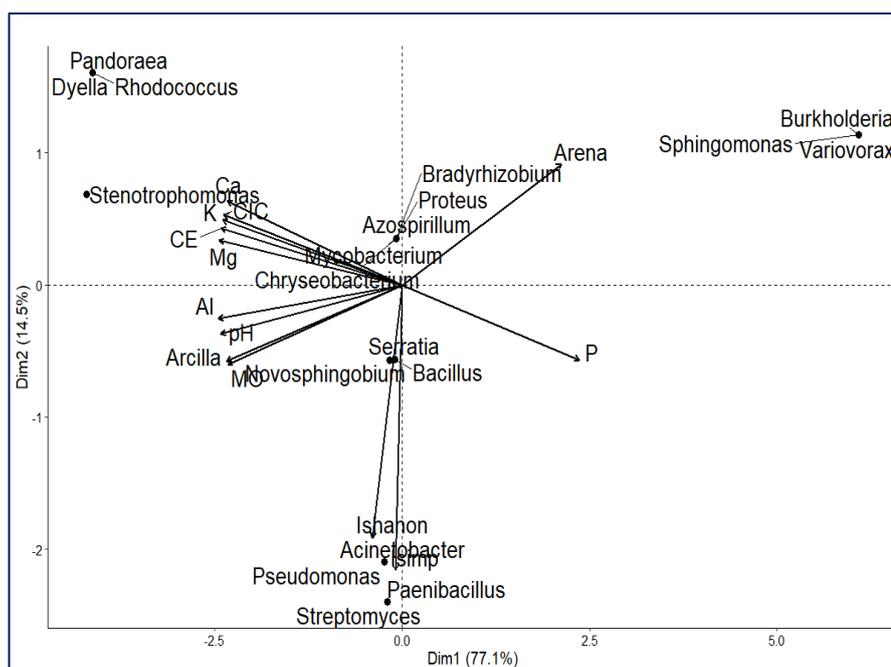


Figura 45. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de sideróforos zona alta (A)

1. En el caso de las bacterias productoras de sideróforos, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 77.1% y 14.5% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 91.6%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Serratia*, *Bacillus*, *Acinetobacter* y *Novosphingobium* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias productoras de sideróforos de los géneros *Serratia*, *Bacillus*, *Acinetobacter* y *Novosphingobium*.

3.3.3.7.9.6.2. Géneros Productores de Sideróforos Zona Media

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 46.

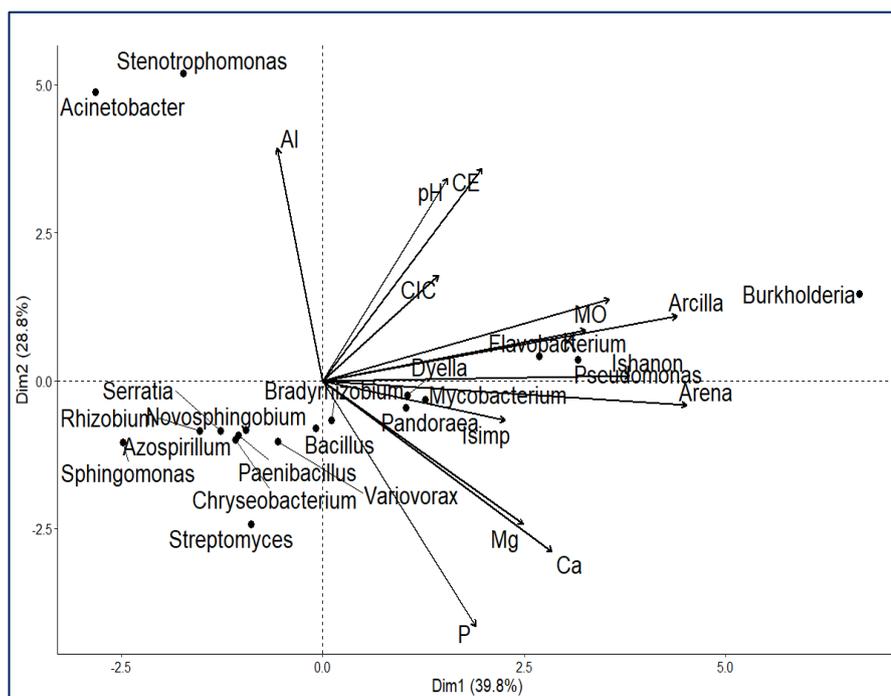


Figura 46. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de sideróforos zona media (M)

1. En el caso de las bacterias productoras de sideróforos, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 39.8% y 28.8% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 68.6%.
Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.
2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Pseudomonas*, *Pandoraea*, *Mycobacterium*, *Dyella* y *Bradyrhizobium* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística, el género *Flavobacterium* se correlacionó positivamente con K y Arcilla.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias productoras de sideróforos de los géneros *Pseudomonas*, *Pandoraea*, *Mycobacterium*, *Dyella* y *Bradyrhizobium* y el desarrollo de bacterias del género *Flavobacterium* está determinado por el K y la Arcilla.

3.3.3.7.9.6.3. Géneros Productores de Sideróforos Zona Baja

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 47.

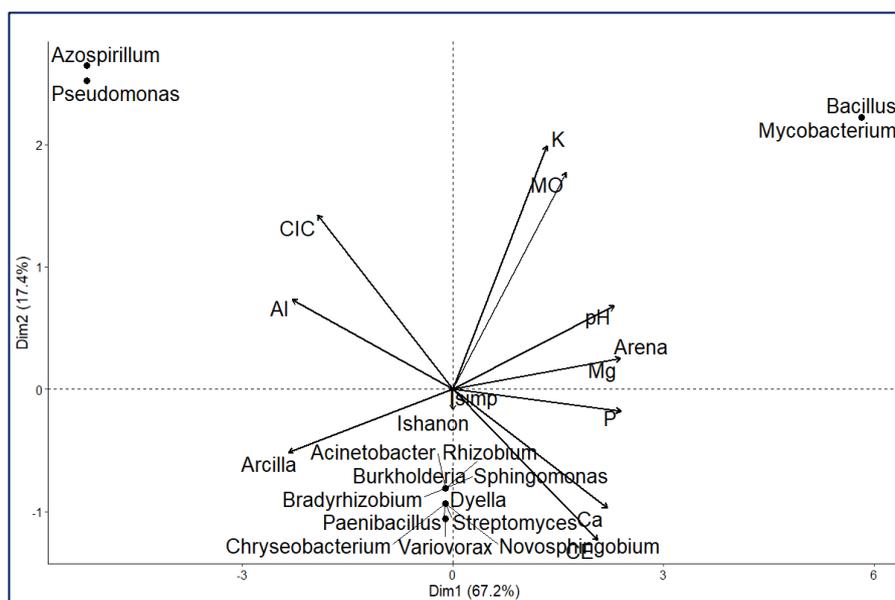


Figura 47. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de sideróforos zona baja (B)

1. En el caso de las bacterias productoras de sideróforos, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 67.2% y 17.4% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 84.6%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, no se encuentran relacionadas a ningún factor antes mencionado.

3.3.3.7.9.7. Géneros Productores de ACC-Desaminasa

3.3.3.7.9.7.1. Géneros Productores de ACC-Desaminasa Zona Alta

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 48.

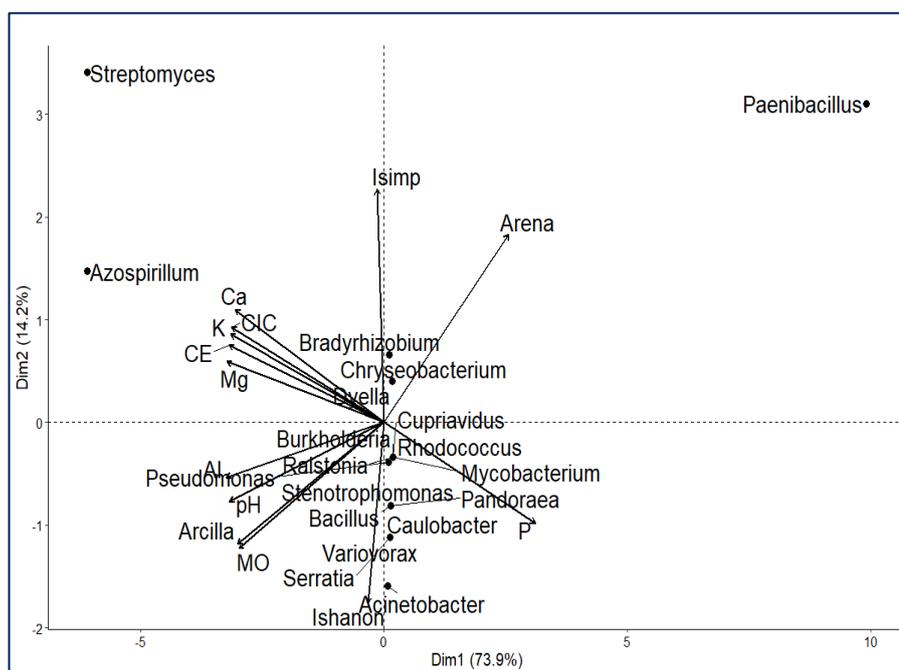


Figura 48. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de ACC-Desaminasa zona alta (A)

1. En el caso de las bacterias productores de ACC-desaminasa, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y

PC2, donde la variación fue de 73.9% y 14.2% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 88.1%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, los géneros *Bradyrhizobium*, *Chryseobacterium*, *Dyella*, *Burkholderia*, *Ralstonia*, *Stenotrophomonas*, *Variovorax* y *Acinetobacter* se correlacionaron positivamente con la diversidad florística.
3. En general, la diversidad florística parece ser indicador para la presencia de bacterias productoras de acc-desaminasa de los géneros *Bradyrhizobium*, *Chryseobacterium*, *Dyella*, *Burkholderia*, *Ralstonia*, *Stenotrophomonas*, *Variovorax* y *Acinetobacter*.

3.3.3.7.9.7.2. Géneros Productores de ACC-Desaminasa Zona Media

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 49.

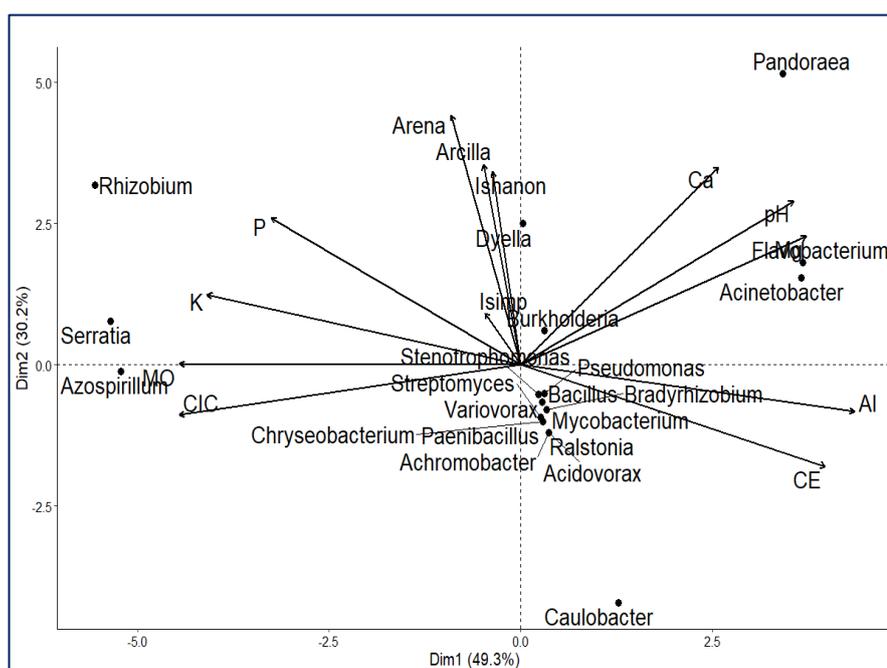


Figura 49. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de ACC-Desaminasa zona media (M)

1. En el caso de las bacterias productores de ACC-desaminasa, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 49.3% y 39.2% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 88.5%.

Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.

2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, el género *Flavobacterium* se correlacionó positivamente con la presencia de Mg y *Burkholderia* se correlacionó positivamente con la presencia de Ca.

3. En general, niveles de Mg y Ca parecen ser indicadores para la presencia de bacterias productores de ACC-desaminasa de los géneros *Flavobacterium* y *Burkholderia*.

3.3.3.7.9.7.3. Géneros Productores de ACC-Desaminasa Zona Baja

Con el fin de explorar la relación entre características físicas y químicas del suelo, diversidad florística y funciones o actividades biológicas de las bacterias, se construyeron análisis de componentes principales y se presentan en la figura 50.

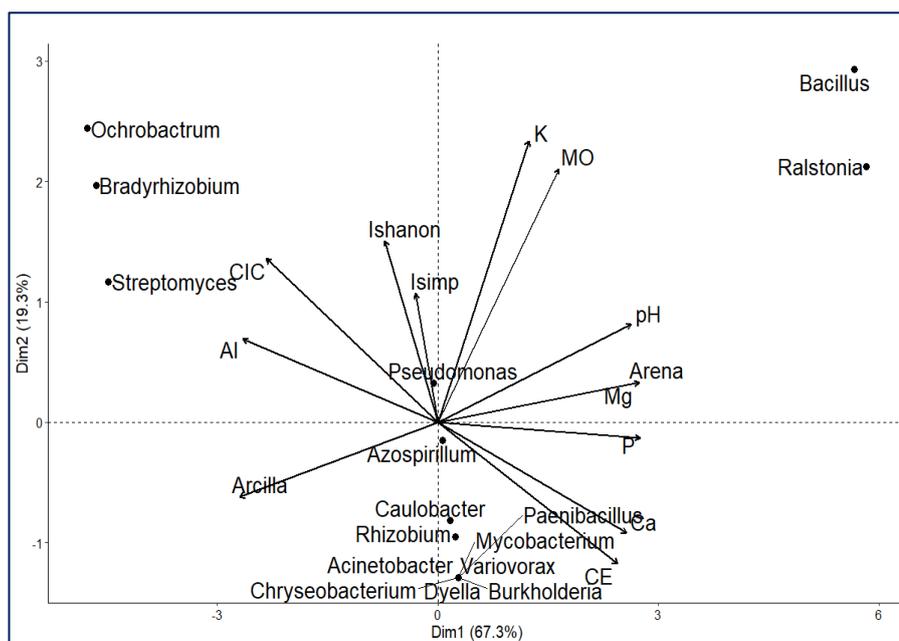


Figura 50. Gráfica PCA de características físicas y químicas del suelo, composición florística y productores de ACC-Desaminasa zona baja (B)

1. En el caso de las bacterias productoras de acc-desaminasa, un modelo relativamente bueno se ha obtenido a través de PC1 y PC2, donde la variación fue de 67.3% y 19.3% respectivamente y la varianza acumulada del modelo fue del 86.6%.
Nuestro principal interés es observar las correlaciones entre Diversidad bacteriana y el resto de variables evaluadas.
2. En el caso de funciones o actividades biológicas de las bacterias, el género *Pseudomonas* se correlacionó positivamente con la diversidad florística.
3. En general, la diversidad florística parece ser un buen indicador para la presencia de bacterias productoras de ACC-desaminasa del género *Pseudomonas*.

CONCLUSIONES

- Para la determinación de los géneros bacterianos se hizo uso de la secuenciación dirigida del 16S rRNA a través de Illumina Miseq, obteniendo un total de 189, 722 secuencias. El análisis con el software Ribosomal Data Base 11 (RDP 11) posibilitó la identificación de 218 géneros de bacterias pertenecientes a 30 filotipos diferentes, siendo el más dominante el filotipo Acidobacteria

Las categorías taxonómicas identificadas estaban alojadas en las zonas Alta, Media y Baja respectivamente de la siguiente manera: 26, 24, 25, phylas, 47, 47, 43 clases; 97, 106, 95 familias y 171, 192, 175 géneros.

Las características de la diversidad bacteriana son similares en el total de géneros por muestras; el suelo llega a poblar bacterias que todavía no fueron descritas ni las funciones que realizan y la comparación de librerías de niveles altitudinales muestra estadísticamente que no presentan diferencias significativas.

- De acuerdo a los valores obtenidos en los estimadores de la biodiversidad del bosque húmedo tropical en el bosque biodiversidad de la UNSM, la diversidad se considera como media – baja y con existencia de dominancia de especies en el que se puede apreciar la presencia de especies de las familias más diversas que por lo general se encuentra en este tipo de bosque como son: Rubiaceae, Arecaceae, Meliaceae y Euphorbiaceae (Poma, 2013, citado por (Maldonado, 2016)) y (Fernández, 2007) citado por (Moreira, 2021) quienes refieren sobre los bosques húmedos tropicales que su principal característica es una gran diversidad de especies y un alto grado de complejidad en las transformaciones ecosistémicas que allí se realizan.
- De los géneros bacterianos identificados; considerando los altos contenidos de ácidos húmicos que los caracteriza, a partir del cual se realizaron el análisis de las comunidades biológicas de aquellos organismos que cumplen diversas funciones específicas en el suelo (Lear et al., 2018); se identificó que buena parte de los mismos se encuentran participando en las principales actividades biológicas como: fijación de Nitrógeno, solubilizadores de Fósforo, solubilizadores de Potasio, implicados en biocontrol, producción de fitohormonas, productores de Sideróforos, productores de

ACC-desaminasa entre otros; por lo que consideramos al bosque la biodiversidad de la UNSM como un importante banco de microorganismos del suelo de bosque húmedo tropical que debe garantizarse su preservación.

- La evaluación de la Diversidad bacteriana por Índice utilizado determinó respuestas estadísticamente iguales entre si con promedios de 6. 450.67 hasta 6 595.67 para el índice Taxa_S, de 6.67 hasta 6.72 para el Índice Shannon_H, de 0.761 hasta 0.764 para el Índice Equitability_J, y de 13 000.00 hasta 13 366.67 para el Índice Chao_1 en las tres zonas respectivamente.

En el análisis para Diversidad Bacteriana los promedios obtenidos con el Índice Taxa_S fueron superiores en la zona baja, media y alta con 6 513.00, 6 450.67 y 6 595.67 de diversidad bacteriana respectivamente y estadísticamente superiores a los promedios obtenidos por los índices Shannon_H y Equitability_J.

- El comportamiento físico químico de los elementos del suelo del bosque biodiversidad de la UNSM se puede expresar de la siguiente manera:

Los suelos observados son extremadamente ácidos, a ese valor de pH se asume que la concentración de arcilla del tipo 2:1, si se presenta es una mínima concentración, aunque lo normal es su ausencia, ello condiciona que el abastecimiento de aluminio se encuentra limitado, por ello y por la meteorización el principal catión que está determinando la acidez cambiante sería el hidrógeno.

Con respecto a la materia orgánica, se puede indicar que entre esta y el coloide inorgánico debe existir una estrecha relación, no se podría dar un valor estable a las diferentes concentraciones de arcilla, en el caso de estos suelos, presentan acumulación, debido a diferentes factores que limitan la actividad de bacterias aeróbicas.

- De los análisis estadísticos para resultados de la caracterización del suelo del bosque de la biodiversidad de la UNSM tenemos que:

Los promedios de pH (extremadamente ácidos) y % de M.O. (alto) resultaron estadísticamente iguales entre sí, con pH de 3.45, 3.69 y 3.73 y 3.89%, 2.91% y 3.87% de M.O. en las zonas alta, media y baja respectivamente.

Las texturas predominantes en las zonas alta, media y baja fueron Franco arenoso

(Fr.A.), Arena Franca (A.Fr.) y Arena Franca (A.Fr.) respectivamente, con porcentajes estadísticamente iguales entre sí para los contenidos de Arena, Limo y Arcilla. El Mayor promedio de Arcilla en la zona alta determinó el mayor promedio de 8.48 de C.I.C. superior estadísticamente a las zonas baja y media) con 5.76 y 5.23 de CIC respectivamente. Sin embargo, los valores de C.I.C. son bajos debido a los altos porcentajes de Arena existente en cada zona (desde 69 hasta 89%).

Los promedios obtenidos para la saturación de bases resultaron bajos y estadísticamente iguales entre sí, con 15%, 18% y 20% de saturación de bases para las zonas alta, baja y media respectivamente.

RECOMENDACIONES

- La importante diversidad bacteriana encontrada sugiere estudios específicos en población bacteriana no identificada; así como, programas de aislamiento y producción de bacterias especializadas a partir de las cepas existentes e identificadas en el presente estudio y otros.
- Desarrollar estrategias que garanticen el cumplimiento de la condición de zona de bosque de protección al Centro Académico de Investigación y Ecoturismo Biodiversidad de la Universidad Nacional de San Martín y considerar su registro en el Banco Nacional de Microorganismos (BNM) como una importante colección y fuente viva para la preservación y suministro de cepas para diversos fines, como investigación, docencia, aplicaciones biotecnológicas, etc.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adedeji, A. A., Häggblom, M. M., & Babalola, O. O. (2020). Sustainable agriculture in Africa: Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) to the rescue. *Scientific African*, 9, e00492. <https://doi.org/10.1016/j.sciaf.2020.e00492>
- Agencia Ejecutiva Europea de Clima Infraestructura y Medio Ambiente. (2016). Microorganismos del suelo y biofertilización. In *Microorganismos del suelo y biofertilización*. https://cinea.ec.europa.eu/index_es
- Alawiye, T. T., & Babalola, O. O. (2021). Metagenomic insight into the community structure and functional genes in the sunflower rhizosphere microbiome. *Agriculture (Switzerland)*, 11(2), 1–21. <https://doi.org/10.3390/agriculture11020167>
- Álvarez, M., Blandón, L., Ceballos, V., Mejía, M., & Buriticá, H. (2017). Aislamiento de Microorganismos en diferentes ambientes (Suelo, Agua y Aire). *Mente Joven*, 6, 1–11. https://doi.org/https://doi.org/10.18041/2323-0312/mente_joven.0.2017.3666
- Ariza, S., González, O., & López, J. (2020). Evaluación de fijadores biológicos de nitrógeno libres sobre el crecimiento de gramíneas en suelo degradado. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 22(1), 87–97. <https://doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v22n1.78019>
- Arone, G. (2012). *Biodiversidad microbiana en chacras maiceras de Allpas (Acobamba, Huancavelica, Perú) cultivadas bajo el sistema tradicional andino*. <https://hera.ugr.es/tesisugr/21606122.pdf>
- Aupic-Samain, A., Santonja, M., Chomel, M., Pereira, S., Quer, E., Lecareux, C., Limousin, J. M., Ourcival, J. M., Simioni, G., Gauquelin, T., Fernandez, C., & Baldy, V. (2021). Soil biota response to experimental rainfall reduction depends on the dominant tree species in mature northern Mediterranean forests. *Soil Biology and Biochemistry*, 154, 108122. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108122>
- Aztrosa, G. (2018). Respuesta de plantas de tomate inoculadas con bacterias productoras de acc-deaminasa al estrés por salinidad. In *Computers and Industrial Engineering*. <http://repositorio.udec.cl/jspui/handle/11594/1267>
- Beltrán Pineda, M. E., Rocha Gil, Z. E., Bernal Figueroa, A. A., & Pita Morales, L. A. (2017). Microorganismos funcionales en suelos con y sin revegetalización en el

- municipio de Villa de Leyva, Boyacá. *Colombia Forestal*, 20(2), 158–170. <https://doi.org/10.14483/udistrital.jour.colomb.for.2017.2.a05>
- Bernal, A. (2019). *Estudio de la biodiversidad bacteriana de ecosistemas del departamento del Atlántico como fuente de posibles compuestos antituberculosis y antibacterianos*. <https://manglar.uninorte.edu.co/bitstream/handle/10584/8705/1042434722.pdf.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Bhattarai, A., Bhattarai, B., & Pandey, S. (2015). Variation of Soil Microbial Population in Different Soil Horizons. *Journal of Microbiology & Experimentation*, 2(2), 2–5. <https://doi.org/10.15406/jmen.2015.02.00044>
- Biswas, J. K., Banerjee, A., Rai, M., Naidu, R., Biswas, B., Vithanage, M., Dash, M. C., Sarkar, S. K., & Meers, E. (2018). Potential application of selected metal resistant phosphate solubilizing bacteria isolated from the gut of earthworm (*Metaphire posthuma*) in plant growth promotion. *Geoderma*, 330(June), 117–124. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2018.05.034>
- Boccolini, M. F. (2016). *Impacto de la aplicación prolongada de urea sobre la comunidad de bacterias oxidantes del amoníaco en un suelo argiudol típico de Argentina*. <https://rdu.unc.edu.ar/handle/11086/4828>
- Borsetto, C., Amos, G. C. A., da Rocha, U. N., Mitchell, A. L., Finn, R. D., Laidi, R. F., Vallin, C., Pearce, D. A., Newsham, K. K., & Wellington, E. M. H. (2019). Microbial community drivers of PK/NRP gene diversity in selected global soils. *Microbiome*, 7(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0692-8>
- Botanic Gardens Conservation International. (2021). *GlobalTreeSearch*. Dataset: GlobalTreeSearch 1.5. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.33593.90725>
- Buyer, J. S., Baligar, V. C., He, Z., & Arévalo-Gardini, E. (2017). Soil microbial communities under cacao agroforestry and cover crop systems in Peru. *Applied Soil Ecology*, 120(March), 273–280. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2017.09.009>
- Carrillo, G., Juarez, J., & Tijerina, G. (2011). Aislamiento de microorganismos inocuos productores de sideróforos para sistemas de fitorremediación. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 13(3), 501–509. <https://www.redalyc.org/pdf/939/93920942028.pdf>

- Carver, S. M., Nikulin, N., & Kao-Kniffin, J. (2016). Uncovering Plant Growth-Mediating Allelochemicals Produced by Soil Microorganisms. *Weed Science*, 64(1), 119–128. <https://doi.org/10.1614/ws-d-15-00095.1>
- Centeno, E. (2018). *Efecto de los antibióticos y glutamina en la microbioma intestinal y eficiencia alimenticia en lechones estresados por el destete y transporte hacia la granja porcina*. <https://bdigital.zamorano.edu/bitstream/11036/6339/1/CPA-2018-T022.pdf>
- Chen, W., Xu, R., Wu, Y., Chen, J., Zhang, Y., Hu, T., Yuan, X., Zhou, L., Tan, T., & Fan, J. (2018). Plant diversity is coupled with beta not alpha diversity of soil fungal communities following N enrichment in a semi-arid grassland. *Soil Biology and Biochemistry*, 116, 388–398. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2017.10.039>
- Cole, J. R., Wang, Q., Fish, J. A., Chai, B., McGarrell, D. M., Sun, Y., Brown, C. T., Porrás-Alfaro, A., Kuske, C. R., & Tiedje, J. M. (2014). Ribosomal Database Project: Data and tools for high throughput rRNA analysis. *Nucleic Acids Research*, 42(D1), 633–642. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt1244>
- Ley que modifica diversos artículos de la Ley 28303, ley marco de ciencia, tecnología e innovación tecnológica; y de la Ley 28613, Ley del Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC), *El Peruano* 4 (2018). <https://portal.concytec.gob.pe/index.php/ley-marco-de-cte-it-ley-concytec>
- Contreras, R., Gómez, B., & Veloz, R. (2017). Efecto de las bacterias de suelo de bosque benéficas para plantas. *Jóvenes En La Ciencia*, 2(1), 943–947. <http://www.jovenesenlaciencia.ugto.mx/index.php/jovenesenlaciencia/article/view/2191/1685>
- Corrales, L., Antolinez, D., Bohórquez, J., & Corredero, A. (2015). Anaerobic bacteria: processes they perform and their contribution to life sustainability on the planet. *Nova*, 13(23), 55–81. <http://www.scielo.org.co/pdf/nova/v13n24/v13n24a06.pdf>
- Cortéz, N., Ordoñez, P., & Domínguez, J. (2020). Herramientas moleculares utilizadas para el análisis metagenómico. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(4), 1150–1173. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5202>

- Cruz, M., Zamudio, M., Corona, A., González, J., & Rojas, R. (2015). Importancia y estudios de las comunidades microbianas en los recursos y productos pesqueros. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 2(4), 99–115. <https://doi.org/10.19136/era.a2n4.720>
- Damian, A., & Janovec, J. (2018). *El Genero Vanilla en el Peru* (M. Ruiza, Ed.; 1st ed.). Universidad Científica del Sur.
- de la Parra, I. (2018). *Análisis de la deposición atmosférica en ambientes naturales y antropizados del noreste de España mediante caracterización geoquímico-magnética y evaluación de efectos en ecosistemas microbianos del suelo*. <https://zaguan.unizar.es/record/64724?ln=es>
- de Oliveira-Pessoa Paes, L. S., Lima, M. R. de, Kaschuk, G., & Machado-Vezzani, F. (2018). Desarrollo de las raíces como indicador de la sustentabilidad del suelo de los sistemas de cultivo en el Bioma de la Mata Atlántica. *Cultivos Tropicales*, 39(2), 7–14. <https://doi.org/10.1234/ct.v39i2.1439>
- Delgado-Baquerizo, M., Oliverio, A. M., Brewer, T. E., Benavent-gonzález, A., Eldridge, D. J., Bardgett, R. D., Maestre, F. T., Singh, B. K., & Fierer, N. (2018). Bacteria Found in Soil. *Science*, 325(February), 320–325.
- Díaz, J. (2020). *Factores que determinan el origen de la contaminación de suelos por arsénico en la comunidad de Llacuabamba , Pataz , mediante procedimientos secuenciales y alternos*. <http://cybertesis.unmsm.edu.pe/handle/20.500.12672/11602>
- Dinakaran, J., Vikram, K., Hanief, M., Bidalia, A., Tambat, S., & Rao, K. S. (2019). Changes in vegetation cover and soil intrinsic properties influence the soil bacterial community composition and diversity across different climatic regions of India. *Vegetos*, 32(3), 288–302. <https://doi.org/10.1007/s42535-019-00027-2>
- Donaire, K., Pérez, A., Romero, D., Cárdenas, Ó., & Álvarez, M. (2017). Establecimiento y evaluación de dos métodos de pre tratamiento de muestras de suelo para la extracción de ADN para el estudio de la diversidad bacteriana. *Revista Con-Ciencia*, 5(1), 11–25. http://www.scielo.org.bo/pdf/rcfb/v5n1/v5n1_a02.pdf
- Eaton, W. D., McGee, K. M., Larimer, M., Hoke, E., Karas, O., Hernandez, B., & Wayland, N. A. (2021). Changes in soil bacterial communities, and carbon and nitrogen metrics

as potential indicators of land use effects in a humid tropical forest. *Pedobiologia*, 85–86, 150730. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2021.150730>

Echeverry, S., & Méndez, C. (2017). Estudio exploratorio de la microbiota edáfica en el Centro de Investigación y Educación Ambiental La Tribuna , Neiva-Huila Exploratory study of the edaphic microbiota at the La Tribuna Environmental Education and Research Center , Neiva-Huila. *Ingeniería y Región*, 18, 53–64. <https://doi.org/10.25054/22161325.1833>

Enríquez, O., Aguilar, R., Valencia, E., & Velázquez, C. (2017). Perfil fisicoquímico y microbiológico de tres distintos suelos forestales y su efecto en el crecimiento de *Pinus devoniana* Lindl. Physicochemical and microbiological profile of three different forest soils and effect on *Pinus devoniana* Lindl. growth. *Polibotánica*, 0(44), 109–118. <https://doi.org/10.18387/polibotanica.44.8>

European Comission. (2016). *Global Soil Biodiversity Atlas* (A. Orgiazzi, R. Bardgett, E. Barrios, V. Behan-Pelletie, M. Briones, J. Chotte, G. de Deyn, P. Eggleton, N. Fierer, P. Fraser, K. Hedlund, S. Jeffery, N. Johnson, A. Jones, E. Kandeler, N. Kaneko, P. Lavelle, P. Lemanceau, L. Miko, ... D. Wall, Eds.; 1st ed.). Publications Office of the European Union. <https://doi.org/10.2788/799182>

FAO, & PNUMA. (2020). El estado de los bosques del mundo 2020. In *El estado de los bosques del mundo 2020* (1st ed.). <https://doi.org/10.4060/ca8642es>

Garbanzo, G., & Vargas, M. (2017). Actividad microbial en sustratos y análisis de crecimiento en almácigos de tomate en Guanacaste, Costa Rica. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 11(1), 159–169. <https://doi.org/10.17584/rcch.2017v11i1.6345>

Gautam, M., Manhas, R., & Tripathi, A. (2016). Overstory structure and soil nutrients effect on plant diversity in unmanaged moist tropical forest. *Acta Oecologica*, 75, 43–53. <https://doi.org/10.1016/j.actao.2016.06.010>

Gómez, S. (2015). *Análisis de comunidades microbianas en suelos agrícolas*. <https://repositorio.cinvestav.mx/handle/cinvestav/1354>

González, C. (2015). Guía educativa sobre la salud del suelo. *Año Internacional de Los Suelos*, 56.

- Gurmessa, B., Ashworth, A. J., Yang, Y., Adhikari, K., Savin, M., Owens, P., Sauer, T., Pedretti, E. F., Cocco, S., & Corti, G. (2021). Soil bacterial diversity based on management and topography in a silvopastoral system. *Applied Soil Ecology*, *163*, 103918. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.103918>
- Guttières, R., Nunan, N., Raynaud, X., Lacroix, G., Barot, S., Barré, P., Girardin, C., Guenet, B., Lata, J. C., & Abbadie, L. (2021). Temperature and soil management effects on carbon fluxes and priming effect intensity. *Soil Biology and Biochemistry*, *153*, 108103. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108103>
- Haines, A. M., Tobe, S. S., & Linacre, A. (2016). Optimization of diamond nucleic acid dye for quantitative PCR. *BioTechniques*, *61*(4), 183–189. <https://doi.org/10.2144/000114458>
- Hartmann, M., Frey, B., Mayer, J., Mäder, P., & Widmer, F. (2015). Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *ISME Journal*, *9*(5), 1177–1194. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.210>
- Hernández, R., & Mendoza, C. (2018). *Metodología de la investigación: Las rutas cuantitativa, cualitativa y mixta* (S. A. de C. v. McGraw-Hill Interamericana Editores, Ed.; 1st ed.). Mc Graw Hill Education.
- Hii, Y. S., Yen San, C., Lau, S. W., & Danquah, M. K. (2020). Isolation and characterisation of phosphate solubilizing microorganisms from peat. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, *26*, 6. <https://doi.org/10.1016/j.bcab.2020.101643>
- Illumina Inc. (2018). *Illumina® MiSeq System Guide* (Issue July).
- Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt. (2016). *Biodiversidad 2016. Estado y tendencias de la biodiversidad continental de Colombia* (L. Moreno, G. Andrade, & L. Ruiz, Eds.; 1st ed.).
- Jansson, J., & Hofmockel, K. (2018). The soil microbiome — from metagenomics to metaphenomics. *Current Opinion in Microbiology*, *43*, 162–168. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2018.01.013>
- Kembel, S. W., O'Connor, T. K., Arnold, H. K., Hubbell, S. P., Wright, S. J., & Green, J. L. (2015). Relationships between phyllosphere bacterial communities and plant functional traits in a neotropical forest. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the*

United States of America, 111(38), 13715–13720.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1216057111>

- Liu, H., Brettell, L. E., & Singh, B. (2020). Linking the Phyllosphere Microbiome to Plant Health. In *Trends in Plant Science* (Vol. 25, Issue 9, pp. 841–844). Elsevier Ltd.
<https://doi.org/10.1016/j.tplants.2020.06.003>
- Loli, O. (2019). *Interpretación de Resultados -ANálisis de Muestras de Suelo: HR 69787-100C-19*. <http://www.lamolina.edu.pe/facultad/agricola/>
- López-Angulo, J., de la Cruz, M., Chacón-Labela, J., Illuminati, A., Matesanz, S., Pescador, D. S., Pías, B., Sánchez, A. M., & Escudero, A. (2020). The role of root community attributes in predicting soil fungal and bacterial community patterns. *New Phytologist*, 228(3), 1070–1082. <https://doi.org/10.1111/nph.16754>
- Maestre, F. (2016). Respuesta de los microorganismos de los suelos áridos ante el cambio climático. *Temas Investigación y Ciencia*, 85.
<https://www.investigacionyciencia.es/revistas/temas/microbiomas-681>
- Maldonado, L. K. (2016). *Estructura Y Composición Florística, Posterior Al Aprovechamiento De Un Bosque Húmedo Tropical En El Nororiente De La Amazonía Ecuatoriana*. <http://repositorio.utn.edu.ec/handle/123456789/5331>
- Mancilla, J. (2019). *Análisis del metagenoma bacteriano de la rizosfera de quinua (chenopodium quinoa willd) en suelos de alta fertilidad y degradado en huando, Huancavelica*. [http://repositorio.unh.edu.pe/bitstream/handle/UNH/2696/TESIS-2019-AGRONOMIA--MANCILLA CONDOR.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://repositorio.unh.edu.pe/bitstream/handle/UNH/2696/TESIS-2019-AGRONOMIA--MANCILLA%20CONDOR.pdf?sequence=1&isAllowed=y)
- Martínez, F., García, I., & García, J. (2019). Competencias para mejorar la argumentación y la toma de decisiones sobre conservación de la biodiversidad. *Enseñanza de Las Ciencias: Revista de Investigación y Experiencias Didácticas*, 1(37), 55–70.
<https://core.ac.uk/reader/189883560>
- Martini, M. (2016). *Caracterización del plasmidoma presente en la comunidad bacteriana de un biofiltro construido en base turba-suelo para la decontaminación de pesticidas*.
<https://doi.org/10.35537/10915/52437>

- Meena, V. S., Maurya, B. R., Verma, J. P., & Meena, R. S. (2016). Potassium solubilizing microorganisms for sustainable agriculture. *Potassium Solubilizing Microorganisms for Sustainable Agriculture*, 1–331. <https://doi.org/10.1007/978-81-322-2776-2>
- Melo, V. F., Barros, L. S., Silva, M. C. S., Veloso, T. G. R., Senwo, Z. N., Matos, K. S., & Nunes, T. K. O. (2021). Soil bacterial diversities and response to deforestation, land use and burning in North Amazon, Brazil. *Applied Soil Ecology*, 158, 103775. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103775>
- Mendoza, R., & Espinoza, A. (2017). Guía técnica para muestreo de suelos. In R. Mendoza & M. Espinoza (Eds.), *Universidad Nacional Agraria* (1st ed.). Universidad Nacional Agraria y Catholic Relief Services. <https://repositorio.una.edu.ni/3613/1/P33M539.pdf>
- Estrategia nacional sobre bosques y cambio climático, Pub. L. No. https://www.minam.gob.pe/wp-content/uploads/2016/07/DS_007-2016-MINAM.pdf, 178 (2016). <http://www.bosques.gob.pe/archivo/enbcc-ds-007-2016-minam.pdf>
- Montiel, M. (2016). *Efectos de la Rizosfera y de las Enmiendas Orgánicas en la Fitorecuperación de Suelos Contaminados con Elementos Traza*. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=65623>
- Monzó, C., Juanes, J., Marín-García, P., Chaves, F., Arnau, V., & García-García, A. (2017). Secuenciación Masiva: Del ADN a los datos. In M. Perez & A. Tolosa (Eds.), *Genómica en Medicina: Una Guía Práctica* (1st ed., pp. 14–25). Medigene Press SL.
- Mora, R. (2016). La actividad microbiana: Un indicador integral de la calidad del suelo. *Lunazul*, 5(1), 1–6. http://lunazul.ucaldas.edu.co/downloads/Lunazul5_6_9.pdf
- Morales, M., Iocoli, A., Villamil, M., & Zabaloy, C. (2021). Efecto de los cultivos de cobertura invernales sobre el microbioma del suelo. *Revista Argentina de Microbiología*, 53(1), 14. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2021.02.008>
- Moreira, M. (2021). *Evaluación de la Composición y estructura del bosque seco tropical del sector Membrillal del valle Sancán*.
- Munir, I., Bano, A., & Faisal, M. (2019). Impact of phosphate solubilizing bacteria on wheat (*Triticum aestivum*) in the presence of pesticides. *Brazilian Journal of Biology*, 79(1), 29–37. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.172213>

- Mus, F., Crook, M. B., Garcia, K., Costas, A. G., Geddes, B. A., Kouri, E. D., Paramasivan, P., Ryu, M. H., Oldroyd, G. E. D., Poole, P. S., Udvardi, M. K., Voigt, C. A., Ané, J. M., & Peters, J. W. (2016). Symbiotic nitrogen fixation and the challenges to its extension to nonlegumes. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(13), 3698–3710. <https://doi.org/10.1128/AEM.01055-16>
- Nacoon, S., Jogloy, S., Riddech, N., Mongkolthanaruk, W., Kuyper, T. W., & Boonlue, S. (2020). Interaction between Phosphate Solubilizing Bacteria and Arbuscular Mycorrhizal Fungi on Growth Promotion and Tuber Inulin Content of *Helianthus tuberosus* L. *Scientific Reports*, 10(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61846-x>
- Ngara, T. R., & Zhang, H. (2018). Recent Advances in Function-based Metagenomic Screening. In *Genomics, Proteomics and Bioinformatics* (Vol. 16, Issue 6, pp. 405–415). Beijing Genomics Institute. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2018.01.002>
- Ochoa-Hueso, R., Delgado-Baquerizo, M., Gallardo, A., Bowker, M. A., & Maestre, F. T. (2016). Climatic conditions, soil fertility and atmospheric nitrogen deposition largely determine the structure and functioning of microbial communities in biocrust-dominated Mediterranean drylands. *Plant and Soil*, 399(1–2), 271–282. <https://doi.org/10.1007/s11104-015-2695-y>
- Ospino, K., Castilla, M., & Sánchez, R. (2018). Resistencia microbiana desde una perspectiva metagenómica. *Nova*, 16(29), 91–100. <https://doi.org/10.22490/24629448.2692>
- Palacio, E. (2020). *Biomasa microbiana y respiración basal en turba de humedales de alta montaña en la Cuenca Alta del Río Claro en el Macizo Volcánico Ruiz-Tolima*. <https://repository.eia.edu.co/handle/11190/2664>
- Palacios, C., & Prado, V. (2018). *Biodegradación de polietileno tereftalato por acción de consorcios bacterianos procedentes de diferentes tipos de humus*.
- Paucar, P., & Velastegui, J. (2019). *Cuantificación De La Respiración Edáfica Como Medida De La Actividad Microbiana En Suelos De La Microcuenca Del Rio Chimborazo*. <http://dspace.esPOCH.edu.ec/bitstream/123456789/11137/1/236T0439.pdf>

- Pérez, M., Tolosa, A., Pedrola, L., Calabria, I., Monzó, C., Juanes, J., & Marín, P. (2017). *Genómica En Medicina* (M. Pérez & A. Tolosa, Eds.; 1st ed.). Medigene Press SL.
- Proyecto Especial Huallaga Central y Bajo Mayo. (2018). *Plan Maestro 2018-2023 del ACR "Cordillera Escalera"* (1st ed.). Gobierno Regional de San Martín. <http://sis.sernanp.gob.pe/biblioteca/descargarPublicacionAdjunto.action?strIdInterno=68000482882763520086998073190654169633>
- Qiagen N.V. (2016). *Quick-Start Protocol DNeasy® PowerLyzer® Powersoil® Kit* (1st ed., Issue August). Qiagen N.V. <https://www.qiagen.com/us/resources/download.aspx?id=e8cdd7ec-e606-4b09-ab78-67a7a72fa558&l>
- Qiagen N.V. (2020). *DNeasy® PowerLyzer® PowerSoil® Kit Handbook* (1st ed.). Qiagen N.V. <https://www.qiagen.com/at/resources/resourcedetail?id=5a0517a7-711d-4085-8a28-2bb25fab828a>
- Raffaelli, S., & Hartmann, S. (2018). *Búsqueda de nuevos antimicrobianos a partir de microorganismos del suelo*. https://bdigital.uncu.edu.ar/objetos_digitales/12806/20-productos-naturales-bioactivoaffaelli-sofa-udelar.pdf
- Ramírez, D. (2016). *Estructura de la comunidad bacteriana en suelos agrícolas con prácticas contrastantes*. <https://repositorio.cinvestav.mx/handle/cinvestav/1402>
- Ramírez, J. (2015). *Caracterización de bacterias con actividad de ACC desaminasa, como promotoras del crecimiento en Lactuca sativa L. (Lechuga) bajo estrés salino*. <http://repositorio.cucba.udg.mx:8080/xmlui/handle/123456789/5990>
- Reyes, L., Carcaño, M., Tapia, A., Jiménez, T., & Mauricio, A. (2016). Importancia de la diversidad microbiana en el suelo. *Saberes y Ciencias*, 36, 12. <https://saberesyciencias.com.mx/>
- Rocha, G., Santoyo, Y., Bustillos, R., Muñoz, J., Perez y Terron, R., Muñoz, A., Contreras, J. L., Villegas, M. C., & Munive, J. A. (2015). Los microorganismos del suelo y su importancia biotecnológica. *Rd-Icuap*, January. <https://icuap.buap.mx/sites/default/files/revista/2015/01/microorganismos.pdf>
- Sanderson, B. A., Araki, N., Lilley, J. L., Guerrero, G., & Lewis, L. K. (2015). Modification of gel architecture and TBE/TAE buffer composition to minimize heating during

- agarose gel electrophoresis. *Analytical Biochemistry*, 454(1), 44–52. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2014.03.003>
- Sarti, G., & Effrona, D. (2019). Evaluation of biological and biochemical parameters in a soil under different forest species of the Argentinian Patagonia. *Revista Cubana de Ciencias Forestales*, 7(2), 171–183.
- Saxena, A. K., Kumar, M., Chakdar, H., Anuroopa, N., & Bagyaraj, D. J. (2020). Bacillus species in soil as a natural resource for plant health and nutrition. *Journal of Applied Microbiology*, 128(6), 1583–1594. <https://doi.org/10.1111/jam.14506>
- Schulze-Lefert, P. (2020). *Leibniz Institute DSMZ German Collection of Microorganisms and Cell Cultures GmbH*. Phenylobacterium Sp. <https://www.dsmz.de/collection/catalogue/details/culture/DSM-102495>
- Silberman, J. (2016). *Diversidad microbiana y materia orgánica del suelo en sistemas silvopastoriles de la Región chaquense*. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/55679>
- Suleman, M., Yasmin, S., Rasul, M., Yahya, M., Atta, B. M., & Mirza, M. S. (2018). Phosphate solubilizing bacteria with glucose dehydrogenase gene for phosphorus uptake and beneficial effects on wheat. *PLoS ONE*, 13(9), 1–28. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204408>
- Sun, F., Song, C., Wang, M., Lai, D. Y. F., Tariq, A., Zeng, F., Zhong, Q., Wang, F., Li, Z., & Peng, C. (2020a). Long-term increase in rainfall decreases soil organic phosphorus decomposition in tropical forests. *Soil Biology and Biochemistry*, 151, 108056. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108056>
- Sun, F., Song, C., Wang, M., Lai, D. Y. F., Tariq, A., Zeng, F., Zhong, Q., Wang, F., Li, Z., & Peng, C. (2020b). Long-term increase in rainfall decreases soil organic phosphorus decomposition in tropical forests. *Soil Biology and Biochemistry*, 151, 108056. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108056>
- Tanya, M., & Leiva, M. (2019). Microorganismos eficientes, propiedades funcionales y aplicaciones agrícolas. *Centro Agrícola*, 46(2), 93–103.
- Teng, Z., Shao, W., Zhang, K., Huo, Y., & Li, M. (2019). Characterization of phosphate solubilizing bacteria isolated from heavy metal contaminated soils and their potential

- for lead immobilization. *Journal of Environmental Management*, 231(October 2018), 189–197. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2018.10.012>
- Universidad Nacional de la Plata. (2018). *Estimación de la diversidad específica*. <https://www.fcnym.unlp.edu.ar/catedras/ecocomunidades/TPN3Diversidad.pdf>
- U.S. Geological Survey, & Smithsonian Institution. (2021). *Integrated Taxonomic Information System*. Integrated Taxonomic Information System. <https://doi.org/https://doi.org/10.5066/F7KH0KBK>
- Valenzuela, F., Casillas, R., Villalpando, E., & Vargas, F. (2015). The 16S rRNA gene in the study of marine microbial communities. *Ciencias Marinas*, 41(4), 297–313. <https://doi.org/10.7773/cm.v41i4.2492>
- Vercenillo, M. (2019). *Evaluación de comunidades microbianas en suelos semiáridos del Sur-Oeste Bonaerense, bajo distintos sistemas de manejo agrícola*. <http://repositoriodigital.uns.edu.ar/handle/123456789/4677>
- Villarreal, H., Álvarez, M., Córdoba, S., Escobar, F., Fagua, G., Gast, F., Mendoza, H., Ospina, M., & Umaña, A. M. (2016). Métodos para el análisis de datos: una aplicación para resultados provenientes de caracterizaciones de biodiversidad. In C. Villa (Ed.), *Manual de métodos para el desarrollo de inventarios de biodiversidad* (1st ed., p. 236). Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt. <http://repository.humboldt.org.co/bitstream/handle/20.500.11761/31419/63.pdf>
- Vivanco, R., Molina, D., Morales, Y., Quintero, V., Munive, A., Baez, A., & Muñoz, J. (2016). Reto agrobiotecnológico: inoculantes bacterianos de segunda generación. *Alianzas y Tendencias BUAP*, 10(1), 1. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5069043>
- Wang, Q., Garrity, G. M., Tiedje, J. M., & Cole, J. R. (2007). Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(16), 5261–5267. <https://doi.org/10.1128/AEM.00062-07>
- Yang, B., Qi, K., Bhusal, D. R., Huang, J., Chen, W., Wu, Q., Hussain, A., & Pang, X. (2020a). Soil microbial community and enzymatic activity in soil particle-size fractions of spruce plantation and secondary birch forest. *European Journal of Soil Biology*, 99(May), 103196. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2020.103196>

- Yang, B., Qi, K., Bhusal, D. R., Huang, J., Chen, W., Wu, Q., Hussain, A., & Pang, X. (2020b). Soil microbial community and enzymatic activity in soil particle-size fractions of spruce plantation and secondary birch forest. *European Journal of Soil Biology*, *99*, 103196. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2020.103196>
- Zhang, Y., Jiang, W., Li, Q., Xu, W., Wang, J., Hu, J., & Zhang, Z. (2021). Soil nutrient levels determine the variation of bacterial communities in the rhizosphere of rice under different conditions of climate and genotype. *Applied Soil Ecology*, *167*, 104025. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.104025>
- Zhu, Q., Wang, N., Duan, B., Wang, Q., & Wang, Y. (2021). Rhizosphere bacterial and fungal communities succession patterns related to growth of poplar fine roots. *Science of the Total Environment*, *756*, 143839. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143839>

ANEXOS

Anexo 1. Características climáticas de la zona de estudio

Tabla 40

Data Meteorológica 2017 Estación Chazuta (SENAMHI)

PROMEDIO AÑO / MES	TEMPERATURA (°C)		HUMEDAD RELATIVA (%)	PRECIPITACIÓN PROMEDIO (mm)
	MAX	MIN		
2017/01	31.68	21.81	85.50	11.26
2017/02	32.04	22.67	85.28	8.23
2017/03	31.79	22.20	85.86	5.96
2017/04	32.85	22.80	86.48	5.64
2017/05	32.86	22.70	86.15	4.08
2017/06	32.37	21.69	87.59	4.81
2017/07	33.43	19.32	82.69	1.04
2017/08	34.66	21.10	79.90	3.36
2017/09	33.76	22.02	83.21	4.20
2017/10	34.05	22.32	82.97	3.30
2017/11	33.66	23.00	84.45	6.50
2017/12	33.72	21.90	83.35	9.14
2017 P	33.07	21.96	84.45	5.63

Tabla 41

Data Meteorológica 2018 Estación Chazuta (SENAMHI)

PROMEDIO AÑO / MES	TEMPERATURA (°C)		HUMEDAD RELATIVA (%)	PRECIPITACIÓN PROMEDIO (mm)
	MAX	MIN		
2018/ 01	32.75	21.86	84.48	7.90
2018/ 02	32.73	21.72	84.49	7.40
2018/ 03	32.89	21.59	86.95	5.93
2018/ 04	32.24	20.91	87.91	5.81
2018/ 05	32.87	21.26	88.30	3.61
2018/ 06	32.17	19.32	86.45	2.35
2018/ 07	33.19	19.08	83.41	1.24
2018/ 08	33.59	19.94	83.26	3.09
2018/ 09	34.90	21.15	82.26	4.02
2018/ 10	33.32	21.10	85.88	7.58
2018/ 11	33.54	22.69	86.66	5.06
2018/ 12	32.56	22.48	86.53	5.52
2018 P	33.06	21.09	85.55	4.96

Tabla 42

Data Meteorológica 2019 Estación Chazuta (SENAMHI)

PROMEDIO AÑO / MES	TEMPERATURA (°C)		HUMEDAD RELATIVA (%)	PRECIPITACIÓN PROMEDIO (mm)
	MAX	MIN		
2019/ 01	32.35	22.35	87.60	9.41
2019/ 02	33.03	22.48	87.19	9.09
2019/ 03	32.39	22.65	89.08	5.23
2019/ 04	32.64	21.87	88.58	6.86
2019/ 05	32.48	22.54	89.74	4.15
2019/ 06	33.11	21.70	85.86	2.50
2019/ 07	32.82	20.99	84.99	5.94
2019/ 08	34.05	20.15	80.94	1.86
2019/ 09	34.28	21.39	82.85	7.25
2019/ 10	S/D	S/D	S/D	S/D
2019/ 11	33.05	21.89	85.21	5.70
2019/ 12	33.05	21.89	85.21	5.70
2019 P	33.02	21.81	86.11	5.79

Tabla 43

Data Meteorológica 2020 Estación Chazuta (SENAMHI)

PROMEDIO AÑO / MES	TEMPERATURA (°C)		HUMEDAD RELATIVA (%)	PRECIPITACIÓN PROMEDIO (mm)
	MAX	MIN		
2020/ 01	33.19	22.48	84.66	8.06
2020/ 02	33.53	22.85	87.38	6.26
2020/ 03	33.98	22.74	88.57	7.16
2020/ 04	S/D	S/D	S/D	S/D
2020/ 05	S/D	S/D	S/D	S/D
2020/ 06	S/D	S/D	S/D	S/D
2020/ 07	S/D	S/D	S/D	S/D
2020/ 08	34.62	20.94	81.09	5.13
2020/ 09	34.00	21.92	83.96	3.19
2020/ 10	34.21	22.05	83.12	2.94
2020/ 11	33.33	21.43	85.31	5.12
2020/ 12	31.4	22.4	89.8	10.2
2020 P	33.53	22.10	85.49	6.01

Tabla 44*Data Meteorológica 2021 Estación Chazuta (SENAMHI)*

PROMEDIO AÑO / MES	TEMPERATURA (°C)		HUMEDAD RELATIVA (%)	PRECIPITACIÓN PROMEDIO (mm)
	MAX	MIN		
2021/ 01	33.41	22.36	84.39	4.70
2021/ 02	33.02	24.51	82.69	8.24
2021/ 03	32.23	22.03	88.07	12.35
2021/ 04	32.83	22.15	86.98	4.92
2021/ 05	33.34	21.48	86.36	2.21
2021/ 06	32.15	21.40	87.57	4.13
2021 P	32.87	22.76	85.53	7.55

Anexo 2. Inventario de Flora por zonas (A, M y B)

ZONA (ALTA)					
N° Orden	Nombre Común	Nombre Científico	Familia	Característica	Cantidad (Unidades)
1	Breacaspi	<i>Caraipa densifolia</i>	<i>Clusiaceae</i>	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	1
2	Bromelia Guzmania	<i>Guzmania lingulata (L.) Mez</i>	<i>Bromeliáceas</i>	Planta acaulescente, que alcanza los 16–29 cm de alto en flor.	13
3	Casha Pona	<i>Iriarhea sp.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	13
4	Cetico	<i>Cecropia membranacea</i>	<i>Urticaceae</i>	Planta herbácea con flor.	3
5	Chullachaqui Caspi - Bachufa	<i>Terminalia Amazonia (J.F. Gmel.) Exell</i>	<i>Combretaceae</i>	Árbol tropical de bosque perennifolio húmedo	2
6	Chupo Sacha	<i>Solanum obliquum Ruiz & Pav</i>	<i>Solanaceae</i>	Planta herbácea.	2
7	Siamba	<i>Oenocarpus mapora H. Karst.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera polígama dioica, flores masculinas, femeninas o bisexuales puede alcanzar hasta 13 a 15 metros de altura.	9
8	Clavo Huasca	<i>Mandevilla scabra</i>	<i>Apocynaceae</i>	Dicotiledónea. Enredadera grande y leñosa.	3
9	Cumala Blanca	<i>Virola sebifera</i>	<i>Myristicaceae</i>	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	20
10	Cumala Colorada	<i>Compsonaura sprucei (A. DC.) Warb.</i>	<i>Myristicaceae</i>	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	2
11	Gomacaspi	<i>Vochysia haenkeana Mart.</i>	<i>Vochysiaceae</i>	Planta de flor.	3
12	Helecho Macho	<i>Dryopteris affinis</i>	<i>Dryopteridaceae</i>	Planta vivaz, con un rizoma corto y robusto.	5
13	Huacrapona	<i>Iriartea deltoidea</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	9
14	Huasaí	<i>Euterpe oleracea</i>	<i>Arecaceae</i>	Plantas monocotiledóneas.	6
15	Lagarto Caspi	<i>Calophyllum brasiliense</i>	<i>Calophyllaceae</i>	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	1
16	Mohena Amarilla	<i>Endlicheria dysodantha (Ruiz & Pav.) Mez</i>	<i>Lauraceae</i>	Especie arbórea maderable.	1
17	Palmera Cuya Coroto	<i>Elaeis guineensis Jacq.</i>	<i>Arecaceae.</i>	Palmera monoica con tronco recto.	1

18	Pamashto	<i>Manilkara balata</i>	<i>Sapotaceae</i>	Especie arbórea.	3
19	Pichirina Gigante	<i>Vismia tarapotensis</i>	<i>Gutiferaceae</i>	Especie arbórea.	6
20	Ponilla	<i>Wettinia augusta</i>	<i>Arecaceae</i>	Palma que alcanzan un tamaño de 2.5 m.	2
21	Remocaspi	<i>Aspidosperma rigidum</i>	<i>Apocynaceae</i>	Especie arbórea.	6
22	Sacha Cacao	<i>Herrania breviligulata R.E. Schult.</i>	<i>Malvaceae</i>	Especie arbórea.	1
23	Shacha Uvilla	<i>Pourouma minor Benois</i>	<i>Urticaceae</i>	Especie arbórea.	2
24	Shimbillo Colorado	<i>Inga marginata</i>	<i>Fabaceae</i>	Leguminosa.	1
25	Shiringa	<i>Hevea brasiliensis</i>	<i>Euphorbiaceae</i>	Especie arbórea.	2
26	Sombrero de Diablo	<i>Petasites hybridus</i>	<i>Asteraceae</i>	Planta herbácea perenne.	4
27	Ubiamba	<i>Miconia eriocalyx cogn.</i>	<i>Melastomataceae</i>	Especie arbórea.	1
28	Ucshaquiro	<i>Tachigali setifera Ducke</i>	<i>Fabaceae</i>	Planta con flores.	3
29	Ungurahui	<i>Oenocarpus bataua Mart.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	17
					142

ZONA MEDIA

Nº Orden	Nombre Común	Nombre Científico	Familia	Característica	Cantidad (Unidades)
1	Abuta	<i>Abuta grandifolia</i>	<i>Menispermaceae</i>	Liana robusta, aplanada, con ramas glabras.	2
2	Alcanfor Moena	<i>Ocotea aciphylla (Nees) Mez</i>	<i>Lauraceae</i>	Especie arbórea maderable.	1
3	Bromelia Guzmania	<i>Guzmania lingulata (L.) Mez</i>	<i>Bromeliáceas</i>	Planta acaulescente, que alcanza los 16–29 cm de alto en flor.	26
4	Casha Pona	<i>Iriarhea sp.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	35
5	Cetico	<i>Cecropia membranacea</i>	<i>Urticaceae</i>	Planta herbácea con flor.	1
6	Chullachaqui Caspi - Bachufa	<i>Terminalia amazonia (J.F. Gmel.) Exell</i>	<i>Combretaceae</i>	Árbol tropical de bosque perennifolio húmedo	5
7	Cordoncillo sp.	<i>Piper aduncum</i>	<i>Piperaceae</i>	Árbol perenne de 6-7 metros de altura con tallo leñoso.	2
8	Clavo Huasca	<i>Mandevilla scabra</i>	<i>Apocynaceae</i>	Dicotiledónea. Enredadera grande y leñosa.	1

9	Copal	<i>Bursera graveolens</i>	<i>Burseraceae</i>	Árbol que alcanza un tamaño de 1.5 a 8 m de altura	1
10	Cumala Blanca	<i>Virola sebifera</i>	<i>Myristicaceae</i>	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	13
11	Cumala Colorada	<i>Compsonura sprucei</i> (A. DC.) Warb.	<i>Myristicaceae</i>	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	2
12	Helecho Macho	<i>Dryopteris affinis</i>	<i>Dryopteridaceae</i>	Planta vivaz, con un rizoma corto y robusto.	8
13	Huacrapona	<i>Iriartea deltoidea</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	1
14	Huamanzamana	<i>Jacaranda copaia</i> (Aubl.) D. Don	<i>Bignoniaceae</i>	Especie arbórea maderable.	1
15	Huasaí	<i>Euterpe oleracea</i>	<i>Arecaceae</i>	Plantas monocotiledóneas.	3
16	Huayruro	<i>Ormosia coccinea</i> (Aubl.) Jacks.	<i>Faboidea</i>	Árbol grande, de hasta 30 m de altura	1
17	Labio de Turista	<i>Psychotria elata</i>	<i>Rubiaceae</i>	Arbusto de 1,5 hasta 2 m de altura.	1
18	Lagarto Caspi	<i>Calophyllum brasiliense</i>	<i>Calophyllaceae</i>	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	2
19	Mishquipanga	<i>Renalmia alpina</i>	<i>Zingiberaceae</i>	Planta herbácea perenne.	1
20	Mullaca Pubescente Herbácea	<i>Physalis angulata</i> L.	<i>Solanaceae</i>	Planta herbácea.	2
21	Palmera Cuya Coroto	<i>Elaeis guineensis</i> Jacq.	<i>Arecaceae.</i>	Palmera monoica con tronco recto.	1
22	Pamashto	<i>Manilkara balata</i>	<i>Sapotaceae</i>	Especie arbórea.	1
23	Planta Ornamental NN	-	-	-	1
24	Ponilla	<i>Wettinia augusta</i>	<i>Arecaceae</i>	Palma que alcanzan un tamaño de 2.5 m.	1
25	Pumaquiro	<i>Aspidosperma macrocarpon</i>	<i>Apocynaceae</i>	Especie dicotiledónea.	3
26	Remocaspi	<i>Aspidosperma rigidum</i>	<i>Apocynaceae</i>	Especie arbórea.	2
27	Sacha Cacao	<i>Herrania breviligulata</i> R.E. Schult.	<i>Malvaceae</i>	Especie arbórea.	8
28	Sacha Casho	<i>Anacardium giganteum</i>	<i>Anacardiaceae</i>	Especie arbórea.	1
29	Shacha Curarina	<i>Chimarrhis hookeri</i> K. Schum	<i>Rubiaceae</i>	Especie arbórea.	2
30	Shimbillo Colorado	<i>Inga marginata</i>	<i>Fabaceae</i>	Leguminosa.	1

31	Shiringa	<i>Hevea brasiliensis</i>	<i>Euphorbiaceae</i>	Especie arbórea.	8
32	Sombrero de Diabla	<i>Petasites hybridus</i>	<i>Asteraceae</i>	Planta herbácea perenne.	2
33	Ubiamba	<i>Miconia eriocalyx cogn.</i>	<i>Melastomataceae</i>	Especie arbórea.	15
34	Ungurahui	<i>Oenocarpus bataua Mart.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	15
35	Yanchama	<i>Poulsenia armata (Miq.) Standl</i>	<i>Moraceae</i>	Especie arbórea.	2
36	Vainilla sp.	<i>Vanilla planifolia</i>	<i>Orchidaceae</i>	Orquídea epífita de tamaño grande	1
					173

ZONA BAJA

N° Orden	Nombre Común	Nombre Científico	Familia	Característica	Cantidad (Unidades)
1	Breacaspi	<i>Caraipa densifolia</i>	<i>Clusiaceae</i>	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	3
2	Bromelia Guzmania	<i>Guzmania lingulata (L.) Mez</i>	<i>Bromeliáceas</i>	Planta acaulescente, alcanza los 16–29 cm de alto en flor.	27
3	Calzon Panga	<i>Geonoma macrostachys</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera con un único tallo muy corto.	2
4	Casha Pona	<i>Iriarhea sp.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	31
5	Chullachaqui Caspi-Bachufa	<i>Terminalia amazonia (J.F. Gmel.) Exell</i>	<i>Combretaceae</i>	Árbol tropical de bosque perennifolio húmedo	1
6	Chupo Sacha	<i>Solanum obliquum Ruiz & Pav</i>	<i>Solanaceae</i>	Planta herbácea.	1
7	Clavo Huasca	<i>Mandevilla scabra</i>	<i>Apocynaceae</i>	Dicotiledónea. Enredadera grande y leñosa.	3
8	Copal	<i>Bursera graveolens</i>	<i>Burseraceae</i>	Árbol que alcanza un tamaño de 1.5 a 8 m de altura	2
9	Cumala Blanca	<i>Virola sebifera</i>	<i>Myristicaceae</i>	Árbol de fuste recto y cilíndrico.	3

10	Helecho Macho	<i>Dryopteris affinis</i>	<i>Dryopteridaceae</i>	Planta vivaz, con un rizoma corto y robusto.	6
11	Huamanzamana	<i>Jacaranda copaia (Aubl.) D. Don</i>	<i>Bignoniaceae</i>	Especie arbórea maderable.	6
12	Huasái	<i>Euterpe oleracea</i>	<i>Arecaceae</i>	Plantas monocotiledóneas.	18
13	Lagarto Caspi	<i>Calophyllum brasiliense</i>	<i>Calophyllaceae</i>	Árbol de tronco recto y cilíndrico.	1
14	Moena sp.	<i>Aniba sp.</i>	<i>Lauraceae</i>	Especie arbórea maderable.	3
15	Moena Blanca	<i>Qualea paraensis Ducke</i>	<i>Vochysiaceae</i>	Especie arbórea maderable.	3
16	Moena Negra	<i>Ocotea costulata</i>	<i>Lauraceae</i>	Especie arbórea maderable.	1
17	Mullaca Amarilla	<i>Clidemia hirta L.</i>	<i>Melastomataceae</i>	Arbusto perenne.	2
18	Mullaca Pubescente Herbácea	<i>Physalis angulata L.</i>	<i>Solanaceae</i>	Planta herbácea.	1
19	Paujil Chaqui	<i>Tetracera volubilis L.</i>	<i>Dilleniaceae</i>	Arbustos escandente.	1
20	Palmera Cuya Coroto	<i>Elaeis guineensis Jacq.</i>	<i>Arecaceae.</i>	Palmera monoica con tronco recto.	6
21	Pona	<i>Socratea exorrhiza</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	9
22	Ponilla	<i>Wettinia augusta</i>	<i>Arecaceae</i>	Palma que alcanzan un tamaño de 2.5 m.	3
23	Pumaquiro	<i>Aspidosperma macrocarpon</i>	<i>Apocynaceae</i>	Especie dicotiledónea	15
24	Punga	<i>Pachira aquatica Aublet</i>	<i>Bombacaceae</i>	Especie arbórea.	3
25	Remocaspi	<i>Aspidosperma rigidum</i>	<i>Apocynaceae</i>	Especie arbórea.	11
26	Sacha Cacao	<i>Herrania breviligulata R.E. Schult.</i>	<i>Malvaceae</i>	Especie arbórea.	1
27	Shacha Uvilla	<i>Pourouma minor Benoist</i>	<i>Urticaceae</i>	Especie arbórea.	1
28	Shamoja	<i>Amaioua guianensis H.B.K</i>	<i>Rubiaceae</i>	Especie arbórea.	1
29	Shimbillo Tarrasca	<i>Inga sp.</i>	<i>Fabaceae</i>	Leguminosa.	2
30	Shiringa	<i>Hevea brasiliensis</i>	<i>Euphorbiaceae</i>	Especie arbórea.	4
31	Sombrero de Diablo	<i>Petasites hybridus</i>	<i>Asteraceae</i>	Planta herbácea perenne.	11
32	Ubiamba	<i>Miconia eriocalyx cogn.</i>	<i>Melastomataceae</i>	Especie arbórea.	5
33	Ungurahui	<i>Oenocarpus bataua Mart.</i>	<i>Arecaceae</i>	Palmera que puede medir 25 metros de altura.	7
					194

Anexo 3. Estadística de la Flora

Tabla 45. Análisis de la varianza para el pH

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	0.14	2	0.07	3.31	0.1076 N.S.
Error	0.13	6	0.02		
Total	0.28	8			

$R^2 = 52\%$ C.V.= 4.08%

El ANVA de la tabla 45, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 52% y un C.V. de 4.08%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de pH por tratamiento (figura 51), muestra que los promedios alcanzados por tratamiento resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 3.45, 3.73 y 3.69 de pH para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

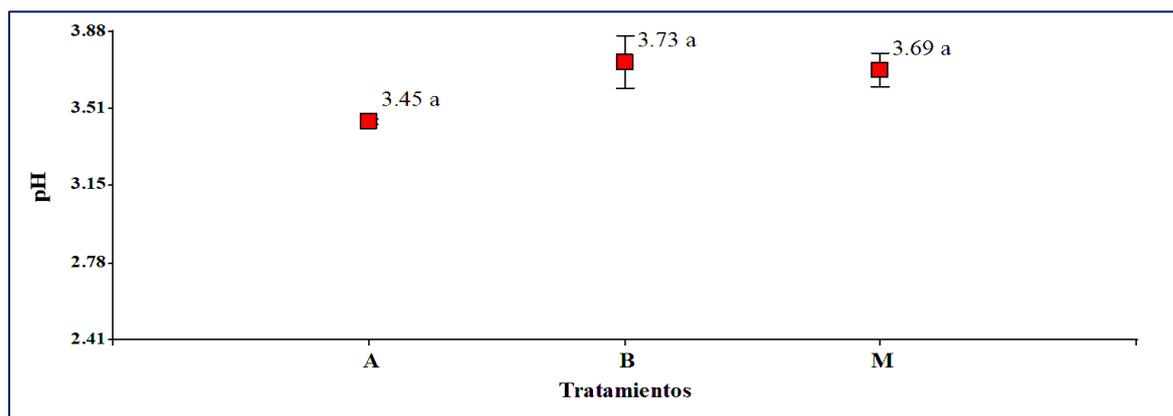


Figura 51. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de pH por tratamiento.

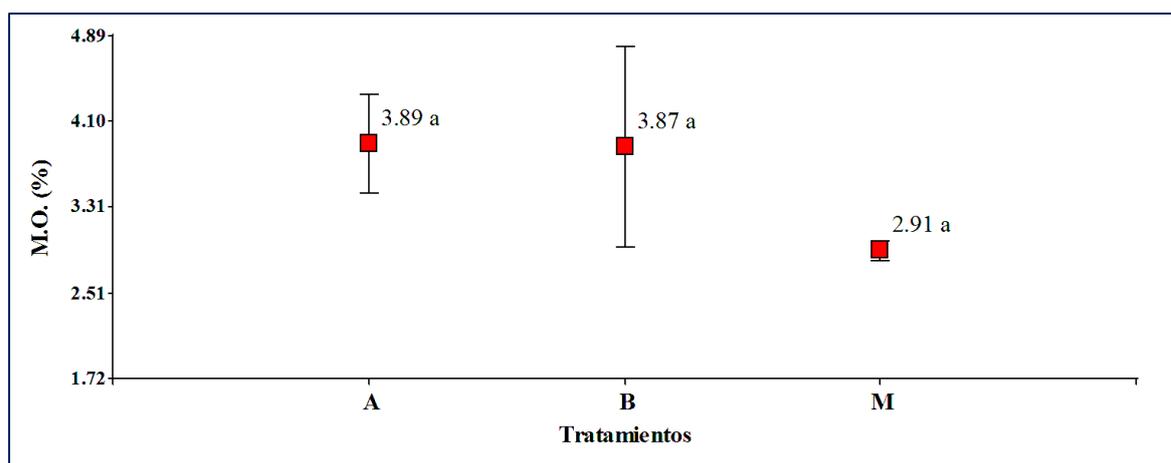
M.O. (%)**Tabla 46***Análisis de la Varianza para la M.O. (%)*

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	1.90	2	0.95	0.88	0.4605
N.S.					
Error	6.45	6	1.07		
Total	8.35	8			

 $R^2 = 23\%$ $C.V. = 29.15\%$

El ANVA de la tabla 46, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 23% y un C.V. de 29.15%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de M.O. por tratamiento (figura 52), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 3.89%, 3.87% y 2.91% de M.O. para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 52. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de M.O. (%) por tratamiento.

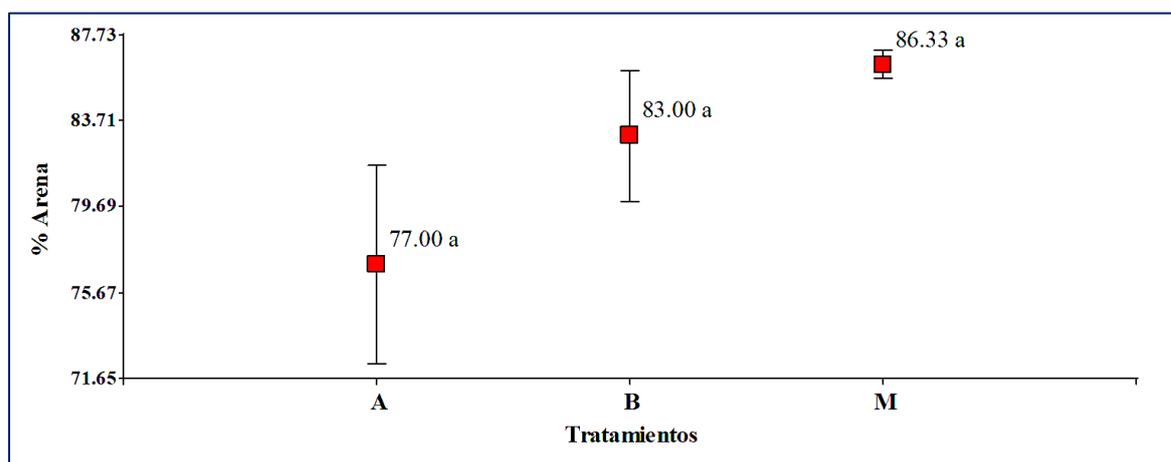
% de Arena**Tabla 47***Análisis de la Varianza para el % de arena*

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	134.22	2	67.11	2.16	0.1969
N.S.					
Error	186.67	6	31.11		
Total	320.89	8			

 $R^2 = 42\%$ $C.V. = 6.79\%$

El ANVA de la tabla 47, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 42% y un C.V. de 6.79%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arena por tratamiento (figura 53), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 77%, 83% y 86.33% de arena para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 53. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arena por tratamiento.

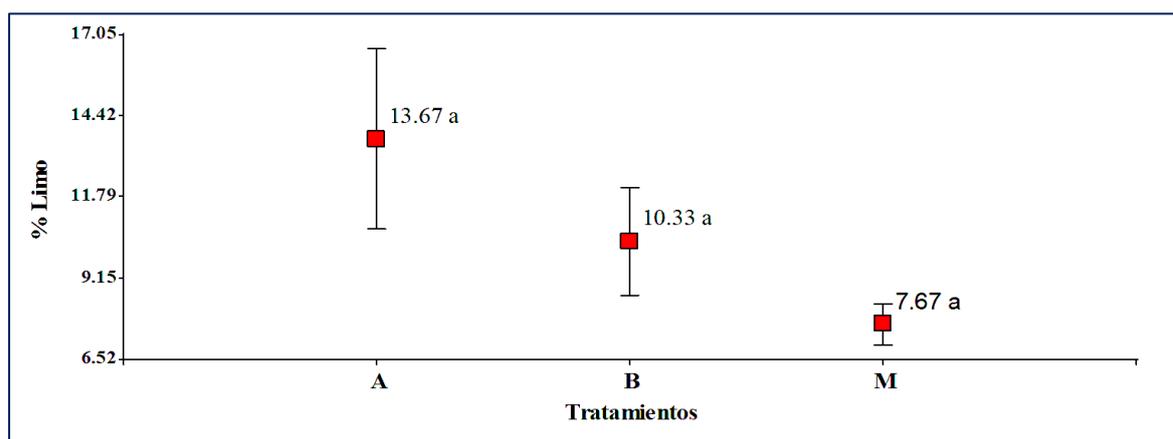
% de Limo**Tabla 48***Análisis de la Varianza para el % de limo*

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	54.22	2	27.11	2.26	0.1856 N.S.
Error	72.00	6	12.00		
Total	126.22	8			

$R^2 = 43\%$ $C.V. = 32.82\%$

El ANVA de la tabla 48, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 43% y un C.V. de 32.82%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de limo por tratamiento (figura 54), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 13.67%, 10.33% y 7.67% de limo para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 54. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de limo por tratamiento

% Arcilla**Tabla 49**

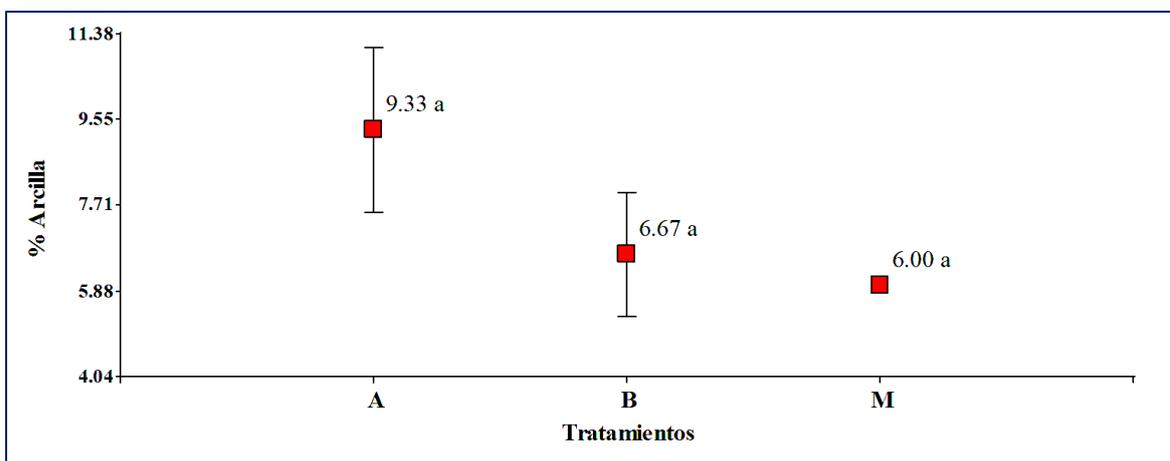
Análisis de la Varianza para el % de arcilla

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	18.67	2	9.33	1.91	0.2282 N.S.
Error	29.33	6	4.89		
Total	48.00	8			

R² = 39% C.V.= 30.15%

El ANVA de la tabla 49, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R² de 39% y un C.V. de 30.15%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arcilla por tratamiento (figura 55), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 9.33%, 6.67% y 6.00% de arcilla para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 55. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arcilla por tratamiento.

CIC

Tabla 50

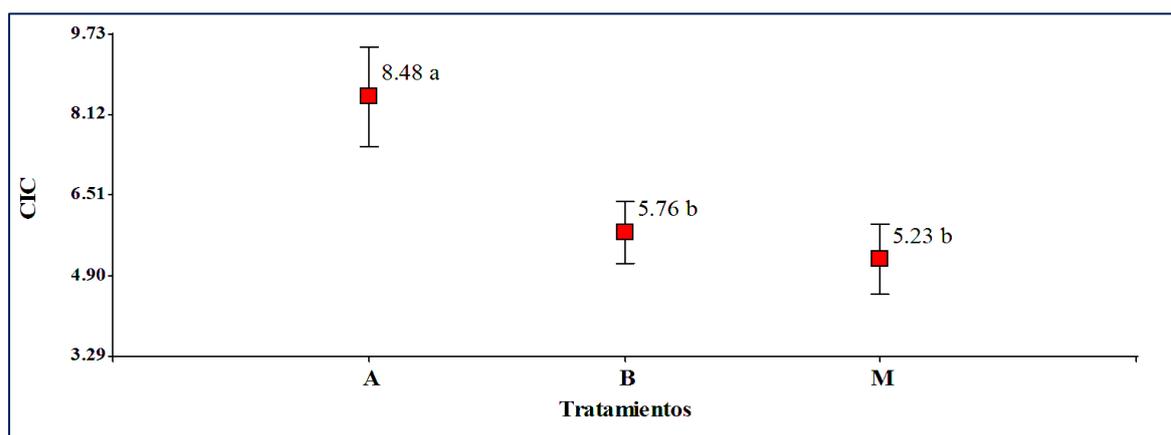
Análisis de la Varianza para la CIC

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	18.27	2	9.13	4.95	0.0538 N.S.
Error	11.08	6	1.85		
Total	29.34	8			

 $R^2 = 62\%$ $C.V. = 20.94\%$

El ANVA de la tabla 50, determinó la no existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas) con un p-valor muy ajustado, con un R^2 de 62% y un C.V. de 20.94%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arcilla por tratamiento (figura 56), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente diferentes entre sí, donde con el tratamiento A (zona alta) se obtuvo promedio más alto con 8.48 de CIC superando estadísticamente a los valores promedios de los tratamientos B (zona baja) y M (zona media), quienes arrojaron promedios de 5.76 y 5.23 de CIC respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 56. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la CIC por tratamiento

Suma de bases

Tabla 51

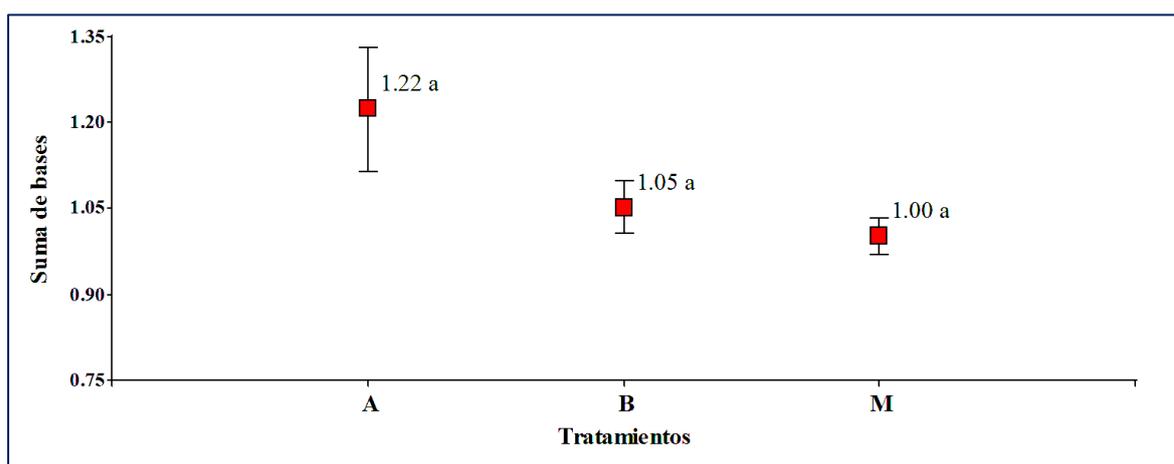
Análisis de la Varianza para la suma de bases

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	0.08	2	0.04	2.70	0.1456 N.S.
Error	0.09	6	0.01		
Total	0.17	8			

$R^2 = 47\%$ C.V.= 11.15%

El ANVA de la tabla 51, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 47% y un C.V. de 11.15%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la suma de bases por tratamiento (figura 57), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 1.22 meq/100g, 1.05 meq/100g y 1.00 meq/100g de suma de bases para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 57. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la suma de bases por tratamiento.

% Saturación de bases

Tabla 52

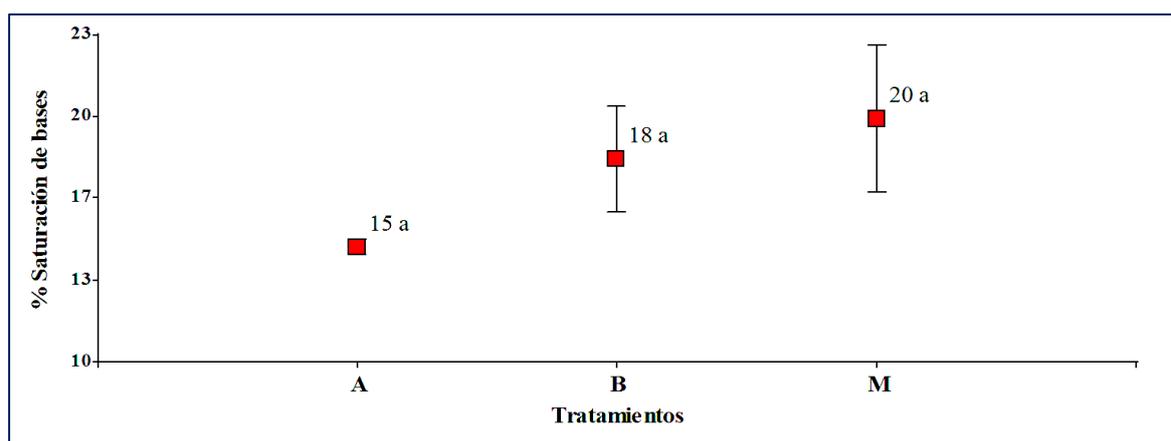
Análisis de la Varianza para el % de bases

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Tratamientos	44.67	2	22.33	1.57	0.2828 N.S.
Error	85.33	6	14.22		
Total	130.00	8			

$R^2 = 34\%$ C.V.= 21.35%

El ANVA de la tabla 52, no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 34% y un C.V. de 21.35%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la suma de bases por tratamiento (figura 58), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 15%, 18% y 20% de saturación de bases para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 58. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de saturación de bases por tratamiento.

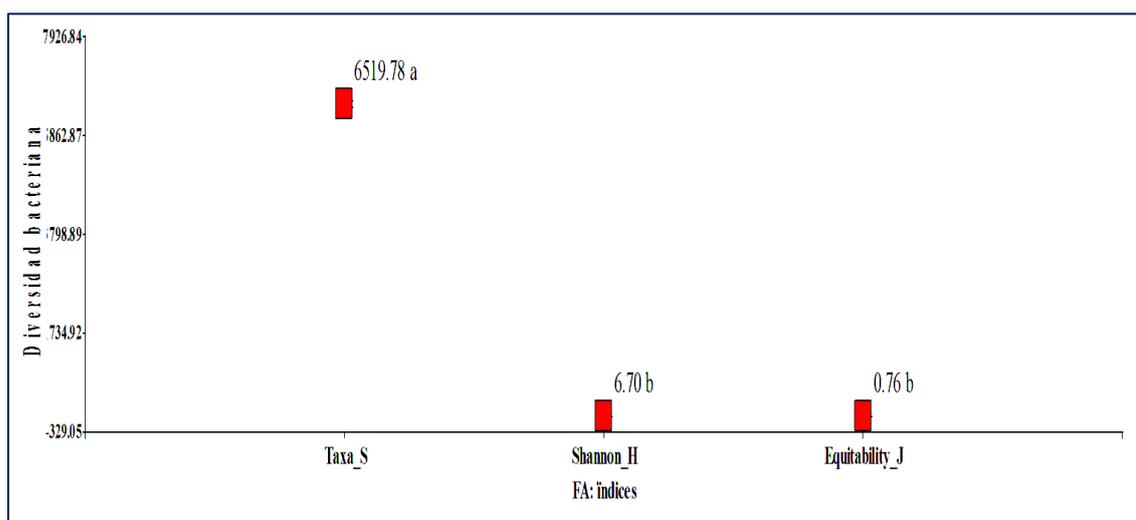
Anexo 4. Estadística de la Diversidad Bacteriana

Tabla 53

Análisis de la varianza para la Diversidad bacteriana de índices por zonas

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
FA: Zonas	254753404.30	2	127376702.15	5762.10	<0.0001
FB: Muestra	10588.39	2	5294.19	0.24	0.7895
FA: Zonas*FB: Muestra	21155.84	4	5288.96	0.24	0.9124
Error	397907.35	18	22105.96		
Total	255183055.88	26			
R²= 100%		C.V.= 6.83%			

El ANVA de la tabla 53, determinó la existencia de diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) en la fuente de variabilidad FA: Índices, con un R^2 de 100% y un C.V. de 6.83%. El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FA: Índices (figura 59), muestra que con el nivel **Taxa_S** se obtuvo el mayor promedio con 6519.78 superando estadísticamente a los promedios alcanzados por niveles **Shannon_H** y **Equitability_J** con 6.7 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 59. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FA: Índices.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas (figura 49), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos (niveles) resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 2201.05, 2152.70 y 2173.49 de diversidad bacteriana para los niveles A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

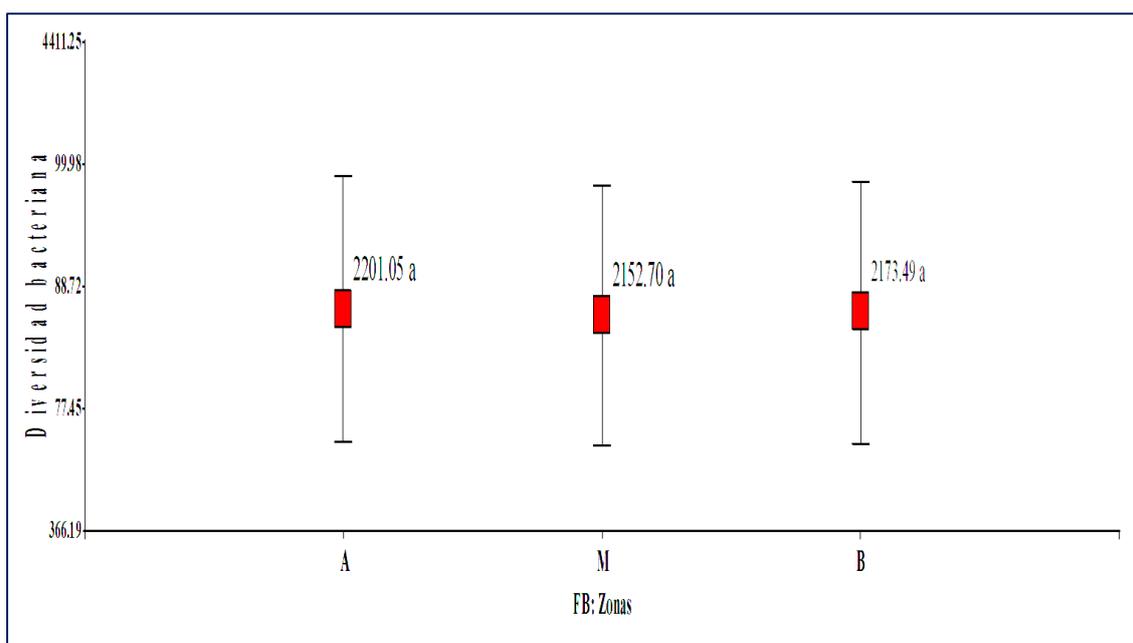
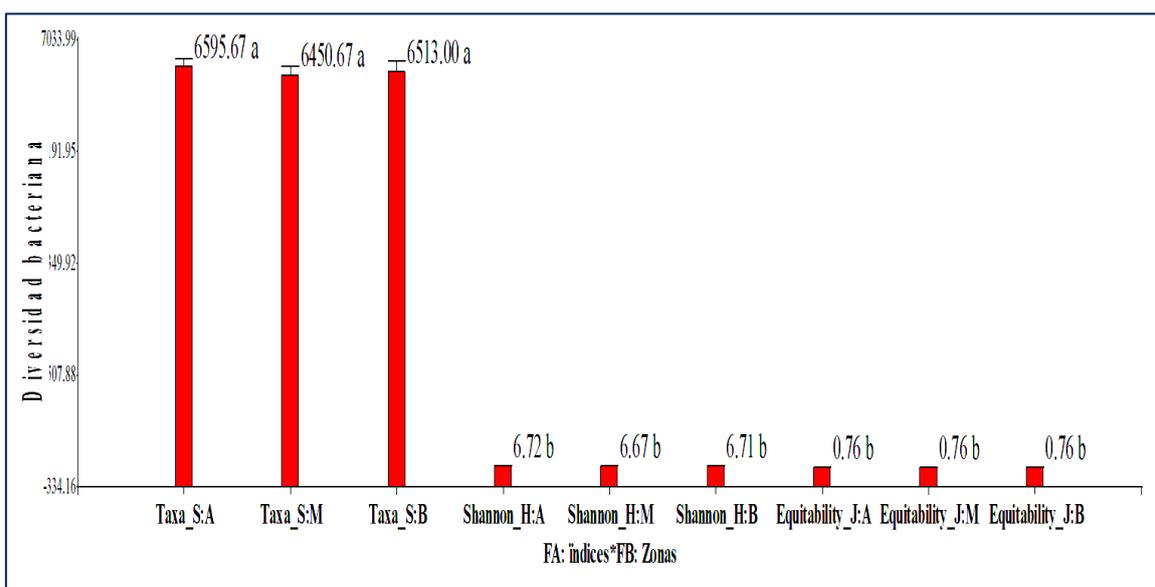


Figura 60. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (figura 60), muestra que con el nivel **Taxa_S** en las tres zonas (Alta, Media y Baja) se obtuvieron los mayores promedios con 6595.67, 6450.67 y 6513.00 de diversidad bacteriana respectivamente, los cuales no difirieron estadísticamente entre sí, pero, estos si superaron estadísticamente a los promedios alcanzados por tratamientos niveles **Shannon_H Alta, Shannon_H Media, Shannon_H Baja, Equitability_J Alta, Equitability_J Media y Equitability_J Baja**, quienes arrojaron promedios de 6,72, 6,67, 6,71, 0,76, 0,76 y 0,76 de diversidad bacteriana respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 61. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (9 tratamientos).

TEST DE DUNCAN POR ZONAS

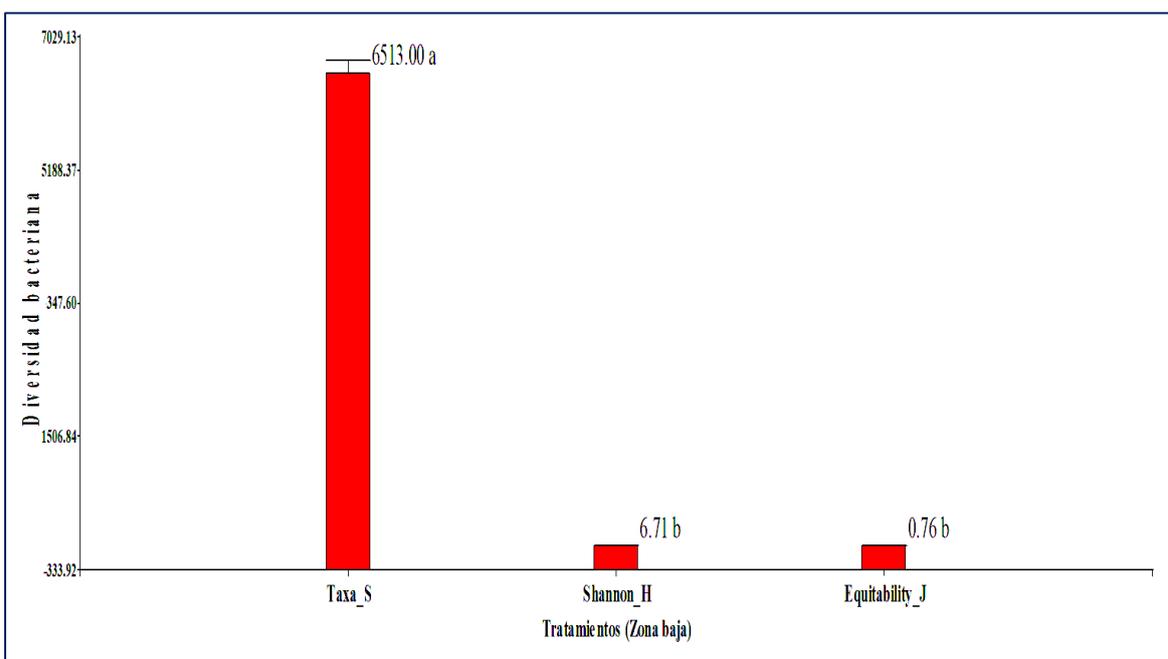


Figura 62. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Baja.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Baja (figura 62), muestra que con el índice Taxa_S se obtuvo el mayor promedio con 6 513.00 de diversidad bacteriana, superando estadísticamente a los promedios obtenidos con los índices Shannon_H y Equitability_J quienes arrojaron promedios de 6.71 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

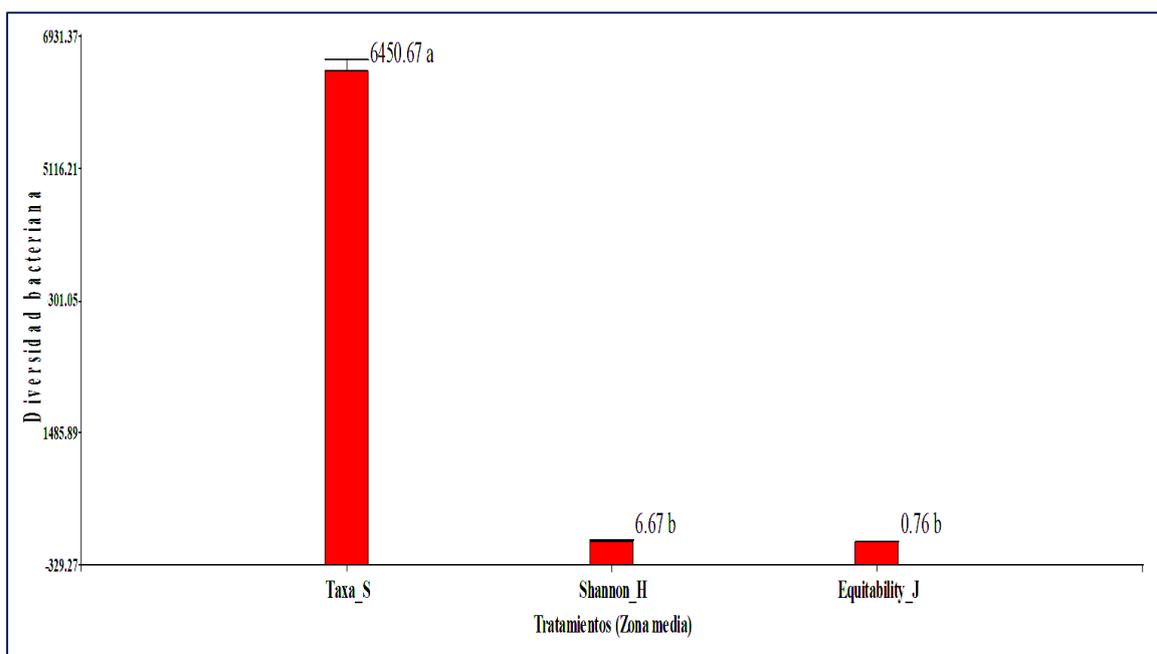


Figura 63. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Media.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Media (figura 63), muestra que con el índice Taxa_S se obtuvo el mayor promedio con 6 450.67 de diversidad bacteriana, superando estadísticamente a los promedios obtenidos con los índices Shannon_H y Equitability_J quienes arrojaron promedios de 6.67 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

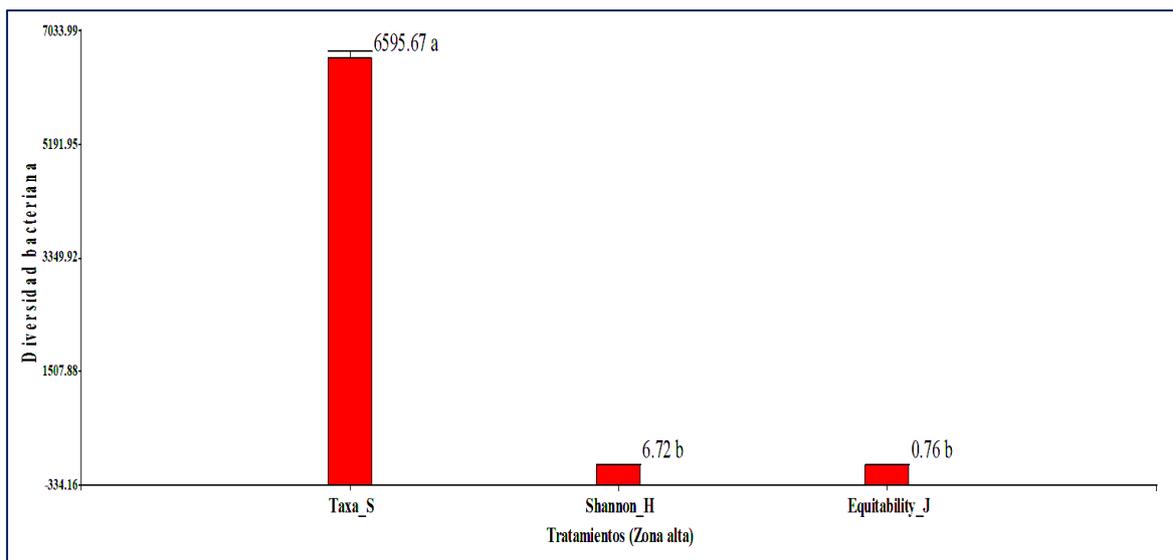


Figura 64. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Alta.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Alta (figura 64), muestra que con el índice Taxa_S se obtuvo el mayor promedio con 6 595.67 de diversidad bacteriana, superando estadísticamente a los promedios obtenidos con los índices Shannon_H y Equitability_J quienes arrojaron promedios de 6.67 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

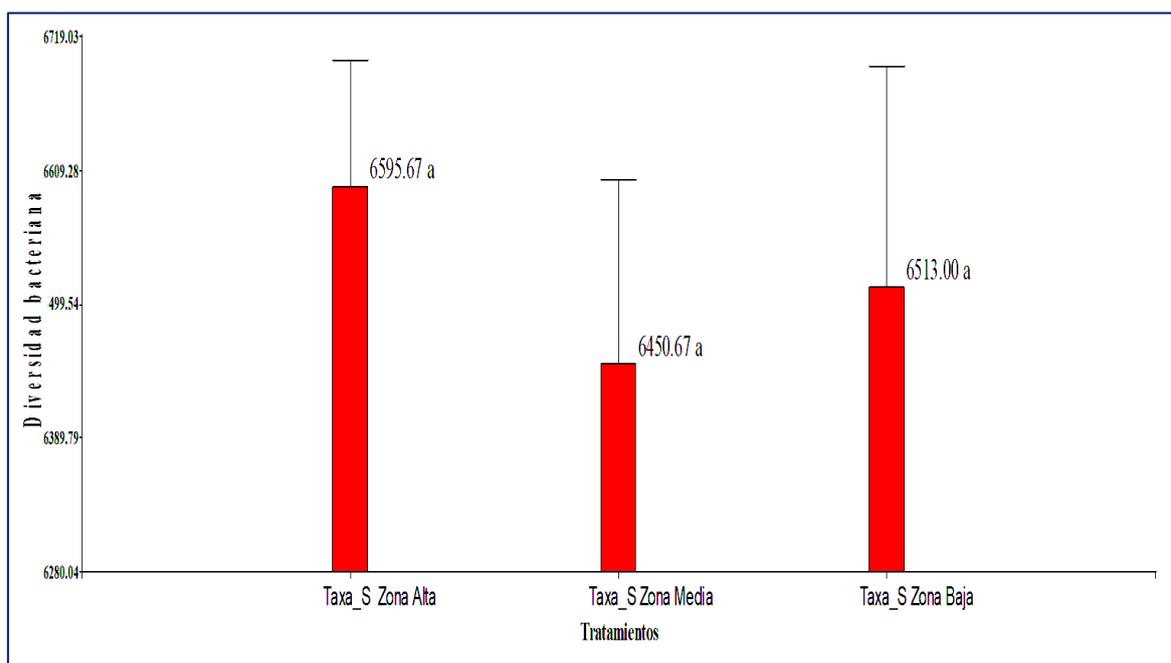


Figura 65. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas (figura 65), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 6 595.67, 6 513.00 y 6 450.67 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

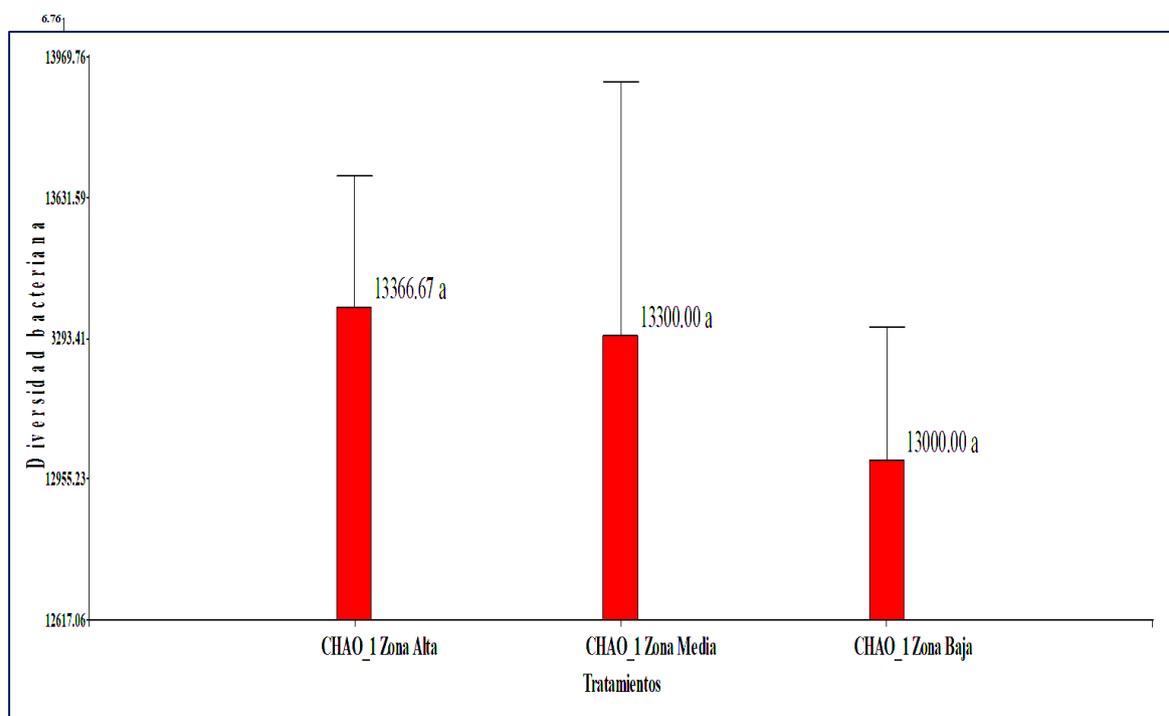


Figura 66. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas (figura 66), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 6.72, 6.71 y 6.67 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

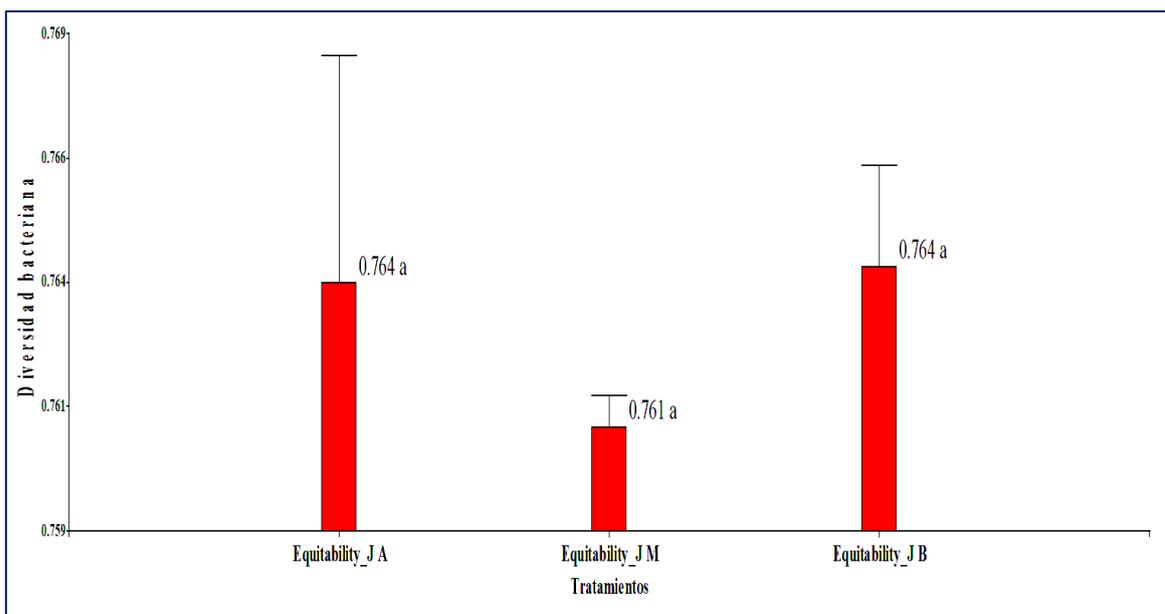


Figura 67. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas (figura 67), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 0.764, 0.764 y 0.761 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

Anexo 5. Caracterización de suelos: Interpretación y comentarios del Dr. Oscar Loli Figueroa.

GRUPO DE SUELOS 1

pH (1:1)	C.E. (1:1) dS/m	CaCO ₃ %	M.O. %	P ppm	K ppm	Análisis Mecánico			Clase Textural*	CIC	Cationes Cambiables				
						Arena	Limo	Arcilla			Ca+2	Mg+2	K+	Na+ Al	Al+3 + H+
						%	%	%			meq/100g				
3.46	0.43	0.00	4.05	3.5	106	77	13	10	Fr.A.	10.40	0.81	0.30	0.21	0.10	1.35
3.42	0.28	0.00	3.03	16.8	77	85	9	6	A.Fr.	7.04	0.63	0.22	0.12	0.09	0.60
3.46	0.34	0.00	4.60	13.5	94	69	19	12	Fr.A.	8.00	0.66	0.27	0.16	0.10	1.45

Los suelos se caracterizan por presentar una reacción extremadamente ácida, bajos en salinidad, pero éstas están en mayor son de mayor concentración que otras muestras a diferentes pisos altitudinales. Son medios a altos en materia orgánica, pero si la relacionamos con la presencia del coloide inorgánico, se puede indicar que existe una acumulación de materia orgánica, ello puede ocurrir por una baja temperatura que afecta la actividad de bacterias aerobias por acumulación de agua debido a problemas en el drenaje o por el mismo pH que condiciona la proliferación de microorganismos en el suelo (predominancia de hongos), afectando la descomposición de materia orgánica.

De acuerdo con la clase textural debería presentarse una buena infiltración y percolación del agua, pero por la acumulación de materia orgánica pueden presentarse problemas con el drenaje, al ser un coloide retiene una buena cantidad de humedad.

La capacidad de retención de suelos es baja, ello es debido a la baja presencia de arcillas y al tipo presente, pues por efecto del pH deben estar presentes sólo arcillas del tipo 1:1 y óxidos, con mayor problema con la concentración de hidrógenos que aluminio, debido a la falta de arcillas del tipo 2:1.

La CIC efectiva es muy baja (CIC real), cuya diferencia con la CIC total es debida a la materia orgánica presente debido a su capacidad de ionización, ello permite indicar que es un suelo con muy baja capacidad de almacenamiento o de un potencial nutricional bajo.

La presencia de fósforo disponible es de concentraciones medias, pero bajos en potasio.

GRUPO DE SUELOS 2

pH (1:1)	C.E. (1:1) dS/m	CaCO ₃ %	M.O. %	P ppm	K ppm	Análisis Mecánico			Clase Textural*	CIC	Cationes Cambiables				
						Arena	Limo	Arcilla			Ca+2	Mg+2	K+	Na+ Al	Al+3 +H+
						%	%	%			meq/100g				
3.98	0.25	0.00	5.32	29.2	106	89	7	4	A.	5.60	0.61	0.27	0.17	0.10	0.35
3.59	0.27	0.00	2.15	17.1	71	81	11	8	A.Fr.	4.80	0.61	0.22	0.10	0.10	0.40
3.63	0.20	0.00	4.14	4.1	84	79	13	8	A.Fr.	6.88	0.54	0.22	0.15	0.08	1.00

Los suelos presentan una reacción extremadamente ácida, sin problemas de salinidad, pero con valores inferiores a los encontrados en la parte más alta, con valores en promedio altos de materia orgánica, lo que puede ser debido al efecto de la temperatura baja, al pH o a problemas en la circulación de agua.

Son suelos textura ligera teóricamente de buen drenaje y bien aireados, propiedades que pueden verse afectadas por la presencia de materia orgánica. Su capacidad de retención de agua y nutrientes es baja, en función de la CIC total, valor que se ve incrementado por la materia orgánica que por ionización otorga al suelo un valor incrementado de retención.

la CIC efectiva es muy baja, ello es debido al tipo y cantidad de arcillas presentadas al pH de la muestra, por lo que se puede pensar en un efecto tóxico más debido a los protones.

El fósforo disponible es de medio a altos, mientras que el potasio es bajo

GRUPO DE SUELOS 3

pH (1:1)	C.E. (1:1) dS/m	CaCO ₃ %	M.O. %	P ppm	K ppm	Análisis Mecánico			Clase Textural*	CIC	Cationes Cambiables				
						Arena	Limo	Arcilla			Ca+2	Mg+2	K+	Na+ Al	Al+3 +H+
						%	%	%			meq/100g				
3.85	0.22	0.00	2.76	10.7	76	87	7	6	A.Fr.	4.00	0.64	0.23	0.11	0.07	0.55
3.64	0.23	0.00	2.90	4.2	79	85	9	6	A.Fr.	5.28	0.55	0.20	0.11	0.09	0.60
3.59	0.20	0.00	3.06	15.2	69	87	7	6	A.Fr.	6.40	0.58	0.20	0.12	0.10	0.35

Los suelos presentan una reacción extremadamente ácida, sin problemas de salinidad, valores inferiores a los encontrados en los suelos anteriores más alta, con valores en promedio de materia orgánica y medios, pero si lo relacionamos con el contenido de arcillas existe una acumulación, lo que puede ser debido al efecto de la temperatura baja, al pH o a problemas en la circulación del agua.

Son suelos textura ligera teóricamente de buen drenaje y bien aireados, propiedades que pueden verse afectadas por la presencia de materia orgánica. Su capacidad de retención de agua y nutrientes es baja, en función de la CIC total, valor que se ve incrementado por la materia orgánica que por ionización otorga el suelo un valor incrementado de retención.

La CIC efectiva es muy baja, debido al tipo y cantidad de arcillas presentadas al pH de la muestra, por lo que se puede pensar en un efecto tóxico más debido a los protones.

El fósforo disponible es de medio a bajos, mientras que el potasio es bajo.

RESUMEN

- Los suelos observados son extremadamente ácidos, a ese valor de pH se asume que la concentración de arcilla del tipo 2:1, si se presenta es una mínima concentración, aunque lo normal es su ausencia, ello condiciona que el abastecimiento de aluminio se encuentra limitado, por ello y por la meteorización el principal catión que está determinando la acidez cambiante sería el hidrógeno.
- La toxicidad del hidrógeno normalmente se presenta en una eliminación de la lámina de pectado de calcio (otorga la semi permeabilidad a la célula), con el hidrógeno se presentaría una permeabilidad, lo que involucraría problema en la absorción de los nutrientes en forma activa, es decir limitaciones en el movimiento de los nutrientes en contra de una gradiente de concentración.
- Con respecto a la materia orgánica, se puede indicar que entre está y el coloide inorgánico debe existir una estrecha relación, no se podría dar un valor estable a las diferentes concentraciones de arcilla, en el caso de estos suelos, presentan acumulación, debido a diferentes factores que limitan la actividad de bacterias aeróbicas.
- Los suelos presentan bajo porcentaje de saturación de bases (desbasificación), es decir un bajo potencial nutricional, ello es debido a la presencia de arcillas 1:1 y óxidos de hierro y de aluminio.



Dr en agron. OSCAR LOLI FIGUEROA
CIP 15033

OSCAR O. LOLI FIGUEROA
INGENIERO AGRONOMO
CIP 15033

La Molina, 04 de octubre del 2019

Anexo 6. Vistas fotográficas para cada etapa del proceso de la toma de muestra

Anexo 7. Protocolos

Protocolo para preparar tampón buffer para electroforesis de ADN.

- Tenemos el tampón TBE 10x(0,5x), para saber las cantidades a emplear realizamos la siguiente ecuación de cálculo de dilución en una concentración que está planteada por la siguiente formula:

$$C1. V1= C2. V2$$

$$10x. V1= 0,5x. 500 \text{ ml}$$

$$V1 = 0,5x .500 \text{ ml} = 25 \text{ ml}$$

$$10x$$

C1: Concentración inicial
 C2: Concentración final
 V1: Volumen inicial
 V2: Volumen final

- Para preparar 500 ml de tampón buffer necesitamos 25 ml de tampón TBE 10x (0,5x) y 475 ml de agua ultra pura. (los 475 ml de agua ultra pura se complementan con los 25 ml de tampón TBE 10x lo que corresponde a 500 ml de solución).
- Durante este proceso se debe trabajar cuidadosamente en el cuarto oscuro con los materiales del mismo ambiente y con la indumentaria de protección adecuada (guardapolvo, guantes, mascarilla y cofia).

Protocolo para el preparado de geles de agarosa al 1%

- Preparar la cama de electroforesis con cinta masking tape para evitar derrames de la solución.
- Pesar 0,6 g de agarosa y echar en un frasco de 250 ml de tapa color azul con rosca.
- Medir 40 ml de tampón TBE en una probeta de 100 ml que está en el ambiente oscuro.
- Una vez medida los 40 ml de tampón TBE adicionar al frasco con los 0,6 g de agarosa, tapar y diluir bien.
- Llevar la solución al microondas por un tiempo de 120 segundos para disolver la agarosa, en caso que no se disolviera bien la agarosa, aumentar por un tiempo de 20 segundos en el microondas, hasta que la solución se muestre claro sin grumos.
- Una vez retirada la solución del microondas echar en la cama de electroforesis.
- Para ello la cama de electroforesis debe estar bien forrada con cinta masking tape.

- Colocar los peines en la cama y dejar que solidifique por un tiempo de 20 minutos.

Preparado de marcador de DNA 300 μ l.

DNA marcador 1 μ l x 50 = 50 μ l

Loading dye 6x 1 μ l x 50 = 50 μ l

Agua ultra pura 4 μ l x 50 = 200 μ l

300 μ l

Preparado de GelRed para 1ml

GelRed(1000x) 3 μ l

Loading buffer 997 μ l

1000 ml.

Anexo 8. Comprobación de las muestras de ADN

Para comprobar la presencia y calidad del ADN después de su extracción y purificación, se tomó 5 μl de muestra de ADN, 4 μl de loading buffer y 1 μl de marcador o tampón de carga, esta mezcla se empleó para cargar en los geles de agarosa al 1% preparados en solución tampón TBE. La electroforesis se realizó empleando una corriente continua de 80 V. Los geles se tiñeron con una solución de bromuro de etidio (0.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$) y se fotografiaron bajo luz UV. Como marcador de tamaño molecular se utilizó el denominado Molecular DNA Marker. En los geles debe comprobarse una banda superior a 20 kpb, a veces se nota presencia ADN degradado con valores inferiores.

Tabla 54. *Productos y cantidades utilizados*

Productos	Cantidad
Marcador DNA	1 μl
Loading Buffer	4 μl
ADN	5 μl
Total	10 μl

Anexo 9. Protocolo para cargar las muestras ADN en gel de agarosa

- Retiramos las cintas masking tape de las camas de electroforesis.
- Poner la cama con gel en la cubeta de electroforesis con tampón TBE 10x.
- Retirar los peines de la cama de electroforesis cuidadosamente sin dañar el gel.
- Centrifugar con un mini spin el marcador y loading buffer para poder juntar deshielar.
- Extraer 5 μ l de ADN a un parafilm (para cada muestra).
- Extraer el loading buffer 4 μ l y juntarlo con la muestra de ADN.
- Extraer 1 μ l de marcador y cargarlos en los pocillos extremos de la cama de electroforesis.
- Cargar las muestras que están en el parafilm (ADN y loading buffer 9 μ l), a los pocillos de la cama de electroforesis con una micropipeta de rango variable de 0,5-10 μ l cuidadosamente.
- Una vez cargada las muestras de ADN se le somete a través de una fuente poder a 80 V por un tiempo de 45 minutos.
- Transcurridos los 45 minutos observamos las muestras de ADN mediante un foto documentador, con la ayuda de una laptop conectada a este servidor, mediante el programa SMARTVIEW PRO 2100, donde se fotografiaron bajo luz UV. Luego estas muestras de ADN fueron enviadas a la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (Fisabio), España, para secuenciamiento.

Anexo 10. Cuantificación del ADN metagenómico

La cuantificación del ADN metagenómico obtenido de un suelo de bosque húmedo tropical en San Martín, se realizó empleando el espectrofotómetro Nanodrop One, se detalla a continuación (Tabla 55).

Tabla 55

Concentración de ADN metagenómico de suelo de tres zonas de muestreo

ZONA	Muestra	Concentración de ADN por muestra (ng/ µl)	Concentración de ADN promedio (ng/ µl)
ALTA	A1.1	19.9	20
	A1.2	16.5	
	A1.3	23.3	
	A2.1	10	10.17
	A2.2	10.7	
	A2.3	9.8	
	A3.1	7.9	10.07
	A3.2	10	
	A3.3	12.3	
MEDIA	M1.2	12.8	14.85
	M1.3	16.9	
	M2.2	8.3	9.8
	M2.3	11.3	
	M3.2	7.4	8.35
	M3.3	9.3	
BAJA	B1.1	11.6	11.47
	B1.2	13.4	
	B1.3	9.4	
	B2.1	8.7	8.97
	B2.2	9.9	
	B2.3	8.3	
	B3.1	12.5	14
	B3.2	13.7	
	B3.3	15.8	

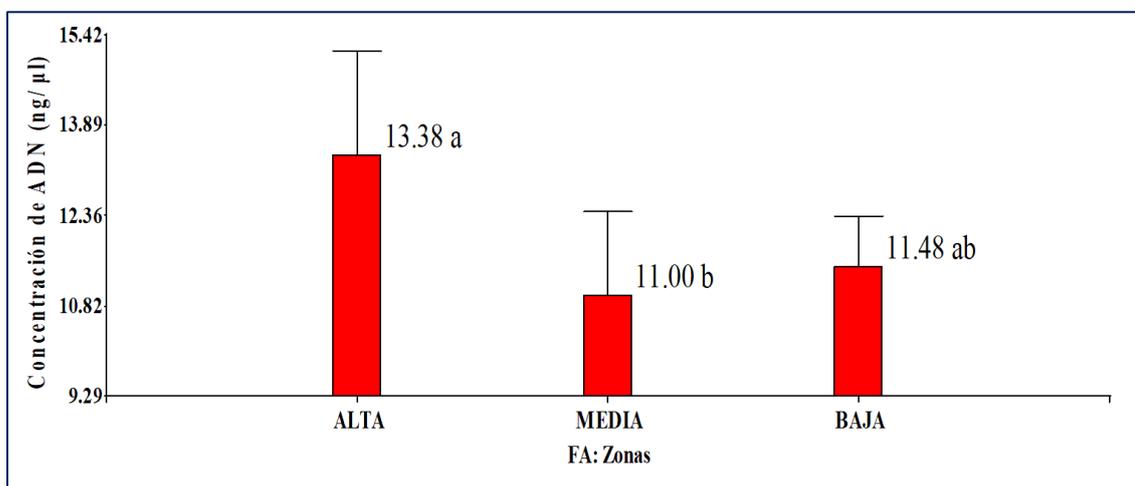
Estadística para la concentración de ADN($ng/\mu l$) metagenómico de suelo de tres zonas de muestreo

Tabla 56

Análisis de la Varianza para la concentración de ADN ($ng/\mu l$)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
FA: Zonas	25.42	2	12.71	3.03	0.0786
FB: Muestra	143.22	2	71.61	17.06	0.0001
FA: Zonas*FB: Muestra	128.10	4	32.03	7.63	0.0015
Error	62.96	15	4.20		
Total	364.39	23			
	R²= 83%			C.V.= 16.97%	

El ANVA de la tabla 56, señala la existencia de diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) en las fuentes de variabilidad FB: Muestra y para la interacción FA: zonas x FB: muestra, con un R² de 83% y un C.V. de 16.97%.

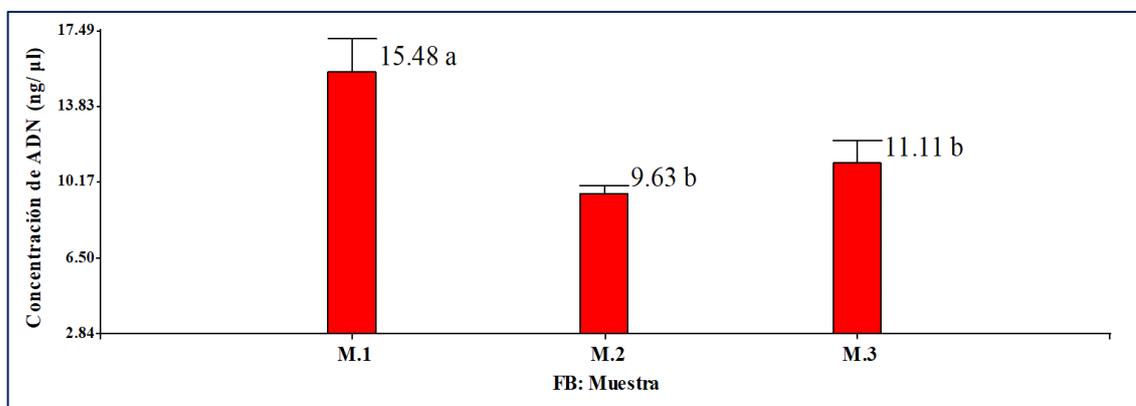


Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 68. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN ($ng/\mu l$) en los niveles del FA: Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN ($ng/\mu l$) (figura 68), señala que en la Zonal Alta se alcanzó el mayor promedio con 13.38 $ng/\mu l$ de ADN, siendo

estadísticamente igual al obtenido en la Zona Baja con 11.48 ng/ μ l de ADN y estadísticamente superior al promedio alcanzado en la Zona Media con 11.0 ng/ μ l de ADN.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 69. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) en los niveles del FB: Muestras.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) (figura 69), señala que con Muestra 1 se alcanzó el mayor promedio con 15.48 ng/ μ l de ADN, siendo estadísticamente superior a los promedios alcanzados en la Muestra 3 y en la Muestra 2 con promedios de 11.11 ng/ μ l y 9.63 ng/ μ l de ADN respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

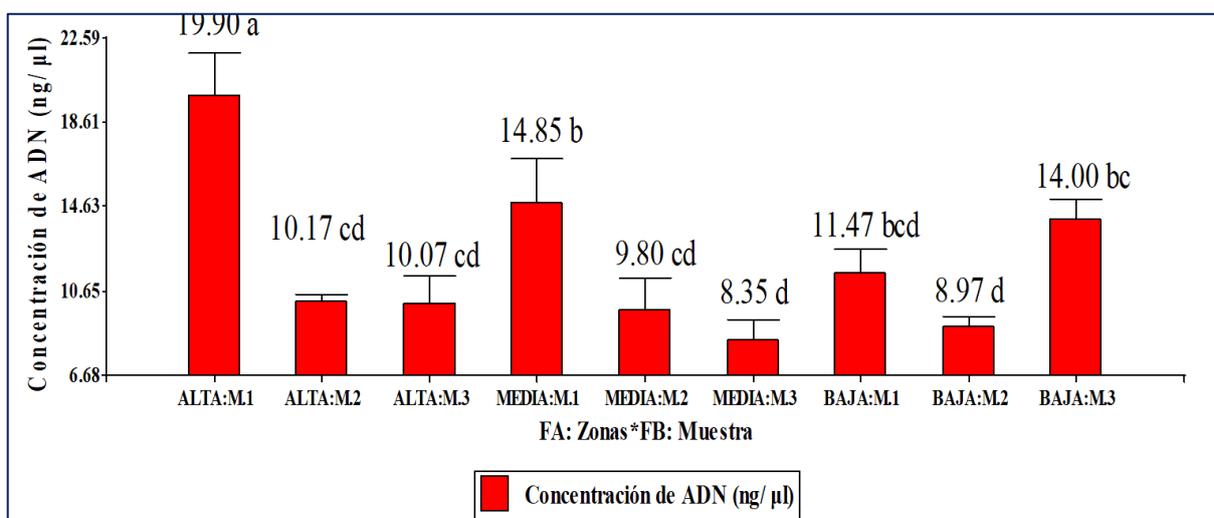


Figura 70. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN (ng/ μ l) por tratamiento (combinaciones).

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la concentración de ADN ($\text{ng}/\mu\text{l}$) (figura 70), señala que con la combinación Alta:M1 se obtuvo el mayor promedio con $19.90 \text{ ng}/\mu\text{l}$ de ADN, superando estadísticamente a las combinaciones Media:M1, Baja:M3, Baja:M1, Alta:M2, Alta:M3, Media:M2, Baja:M2 y Media:M3 con promedios de $14.85 \text{ ng}/\mu\text{l}$, $14.0 \text{ ng}/\mu\text{l}$, $11.47 \text{ ng}/\mu\text{l}$, $10.17 \text{ ng}/\mu\text{l}$, $10.07 \text{ ng}/\mu\text{l}$, $9.8 \text{ ng}/\mu\text{l}$, $8.97 \text{ ng}/\mu\text{l}$ y $8.35 \text{ ng}/\mu\text{l}$ de concentraciones de ADN respectivamente.

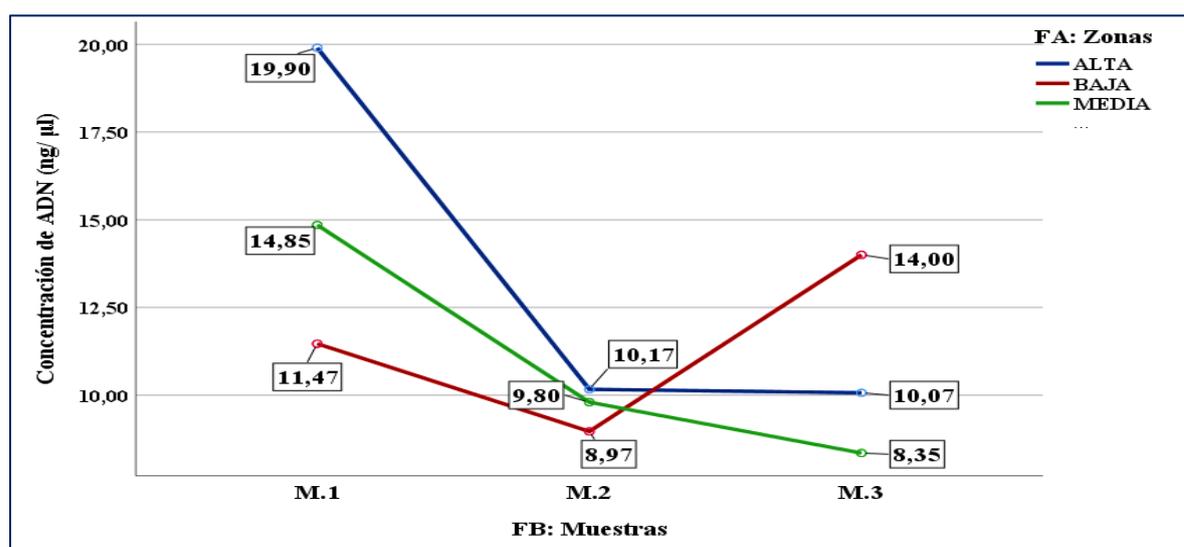


Figura 71. Efecto de la interacción de los promedios de la concentración de ADN ($\text{ng}/\mu\text{l}$) en las Zonas (FA) dentro de las Muestras (FB).

La figura 71, representa el comportamiento y tendencia de los promedios obtenidos en cada zona, respecto a las muestras y donde se observa que en las zonas Alta y Media los promedios obtenidos arrojaron valores ligeramente paralelos y superiores a la Zona Baja en la muestra M1 con $19.90 \text{ ng}/\mu\text{l}$ y $14.85 \text{ ng}/\mu\text{l}$, siguiendo una tendencia lineal negativa en la M2 con $10.17 \text{ ng}/\mu\text{l}$ y $9.8 \text{ ng}/\mu\text{l}$ y en la M3 con $10.07 \text{ ng}/\mu\text{l}$ y $8.35 \text{ ng}/\mu\text{l}$ de ADN respectivamente. Así mismo, los promedios obtenidos en las muestras de la Zona Baja, siguió esta similar tendencia hasta la M2 disminuyendo desde $11.47 \text{ ng}/\mu\text{l}$ hasta $8.97 \text{ ng}/\mu\text{l}$ de ADN, sin embargo, el promedio de la concentración de ADN en la M3 alcanzó su mayor valor con $14.0 \text{ ng}/\mu\text{l}$ de ADN, lo que determinaría en efecto alta significancia estadística para la interacción del FA: zonas x FB: muestra indicada en el ANVA (Tabla 56).

Anexo 11. Resultados de análisis de biodiversidad

Resumen de resultados para diversidad bacteriana

Los promedios obtenidos con el Índice Taxa_S fueron superiores en la zona baja, media y alta con 6 513.00, 6 450.67 y 6 595.67 de diversidad bacteriana respectivamente y estadísticamente superiores a los promedios obtenidos por los índices Shannon_H y Equitability_J.

La evaluación de la Diversidad bacteriana por Índice utilizado determinó respuestas estadísticamente iguales entre sí con promedios de 6. 450.67 hasta 6 595.67 para el índice Taxa_S, de 6.67 hasta 6.72 para el Índice Shannon_H, de 0.761 hasta 0.764 para el Índice Equitability_J, y de 13 000.00 hasta 13 366.67 para el Índice Chao_1 en las tres zonas respectivamente.

Resumen de resultados para la concentración de ADN (ng/ µl)

En la Zonal Alta se alcanzó el mayor promedio con 13.38 ng/ µl de ADN, superando estadísticamente al promedio alcanzado en la Zona Media con 11.0 ng/ µl de ADN. Así mismo, con la Muestra 1 se alcanzó el mayor promedio con 15.48 ng/ µl de ADN estadísticamente superior a los promedios de M2 y M3.

Se definió una tendencia general de disminución del promedio de la concentración de ADN (ng/ µl) en las zonas Alta y Media en las M1, M2 y M3 con 19.9 ng/ µl, 10.17 ng/ µl y 10.07 ng/ µl y 14.85, 9.8 ng/ µl y 8.35 ng/ µl de ADN respectivamente. Esta tendencia se observa en la Zona Baja desde la M1 hasta la M2 e incrementándose en la M3 con 11.47 ng/ µl, 8.97 y 14.0 ng/ µl de ADN respectivamente.

De los análisis estadísticos para los resultados de la caracterización del suelo del bosque de la biodiversidad de la UNSM tenemos que:

pH

En el caso del pH; el ANVA (Anexo 3), no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R² de 52% y un C.V. de 4.08%; a su vez, el test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de pH por tratamiento (figura 9), muestra que los promedios alcanzados por tratamiento resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 3.45, 3.73 y 3.69 de pH para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

M.O. (%)

Para materia orgánica M.O. (%); el ANVA (Anexo 3), no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R² de 23% y un C.V. de 29.15%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de M.O. por tratamiento (figura 10), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 3.89%, 3.87% y 2.91% de M.O. para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

% Arena

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arena por tratamiento (Figura 11), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 77%, 83% y 86.33% de arena para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

% de Limo

Para el limo el ANVA no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 43% y un C.V. de 32.82%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de limo por tratamiento (Figura 12), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 13.67%, 10.33% y 7.67% de limo para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

% Arcilla

En el caso de la arcilla el ANVA (Anexo 3), no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R^2 de 39% y un C.V. de 30.15%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios del % de arcilla por tratamiento (Figura 13), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 9.33%, 6.67% y 6.00% de arcilla para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

CIC

Para el CIC el ANVA (Anexo 3) determinó la no existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas) con un p-valor muy ajustado, con un R^2 de 62% y un C.V. de 20.94%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios CIC por tratamiento (Figura 14), muestra que los promedios alcanzados resultaron estadísticamente diferentes entre sí, donde con el tratamiento A (zona alta) se obtuvo promedio más alto con 8.48 de CIC superando

estadísticamente a los valores promedios de los tratamientos B (zona baja) y M (zona media), quienes arrojaron promedios de 5.76 y 5.23 de CIC respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Suma de bases

Para la Suma de bases el ANVA (Anexo 3), no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R² de 47% y un C.V. de 11.15%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la suma de bases por tratamiento (figura 15), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 1.22 meq/100g, 1.05 meq/100g y 1.00 meq/100g de suma de bases para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

% Saturación de bases

En Saturación de bases el ANVA (Anexo 3), no determinó la existencia de diferencias significativas entre tratamientos (zonas), con un R² de 34% y un C.V. de 21.35%.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de la suma de bases por tratamiento (figura 16), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 15%, 18% y 20% de saturación de bases para los tratamientos A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Resumen de resultados para diversidad bacteriana

Los promedios obtenidos con el Índice Taxa_S fueron superiores en la zona baja, media y alta con 6 513.00, 6 450.67 y 6 595.67 de diversidad bacteriana respectivamente y estadísticamente superiores a los promedios obtenidos por los índices Shannon_H y Equitability_J.

La evaluación de la Diversidad bacteriana por Índice utilizado determino respuestas estadísticamente iguales entre si con promedios de 6. 450.67 hasta 6 595.67 para el índice Taxa_S, de 6.67 hasta 6.72 para el Índice Shannon_H, de 0.761 hasta 0.764 para el Índice Equitability_J, y de 13 000.00 hasta 13 366.67 para el Índice Chao_1 en las tres zonas respectivamente.

Resumen de resultados para la concentración de ADN (ng/ µl)

En la Zonal Alta se alcanzó el mayor promedio con 13.38 ng/ µl de ADN, superando estadísticamente al promedio alcanzado en la Zona Media con 11.0 ng/ µl de ADN. Así mismo, con la Muestra 1 se alcanzó el mayor promedio con 15.48 ng/ µl de ADN estadísticamente superior a los promedios de M2 y M3.

Se definió una tendencia general de disminución del promedio de la concentración de ADN (ng/ µl) en las zonas Alta y Media en las M1, M2 y M3 con 19.9 ng/ µl, 10.17 ng/ µl y 10.07 ng/ µl y 14.85, 9.8 ng/ µl y 8.35 ng/ µl de ADN respectivamente. Esta tendencia se observa en la Zona Baja desde la M1 hasta la M2 e incrementándose en la M3 con 11.47 ng/ µl, 8.97 y 14.0 ng/ µl de ADN respectivamente.

Resumen de resultados para caracterización de los suelos

Los promedios de pH (extremadamente ácidos) y % de M.O. (alto) resultaron estadísticamente iguales entre sí, con pH de 3.45, 3.69 y 3.73 y 3.89%, 2.91% y 3.87% de M.O. en las zonas alta, media y baja respectivamente.

Las texturas predominantes en las zonas alta, media y baja fueron Franco arenoso (Fr.A.), Arena Franca (A.Fr.) y Arena Franca (A.Fr.) respectivamente, con porcentajes

estadísticamente iguales entre sí para los contenidos de Arena, Limo y Arcilla. El Mayor promedio de Arcilla en la zona alta determinó el mayor promedio de C.I.C. superior estadísticamente a las zonas baja y media) con 5.76 y 5.23 de CIC respectivamente. Sin embargo, los valores de C.I.C. son bajos debido a los altos porcentajes de Arena existente en cada zona (desde 69 hasta 89%).

La saturación de bases representa el porcentaje de los sitios de intercambio en el suelo ocupados por los iones básicos Ca, Mg, Na y K. La diferencia entre ese número y 100 es el porcentaje de los sitios de intercambio ocupados por cationes ácidos: Al y H. En la mayoría de las situaciones. Los promedios obtenidos resultaron bajos y estadísticamente iguales entre sí, con 15%, 18% y 20% de saturación de bases para las zonas alta, baja y media respectivamente.

Una saturación con bases relativamente alta (>60%) es deseable. El pH del suelo aumenta a medida que aumenta el porcentaje de saturación de bases, con saturaciones de base del 70% al 80% que representan suelos con pH >6.0. En tanto, los valores de pH fueron extremadamente ácidos, lo que justifica el bajo % de saturación y suma de bases para el presente estudio.

Estadística para Diversidad Bacteriana

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FA: Índices (figura 72), muestra que con el nivel **Taxa_S** se obtuvo el mayor promedio con 6519.78 superando estadísticamente a los promedios alcanzados por niveles **Shannon_H** y **Equitability_J** con 6.7 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

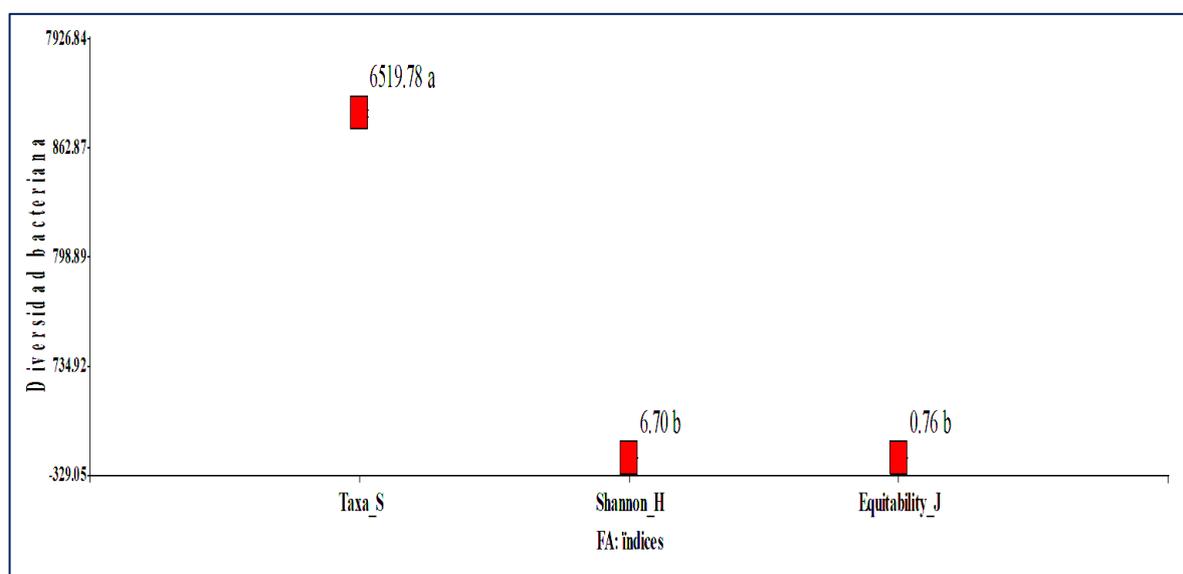


Figura 72. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FA: Índices.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas (figura 73), muestra que los promedios alcanzados por tratamientos (niveles) resultaron estadísticamente iguales entre sí, con 2201.05, 2152.70 y 2173.49 de diversidad bacteriana para los niveles A (zona alta), B (zona baja) y M (zona media) respectivamente
Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

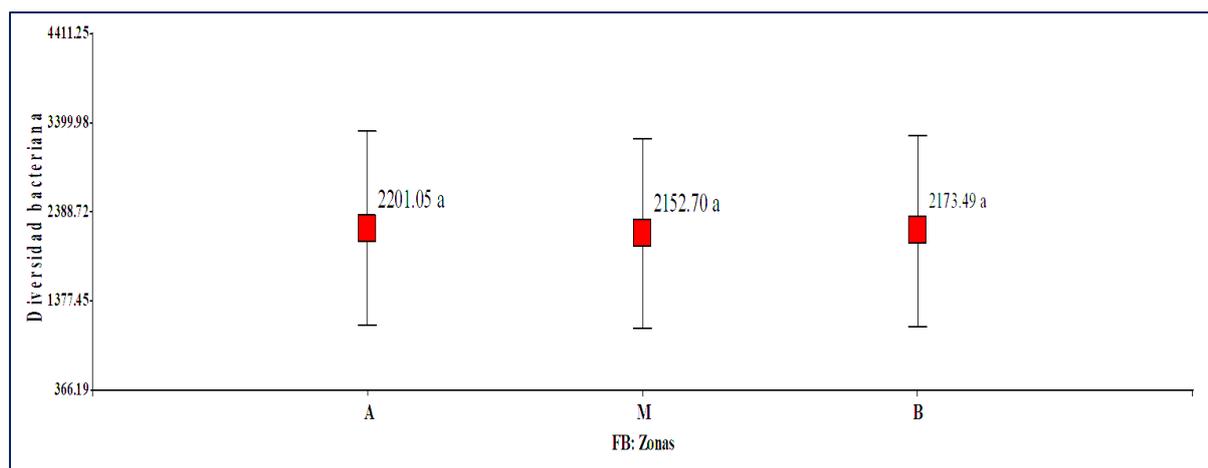
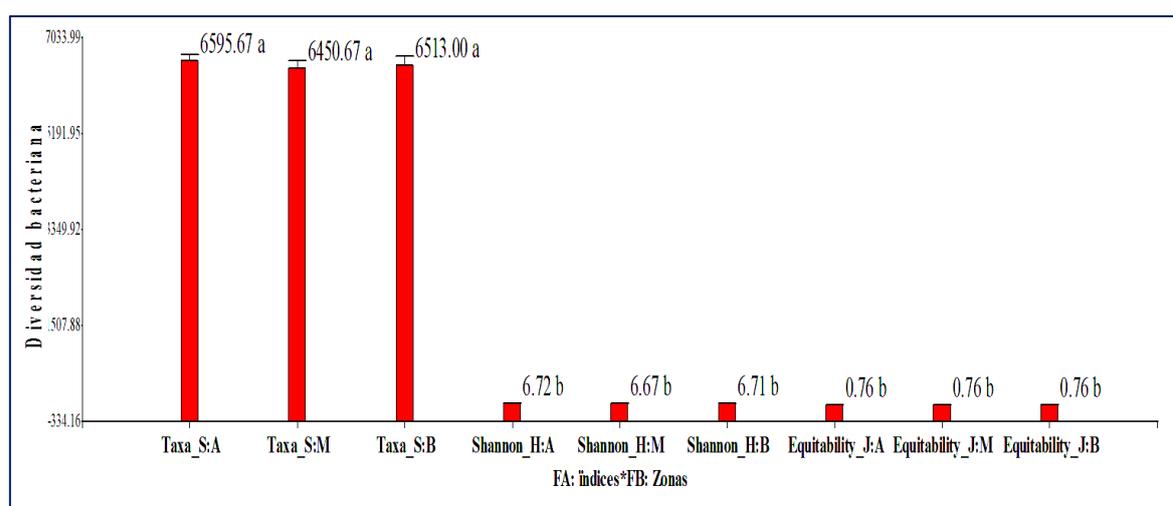


Figura 73. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles del FB: Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (figura 73), muestra que con el nivel **Taxa_S** en las tres zonas (Alta, Media y Baja) se obtuvieron los mayores promedios con 6595.67, 6450.67 y 6513.00 de diversidad bacteriana respectivamente, los cuales no difirieron estadísticamente entre sí, pero, estos si superaron estadísticamente a los promedios alcanzados por tratamientos niveles **Shannon_H Alta, Shannon_H Media, Shannon_H Baja, Equitability_J Alta, Equitability_J Media y Equitability_J Baja**, quienes arrojaron promedios de 6,72, 6,67, 6,71, 0,76, 0,76 y 0,76 de diversidad bacteriana respectivamente.



Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Figura 74. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana dentro de los niveles de la interacción del FA: Índices x FB: Zonas (9 tratamientos).

TEST DE DUNCAN POR ZONAS

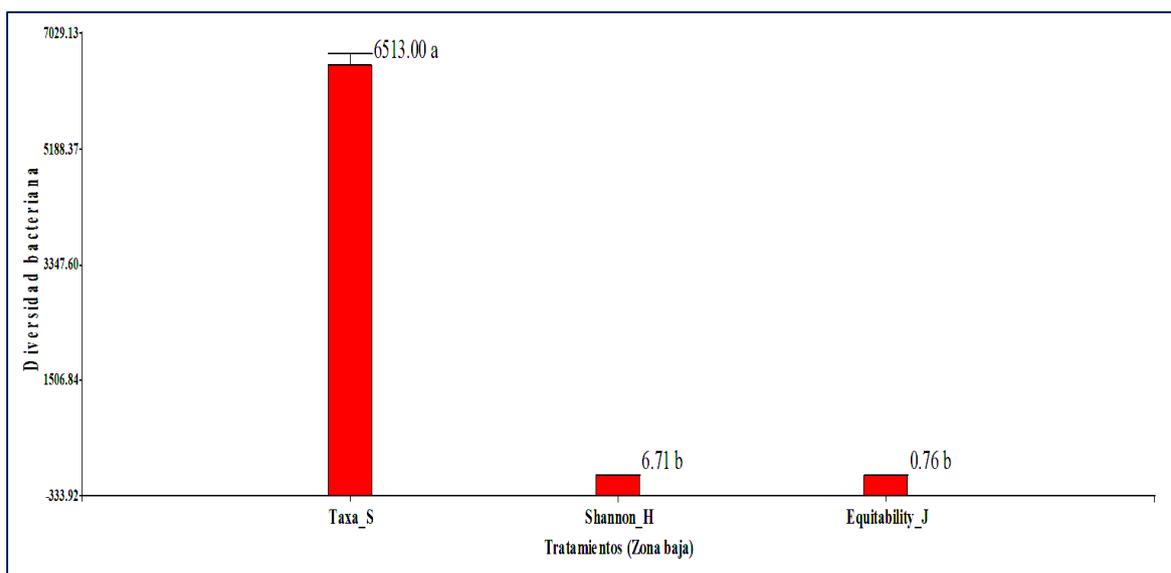


Figura 75. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Baja.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Baja (figura 75), muestra que con el índice Taxa_S se obtuvo el mayor promedio con 6 513.00 de diversidad bacteriana, superando estadísticamente a los promedios obtenidos con los índices Shannon_H y Equitability_J quienes arrojaron promedios de 6.71 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

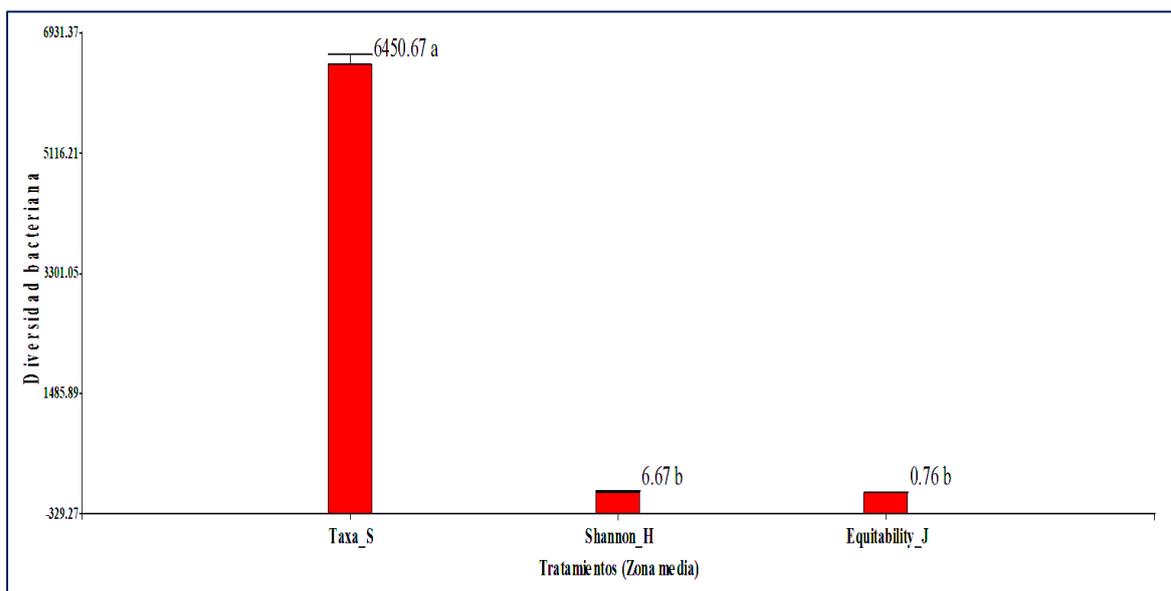


Figura 76. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Media.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Media (figura 76), muestra que con el índice Taxa_S se obtuvo el mayor promedio con 6 450.67 de diversidad bacteriana, superando estadísticamente a los promedios obtenidos con los índices Shannon_H y Equitability_J quienes arrojaron promedios de 6.67 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

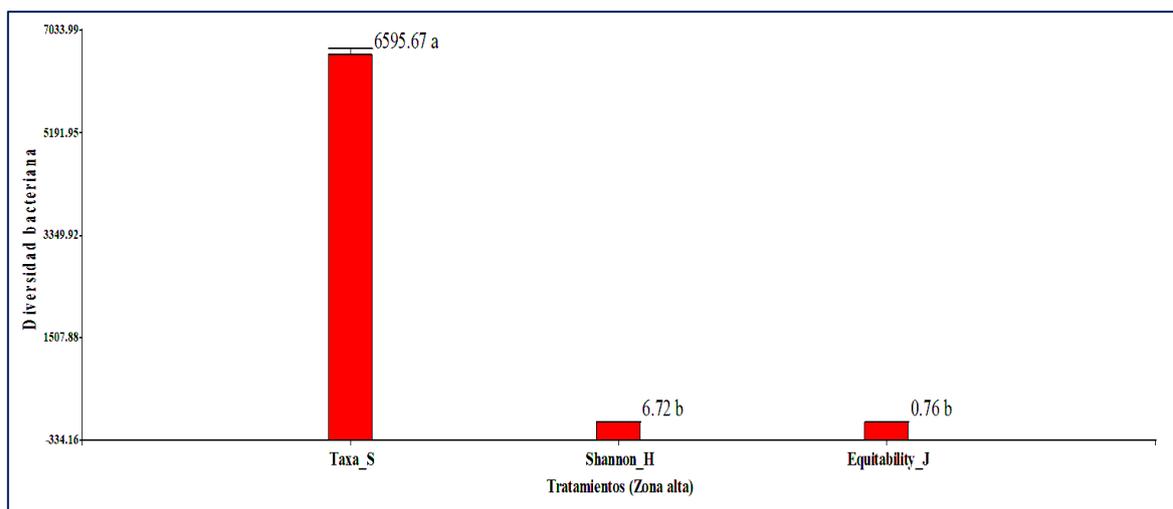


Figura 77. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Alta.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de tratamientos de diversidad bacteriana para Índices en la Zona Alta (figura 77), muestra que con el índice Taxa_S se obtuvo el mayor promedio con 6 595.67 de diversidad bacteriana, superando estadísticamente a los promedios obtenidos con los índices Shannon_H y Equitability_J quienes arrojaron promedios de 6.67 y 0.76 de diversidad bacteriana respectivamente.

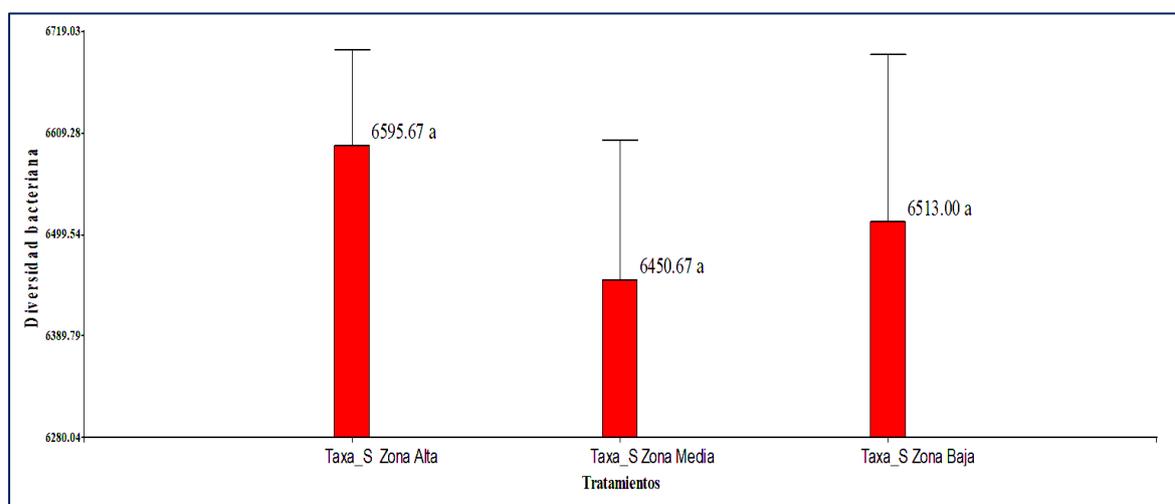


Figura 78. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Taxa_S por Zonas (figura 78), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 6 595.67, 6 513.00 y 6 450.67 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

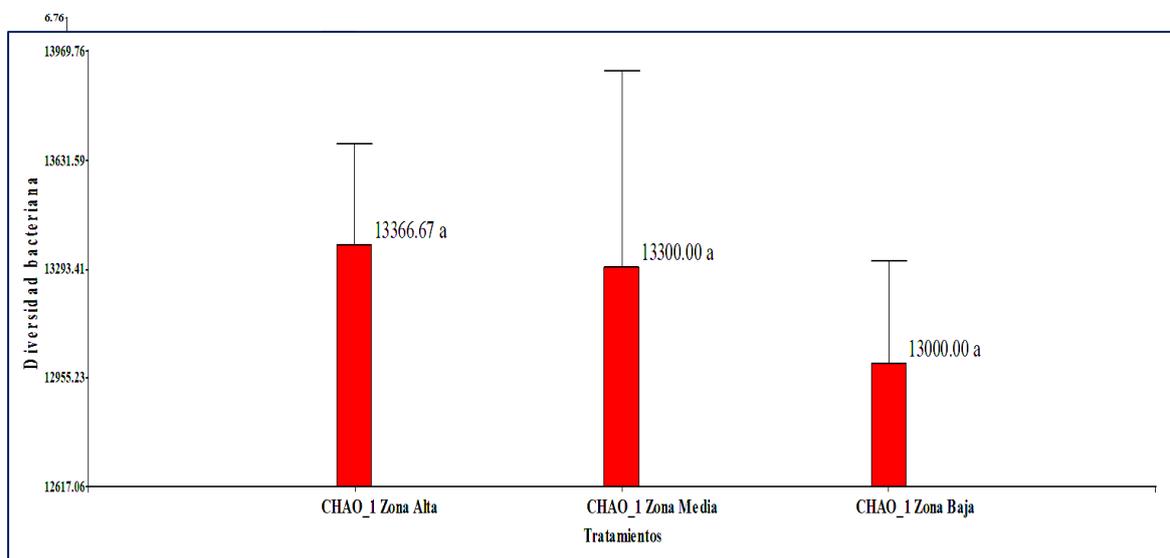


Figura 79. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Shannon_H por Zonas (figura 79), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 6.72, 6.71 y 6.67 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.

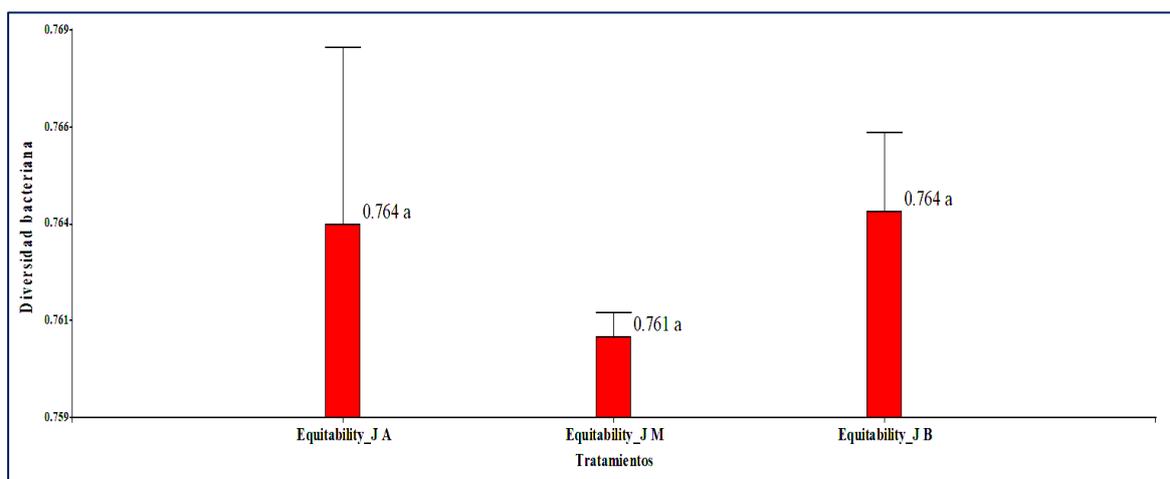


Figura 80. Test de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas.

El test de Duncan ($p < 0.05$) para promedios de diversidad bacteriana para el Índice Equitability_J por Zonas (figura 80), muestra que los promedios obtenidos en las tres zonas resultaron estadísticamente iguales entre sí, con promedios de 0.764, 0.764 y 0.761 de diversidad bacteriana en la zonas Alta, Baja y Media respectivamente.