



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

Unidad Regional Universitaria de Zonas

Maestría en Ciencias en Recursos Naturales y Medio Ambiente
En Zonas Áridas

**EFFECTO DE LOS MÉTODOS DE LABRANZA SOBRE LA
COMPOSICIÓN Y METABOLISMO DE LA MICROBIOTA Y
LAS PROPIEDADES FISICOQUÍMICAS DEL SUELO EN
EL ALTIPLANO POTOSINO**

TESIS

Que como requisito parcial para obtener el grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS EN RECURSOS NATURALES Y
MEDIO AMBIENTE EN ZONAS ÁRIDAS**

PRESENTA

KASSANDRA SANTELLANEZ ARREOLA

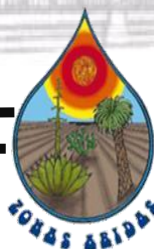
Bajo la dirección de:

DR. JESÚS GUADALUPE ARREOLA ÁVILA

Bermejillo, Dgo. México, Junio 2022



APROBADA



inifap

Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Tesis realizada por Kassandra Santellanez Arreola bajo la supervisión del Comité Asesor asignado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

Maestro en ciencias en Recursos Naturales y Medio Ambiente en Zonas Áridas

DIRECTOR:


Dr. Jesús Guadalupe Arreola Ávila

CO-DIRECTORA:


Dra. Erika Nava Reyna

ASESOR:


Dr. Ricardo Trejo Calzada

ASESOR:


Dra. María Cristina García de la Peña

ASESOR:


Dr. Armando López Santos

CONTENIDO

ABREVIATURAS USADAS	vii
DEDICATORIAS	ix
AGRADECIMIENTOS	x
DATOS BIOGRÁFICOS.....	xi
RESUMEN GENERAL	xii
ABSTRACT	xiii
CAPITULO I	14
INTRODUCCIÓN GENERAL	14
1.1.Objetivos	17
1.1.1.Objetivo general.....	17
1.1.2.Objetivos específicos.	17
1.2. Hipótesis.....	18
CAPITULO II	19
REVISIÓN DE LITERATURA.....	19
2.1.El suelo como agroecosistema y su capacidad de secuestrar carbono	19
2.2.Efecto de las prácticas de agrícolas sobre las propiedades edáficas	20
2.2.1.Respuesta en las características fisicoquímicas a la agricultura de conservación.....	21
2.2.2.Influencia de la fertilización en la comunidad microbiana	22
2.3.Agricultura de conservación y el rendimiento de los cultivos	26
2.4.Características del estado de San Luis Potosí.....	27
2.5. Problemática del uso de labranza de convencional y su efecto en suelos Potosinos.	28
2.6.El efecto potencial de la agricultura de conservación en suelos Potosinos.	30
2.7.Las ciencias ómicas y su relación con los microorganismos del suelo	31
2.8. LITERATURA CITADA.....	32

CAPITULO III	47
IMPACTO DE DIFERENTES MÉTODOS DE LABRANZA SOBRE LA MICROBIOTA DEL SUELO EN EL NORTE-CENTRO DE MEXICO	47
RESUMEN	47
ABSTRACT	48
3.1. INTRODUCCIÓN	49
3.2. MATERIALES Y MÉTODOS	50
3.2.1.Área de estudio	50
3.2.2.Muestreo de suelos.....	51
3.2.3.Análisis de variables químicas y biológicas	52
3.2.4.Estudio de las comunidades bacterianas del suelo	52
3.2.5.Análisis estadístico	53
3.3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	55
3.3.1.Resultados	55
Variables químicas y biológicas del suelo.....	55
Abundancia de taxa bacterianos.....	58
Análisis estadístico	61
3.3.2.Discusión	62
3.4. CONCLUSIONES.....	68
3.5. LITERATURA CITADA.....	69

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Descripción de tratamientos.....	51
Cuadro 2. Características químicas y biológicas de suelo, bajo diferentes labranzas. valores medios y desviación estándar ($\pm$) gl= grados de libertad, los números en negritas indican diferencias significativas ($p < 0.05$).	56
Cuadro 3. Número de secuencias obtenidas para cada tratamiento de muestras de suelo	59

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Análisis de componentes principales (PCA) de las comunidades microbianas en las 18 muestras de suelo bajo seis tipos de labranza.....	58
Figura 2. Representación gráfica de los OTUs bacterianos, asíntota cerca de las 10, 000 secuencias.	59
Figura 3. a) Abundancia relativa de los principales phyla, b) Mapa de calor de los principales géneros.....	60
Figura 4. Análisis de redundancia de los phyla más abundantes y las propiedades del suelo en las 18 muestras de suelo bajo seis tipos de labranza.....	62

ABREVIATURAS USADAS

ABREVIATURA	PALABRA
AC	Agr�cultura de conservaci�n
ACT	Actinomicetos
B-gal	B-galactosidasa
BAC	Bacterias
BMS	Biomasa microbiana del suelo
BS	Secuencias bacterianas
C	Carbono
CA	Conventional agriculture
CE	Conductividad electrica
COS	Carbono org�nico del suelo
CO₂	Di�xido de carbono
Cmic	Carbono microbiano
CT	Carbono total
DE-PSRG	Prote�nas del suelo relacionadas con la glomalina dif�cilmente extra�ble
EC	Electrical conductivity
FE-PSRG	Prote�nas del suelo relacionadas con la glomalina, f�cilmente extrah�ble
FUN	Fungal colony
GRSP	Glomalin-related soil protein
HON	Hongos
HMA	Hongos micorr�zicos arbusculares
LC	Labranza convencional
MOS	Materia org�nica del suelo

N	Nitrógeno
OTUs	Operational taxonomic units
P	Fósforo
PCA	Análisis de componentes principales
Ph	Potencial hidrógeno (hydrogen potential)
POX	Peroxidase
PPO	Polifenoloxidasas
QE	Quimeras descartadas
PSRG	Proteínas del suelo relacionadas con la glomalina
RDA	Análisis de redundancia (redundancy analysis)
REN	Rendimiento
SC	Secuencias de calidad
T-PSRG	Proteínas del suelo relacionadas con la glomalina, total
UFC	Unidades formadoras de colonias
YLD	Yield

DEDICATORIAS

A todas las personas que han estado a mi lado a lo largo de mi vida, que además de ayudarme a crecer como estudiante me han ayudado a crecer como ser humano.

A familia por ser mi respaldo y mi motivación.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la oportunidad de ser parte de un posgrado de calidad, mediante el financiamiento otorgado a través del Programa de Becas Nacionales.

A la Universidad Autónoma Chapingo, es especial al Programa de Posgrado en Recursos Naturales y Medio Ambiente en Zonas Áridas, de la Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas (URUZA), por haberme brindado la oportunidad de ser una estudiante de la institución.

A los miembros del Comité Asesor: Dra. Erika Nava Reyna, Dr. Jesús Guadalupe Arreola Ávila, Dr. Ricardo Trejo Calzada, Dra. Cristina García de la Peña y, por su apoyo a lo largo del proyecto, su paciencia y enseñanza. Al Dr. Miguel Ángel Martínez Gamiño porque su colaboración fue parte crucial y su apoyo a distancia.

A mis padres, por todo lo que han hecho por mí, por ayudarme a ser una mejor persona, por su amor incondicional y por ser los mejores padres del mundo. A mis hermanos, por formar parte de mi vida y enseñarme que las diferencias nos unen.

A todas las personas que me ayudaron de una u otra forma, por su apoyo y por creer en mí.

DATOS BIOGRÁFICOS

Datos personales

Nombre: Kassandra Santellanez Arreola
Fecha de nacimiento: 11 de junio de 1996
Lugar de nacimiento: Nacozari, Sonora.
CURP: SAAK960611MSRNR08

Profesión: Ingeniero en Biotecnología

Cédula: 12835998



Desarrollo académico

Media superior: Centro de Estudios Tecnológicos Industrial y de Servicios No. 47 (2011-2014), Gómez Palacio, Durango.

Licenciatura: Ingeniero en Biotecnología, Universidad Politécnica de Gómez Palacio (2014-2017), Gómez Palacio, Durango.

Desarrollo científico

Reyna, E. N., García, V. C., Barrios, J. L. G., Martínez, M. I. S., Rivera, A. Y. G., **Arreola, K. S.**, ... & Villalobos, J. A. M. (2017). Efecto de la aplicación de composta y vermicomposta en el potencial de secuestro de carbono de suelos agrícolas del norte-centro de México. *Agrofaz: publicación semestral de investigación científica*, 17(2), 137-147.

Nava-Reyna, E., Martinez-Gamiño, M. A., Constante-García, V., Rosario Jacobo-Salcedo, M.R., **Santellanez-Arreola, K.** (2019) Agricultura de conservación como estrategia para incrementar el carbono recalcitrante en el suelo. In IV Congreso Internacional y XV Congreso Nacional sobre Recursos Bióticos de Zonas Áridas (p. 210).

RESUMEN GENERAL

EFFECTO DE LOS MÉTODOS DE LABRANZA SOBRE LA COMPOSICIÓN Y METABOLISMO DE LA MICROBIOTA Y LAS PROPIEDADES FÍSICOQUÍMICAS DEL SUELO EN EL ALTIPLANO POTOSINO

El manejo del suelo en los sistemas agrícolas afecta sus propiedades físicas, químicas y biológicas. Por lo tanto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar el impacto de la agricultura de conservación (AC) sobre la abundancia de microorganismos del suelo y su relación con los parámetros fisicoquímicos y biológicos del suelo en un sistema maíz-trigo-triticale en el noreste de México. Se evaluaron seis métodos diferentes de labranza. Las principales variables ambientales afectadas por el tipo de labranza son el potencial de hidrógeno (pH), la conductividad eléctrica (CE), el rendimiento (REN), las unidades formadoras de colonias de hongos (HON) y las proteínas del suelo relacionadas con glomalina (PSRG). En cuanto a la diversidad bacteriana, se registraron 24 phyla y 733 géneros. Proteobacteria y Planctomycetes fueron los phyla más abundantes en suelos con alto contenido de PSRG, mayor HON y REN, variables relacionadas con AC, mientras que Actinobacteria, Saccharibacteria_TM7 y Cyanobacteria se relacionan con valores más altos de pH y EC, parámetros vinculados con la labranza convencional. En cuanto a los géneros, *Pseudarthrobacter*, *Rubellimicrobium*, *Blastococcus* y *Rhizobium* fueron más abundantes en los tratamientos de labranza convencional. Por su parte, los géneros *Hyphomicrobium*, *Mesorhizobium*, *Mycobacterium*, GQ263104_g, FM253654_g, *Gemmata*, *Amaricoccus*, *Pedomicrobium*, *Bradyrhizobium*, AF370880_g y *Reyranella* presentaron una mayor abundancia relativa en suelos bajo AC a largo y corto plazo. De acuerdo con el análisis de redundancia (RDA), existe una relación significativa entre las variables ambientales y los principales phyla encontrados bajo los distintos tratamientos ($F = 1.8191$, g.l. = 7, $P = 0.036$). Por lo tanto, las bacterias del suelo están influenciadas por las prácticas de labranza, donde la AC favorece la abundancia de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal y la fertilidad del suelo y, en consecuencia, aumenta el rendimiento de los cultivos.

Palabras clave: Labranza de conservación, microbiota del suelo, fertilidad del suelo.

Tesis de Maestría en Ciencias en Recursos Naturales y Medio Ambiente en Zonas Áridas, Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas, Universidad Autónoma Chapingo

Autor: Kassandra Santellanez Arreola

Director de tesis: Jesús Guadalupe Arreola Ávila

ABSTRACT

EFFECT OF TILLAGE METHODS ON THE COMPOSITION AND METABOLISM OF MICROBIOTA AND PHYSICOCHEMICAL PROPERTIES OF SOIL IN THE ALTIPLANO POTOSINO

Soil management in agricultural systems affects its physical, chemical, and biological properties. Therefore, the present study aimed to evaluate the impact of conservation agriculture (CA) on the abundance of soil microorganisms and their relationship with soil physicochemical and biological parameters in a corn-wheat-triticale system in northeastern Mexico. Six different tillage methods were evaluated. The main environmental variables affected by the type of tillage were hydrogen potential (pH), electrical conductivity (EC), yield (YLD), fungal colony-forming units (FUN), and glomalin-related soil protein (GRSP). Regarding bacterial diversity, 24 phyla and 733 genera were recorded. Proteobacteria and Planctomycetes phyla were more abundant in soils with high GRSP content, higher FUN and YLD, variables related to CA, while Actinobacteria, Saccharibacteria_TM7, and Cyanobacteria were related to higher pH and EC values, parameters linked to soils under conventional tillage. Moreover, *Pseudarthrobacter*, *Rubellimicrobium*, *Blastococcus*, and *Rhizobium* genera were more abundant in conventional tillage treatments. On the other hand, *Hyphomicrobium*, *Mesorhizobium*, *Mycobacterium*, GQ263104_g, FM253654_g, *Gemmata*, *Amaricoccus*, *Pedomicrobium*, *Bradyrhizobium*, AF370880_g, and *Reyranella* showed higher relative abundance in soils under long and short-term CA. According to the redundancy analysis (RDA), there is a significant relationship between environmental variables and the main phyla found under different treatments ($F = 1.8191$, g.l. = 7, $P = 0.036$). Therefore, soil bacteria were influenced by tillage practices, where CA favors the abundance of plant growth-promoting rhizobacteria and soil fertility and, consequently, increasing crop yield.

Keywords: Conservation tillage, soil microbiota, soil fertility.

Magister Thesis, Posgraduate in Recursos Naturales y Medio Ambiente en Zonas Áridas, Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas, Universidad Autónoma Chapingo

Author: Kassandra Santellanez Arreola

Advisor: Jesús Guadalupe Arreola Ávila

CAPITULO I

INTRODUCCIÓN GENERAL

El secuestro de carbono (C) en los agroecosistemas, especialmente en suelos agrícolas, es una opción importante para mitigar el cambio climático (Jacobson, 2009). Más aún, el agotamiento de carbono orgánico del suelo (COS) provoca un descenso en la productividad de los agroecosistemas, y debido al descenso en los niveles de COS, los agroecosistemas secuestran menos dióxido de carbono (CO₂) proveniente de la atmósfera. Así, el proceso de secuestro de CO₂ atmosférico permitiría mejorar la reserva de COS y compensar las emisiones antropogénicas, al igual que beneficiar la productividad agrícola, ya que las reservas terrestres de C (suelo y biota) son componentes significativos del ciclo del carbono (Lal, 2011; López-Blanco *et al.*, 2019). En los agroecosistemas, la reserva de COS en los suelos es determinada por las características climáticas, edafológicas y del terreno, así como el manejo del suelo (Lal, 2004).

Cabe mencionar que los procesos que conducen al agotamiento de la reserva de COS son por ejemplo la deforestación, la quema de biomasa y, por consiguiente a la erosión del suelo, que crean una gran deuda de carbono (Fargione *et al.*, 2008). Por lo tanto, aumentar la concentración de COS en estos suelos es esencial para mejorar su calidad a través de impactos positivos en procesos como el aumento en la agregación del suelo y la estabilidad de los agregados, mejoras en la porosidad (Lal, 2018), la disminución de las pérdidas de agua del suelo a través del aumento de la tasa de infiltración del agua y la reducción de la evaporación, el aumento de la capacidad de intercambio catiónico y aniónico del suelo y el incremento del C de la biomasa microbiana del suelo (BMS), junto con la actividad y diversidad de especies de la biota del suelo (D'Hose *et al.*, 2018; Lawrinenko & Laird, 2015).

Es posible determinar calidad del suelo a través de indicadores fisicoquímicos y biológicos. La BMS representa un pequeño porcentaje de la masa del suelo y es

una fracción lábil con un papel notable en los procesos relacionados a la materia orgánica del suelo (MOS). La BMS es considerada como un precursor para la transformación de la MOS y propicia la producción de carbono microbiano (Cmic), el cual es fundamental en la formación de agregados del suelo (Zhang *et al.*, 2017; Zuber & Villamil, 2016). De esta manera, la mineralización ayuda como indicador de calidad del recurso edáfico y es causada por la respiración basal, la cual representa la oxidación de la MOS por organismos aeróbicos del suelo mediante procesos metabólicos que descomponen moléculas orgánicas para liberar energía, agua y CO₂ en una célula (Guerrero *et al.*, 2012).

Por otro lado, los microorganismos, plantas y animales producen las enzimas del suelo, y pueden estar presentes en células muertas y restos celulares que son adsorbidos por arcillas e incorporados en forma de sustancias húmicas (Uribe *et al.*, 2014). Las enzimas intervienen en la mayoría de los procesos que tienen lugar en el suelo y las funciones que realizan son de gran relevancia. Además, son responsables de la formación de moléculas orgánicas y particularmente tienen una participación significativa en los ciclos biogeoquímicos, cumpliendo un papel activo en procesos como la mineralización, inmovilización de nutrientes y fijación biológica de nitrógeno, entre otros (Guerrero *et al.*, 2012; Hernández-Vigoa *et al.*, 2018).

Es así como los indicadores biológicos explican procesos microbianos que ocurren en el suelo, lo cual permite evaluar la actividad metabólica y, de esta forma, entender la funcionalidad del suelo. La diversidad funcional se basa en el conjunto de capacidades metabólicas presentes en un ambiente, y expresa su actividad fisiológica dentro del ecosistema, en forma de un conjunto de características de los organismos que influyen en las propiedades del ecosistema (Escalas *et al.*, 2019). Esta definición sugiere que un ecosistema con una alta diversidad funcional es más eficiente en términos de productividad, resiliencia y resistencia (Gazol & Camarero, 2016). De esta manera, dentro del sistema edáfico ocurren interacciones del suelo y la microbiota, que afectan la productividad de los cultivos (Cid & Carmona, 2014). Así, la medición del impacto

en la salud del suelo es factible a través de sus parámetros fisicoquímicos y biológicos como una manifestación del manejo al que es sometido (Yin *et al.*, 2018).

La perturbación del suelo además de modificar su estabilidad, repercute en los microorganismos. Particularmente, la modificación de la biomasa microbiana en el suelo afecta la disposición y descomposición de residuos vegetales, la tasa de mineralización de la MOS y los procesos de humificación (Cheng *et al.*, 2017). Las prácticas de manejo y uso indiscriminado del suelo como recurso, también pueden aumentar las emisiones contaminantes.

El tipo de labranza influencia en gran medida en la calidad y la degradación del suelo (Liebig *et al.*, 2004). Las prácticas convencionales de manejo del suelo tienen efectos negativos sobre la calidad y el equilibrio del mismo a largo plazo, entre los cuales se encuentran la erosión, la pérdida de MOS y nutrientes, la degradación de la estructura del suelo, la influencia en la existencia de microorganismos del suelo, e incluso la emisión CO₂ (Abdalla *et al.*, 2016; Zuber & Villamil, 2016). En las prácticas de manejo convencional, al romper el suelo se produce una aceleración en los procesos de descomposición del C orgánico, a causa de la oxidación prematura de la MOS. En contraste, el empleo de agricultura de conservación puede resultar beneficioso para la distribución de la MOS en el perfil del suelo, que posteriormente da como resultado un alto C disponible, el cual mejora la agregación del suelo y las funciones del ecosistema (Jat *et al.*, 2018). Los cambios en la composición de los agregados del suelo podrían llevar a cambios reflejados por el tamaño, la diversidad y la actividad enzimática de la comunidad microbiana (García *et al.*, 2018). Por lo tanto, aumentar las reservas de C del suelo y del ecosistema es crucial para mejorar la calidad del suelo. (Searchinger *et al.*, 2008).

Por otro lado, la agricultura de conservación (AC), se emplea con el objetivo principal de reducir los efectos negativos de las prácticas convencionales del uso de suelo (Willekens *et al.*, 2014). La AC incluye el uso de tecnologías de producción que garanticen la reducción de emisiones de C mediante su secuestro

in situ, tales como la labranza de conservación, donde destaca la labranza cero. Estas prácticas pueden mejorar la estructura del suelo, incrementar su fertilidad y conservar su humedad (Cueto *et al.* 2005). En este sentido, la labranza cero se inicia principalmente para proteger los suelos de la erosión, conservar la humedad y reducir los costos de producción, además de que se asocia con beneficios ambientales adicionales, incluida una biota del suelo más abundante (Ogle *et al.*, 2019; Peixoto *et al.*, 2020), a diferencia de la labranza convencional que no solo aumenta la erosión del suelo, sino que también ha provocado una reducción de su fertilidad (Zhang *et al.*, 2016). Además de su influencia en los componentes del suelo, las técnicas de conservación basadas en las diferentes actividades de labranza y cobertura vegetal, funcionan como estrategias para aumentar la sustentabilidad de los sistemas agrícolas (FAO, 2015).

Por lo anterior, la creciente preocupación por el calentamiento global ha impulsado la investigación sobre el secuestro de carbono en los agroecosistemas y la importancia de la intensidad de la labranza en la estructura del suelo y la dinámica de la materia orgánica del suelo (Drijber *et al.*, 2000). No obstante, la influencia de la AC sobre las poblaciones microbianas de la rizósfera del suelo ha sido poco explorada, además de que depende de condiciones como el tipo de cultivo, riego, clima, entre otros, por lo que tiene que ser estudiado para evaluar su papel en el equilibrio de los sistemas de producción.

1.1. Objetivos

1.1.1. Objetivo general

Evaluar la respuesta a largo plazo de métodos de labranza de conservación y métodos convencionales sobre las comunidades microbianas y las propiedades del suelo en el norte-centro de México.

1.1.2. Objetivos específicos.

- Comparar el efecto acumulado de 25 años de distintas prácticas de labranza sobre las propiedades químicas y biológicas del suelo.

- Determinar el impacto a largo plazo de los diferentes métodos de labranza sobre la abundancia y diversidad del bacterioma de la rizosfera del sistema maíz-trigo-triticale.

1.2. Hipótesis

La labranza de conservación favorece la biodiversidad, abundancia y el metabolismo de las comunidades microbianas del suelo, así como su fertilidad.

CAPITULO II

REVISIÓN DE LITERATURA

2.1.El suelo como agroecosistema y su capacidad de secuestrar carbono

Las actividades antropogénicas han llevado a un incremento en la concentración atmosférica de dióxido de carbono CO₂, de 280 ppm en la era preindustrial a casi 400 ppm actualmente (Braathen *et al.*, 2009). Existe un paralelo bien definido entre el aumento de las concentraciones de CO₂ y el aumento de la quema de combustibles fósiles por parte del hombre (Visser *et al.*, 2016). Más aún, un factor clave del cambio climático es la concentración de CO₂ atmosférico, que se ha demostrado que modula la temperatura de la superficie terrestre y del agua a través del "efecto invernadero" (IPCC, 2012). Algunos efectos del calentamiento global desde 1880 abarcan la reducción de la capa de nieve terrestre y ártica (Post *et al.*, 2009), el aumento del nivel del mar (IPCC, 2007a; Rahmstorf, 2007), la disminución del rendimiento de los cultivos (Schlenker & Roberts, 2009) y la reducción de los servicios ecosistémicos (Walker *et al.*, 2009), además de sequías y cambios en la biodiversidad (IPCC, 2007b). Es por eso que surgió la necesidad de formular estrategias de mitigación de emisiones de CO₂, y en sistemas agrícolas, una gran opción es el secuestro de carbono en el suelo. Las prácticas de manejo y uso de suelo indiscriminadas e inapropiadas (deforestación, operaciones de labranza, remoción de residuos, exceso de fertilizantes y pesticidas) también pueden potenciar las emisiones de CO₂ (Searchinger *et al.*, 2008). Además, el uso de tales prácticas y la eliminación de residuos de cultivos para otros usos agravan la pérdida de COS en el suelo (Molina *et al.*, 2009).

El secuestro de COS se define como "el proceso de transferir CO₂ de la atmósfera al suelo a través de plantas, residuos de plantas y otros sólidos orgánicos, que se almacenan y retienen en la unidad como parte de la materia orgánica del suelo (humus)" (Lal *et al.*, 2015). El tiempo de retención del carbono secuestrado en el

suelo puede variar desde almacenamiento a corto plazo que es liberado inmediatamente a la atmósfera(carbono lábil) hasta almacenamiento a largo plazo que dura milenios (carbono recalcitrante) (Olson *et al.*, 2014). Los objetivos principales del secuestro de C del suelo incluyen aumentar la concentración de COS, restaurar la calidad del suelo y sus funciones ecosistémicas y servicios, mejorar la capacidad de retención de agua y nutrientes y aumentar y sostener la productividad agronómica (Lal, 2008). De esta manera, aumentar las reservas de C del suelo y del ecosistema es esencial para mejorar la calidad del suelo, el agua y otros recursos naturales. Watson *et al.* (2000), describieron las prácticas de gestión agrícola recomendadas para la mitigación del cambio climático. Pacala & Socolow (2018) enumeraron varias "cuñas terrestres" con una capacidad de sumidero de alrededor de 1000 millones de toneladas de C/año cada una hasta 2050. Estas cuñas terrestres incluían forestación, plantaciones de biocombustibles para energía y labranza cero o sistemas de labranza de conservación. La adopción de prácticas de gestión puede conducir a la disminución del CO₂ atmosférico a través de la fotosíntesis y su almacenamiento seguro y a largo plazo en la biosfera terrestre, especialmente en los suelos y la biota (Lal, 2011; Smith *et al.*, 2008).

2.2. Efecto de las prácticas de agrícolas sobre las propiedades edáficas

Los contenidos más bajos de COS en los suelos superficiales labrados en comparación con los no labrados a menudo se han atribuido a mayores emisiones de CO₂ en los primeros, especialmente después de las operaciones de labranza, ya que el carbono se mezclaría con el suelo y el suelo se airearía (Guardia *et al.*, 2016). Sin embargo, más emisiones de CO₂ del arado de vertedera que de los suelos sin labranza generalmente se basan en flujos a corto plazo (generalmente durante una temporada de crecimiento), pero no necesariamente sobre una base anual (Yang *et al.*, 2018).

Se ha propuesto la incorporación de abono verde y/o residuos de cultivos como sistemas de cultivo alternativos para reducir la pérdida de COS (Turmel *et al.*, 2015). Sin embargo, estas prácticas son relativamente recientes y la mayoría de

los estudios sobre el efecto de la incorporación de residuos de cultivos en el COS se han realizado en escalas de tiempo relativamente cortas, generalmente durante una o dos décadas. Por lo tanto, el efecto a largo plazo de la incorporación de residuos de cultivos todavía está en discusión (Liu *et al.*, 2014; Powlson *et al.*, 2011). Las comunidades biológicas del suelo son especialmente sensibles a las prácticas agrícolas que sustentan el COS (Lehman *et al.*, 2015), ya que el COS del suelo es su principal sustrato de alimentación. Cabe mencionar que los procesos biológicos son cruciales para el mantenimiento de la fertilidad del suelo debido a su papel en el ciclo de nutrientes. Por ejemplo, la biota del suelo juega un papel importante en la mineralización de la MOS, en la fijación de nitrógeno atmosférico o en la reducción de las pérdidas de nutrientes al inmovilizar temporalmente los nutrientes en la biomasa (Blanchet *et al.*, 2016). Como consecuencia, las comunidades biológicas diversificadas en los agroecosistemas pueden ofrecer una gama de servicios ecológicos que, en última instancia, mejoran la sostenibilidad de la producción de cultivos (Lichtenberg *et al.*, 2017). Sin embargo, las prácticas agrícolas intensivas en los sistemas agrícolas convencionales impactan negativamente en las comunidades biológicas del suelo de los agroecosistemas debido a la perturbación inducida por los fertilizantes químicos, las medidas de control de plagas o la labranza del suelo (Chavarria *et al.*, 2018).

2.2.1. Respuesta en las características fisicoquímicas a la agricultura de conservación

La materia orgánica del suelo es también el reservorio terrestre más importante para el secuestro de C (McCorkle *et al.*, 2016) y, por lo tanto, su presencia es importante para la mitigación del cambio climático (Zomer *et al.*, 2016). La tasa de descomposición de la MOS está influenciada por factores como la composición química y la estructura molecular de la MOS (Kögel-Knabner, 2017), la protección física de MOS dentro de los agregados del suelo (Six *et al.*, 2002) y/o la actividad biológica del suelo (Angst *et al.*, 2017).

En el entorno natural, el pH influye en innumerables propiedades y procesos biológicos, químicos y físicos del suelo que afectan el crecimiento de las plantas y el rendimiento de la biomasa (Minasny *et al.*, 2016). Por otro lado, el pH controla la biología del suelo, determinando el destino de las sustancias en el medio ambiente del suelo (Neina, 2019). Tiene implicaciones para el reciclaje de nutrientes y disponibilidad para la producción de cultivos, la distribución de sustancias nocivas en el medio ambiente y su eliminación o translocación. Por otro lado, las propiedades del suelo que afectan directamente a la Conductividad eléctrica (CE), incluyen la salinidad, el contenido de agua, la textura (arena, arcilla, profundidad de las capas de arcilla o arena) y la densidad aparente (Sudduth *et al.*, 2017). Las propiedades del suelo que indirectamente afectan la CE incluyen la materia orgánica, la capacidad de intercambio de cationes, la lixiviación de nutrientes, etc. (Yuan *et al.*, 2019).

La restauración de la materia orgánica tiene efectos benéficos en la conservación del suelo, la estabilidad de los agregados, la mejora de las propiedades físicas del suelo y la productividad en los cultivos (Gavili *et al.*, 2018; Henneron *et al.*, 2015). No obstante, la materia orgánica del suelo puede perderse rápidamente en los sistemas de cultivo intensivo debido a la mayor tasa de mineralización del carbono orgánico después de la labranza, además de las pérdidas por erosión y la disminución de los retornos de MOS a través de la eliminación de cultivos (Sharma *et al.*, 2020).

2.2.2. Influencia de la fertilización en la comunidad microbiana

Es necesario interpretar los cambios en las comunidades microbianas en relación a los parámetros ambientales para analizar el efecto de las actividades antropogénicas en las comunidades microbianas (Ramette, 2007). Una vez que las modificaciones se interpretan, es posible determinar el tipo de organismos que dominan dichos ambientes, y de esta manera establecer si prácticas específicas podrían conducir a cambios en los microorganismos de los agroecosistemas (Govaerts *et al.*, 2005, 2006; Patiño-Zúñiga *et al.*, 2009). Cualquier práctica de manejo que aumente la acumulación total de C también

debería incrementar el tamaño y las actividades de la biomasa microbiana del suelo. El tipo de fertilización afecta la biomasa microbiana del suelo, al influir en la biomasa de raíces y los exudados de raíces. Específicamente, la fertilización orgánica beneficia a la fauna y la microflora del suelo, como la población de bacterias y hongos (Arden-Clarke & Hodges, 1988).

Los procesos que conducen al secuestro de C del suelo y a la renovación del COS están mediados en gran medida por los microorganismos del suelo (Van Groenigen *et al.*, 2010), especialmente hongos y bacterias, que comprenden aproximadamente el 90 % de la biomasa microbiana total del suelo, por lo que son los principales reguladores del COS y la descomposición de la materia (Six *et al.*, 2006). La composición de la comunidad de hongos y bacterias del suelo puede cambiar en respuesta a las prácticas de gestión agrícola, y el cambio de composición puede determinar las tasas de acumulación y pérdida de C del suelo (Zhang *et al.*, 2013). Por ejemplo, se ha encontrado que las proporciones de biomasa bacteriana son especialmente sensibles a la intensidad de la perturbación del suelo (Bailey *et al.*, 2002). Diferentes métodos de labranza causan diferentes niveles de perturbaciones del suelo, creando así diferentes ambientes de suelo que inevitablemente afectarán a las comunidades bacterianas del suelo (Navarro-Noya *et al.*, 2013; Sun *et al.*, 2018). Por lo tanto, estudiar los procesos biológicos del suelo bajo distintos métodos de labranza nos ayudará a comprender los cambios en la estructura de la comunidad bacteriana del suelo causados por las propiedades del suelo (Mrkonjić-Fuka *et al.*, 2015).

Además, las comunidades microbianas del suelo con una biomasa fúngica relativamente alta se han asociado con sistemas agrícolas de bajos requerimientos de insumos y con el potencial de secuestro de C del suelo (Zhang *et al.*, 2018). Este fenómeno se ha atribuido a la capacidad de las hifas fúngicas para producir sustratos orgánicos que actúan como aglutinantes orgánicos que adhieren las partículas del suelo a microagregados y, por lo tanto, brindan protección física a la materia orgánica del suelo (Beare *et al.*, 1997). Por lo que, la biomasa fúngica es generalmente más recalcitrante a la descomposición y

tiene tiempos de rotación más prolongados que las bacterias, por lo que se cree que el C de la biomasa microbiana se retiene por más tiempo en los ecosistemas dominados por hongos, lo que podría conducir a un mayor almacenamiento de C (Strickland & Rousk, 2010). En el caso del papel que tienen los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) es importante en los ciclos biogeoquímicos y contribuyen a muchas funciones de los ecosistemas terrestres (Wang *et al.*, 2018). Por ejemplo, los hongos HMA tienen un papel vital en la mejora del crecimiento de los cultivos y la mejora de la resistencia de los cultivos a las enfermedades de las plantas (Rillig, 2004). Además, la formación y conservación de los agregados del suelo siempre están influenciadas por las hifas extraradicales de los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) (Dai *et al.*, 2015).

La agregación del suelo también ocurre por la acción química de una glicoproteína producida por hongos, conocida como glomalina (Wu *et al.*, 2014), que se puede encontrar en las paredes de las esporas y las hifas de los HMA y puede acumular glicoproteína en el suelo después de su descomposición. Como la glomalina tiene propiedades adherentes, su presencia puede afectar positivamente la formación de agregados al unir las partículas del suelo y aumentar la estabilidad del agregado ya formado (Moitinho *et al.*, 2020; Xie *et al.*, 2015). La agregación del suelo es un proceso importante y complejo en los ecosistemas del suelo (Wu *et al.*, 2016) que depende de los microorganismos para proporcionar efectos adhesivos sobre las partículas del suelo agrupadas (Singh, 2012). Este proceso depende en gran medida de la formación y estabilidad de los agregados del suelo (Rillig *et al.*, 2015). La estabilidad de los agregados del suelo juega un papel importante en la calidad del suelo, que protege los materiales orgánicos del suelo de la descomposición microbiana (Bronick & Lal, 2005) y también previene la degradación de la estructura del suelo. Por un lado, las proteínas de suelo relacionadas con la glomalina (PSRG) estabilizan los macroagregados (> 0.25 mm) para mejorar la estructura del suelo a través de su función de adhesivo (Gadkar & Rillig, 2006). Además, las PSRG pueden reducir la pérdida de agua dentro de los agregados del suelo bajo estrés por sequía, ya que parecen formar una capa hidrofóbica en la superficie del

agregado del suelo (Nichols, 2008). Asimismo, se pueden formar polímeros grandes a partir de partículas finas del suelo, ya que los PSRG pueden cementar los polímeros en un diámetro <0.25 mm para finalmente estabilizar la unidad del suelo (Borie *et al.*, 2008). En conclusión, las PSRG pueden unir agregados de suelo de diferentes tamaños para mejorar la estabilidad del suelo para almacenar agua o mejorar las propiedades físicas y químicas del suelo. La composición de la comunidad de HMA también se ve fácilmente influenciada por las variaciones en los tipos de uso del suelo y los métodos de gestión agrícola (Xiang *et al.*, 2014). Por lo tanto, existe preocupación por la conservación responsable de los HMA en los campos de cultivo para el manejo sostenible de los cultivos.

Las enmiendas orgánicas tienen un impacto positivo en la microbiología del suelo. En consecuencia, la biomasa microbiana del suelo está relacionada con el contenido de COS en el suelo, así como con la cantidad de MOS suministrada (Bünemann *et al.*, 2004; Damon *et al.*, 2014; Zhao *et al.*, 2009). Los suelos con relaciones Hongos-Bacterias más altas pueden secuestrar cantidades más altas de C en la biomasa microbiana, ya que la comunidad de hongos presenta una rotación más prolongada que la comunidad bacteriana y es probable que inmovilice más C (Strickland & Rousk, 2010). Karami *et al.* (2012) respaldan la existencia de una retroalimentación entre la estructura de la comunidad microbiana y la inmovilización del sustrato C por parte de los microorganismos del suelo.

Cabe mencionar que los HMA no son los únicos microorganismos beneficiosos en el suelo. Dentro de las bacterias, los actinomicetos juegan un papel importante, no sólo por ser predominantes en el suelo, sino porque participan en muchos procesos de descomposición relacionados a la MOS (Xu *et al.*, 2014). Los actinomicetos son bacterias filamentosas Gram positivas, que crecen principalmente en forma de micelio y se propagan como esporas. Los miembros de este orden muestran una rica diversidad en morfología, fisiología y metabolismo secundario (Barka *et al.*, 2016). Este grupo de bacterias son

resistentes a las condiciones adversas del suelo y tienen la capacidad de estimular el crecimiento de las plantas (Hamdali *et al.*, 2008).

La presencia de las enzimas del suelo funciona como uno de los componentes orgánicos más activos del suelo, las enzimas están involucradas en todos los procesos bioquímicos del suelo (Li *et al.*, 2014). La actividad de las enzimas del suelo es la fuerza impulsora en la formación y degradación de la materia orgánica del suelo y el ciclo de nutrientes, y desempeña un papel importante en el ciclo del C, Nitrógeno (N) y Fósforo (P) del ecosistema del suelo y en la transformación de los nutrientes de las plantas (Yuan *et al.*, 2019). En consecuencia, la actividad de las enzimas del suelo es más sensible que los indicadores físicos y químicos (Zhang *et al.*, 2015), y podría reflejar con sensibilidad las condiciones de recuperación del suelo en diferentes ecosistemas (Araújo *et al.*, 2013). Así, la actividad enzimática del suelo está estrechamente relacionada con las propiedades fisicoquímicas del suelo y a la biomasa microbiana del suelo (por ejemplo, el contenido de agua del suelo, la temperatura del suelo, los agregados del suelo, el valor de pH y la materia orgánica del suelo) (Brockett *et al.*, 2012; Qi *et al.*, 2016; A. Yin *et al.*, 2016). Además, muchos estudios han ilustrado que las actividades humanas, como el uso de la tierra y la fertilización, pueden afectar significativamente las actividades de las enzimas del suelo (Gao *et al.*, 2010; Wallenius *et al.*, 2011). Por lo tanto, el conocimiento de las actividades de las enzimas del suelo se puede utilizar para describir los cambios en el suelo calidad debido a la recuperación a largo plazo, comprender mejor el funcionamiento del ecosistema del suelo.

2.3. Agricultura de conservación y el rendimiento de los cultivos

Aunque los sistemas de cultivo sin labranza pueden proteger el carbono a través de una menor perturbación del suelo en relación con la labranza convencional (Nicoloso & Rice, 2021), las emisiones de CO₂ en los sistemas de labranza cero y labranza convencional varían con las condiciones climáticas del suelo y la cantidad y ubicación de los residuos de cultivos y la materia orgánica del suelo. La cantidad de residuos de cultivos que quedan en el suelo a menudo está

estrechamente relacionada con el rendimiento de los cultivos (Chi *et al.*, 2016). El aumento de C en el suelo se ha asociado con un aumento en los rendimientos de los cultivos, a través de una mayor mineralización de nitrógeno debido a la relación entre el C y nitrógeno en la MOS (Sun *et al.*, 2020; Schjønning *et al.*, 2018), y podría compensar impactos negativos detectables en el crecimiento del rendimiento debido al cambio climático (Lobell, Schlenker, & Costa-Roberts, 2011).

Los efectos de la agricultura de conservación pueden variar; por ejemplo, la AC puede aumentar el rendimiento de los cultivos al mejorar la fertilidad del suelo, al conservar la estructura del suelo y retener agua, además de secuestrar carbono orgánico en los suelos de los agroecosistemas. (Zheng *et al.*, 2014). Es importante mencionar que los efectos de la AC dependen en gran medida de las prácticas específicas que se lleven a cabo en el manejo de los agroecosistemas, las características climáticas regionales y los sistemas de cultivo (Liu *et al.*, 2010).

2.4. Características del estado de San Luis Potosí

En San Luis Potosí, el clima es semidesértico con lluvias en verano. De acuerdo con la Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI, 2002b), la temperatura promedio es de 17.6 °C, con una máxima extrema de 37.9 °C, y una mínima extrema de -8.5 °C, con una temperatura oscilante de hasta 16 °C. Las lluvias ocurren durante los meses de verano de junio a septiembre, llevando la precipitación total anual a 367.4 mm.

En el estado de San Luis Potosí, las zonas áridas y semiáridas abarcan una superficie de 4,816,000 hectáreas (76.63% de la superficie total). La ganadería extensiva representa el principal uso del suelo y la producción de forraje en agostaderos o praderas inducidas, es muy limitada. El Inventario Nacional de Tierras Erosionadas, basado en la interpretación de imágenes de satélite LANDSAT, muestra el nivel de deterioro de la superficie nacional (García, 1983), considerando las clases de erosión según la FAO para áreas erosionadas. Los resultados de este inventario indica que 81.8% de la superficie en el estado

presenta algún grado de erosión manifiesta y que 9.7% sufre severos procesos erosivos. Las áreas de erosión moderada son las que ocupan mayor superficie.

Desde el punto de vista del suministro de agua, la agricultura en la entidad presenta modalidades de temporal y riego. Siendo que la primera ocupa en promedio 85% del espacio sembrado (572,665 ha) y la segunda el 15% restante (99,024 ha) (INEGI, 2002a). Además, las prácticas de agricultura convencional de los productores del estado consisten en barbechar y rastrear el suelo antes de la siembra, surcar y trazar regaderas, dar el riego de presiembra, rastrear y sembrar. Asimismo, en promedio se dan cinco riegos durante el ciclo del cultivo (Martínez-Gamiño, Osuna-Ceja & Reyes-Muro, 2013). De acuerdo con la SEMARNAT (2012), en el estado de San Luis Potosí se presentan 178,175 ha con erosión hídrica ligera, 223,609 ha con erosión moderada, 61,651 ha con erosión severa y 2,241 ha con erosión extrema, es decir, un total de 465,678 ha cuentan con algún grado de erosión.

2.5. Problemática del uso de labranza de convencional y su efecto en suelos Potosinos.

Las actividades antropogénicas que modifican el ambiente, en especial las que reducen la cobertura vegetal, pueden incrementar los procesos erosivos por medio del arrastre de partículas del suelo por la lluvia y el viento que se enfatiza según la topografía, tipo de suelo y cobertura vegetal, lo cual intensifica el proceso (Wang *et al.*, 2015). Según la FAO (2000), el arado moderno es uno de las principales causantes de la degradación de los suelos. Más aún, el laboreo del suelo con arado de discos o de vertederas contribuye significativamente a la erosión, compactación y pérdida de humedad del suelo, además de aumentar los costos de producción cuando se usa con exceso. Además, la constante remoción destruye la estructura y oxida el carbono orgánico del suelo, degradando las características químicas, físicas y biológicas del suelo (Martínez *et al.*, 2008; Escalante *et al.*, 2016). Así, la labranza convencional (LC) podría provocar

erosión, y a la vez pérdidas notables de suelo, por lo que se considera responsable de al menos el 40% de la degradación de la tierra en el mundo (Borrelli *et al.*, 2017). Asimismo, la labranza profunda daña la población nativa de macro y microorganismos, destruye sus galerías y reduce la cantidad y disponibilidad de sus alimentos (Bertrand *et al.*, 2015). Aunque el arado beneficia la productividad del suelo agrícola, a largo plazo genera una tendencia de pérdida de la estructura del suelo, lo que aumenta la posibilidad de compactación y erosión, así como el deterioro de secuestro de C en el suelo (Bodner *et al.*, 2021). Así, a corto plazo la mineralización de la materia orgánica del suelo puede promover el incremento del rendimiento de los cultivos, pero a largo plazo la esencia misma del suelo como sistema agrícola resulta comprometida. En este sentido, la estabilidad de MOS resulta crucial para la estabilidad del suelo, ya que representa la mayor reserva de C en la superficie de la Tierra (Silva *et al.*, 2018), por lo que se considera que la MOS es el indicador más importante de la calidad del suelo por su participación en casi todos los procesos físicos, químicos y biológicos (Toledo *et al.*, 2018).

Por más de 50 años, los suelos del Altiplano Potosino se han barbechado y rastreado, además de extraer totalmente los esquilmos y practicar el monocultivo. Como resultado, se ha generado una fuerte compactación en estos suelos al final de cada ciclo de cultivo, afectando de manera directa los microecosistemas del suelo (SEMARNAT, 2008). Además, la agricultura intensiva ha generado un decremento en la fertilidad del suelo, a causa del exceso de remociones, lo que deriva en la reducción de la disponibilidad de agua, aire y nutrientes, incluyendo alteraciones en los niveles de COS, influenciados por estos últimos. Dichas remociones, también aumentan la erosión en los sistemas agrícolas y minimizan su capacidad de resiliencia en condiciones de estrés (Wingeyer *et al.*, 2015; Zamora *et al.*, 2018). En consecuencia al manejo al que han sido sometidos la mayoría los suelos cultivados, principalmente labranzas intensivas y/o la falta de rotación de cultivos, sus propiedades edafológicas pudieron limitarse, reduciendo la productividad de los sistemas agrícolas y su calidad (Muñoz & Martínez, 2015).

2.6. El efecto potencial de la agricultura de conservación en suelos Potosinos.

Generalmente, los métodos de labranza también se han utilizado como medio para disponer del agua de manera eficiente, con un rol principal en los sistemas de producción agrícola que tienen lugar en ecosistemas áridos y semiáridos (Debaeke & Aboudrare, 2004). En México, en dichas zonas se localizan los principales sistemas de irrigación, con una significativa producción agrícola, en la cual, resaltan plantaciones de cereales como maíz y trigo (SIAP, 2016).

Específicamente, en el Altiplano de San Luis Potosí se han llevado investigaciones que abarcan décadas, sobre cómo llevar a cabo técnicas de agricultura de conservación, con la finalidad de mejorar las condiciones físicas, químicas y biológicas de suelo de los sistemas agrícolas. Estos cumplen funciones de cobertura vegetal y, labranza mínima y cero, para beneficiar a cultivos en el futuro y la prevención de escorrentías, entre otras afecciones (CTIC, 2015). En estudios realizados en la región se ha descubierto que el empleo de técnicas de conservación aumentó el rendimiento de materia seca en cuanto a producciones agrícolas basadas en cereales forrajeros, mientras que las practicas convencionales dieron un menor rendimiento (Martínez *et al.*, 2014).

No obstante, el rendimiento no es lo único que se ve afectado por dichas prácticas, ya que en investigaciones anteriores se demostró que las poblaciones de microorganismos se beneficiaron en diversidad y crecimiento, en sistemas bajo labranza de conservación y siembra directa. Además, el tratamientos de cobertura vegetal redistribuyen el C en el suelo y promueven la biomasa y la diversidad bacteriana (Bu *et al.*, 2020; Govaerts *et al.*, 2007). En los sistemas en los que se emplearon técnicas de conservación se mejoraron las propiedades físicas del suelo y aumentó considerablemente el porcentaje de MOS (García *et al.*, 2018). Estos resultados amplían las expectativas sobre el uso de buenas prácticas en el manejo de los cultivos, debido a que al implementar actividades de agricultura de conservación, como la siembra directa y labranza de conservación, las propiedades físicas y biológicas del suelo tienden a mejorar

(Doran *et al.*, 1998). Sin embargo, es importante estudiar el impacto de las prácticas de agricultura de conservación de acuerdo a las condiciones de una localidad específica, especialmente sobre la microbiota de la rizosfera del suelo, las cuales cumplen un rol crucial en el equilibrio de los sistemas de producción.

2.7. Las ciencias ómicas y su relación con los microorganismos del suelo

Los efectos que provocan las alteraciones del suelo pueden ser diversos y como se ha mencionado con anterioridad, afectan de manera directa la estabilidad de los microecosistemas y todas las interacciones que se llevan a cabo en ellos, debido a la gran complejidad y diversidad de microorganismos (Murillo-Cuevas *et al.*, 2019). Hasta hace poco sólo se podía tener acceso al estudio de un pequeño porcentaje de la microbiota que habita en el suelo, desconociendo la información genética detallada de cada organismo existente en él, así como sus funciones, lo cual permite una identificación más acertada (Etchevers *et al.*, 2015; García-De la Peña *et al.*, 2019). No obstante, con el desarrollo de las ciencias ómicas, específicamente la metagenómica, se puede conocer y estudiar a más detalle todo ese material genómico desconocido.

El estudio de los organismos vivos a nivel molecular tiene como objetivo entender la totalidad de los mecanismos bioquímicos y analizar las respuestas biológicas generadas por perturbaciones externas. Con los avances en biología molecular se han descubierto niveles de diversidad de microorganismos aún más complejos (Barrera *et al.*, 2018). Dado que en su mayoría los organismos procariontes del suelo no son capaces de crecer en medios de cultivo artificiales, a partir del descubrimiento de marcadores moleculares como los ácidos grasos fosfolípidos (PLFA) y los ácidos nucleicos (DNA y RNA) se han logrado progresos importantes en el estudio de estos organismos (Kirk *et al.*, 2004). Estudiando el rRNS 16S podemos conocer las bacterias presentes en comunidades complejas sin necesidad de aislarlas previamente. Más aún, con la secuenciación masiva de todo material genético de la muestra podemos obtener información sobre las

funciones que cada microorganismo realiza y las interacciones entre los miembros de la microbiota (Coniglio *et al.*, 2020; Cruz Leyva *et al.*, 2015).

Uno de los principales desafíos para los estudios de los sistemas del suelo es el tener la capacidad de complementar la información obtenida de las modificaciones que se den en el suelo, y todas las repercusiones derivadas de las mismas. Para ello, es fundamental el conocimiento de los cambios en las propiedades fisicoquímicas y biológicas, y su integración con las tecnologías ómicas (Jimena *et al.*, 2014). Es preciso mencionar que es la manera más completa de interpretar todas las modificaciones y visualizar el panorama a corto y largo plazo de la estabilidad del suelo como ecosistema global.

2.8. LITERATURA CITADA

- Abdalla, K., Chivenge, P., Ciais, P., & Chaplot, V. (2016). No-tillage lessens soil CO₂ emissions the most under arid and sandy soil conditions: Results from a meta-analysis. *Biogeosciences*, 13(12), 3619–3633. <https://doi.org/10.5194/bg-13-3619-2016>
- Angst, Š., Mueller, C. W., Cajthaml, T., Angst, G., Lhotáková, Z., Bartuška, M., Špaldoňová, A., & Frouz, J. (2017). Stabilization of soil organic matter by earthworms is connected with physical protection rather than with chemical changes of organic matter. *Geoderma*, 289, 29–35. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2016.11.017>
- Araújo, A. S. F., Cesarz, S., Leite, L. F. C., Borges, C. D., Tsai, S. M., & Eisenhauer, N. (2013). Soil microbial properties and temporal stability in degraded and restored lands of Northeast Brazil. *Soil Biology and Biochemistry*, 66, 175–181. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.07.013>
- Arden-Clarke, C., & Hodges, R. D. (1988). The environmental effects of conventional and organic/biological farming systems. II. soil ecology, soil fertility and nutrient cycles. *Biological Agriculture and Horticulture*, 5(3), 223–287. <https://doi.org/10.1080/01448765.1988.9755147>
- Bailey, V. L., Smith, J. L., & Bolton, H. (2002). Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration. *Soil Biology and Biochemistry*, 34(7), 997–1007. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(02\)00033-0](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(02)00033-0)
- Barka, E. A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Meier-Kolthoff, J. P., Klenk, H.-P., Clément, C., Ouhdouch, Y., & van Wezel, G. P. (2016). Correction for Barka et al., Taxonomy, Physiology, and Natural Products of Actinobacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 80(4), 1–43. <https://doi.org/10.1128/mmb.00044-16>
- Barrera, G. P., Ghiringhelli, P. D., Mosher, S., Caro-quintero, A., Massart, S., &

- Belaich, M. N. (2018). *Las ómicas en el control biológico Omics in biological control*.
- Beare, M. H., Hu, S., Coleman, D. C., & Hendrix, P. F. (1997). Influences of mycelial fungi on soil aggregation and organic matter storage in conventional and no-tillage soils. *Applied Soil Ecology*, 5(3), 211–219. [https://doi.org/10.1016/S0929-1393\(96\)00142-4](https://doi.org/10.1016/S0929-1393(96)00142-4)
- Bertrand, M., Barot, S., Blouin, M., Whalen, J., de Oliveira, T., & Roger-Estrade, J. (2015). Earthworm services for cropping systems. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(2), 553–567. <https://doi.org/10.1007/s13593-014-0269-7>
- Blanchet, G., Gavazov, K., Bragazza, L., & Sinaj, S. (2016). Responses of soil properties and crop yields to different inorganic and organic amendments in a Swiss conventional farming system. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 230, 116–126. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2016.05.032>
- Bodner, G., Mentler, A., & Keiblinger, K. (2021). Plant Roots for Sustainable Soil Structure Management in Cropping Systems. *The Root Systems in Sustainable Agricultural Intensification*, 2018, 45–90. <https://doi.org/10.1002/9781119525417.ch3>
- Borie, F., Rubio, R., & Morales, A. (2008). Arbuscular Mycorrhizal Fungi and Soil Aggregation. *Revista de La Ciencia Del Suelo y Nutrición Vegetal*, 8(2), 9–18. <https://doi.org/10.4067/s0718-27912008000200003>
- Borrelli, P., Robinson, D. A., Fleischer, L. R., Lugato, E., Ballabio, C., Alewell, C., Meusburger, K., Modugno, S., Schütt, B., Ferro, V., Bagarello, V., Oost, K. Van, Montanarella, L., & Panagos, P. (2017). An assessment of the global impact of 21st century land use change on soil erosion. *Nature Communications*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-017-02142-7>
- Braathen, G. O., Barrie, L. A., Butler, J. H., Dlugokencky, E., Hofmann, D. J., Tans, P., & Tsutsumi, Y. (2009). *The state of greenhouse gases in the atmosphere using global observations through 2007*. 11(before 1750), 13715.
- Brockett, B. F. T., Prescott, C. E., & Grayston, S. J. (2012). Soil moisture is the major factor influencing microbial community structure and enzyme activities across seven biogeoclimatic zones in western Canada. *Soil Biology and Biochemistry*, 44(1), 9–20. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2011.09.003>
- Bronick, C. J., & Lal, R. (2005). Soil structure and management: A review. *Geoderma*, 124(1–2), 3–22. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2004.03.005>
- Bu, R., Ren, T., Lei, M., Liu, B., Li, X., Cong, R., Zhang, Y., & Lu, J. (2020). Tillage and straw-returning practices effect on soil dissolved organic matter, aggregate fraction and bacteria community under rice-rice-rapeseed rotation system. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 287(1). <https://doi.org/10.1016/j.agee.2019.106681>
- Bünemann, E. K., Bossio, D. A., Smithson, P. C., Frossard, E., & Oberson, A.

- (2004). Microbial community composition and substrate use in a highly weathered soil as affected by crop rotation and P fertilization. *Soil Biology and Biochemistry*, 36(6), 889–901. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2004.02.002>
- Chavarria, D. N., Pérez-Brandan, C., Serri, D. L., Meriles, J. M., Restovich, S. B., Andriulo, A. E., Jacquelin, L., & Vargas-Gil, S. (2018). Response of soil microbial communities to agroecological versus conventional systems of extensive agriculture. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 264(May), 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2018.05.008>
- Cheng, Y., Wang, J., Wang, J., Chang, S. X., & Wang, S. (2017). The quality and quantity of exogenous organic carbon input control microbial NO₃–immobilization: A meta-analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, 115, 357–363. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2017.09.006>
- Chi, J., Waldo, S., Pressley, S. N., O’Keeffe, P., Pan, W. L., Brooks, E. S., Huggins, D. R., Stöckle, C. O., & Lamb, B. K. (2016). Assessing carbon dynamics at high and low rainfall agricultural sites in the inland Pacific Northwest US using the eddy covariance method. *Agricultural and Forest Meteorology*, 218–219, 25–36. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2015.11.018>
- Cid, P., & Carmona, I. (2014). *Claves para la viabilidad de la agricultura de conservación en la producción de maíz en regadío Las técnicas de agricultura de conservación se presentan como*. 32–37.
- Coniglio, A., López, G., Gualpa, J., Molina, R., Rosas, S., Puente, M., ... & Cassán, F. (2020). *Desarrollo de marcadores moleculares del tipo SCAR para la identificación d.pdf*.
- Cruz Leyva, M., Zamudio Maya, M., Corona Cruz, A., González de la Cruz, J., & Rojas Herrera, 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>
- CTIC, 2015. National Crop Residue Management Survey. Website: <http://www.ctic.P urdue.edu/CRM/>
- Cueto W., J.A., Castellanos R., J.Z., Figueroa V., U., Cortés J., J.M., Reta S., D.G. y Valenzuela S., C. (2005). *Uso sustentable de desechos orgánicos en sistemas de producción agrícola*.
- D’Hose, T., Molendijk, L., Van Vooren, L., van den Berg, W., Hoek, H., Runia, W., van Evert, F., ten Berge, H., Spiegel, H., Sandèn, T., Grignani, C., & Ruysschaert, G. (2018). Responses of soil biota to non-inversion tillage and organic amendments: An analysis on European multiyear field experiments. *Pedobiología*, 66(December 2017), 18–28. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2017.12.003>
- Dai, J., Hu, J., Zhu, A., Bai, J., Wang, J., & Lin, X. (2015). No tillage enhances

- arbuscular mycorrhizal fungal population, glomalin-related soil protein content, and organic carbon accumulation in soil macroaggregates. *Journal of Soils and Sediments*, 15(5), 1055–1062. <https://doi.org/10.1007/s11368-015-1091-9>
- Damon, P. M., Bowden, B., Rose, T., & Rengel, Z. (2014). Crop residue contributions to phosphorus pools in agricultural soils: A review. *Soil Biology and Biochemistry*, 74, 127–137. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2014.03.003>
- Debaeke, P., & Aboudrare, A. (2004). Adaptation of crop management to water-limited environments. *European Journal of Agronomy*, 21(4), 433–446. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2004.07.006>
- Doran, J. W., Elliott, E. T., & Paustian, K. (1998). Soil microbial activity, nitrogen cycling, and long-term changes in organic carbon pools as related to fallow tillage management. *Soil and Tillage Research*, 49(1–2), 3–18. [https://doi.org/10.1016/S0167-1987\(98\)00150-0](https://doi.org/10.1016/S0167-1987(98)00150-0)
- Drijber, R. A., Doran, J. W., Parkhurst, A. M., & Lyon, D. J. (2000). Changes in soil microbial community structure with tillage under long-term wheat-fallow management. *Soil Biology and Biochemistry*, 32(10), 1419–1430. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(00\)00060-2](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(00)00060-2)
- Escalante, A., Pérez, G., Hidalgo, C., López, J., Campo, J., Valtierra, E., & Etchevers, J. (2016). Biocarbón (biochar) I: Naturaleza, historia, fabricación y uso en el suelo Biocarbon (biochar) I: Nature, history, manufacture and use in soil. *Terra Latinoamericana*, 34, 367–382. <http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v34n3/2395-8030-tl-34-03-00367.pdf>
- Escalas, A., Hale, L., Voordeckers, J. W., Yang, Y., Firestone, M. K., Alvarez-Cohen, L., & Zhou, J. (2019). Microbial functional diversity: From concepts to applications. *Ecology and Evolution*, 9(20), 12000–12016. <https://doi.org/10.1002/ece3.5670>
- Etchevers, J., Saynes, V., & Steelers, M. (2015). *Manejo sustentable del suelo para la producción agrícola*. June 2016, 63–79.
- FAO. (2000). Manual on integrated soil management and conservation practices. *Land and water bulletin 8*, FAO, Rome. 204 pp.
- FAO. (2015). Healthy soils are the basis for healthy food production. *Fao*, 4. <http://www.fao.org/3/a-i4405e.pdf>
- Fargione, J., Hill, J., Tilman, D., Polasky, S., & Hawthorne, P. (2008). Land clearing and the biofuel carbon debt. *IBM's 360 and Early 370 Systems*, 319(February), 1235–1239. <https://doi.org/10.7551/mitpress/3629.003.0022>
- Gadkar, V., & Rillig, M. C. (2006). The arbuscular mycorrhizal fungal protein glomalin is a putative homolog of heat shock protein 60. *FEMS Microbiology Letters*, 263(1), 93–101. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2006.00412.x>
- Gao, Y., Mao, L., Miao, C. yuan, Zhou, P., Cao, J. jun, Zhi, Y. er, & Shi, W. jun. (2010). Spatial characteristics of soil enzyme activities and microbial

- community structure under different land uses in Chongming Island, China: Geostatistical modelling and PCR-RAPD method. *Science of the Total Environment*, 408(16), 3251–3260. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2010.04.007>
- García, L. R. (1983). Diagnóstico sobre el estado actual de la erosión en México. *Terra*, 1(1), 11-14.
- García-De la Peña, C., Rojas-Domínguez, M., Ramírez-Bautista, A., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C., Ávila-Rodríguez, V., Valenzuela-Núñez, L. M., & Meza-Herrera, C. A. (2019). Microbiota bacteriana oral de la tortuga del bolsón *Gopherus flavomarginatus* en la Reserva de la Biosfera Mapimí, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 90(0). <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2019.90.2683>
- García R., D. Y., Cárdenas H., J. F., & Silva Parra, A. (2018). Evaluación de sistemas de labranza sobre propiedades físico-químicas y microbiológicas en un Inceptisol. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 35(1), 16. <https://doi.org/10.22267/rcia.183501.79>
- Gavili, E., Moosavi, A. A., & Moradi Choghamarani, F. (2018). Cattle manure biocty -40 har potential for ameliorating soil physical characteristics and spinach response under drought. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 64(12), 1714–1727. <https://doi.org/10.1080/03650340.2018.1453925>
- Gazol, A., & Camarero, J. J. (2016). Functional diversity enhances silver fir growth resilience to an extreme drought. *Journal of Ecology*, 104(4), 1063–1075. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12575>
- Govaerts, B., Mezzalama, M., Unno, Y., Sayre, K. D., Luna-Guido, M., Vanherck, K., Dendooven, L., & Deckers, J. (2007). Influence of tillage, residue management, and crop rotation on soil microbial biomass and catabolic diversity. *Applied Soil Ecology*, 37(1–2), 18–30. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2007.03.006>
- Govaerts, B., Sayre, K. D., & Deckers, J. (2005). Stable high yields with zero tillage and permanent bed planting? *Field Crops Research*, 94(1), 33–42. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.11.003>
- Govaerts, B., Sayre, K. D., & Deckers, J. (2006). A minimum data set for soil quality assessment of wheat and maize cropping in the highlands of Mexico. *Soil and Tillage Research*, 87(2), 163–174. <https://doi.org/10.1016/j.still.2005.03.005>
- Guardia, G., Tellez-Rio, A., García-Marco, S., Martin-Lammerding, D., Tenorio, J. L., Ibáñez, M. Á., & Vallejo, A. (2016). Effect of tillage and crop (cereal versus legume) on greenhouse gas emissions and Global Warming Potential in a non-irrigated Mediterranean field. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 221, 187–197. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2016.01.047>
- Guerrero, P., Quintero, R., Espinoza, V., Benedicto, G., & Sanchez, M. (2012). RESPIRACIÓN DE CO₂ COMO INDICADOR DE LA ACTIVIDAD

MICROBIANA EN ABONOS ORGÁNICOS DE LUPINUS. *Terra Latinoamericana*, 355–362.

- Hamdali, H., Hafidi, M., Virolle, M. J., & Ouhdouch, Y. (2008). Growth promotion and protection against damping-off of wheat by two rock phosphate solubilizing actinomycetes in a P-deficient soil under greenhouse conditions. *Applied Soil Ecology*, 40(3), 510–517. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2008.08.001>
- Henneron, L., Bernard, L., Hedde, M., Pelosi, C., Villenave, C., Chenu, C., Bertrand, M., Girardin, C., & Blanchart, E. (2015). Fourteen years of evidence for positive effects of conservation agriculture and organic farming on soil life. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(1), 169–181. <https://doi.org/10.1007/s13593-014-0215-8>
- Hernández-Vigoa, G., De La, G., Cabrera-Dávila, C., Izquierdo-Brito, I., Socarrás-Rivero, A. A., Hernández-Martínez, L., & Alberto Sánchez-Rendón, J. (2018). Indicadores edáficos después de la conversión de un pastizal a sistemas agroecológicos edaphic indicators after the conversion of a grassland area into agroecological systems. *Pastos y Forrajes*, 41(1), 3–12.
- INEGI. (2002a). *Síntesis de información geográfica del estado de San Luis Potosí. Agricultura*.
- INEGI. (2002b). *Sistemas de información geográfica del estado de San Luis Potosí. Climas. Instituto Nacional de Estadística y Geografía*.
- IPCC. (2007a). *Climate Change 2007: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Summary for Policymakers. Climate Change 2007: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*, 996. http://www.ipcc.ch/publications_and_data/ar4/wg1/en/ch5s5-es.html
- IPCC. (2007b). Contribution of the working group I to the 4th assessment report of the intergovernmental panel on climate change. *Climate Change 2007: The Physical Science Basis*. <https://doi.org/10.1007/BF02986817>
- IPCC. (2012). *Managing the Risks of Extreme Events and Disasters to Advance Climate Change Adaptation*. In *Managing the Risks of Extreme Events and Disasters to Advance Climate Change Adaptation*. <https://doi.org/10.1017/cbo9781139177245>
- Jacobson, M. Z. (2009). Review of solutions to global warming, air pollution, and energy security. *Energy and Environmental Science*, 2(2), 148–173. <https://doi.org/10.1039/b809990c>
- Jat, H. S., Datta, A., Sharma, P. C., Kumar, V., Yadav, A. K., Choudhary, M., Choudhary, V., Gathala, M. K., Sharma, D. K., Jat, M. L., Yaduvanshi, N. P. S., Singh, G., & McDonald, A. (2018). Assessing soil properties and nutrient availability under conservation agriculture practices in a reclaimed sodic soil

- in cereal-based systems of North-West India. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 64(4), 531–545. <https://doi.org/10.1080/03650340.2017.1359415>
- Jimena, A., Ana, V., Barba, P., & Rosa, D. (2014). *Tecnologías “ómicas” en las ciencias ambientales y en la búsqueda de biomarcadores moleculares*. 83–104.
- Karami, A., Homaei, M., Afzalnia, S., Ruhipour, H., & Basirat, S. (2012). Organic resource management: Impacts on soil aggregate stability and other soil physico-chemical properties. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 148, 22–28. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2011.10.021>
- Kirk, J. L., Beaudette, L. A., Hart, M., Moutoglis, P., Klironomos, J. N., Lee, H., & Trevors, J. T. (2004). Methods of studying soil microbial diversity. *Journal of Microbiological Methods*, 58(2), 169–188. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2004.04.006>
- Kögel-Knabner, I. (2017). The macromolecular organic composition of plant and microbial residues as inputs to soil organic matter: Fourteen years on. *Soil Biology and Biochemistry*, 105, A3–A8. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.08.011>
- Lal, R. (2011). Sequestering carbon in soils of agro-ecosystems. *Food Policy*, 36(SUPPL. 1). <https://doi.org/10.1016/j.foodpol.2010.12.001>
- Lal, R. (2004). Soil Carbon Sequestration Impacts on Global Climate Change and Food Security. *American Association for the Advancement of Science*, 304(5677), 1623–1627. <https://doi.org/10.1126/science.1097396>
- Lal, Rattan. (2008). Carbon sequestration. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 363(1492), 815–830. <https://doi.org/10.1098/rstb.2007.2185>
- Lal, Rattan. (2018). Digging deeper: A holistic perspective of factors affecting soil organic carbon sequestration in agroecosystems. *Global Change Biology*, 24(8), 3285–3301. <https://doi.org/10.1111/gcb.14054>
- Lal, Rattan, Negassa, W., & Lorenz, K. (2015). Carbon sequestration in soil. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 15(C), 79–86. <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2015.09.002>
- Lawrinenko, M., & Laird, D. A. (2015). Anion exchange capacity of biochar. *Green Chemistry*, 17(9), 4628–4636. <https://doi.org/10.1039/c5gc00828j>
- Lehman, R. M., Cambardella, C. A., Stott, D. E., Acosta-Martinez, V., Manter, D. K., Buyer, J. S., Maul, J. E., Smith, J. L., Collins, H. P., Halvorson, J. J., Kremer, R. J., Lundgren, J. G., Ducey, T. F., Jin, V. L., & Karlen, D. L. (2015). Understanding and enhancing soil biological health: The solution for reversing soil degradation. In *Sustainability (Switzerland)* (Vol. 7, Issue 1). <https://doi.org/10.3390/su7010988>
- Li, J., Pu, L., Han, M., Zhu, M., Zhang, R., & Xiang, Y. (2014). Soil salinization research in China: Advances and prospects. *Journal of Geographical*

- Sciences*, 24(5), 943–960. <https://doi.org/10.1007/s11442-014-1130-2>
- Lichtenberg, E. M., Kennedy, C. M., Kremen, C., Batáry, P., Berendse, F., Bommarco, R., Bosque-Pérez, N. A., Carvalheiro, L. G., Snyder, W. E., Williams, N. M., Winfree, R., Klatt, B. K., Åström, S., Benjamin, F., Brittain, C., Chaplin-Kramer, R., Clough, Y., Danforth, B., Diekötter, T., ... Crowder, D. W. (2017). A global synthesis of the effects of diversified farming systems on arthropod diversity within fields and across agricultural landscapes. *Global Change Biology*, 23(11), 4946–4957. <https://doi.org/10.1111/gcb.13714>
- Liebig, M. A., Tanaka, D. L., & Wienhold, B. J. (2004). Tillage and cropping effects on soil quality indicators in the northern Great Plains. *Soil and Tillage Research*, 78(2), 131–141. <https://doi.org/10.1016/j.still.2004.02.002>
- Liu, C., Lu, M., Cui, J., Li, B., & Fang, C. (2014). Effects of straw carbon input on carbon dynamics in agricultural soils: A meta-analysis. *Global Change Biology*, 20(5), 1366–1381. <https://doi.org/10.1111/gcb.12517>
- Liu, E. K., Zhao, B. Q., Mei, X. R., So, H. B., Li, J., & Li, X. Y. (2010). Effects of no-tillage management on soil biochemical characteristics in northern China. *Journal of Agricultural Science*, 148(2), 217–223. <https://doi.org/10.1017/S0021859609990463>
- Lobell, D. B., Schlenker, W., & Costa-Roberts, J. (2011). Climate Trends and Global Crop Production Since 1980. *Science*, 333(July), 610–620. <https://doi.org/10.1126/science.1204531>
- López-Blanco, E., Exbrayat, J. F., Lund, M., Christensen, T. R., Tamstorf, M. P., Slevin, D., Hugelius, G., Bloom, A., & Williams, M. (2019). Evaluation of terrestrial pan-Arctic carbon cycling using a data-assimilation system. *Earth System Dynamics*, 10(2), 233–255. <https://doi.org/10.5194/esd-10-233-2019>
- Martínez-Gamiño, M., Jasso-Chaverria C., Osuna-Ceja, E., Reyes-Muro, L., Huerta-Díaz, J., & F.-S. B. (2014). *Estimación de las estructuras agraria y económica de la producción de maíz y frijol en México*. 2, 7–29.
- Martínez-Gamiño, M., Osuna-Ceja, E., & Reyes-Muro, L. (2013). Cómo iniciar la agricultura de conservación para producir maíz de riego en el Altiplano Potosino. *Centro de Investigación Regional Del Noreste*.
- Martínez H, E., Fuentes E, J. P., & Acevedo H, E. (2008). Carbono orgánico y propiedades del suelo. *Revista de La Ciencia Del Suelo y Nutricion Vegetal*, 8(1), 68–96. <https://doi.org/10.4067/s0718-27912008000100006>
- McCorkle, E. P., Berhe, A. A., Hunsaker, C. T., Johnson, D. W., McFarlane, K. J., Fogel, M. L., & Hart, S. C. (2016). Tracing the source of soil organic matter eroded from temperate forest catchments using carbon and nitrogen isotopes. *Chemical Geology*, 445, 172–184. <https://doi.org/10.1016/j.chemgeo.2016.04.025>
- Minasny, B., Hong, S. Y., Hartemink, A. E., Kim, Y. H., & Kang, S. S. (2016). Soil pH increase under paddy in South Korea between 2000 and 2012. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 221, 205–213.

<https://doi.org/10.1016/j.agee.2016.01.042>

- Molina, M., Zaelke, D., Sarma, K. M., Andersen, S. O., Ramanathan, V., & Kaniaru, D. (2009). Reducing abrupt climate change risk using the Montreal Protocol and other regulatory actions to complement cuts in CO₂ emissions. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(49), 20616–20621. <https://doi.org/10.1073/pnas.0902568106>
- Mrkonjić Fuka, M., Blažinkov, M., Radl, V., Jug, D., Hulak, N., Redžepović, S., & Schloter, M. (2015). Effect of soil tillage practices on dynamic of bacterial communities in soil. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 80(3), 147–151.
- Muñoz, D. A., & Martinez, A. (2015). Evaluación de la Calidad de los Suelos en Áreas Cultivadas con Arroz Riego y Secano en los Llanos de Casanare. *Revista Guarracuco*, 19, 39–48. http://revistas.unimeta.edu.co/index.php/rc_es_guarracuco/article/view/284
- Murillo Cuevas, F. D., Adame García, J., Cabrera Mireles, H., & Fernández Viveros, J. A. (2019). Fauna y microflora edáfica asociada a diferentes usos de suelo. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 6(16), 23. <https://doi.org/10.19136/era.a6n16.1792>
- Navarro-Noya, Y. E., Gómez-Acata, S., Montoya-Ciriaco, N., Rojas-Valdez, A., Suárez-Arriaga, M. C., Valenzuela-Encinas, C., Jiménez-Bueno, N., Verhulst, N., Govaerts, B., & Dendooven, L. (2013). Relative impacts of tillage, residue management and crop-rotation on soil bacterial communities in a semi-arid agroecosystem. *Soil Biology and Biochemistry*, 65, 86–95. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.05.009>
- Neina, D. (2019). The Role of Soil pH in Plant Nutrition and Soil Remediation. *Applied and Environmental Soil Science*, 2019(3). <https://doi.org/10.1155/2019/5794869>
- Nichols, K. A. (2008). Indirect contributions of AM fungi and soil aggregation to plant growth and protection. In *Mycorrhizae: sustainable agriculture and forestry*. In Springer, Dordrecht. (Vol. 1, Issue 69, pp. 177–194).
- Nicoloso, R. S., & Rice, C. W. (2021). Intensification of no-till agricultural systems: An opportunity for carbon sequestration. *Soil Science Society of America Journal*, 85(5), 1395-1409. <https://doi.org/10.1002/saj2.20260>.This
- Ogle, S. M., Alsaker, C., Baldock, J., Bernoux, M., Breidt, F. J., McConkey, B., Regina, K., & Vazquez-Amabile, G. G. (2019). Climate and Soil Characteristics Determine Where No-Till Management Can Store Carbon in Soils and Mitigate Greenhouse Gas Emissions. *Scientific Reports*, 9(1), 1–8. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47861-7>
- Olson, K. R., Al-Kaisi, M. M., Lal, R., & Lowery, B. (2014). Experimental Consideration, Treatments, and Methods in Determining Soil Organic Carbon Sequestration Rates. *Soil Science Society of America Journal*, 78(2), 348–360. <https://doi.org/10.2136/sssaj2013.09.0412>
- Pacala, S., & Socolow, R. (2018). Stabilization wedges: Solving the climate

problem for the next 50 years with current technologies. *Planning for Climate Change: A Reader in Green Infrastructure and Sustainable Design for Resilient Cities*, 305(August), 55–61.

- Patiño-Zúñiga, L., Ceja-Navarro, J. A., Govaerts, B., Luna-Guido, M., Sayre, K. D., & Dendooven, L. (2009). The effect of different tillage and residue management practices on soil characteristics, inorganic N dynamics and emissions of N₂O, CO₂ and CH₄ in the central highlands of Mexico: A laboratory study. *Plant and Soil*, 314(1–2), 231–241. <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9722-1>
- Peixoto, D. S., Silva, L. de C. M. da, Melo, L. B. B. de, Azevedo, R. P., Araújo, B. C. L., Carvalho, T. S. de, Moreira, S. G., Curi, N., & Silva, B. M. (2020). Occasional tillage in no-tillage systems: A global meta-analysis. *Science of the Total Environment*, 745. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.140887>
- Post, E., Forchhammer, M. C., Bret-Harte, M. S., Callaghan, T. V., Christensen, T. R., Elberling, B., Fox, A. D., Gilg, O., Hik, D. S., Høye, T. T., Ims, R. A., Jeppesen, E., Klein, D. R., Madsen, J., McGuire, A. D., Rysgaard, S., Schindler, D. E., Stirling, I., Tamstorf, M. P., ... Aastrup, P. (2009). Ecological dynamics across the arctic associated with recent climate change. *Science*, 325(5946), 1355–1358. <https://doi.org/10.1126/science.1173113>
- Powlson, D. S., Glendining, M. J., Coleman, K., & Whitmore, A. P. (2011). Implications for soil properties of removing cereal straw: Results from long-term studies. *Agronomy Journal*, 103(1), 279–287. <https://doi.org/10.2134/agronj2010.0146s>
- Qi, R., Li, J., Lin, Z., Li, Z., Li, Y., Yang, X., Zhang, J., & Zhao, B. (2016). Temperature effects on soil organic carbon, soil labile organic carbon fractions, and soil enzyme activities under long-term fertilization regimes. *Applied Soil Ecology*, 102, 36–45. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2016.02.004>
- Rahmstorf, S. (2007). A semi-empirical approach to projecting future sea-level rise. *Science*, 315(5810), 368–370. <https://doi.org/10.1126/science.1135456>
- Ramette, A. (2007). Multivariate analyses in microbial ecology. *FEMS Microbiology Ecology*, 62(2), 142–160. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2007.00375.x>
- Rillig, M. C. (2004). Arbuscular mycorrhizae and terrestrial ecosystem processes. *Ecology Letters*, 7(8), 740–754. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2004.00620.x>
- Rillig, M. C., Aguilar-Trigueros, C. A., Bergmann, J., Verbruggen, E., Veresoglou, S. D., & Lehmann, A. (2015). Plant root and mycorrhizal fungal traits for understanding soil aggregation. *New Phytologist*, 205(4), 1385–1388. <https://doi.org/10.1111/nph.13045>
- Schjønning, P., Jensen, J. L., Bruun, S., Jensen, L. S., Christensen, B. T., Munkholm, L. J., Oelofse, M., Baby, S., & Knudsen, L. (2018). The Role of

- Soil Organic Matter for Maintaining Crop Yields: Evidence for a Renewed Conceptual Basis. *Advances in Agronomy*, 150, 35–79. <https://doi.org/10.1016/bs.agron.2018.03.001>
- Schlenker, W., & Roberts, M. J. (2009). Nonlinear temperature effects indicate severe damages to US crop yields under climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(43), 15594–15598. <https://doi.org/10.1073/pnas.0910618106>
- Searchinger, T., Heimlich, R., Houghton, R. A., Dong, F., Elobeid, A., Fabiosa, J., Tokgoz, S., Hayes, D., & Yu, T. H. (2008). Use of U.S. croplands for biofuels increases greenhouse gases through emissions from land-use change. *Science*, 319(5867), 1238–1240. <https://doi.org/10.1126/science.1151861>
- SEMARNAT. (2008). Suelos. In *Informe de la situación del medio ambiente en México* (pp. 111–146).
- SEMARNAT (2012) Informe de la Situación del Medio Ambiente en México. SEMARNAT, México. 120.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2016). *Atlas Agroalimentario 2016* (pp. 104–105). <https://doi.org/10.1016/j.jag.2018.07.004>
- Sharma, S., Singh, P., & Sodhi, G. P. S. (2020). Soil organic carbon and biological indicators of uncultivated vis-à-vis intensively cultivated soils under rice–wheat and cotton–wheat cropping systems in South-Western Punjab. *Carbon Management*, 11(6), 681–695. <https://doi.org/10.1080/17583004.2020.1840891>
- Silva-Parra, A. (2018). Modelación de los stocks de carbono del suelo y las emisiones de dióxido de carbono (GEI) en sistemas productivos de la Altillanura Plana. *Orinoquia*, 22(2), 158–171. <https://doi.org/10.22579/20112629.525>
- Singh, P. K. (2012). Role of Glomalin Related Soil Protein Produced by Arbuscular Mycorrhizal Fungi : A Review. *Agricultural Science Research Journal*, 2(3), 119–125. <http://www.resjournals.com/ARJ>
- Six, J., Conant, R. T., Paul, E. A., & Paustian, K. (2002). Stabilization mechanisms of soil organic matter: Implications for C-saturation of soils. *Plant and Soil*, 241(2), 155–176. <https://doi.org/10.1023/A:1016125726789>
- Six, J., Frey, S. D., Thiet, R. K., & Batten, K. M. (2006). Bacterial and Fungal Contributions to Carbon Sequestration in Agroecosystems. *Soil Science Society of America Journal*, 70(2), 555–569. <https://doi.org/10.2136/sssaj2004.0347>
- Smith, P., Martino, D., Cai, Z., Gwary, D., Janzen, H., Kumar, P., McCarl, B., Ogle, S., O'Mara, F., Rice, C., Scholes, B., Sirotenko, O., Howden, M., McAllister, T., Pan, G., Romanenkov, V., Schneider, U., Towprayoon, S., Wattenbach, M., & Smith, J. (2008). Greenhouse gas mitigation in agriculture. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*,

- 363(1492), 789–813. <https://doi.org/10.1098/rstb.2007.2184>
- Strickland, M. S., & Rousk, J. (2010). Considering fungal: Bacterial dominance in soils - Methods, controls, and ecosystem implications. *Soil Biology and Biochemistry*, 42(9), 1385–1395. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2010.05.007>
- Sudduth, K. A., Kitchen, N. R., & Drummond, S. T. (2017). Inversion of soil electrical conductivity data to estimate layered soil properties. *Advances in Animal Biosciences*, 8(2), 433–438. <https://doi.org/10.1017/s2040470017001303>
- Sun, R., Li, W., Dong, W., Tian, Y., Hu, C., & Liu, B. (2018). Tillage changes vertical distribution of soil bacterial and fungal communities. *Frontiers in Microbiology*, 9(APR), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00699>
- Sun, W., Canadell, J. G., Yu, L., Yu, L., Zhang, W., Smith, P., Fischer, T., & Huang, Y. (2020). Climate drives global soil carbon sequestration and crop yield changes under conservation agriculture. *Global Change Biology*, 26(6), 3325–3335. <https://doi.org/10.1111/gcb.15001>
- Toledo, D. M., Arzuaga, S. A., Galantini, J. A., & Vazquez, S. (2018). Indicadores e índices biológicos de calidad de suelo en sistemas forestales. *Ciencia Del Suelo*, 36(2).
- Turmel, M. S., Speratti, A., Baudron, F., Verhulst, N., & Govaerts, B. (2015). Crop residue management and soil health: A systems analysis. *Agricultural Systems*, 134, 6–16. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2014.05.009>
- Uribe, L., Valenciano, A., & Nogales, R. (2014). Actividad enzimática del suelo - Deshidrogenasa , -β Glucosidasa , Fosfatasa y Ureasa - bajo diferentes cultivos. *Agronomía Costarricense*, 38(1), 43–54.
- Van Groenigen, K. J., Bloem, J., Bååth, E., Boeckx, P., Rousk, J., Bodé, S., Forristal, D., & Jones, M. B. (2010). Abundance, production and stabilization of microbial biomass under conventional and reduced tillage. *Soil Biology and Biochemistry*, 42(1), 48–55. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2009.09.023>
- Visser, P. M., Verspagen, J. M. H., Sandrini, G., Stal, L. J., Matthijs, H. C. P., Davis, T. W., Paerl, H. W., & Huisman, J. (2016). How rising CO₂ and global warming may stimulate harmful cyanobacterial blooms. *Harmful Algae*, 54, 145–159. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2015.12.006>
- Walker, B., Barrett, S., Polasky, S., Galaz, V., Folke, C., Engström, G., Ackerman, F., Arrow, K., Carpenter, S., Chopra, K., Daily, G., Ehrlich, P., Hughes, T., Kautsky, N., Levin, S., & Mäler, K. (2009). Looming global-scale failures and missing institutions. *Science*, 325(September), 7–8. <https://doi.org/10.1126/science.1175325>
- Wallenius, K., Rita, H., Mikkonen, A., Lappi, K., Lindström, K., Hartikainen, H., Raateland, A., & Niemi, R. M. (2011). Effects of land use on the level, variation and spatial structure of soil enzyme activities and bacterial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 43(7), 1464–1473.

<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2011.03.018>

- Wang, J., Wang, K., Zhang, M., & Zhang, C. (2015). Impacts of climate change and human activities on vegetation cover in hilly southern China. *Ecological Engineering*, 81, 451–461. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2015.04.022>
- Wang, X. X., Wang, X., Sun, Y., Cheng, Y., Liu, S., Chen, X., Feng, G., & Kuyper, T. W. (2018). Arbuscular mycorrhizal fungi negatively affect nitrogen acquisition and grain yield of maize in a N deficient soil. *Frontiers in Microbiology*, 9(MAR), 1–10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00418>
- Watson, R.T., Noble, I.R., Bolin, B., Ravindranath, N.H., Verardo, D.J., Dokken, D. J. (Eds. . (2000). *Land Use, Land-Use Change and Forestry* (p. 377). IPCC, Cambridge University Press, UK.
- Willekens, K., Vandecasteele, B., Buchan, D., & De Neve, S. (2014). Soil quality is positively affected by reduced tillage and compost in an intensive vegetable cropping system. *Applied Soil Ecology*, 82, 61–71. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.05.009>
- Wingeyer, A. B., Amado, T. J. C., Pérez-Bidegain, M., Studdert, G. A., Perdomo Varela, C. H., Garcia, F. O., & Karlen, D. L. (2015). Soil quality impacts of current South American agricultural practices. *Sustainability (Switzerland)*, 7(2), 2213–2242. <https://doi.org/10.3390/su7022213>
- Wu, Q. S., Cao, M. Q., Zou, Y. N., & He, X. H. (2014). Direct and indirect effects of glomalin, mycorrhizal hyphae, and roots on aggregate stability in rhizosphere of trifoliate orange. *Scientific Reports*, 4, 1–8. <https://doi.org/10.1038/srep05823>
- Wu, Q. S., Wang, S., & Srivastava, A. K. (2016). Mycorrhizal hyphal disruption induces changes in plant growth, glomalin-related soil protein and soil aggregation of trifoliate orange in a core system. *Soil and Tillage Research*, 160, 82–91. <https://doi.org/10.1016/j.still.2016.02.010>
- Xiang, D., Verbruggen, E., Hu, Y., Veresoglou, S. D., Rillig, M. C., Zhou, W., Xu, T., Li, H., Hao, Z., Chen, Y., & Chen, B. (2014). Land use influences arbuscular mycorrhizal fungal communities in the farming-pastoral ecotone of northern China. *New Phytologist*, 204(4), 968–978. <https://doi.org/10.1111/nph.12961>
- Xie, H., Li, J., Zhang, B., Wang, L., Wang, J., He, H., & Zhang, X. (2015). Long-term manure amendments reduced soil aggregate stability via redistribution of the glomalin-related soil protein in macroaggregates. *Scientific Reports*, 5(May), 1–9. <https://doi.org/10.1038/srep14687>
- Xu, Z., Yu, G., Zhang, X., Ge, J., He, N., Wang, Q., & Wang, D. (2014). The variations in soil microbial communities, enzyme activities and their relationships with soil organic matter decomposition along the northern slope of Changbai Mountain. *Applied Soil Ecology*, 86, 19–29. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.09.015>
- Yang, X. M., Drury, C. F., & Reeb, M. R. (2018). No-Tillage had Warmer Over-

- Winter Soil Temperatures than Conventional Tillage in a Brookston Clay Loam Soils in Southwestern Ontario. *Soil Science Society of America Journal*, 82(2), 307–314. <https://doi.org/10.2136/sssaj2017.05.0167>
- Yin, A., Zhang, M., Gao, C., Yang, X., Xu, Y., Wu, P., & Zhang, H. (2016). Salinity evolution of coastal soils following reclamation and intensive usage, Eastern China. *Environmental Earth Sciences*, 75(18). <https://doi.org/10.1007/s12665-016-6095-2>
- Yin, H., Pflugmacher, D., Li, A., Li, Z., & Hostert, P. (2018). Land use and land cover change in Inner Mongolia - understanding the effects of China's re-vegetation programs. *Remote Sensing of Environment*, 204(December 2016), 918–930. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2017.08.030>
- Yuan, P., Wang, J., Pan, Y., Shen, B., & Wu, C. (2019). Review of biochar for the management of contaminated soil: Preparation, application and prospect. *Science of the Total Environment*, 659, 473–490. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.12.400>
- Zamora-morales, B. P. (2018). *El manejo del suelo en la conservación de carbono orgánico*. 1787–1799.
- Zhang, H., Zhang, Y., Yan, C., Liu, E., & Chen, B. (2016). Soil nitrogen and its fractions between long-term conventional and no-tillage systems with straw retention in dryland farming in northern China. *Geoderma*, 269, 138–144. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2016.02.001>
- Zhang, Q., Miao, F., Wang, Z., Shen, Y., & Wang, G. (2017). Effects of long-term fertilization management practices on soil microbial biomass in China's cropland: A meta-analysis. *Agronomy Journal*, 109(4), 1183–1195. <https://doi.org/10.2134/agronj2016.09.0553>
- Zhang, S., Li, Q., Lü, Y., Zhang, X., & Liang, W. (2013). Contributions of soil biota to C sequestration varied with aggregate fractions under different tillage systems. *Soil Biology and Biochemistry*, 62, 147–156. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.03.023>
- Zhang, T., Chen, H. Y. H., & Ruan, H. (2018). Global negative effects of nitrogen deposition on soil microbes. *ISME Journal*, 12(7), 1817–1825. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0096-y>
- Zhang, X., Dong, W., Dai, X., Schaeffer, S., Yang, F., Radosevich, M., Xu, L., Liu, X., & Sun, X. (2015). Responses of absolute and specific soil enzyme activities to long term additions of organic and mineral fertilizer. *Science of the Total Environment*, 536, 59–67. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.07.043>
- Zhao, Y., Wang, P., Li, J., Chen, Y., Ying, X., & Liu, S. (2009). The effects of two organic manures on soil properties and crop yields on a temperate calcareous soil under a wheat-maize cropping system. *European Journal of Agronomy*, 31(1), 36–42. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2009.03.001>
- Zheng, C., Jiang, Y., Chen, C., Sun, Y., Feng, J., Deng, A., Song, Z., & Zhang,

- W. (2014). The impacts of conservation agriculture on crop yield in China depend on specific practices, crops and cropping regions. *Crop Journal*, 2(5), 289–296. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2014.06.006>
- Zomer, R. J., Neufeldt, H., Xu, J., Ahrends, A., Bossio, D., Trabucco, A., Van Noordwijk, M., & Wang, M. (2016). Global Tree Cover and Biomass Carbon on Agricultural Land: The contribution of agroforestry to global and national carbon budgets. *Scientific Reports*, 6(April), 1–12. <https://doi.org/10.1038/srep29987>
- Zuber, S. M., & Villamil, M. B. (2016). Meta-analysis approach to assess effect of tillage on microbial biomass and enzyme activities. *Soil Biology and Biochemistry*, 97, 176–187. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.03.011>

CAPITULO III

IMPACTO DE DIFERENTES MÉTODOS DE LABRANZA SOBRE LA MICROBIOTA DEL SUELO EN EL NORTE-CENTRO DE MEXICO

RESUMEN

El manejo del suelo en los sistemas agrícolas afecta sus propiedades físicas, químicas y biológicas. Por lo tanto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar el impacto de la agricultura de conservación (AC) sobre la abundancia de microorganismos del suelo y su relación con los parámetros fisicoquímicos y biológicos del suelo en un sistema maíz-trigo-triticale en el noreste de México. Se evaluaron seis métodos diferentes de labranza. Las principales variables ambientales afectadas por el tipo de labranza son el pH, la conductividad eléctrica (CE), el rendimiento (REN), las unidades formadoras de colonias de hongos (HON) y las proteínas del suelo relacionadas con la glomalina (PSRG). En cuanto a la diversidad bacteriana, se registraron 24 phyla y 733 géneros. Proteobacteria y Planctomycetes phyla son más abundantes en suelos con alto contenido de PSRG, mayor FUN y YLD, variables relacionadas con AC, Actinobacteria, Saccharibacteria_TM7 y Cyanobacteria se relacionan con valores más altos de pH y EC, parámetros relacionados con CA suelos bajo labranza convencional. Por el contrario, los géneros *Pseudarthrobacter*, *Rubellimicrobium*, *Blastococcus* y *Rhizobium* fueron más abundantes en los tratamientos de labranza convencional. Además, los géneros *Hyphomicrobium*, *Mesorhizobium*, *Mycobacterium*, *GQ263104_g*, *FM253654_g*, *Gemmata*, *Amaricoccus*, *Pedomicrobium*, *Bradyrhizobium*, *AF370880_g* y *Reyranella* presentaron una mayor abundancia relativa en suelos bajo AC a largo y corto plazo. Por lo tanto, las bacterias del suelo están influenciadas por las prácticas de labranza, donde la AC favorece la abundancia de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal y la fertilidad del suelo y, en consecuencia, aumenta el rendimiento de los cultivos.

Palabras clave: Labranza de conservación, microbiota del suelo, fertilidad del suelo.

Impact of different tillage practices on soil microbiota in North-Central Mexico.

ABSTRACT

Soil management in agricultural systems affects its physical, chemical, and biological properties. Therefore, the present study aimed to evaluate the impact of conservation agriculture (CA) on the abundance of soil microorganisms and their relationship with soil physicochemical and biological parameters in a corn-wheat-triticale system in northeastern Mexico. Six different tillage methods were evaluated. The main environmental variables affected by the type of tillage were pH, electrical conductivity (EC), yield (YLD), fungal colony-forming units (FUN), and soil proteins related to glomalin-related soil proteins (GRSP). Regarding bacterial diversity, 24 phyla and 733 genera were recorded. Proteobacteria and Planctomycetes phyla are more abundant in soils with high GRSP content, higher FUN and YLD, variables related to CA, while Actinobacteria, Saccharibacteria_TM7, and Cyanobacteria were related to higher pH and EC values, parameters related to soils under conventional tillage. On the contrary, *Pseudarthrobacter*, *Rubellimicrobium*, *Blastococcus*, and *Rhizobium* genera were more abundant in conventional tillage treatments. Additionally, *Hyphomicrobium*, *Mesorhizobium*, *Mycobacterium*, GQ263104_g, FM253654_g, *Gemmata*, *Amaricoccus*, *Pedomicrobium*, *Bradyrhizobium*, AF370880_g, and *Reyranella* showed higher relative abundance in soils under long and short-term CA. Therefore, soil bacteria were influenced by tillage practices, where CA favors the abundance of plant growth-promoting rhizobacteria and soil fertility and, consequently, increasing crop yield.

Keywords: Conservation tillage, soil microbiota, soil fertility.

3.1. INTRODUCCIÓN

Las prácticas de labranza en sistemas de producción agrícola hacen uso de diferentes herramientas con el objetivo de modificar y reacondicionar para promover la descomposición de la materia orgánica del suelo (MOS), mejorar la aireación, modificar la tasa de evaporación, principalmente (García *et al.*, 2018). Sin embargo, el aumento desmesurado de las remociones incrementa la probabilidad de erosión y compactación del suelo, así como cambios en las propiedades físicas y biológicas del mismo (Leyva *et al.*, 2014). También repercuten en los microorganismos del suelo, los cuales son sensibles a las perturbaciones causadas por el manejo al que es sometido el sistema edáfico, por lo que sus alteraciones deben ser tomadas en cuenta como una herramienta para descubrir cambios en la recuperación del sistema (Silva *et al.*, 2018). Mas aún, las variaciones de la comunidad bacteriana del suelo pueden afectar la mineralización y descomposición de la MOS, debido a que las bacterias del suelo representan un amplio porcentaje de la cantidad total de microorganismos edáficos, los cuales además de producir servicios ecosistémicos, participan en los procesos bioquímicos del suelo, contribuyen al ciclo de nutrientes y la transformación de energía en el suelo (Martínez *et al.*, 2016).

Estudios anteriores han encontrado que la ausencia de labranza y la incorporación de residuos vegetales aumentan la biomasa microbiana, las comunidades bacterianas y las actividades enzimáticas en el suelo, además de contribuir a la conservación de carbono (C), a causa de la alteración reducida del suelo y la lenta descomposición del C orgánico (Kumar, 2018; Pandey *et al.*, 2014; Yeboah *et al.*, 2016), por lo que se ha optado por aplicar estrategias de uso de suelo sustentables para los procesos de cultivo y, de esta manera, obtener una mejora sobre las propiedades fisicoquímicas y biológicas del suelo (Martínez *et al.*, 2018). No obstante, no ha sido tan explorada la influencia de la agricultura de conservación (AC) sobre los microorganismos del suelo y su abundancia, así como la relación de éstos con los parámetros fisicoquímicos del suelo, lo cual podría ampliar la perspectiva de su influencia sobre la estabilidad y calidad del

recurso edáfico (Henneron *et al.*, 2015). Esto resulta particularmente importante en ecosistemas más frágiles a la degradación del suelo, como en zonas áridas, donde la agricultura requiere un manejo adecuado para mitigar la escasez de recursos abióticos, incluso condiciones ambientales extremas (Willekens *et al.*, 2014). Por lo tanto, el objetivo de esta investigación fue evaluar la influencia a largo plazo de diferentes prácticas de labranza sobre sus propiedades fisicoquímicas y biológicas del suelo, así como su influencia en las comunidades bacterianas del suelo en un sistema maíz-avena-triticale en zonas áridas y semiáridas del norte-centro de México.

3.2. MATERIALES Y MÉTODOS

3.2.1. Área de estudio

El estudio se llevó a cabo en un lote experimental del Campo Experimental San Luis del INIFAP, ubicado en Soledad de Graciano Sánchez, San Luis Potosí (22° 13' 34.3337'' N 100° 50' 56.3388'' O). Se evaluaron seis tratamientos distribuidos en un diseño de bloques al azar y dos repeticiones. Cada tratamiento se estableció en parcelas de 10 surcos a 0.80 m entre sí o cinco camas de 1.60 m por 30.0 m de largo (Tabla 1). El estudio se estableció en 1995. El maíz (*Zea mays L.*) se sembró en el ciclo primavera-verano (Ceres XR-45, 69,000 plantas/ha), avena (*Avena sativa*) (Cuauhtémoc, 60 kg ha⁻¹) y triticale forrajero (x *Triticosecale*) (Arne, 60 kg ha⁻¹) asociado con chícharo (*Pisum sativum*) (20 kg ha⁻¹) en el ciclo otoño-invierno, estas prácticas y los tratamientos correspondientes se aplicaron sobre las mismas parcelas hasta el año 2020. Para maíz, se fertilizó con la fórmula 200-100-00, mientras que para avena y triticale forrajero se empleó el tratamiento de fertilización 90-40-00. En todos los cultivos se aplicó el 50% del nitrógeno y 100% del fósforo en la siembra y el 50% restante de nitrógeno en la primera escarda, siendo cultivos de riego. El muestreo se llevó a cabo en la temporada de primavera-verano del año 2020, después de la siembra de maíz.

Cuadro 1. Descripción de tratamientos.

Clave	Tratamiento	Descripción
T1	Barbecho + rastra	Labranza convencional (Se voltea el suelo de 25 a 30 cm de profundidad).
T2	Rastra	Rastra (los discos de la rastra penetren como mínimo 12 cm de profundidad).
T3	Multiarado	De 1995 a 2018 se trabajó con rastra y labranza vertical. Su manejo actual es de labranza cero.
T4	Labranza cero + 0% cobertura	Labranza cero sin cobertura de rastrojo. Siembra directa.
T5	Labranza cero + 33% cobertura	Labranza cero con 33% de cobertura (1.3 t/ha de rastrojo anual).
T6	Labranza cero + 66% cobertura	Labranza cero con 66% de cobertura (2.6 t/ha de rastrojo anual).

3.2.2. Muestreo de suelos

En el año 2020, transcurridos 20 años desde el inicio de los tratamientos de labranza y al final del ciclo agrícola del maíz (primavera-verano), se tomaron cuatro submuestras totalmente al azar de cada tratamiento, para después mezclarse y obtener una muestra compuesta de cada uno. Las muestras se secaron al aire y se tamizaron utilizando una malla de 2 mm y 0.5 mm antes de las determinaciones analíticas.

En cuanto al análisis de las comunidades bacterianas del suelo rizosférico, se tomaron totalmente al azar 3 muestras de suelo de una profundidad de 0- 10 cm de cada tratamiento, que se depositaron en microtubos de 2 ml para lisis BashingBead™ con 750 ul de buffer lisante/estabilizador Xpedition™ Zymo Research™ e inmediatamente agitadas en un disruptor celular (TerraLyzer™). Las muestras se conservaron en congelación hasta la extracción del ADN.

3.2.3. Análisis de variables químicas y biológicas

El pH se midió con una relación de suelo:agua 1: 2 (p/v) (Jackson, 1982). La Conductividad eléctrica (CE) se analizó con una relación 1:2.5 (Sonmez et al., 2008). Asimismo, se determinó el porcentaje de materia orgánica del suelo (MOS) y el carbono orgánico (COS) (Walkley & Black, 1934), mientras que el carbono total (CT) se obtuvo utilizando un analizador elemental (TOC). Además, como parte de las proteínas de suelo relacionadas con la glomalina (PSRG), se evaluó la glomalina total (T-PSRG), glomalina difícilmente extraíble (DE-PSRG) y fácilmente extraíble (FE-PSRG) (Rillig et al., 2003). así como las unidades formadoras de colonias (UFC) mediante recuento en placa para bacterias (BAC) y hongos (HON) (agar tripticasa de soja para bacterias aeróbicas totales y agar papa dextrosa para hongos filamentosos y levaduras). Adicionalmente, las emisiones de CO₂ del suelo se midieron a las 48 horas en condiciones controladas de humedad y temperatura (Anderson, 1982). Asimismo, se evaluó la actividad enzimática del suelo para peroxidasa (POX), polifenol oxidasa (PPO) (Saiy-Cork K. R, Sinsabaugh R. L, 2002) y B-galactosidasa (B-gal) (Eivazi & Tabatabai, 1988). Paralelamente, se evaluó el rendimiento (REN) de materia vegetal en peso seco del cultivo.

3.2.4. Estudio de las comunidades bacterianas del suelo

La extracción de ADN se realizó mediante el kit DNA Zymobiomics MiniPrep de Zymo Research™. La amplificación se llevó a cabo a con el empleo de las regiones V3 y V4 del gen 16S rRNA con los primers sugeridos por Klindworth et al. (2013): S-D-Bact-0341-b-S-17, 5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3' y S-D-Bact-0785-a-A-21, 5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3', que producen un amplicón de ~460 pb. Las secuencias se mandaron sintetizar con los adaptadores "overhang" del protocolo de Illumina (Illumina, 2017). Posteriormente, los amplicones se etiquetaron utilizando el Nextera XT Index Kit™ para la creación de las bibliotecas, siguiendo el protocolo de Illumina (Illumina, 2019). Finalmente, se realizó la cuantificación, normalización (equimolaridad), la agrupación de las bibliotecas y la secuenciación masiva de siguiente generación (MiSeq Illumina®

de 2 × 250 lecturas de final pareado) siguiendo el protocolo para metagenómica 16S (Illumina, 2017). Las secuencias de ADN fueron analizadas utilizando el software bioinformático Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME) v.1.9.0 (Caporaso et al., 2010) siguiendo la metodología descrita por García-De la Peña *et al.* (2019). Se asignó la taxonomía tomando como referencia la base de datos EzBioCloud (Yoon et al., 2017). Se calculó la diversidad beta utilizando el índice de Bray-Curtis (Beals, 1984); esta matriz de diversidad beta se utilizó para llevar a cabo una prueba Permanova ($p < 0.05$) para probar diferencia significativa de la microbiota entre tratamientos. La diversidad alfa se calculó con los índices de Shannon y Simpson. La abundancia absoluta de OTU a nivel de género se utilizó para visualizar el número de secuencias frente al número de OTU y observar la cobertura de profundidad (curvas de asíntotas); este gráfico se realizó en la versión PAST 3.15. Se realizó un proceso de rarefacción aleatoria para estandarizar todas las muestras. Usando el archivo estandarizado, se obtuvieron abundancias relativas para el nivel de phylum y representado como gráficos de barras usando el programa Excel. Taxones a nivel de género con una abundancia relativa mayor que 0.5% se incluyeron en un mapa de calor y se utilizó el método de conglomerados jerárquicos con medida euclidiana para el dendrograma de las muestras empleando el software Morpheus (<https://software.broadinstitute.org/GENE-E/>).

3.2.5. Análisis estadístico

Los datos obtenidos fueron analizados empleando el programa IBM SPSS Statistics v.25 y MedCalc v.20.106. Después de verificar la normalidad y homogeneidad de la varianza, se emplearon pruebas de medias paramétricas y no paramétricas según el caso de la variable de interés, tales como ANOVA y Kuskal Wallis ($p < 0.05$). Además de Tukey y CONVAC al 95 % de confianza para determinar diferencias significativas entre tratamientos. Esto se aplicó para comparar las variables químicas y biológicas entre las diferentes labranzas.

Finalmente, se utilizó un análisis de componentes principales (PCA) para observar asociaciones entre los diez phyla principales y las variables

fisicoquímicas de suelo de los seis tipos de labranzas agronómicas con el programa R y así determinar las variables con mayor relación a los phyla.

Los patrones entre los sistemas de labranza, y las propiedades fisicoquímicas del suelo se exploraron mediante el análisis de redundancia multivariante. Se llevó a cabo un análisis de redundancia (RDA) con la función RDA en la biblioteca “vegan” en R Studio v4.1.0 (Di Felice et al., 2012). La importancia de los resultados de RDA se probó mediante una prueba de permutación (999 permutaciones).

3.3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.3.1. Resultados

Variables químicas y biológicas del suelo

El efecto acumulado de las prácticas de labranza empleadas en este estudio, tuvo como resultado que, algunas variables químicas y biológicas del suelo mostraron diferencias significativas entre tratamientos (Tabla 2). Las variables MOS, COS, CT, Hongos, Bacterias y POX fueron significativamente más altas en el suelo basado en labranza cero y 33% de cobertura vegetal (T5). Por su parte, las variables de T-PSRG, DE-PSRG, FE-PSRG y rendimiento peso seco fueron mayores en el de labranza cero con 66% de cobertura vegetal (T6). Así mismo, las actividades de PPO y β -gal fueron más representativas en el tratamiento basado en Labranza cero (T4). Finalmente, las variables de pH y CE fueron mayores en el T1, que corresponde al barbecho y rastra. Estos resultados demuestran la eficiencia a largo plazo de la agricultura de conservación para incrementar la salud y fertilidad del suelo, al incrementar factores como la concentración de MOS y COS, incrementa el metabolismo microbiano para la mineralización de dicha materia orgánica, favorece la presencia de microorganismos benéficos como los hongo micorrízicos arbusculares, los cuales a su vez incrementan el contenido de PSRG que se relacionan directamente con la agregación del suelo, e incrementar el rendimiento del cultivo. En contraste, la labranza convencional como el barbecho más rastra presentó un mayor nivel de pH y CE, lo cual puede verse reflejado en el menor rendimiento y salud del suelo.

El análisis de componentes principales demostró diferencia en los tratamientos con labranza cero (T4, T5 y T6) y los de labranza convencional (T1, T2 y T3) (Figura 1). De acuerdo con el análisis, se explica un 70.76% de la varianza con 2 componentes. Además, las muestras de diferentes grupos mostraron una distribución descentralizada y agregada. A partir de los resultados, se seleccionaron las variables de pH, C.E., T-PSRG, DE-PSRG, FE-PSRG, REN y HON como las principales variables ambientales y biológicas relacionadas con los tratamientos.

Cuadro 2. Características químicas y biológicas de suelo, bajo diferentes labranzas. valores medios y desviación estándar ($\pm$) gl= grados de libertad, los números en negritas indican diferencias significativas ($p < 0.05$).

Variable	T1	T2	T3	T4	T5	T6	F/Ht	df	p
<i>pH</i>	8.09 $\pm$ 0.14 ^a	7.97 $\pm$ 0.00 ^b	7.99 $\pm$ 0.04 ^b	7.85 $\pm$ 0.03 ^d	7.94 $\pm$ 0.01 ^c	7.90 $\pm$ 0.01 ^{cd}	15.55	5	0.008
<i>Conductividad eléctrica ms/cm3</i>	531.87 $\pm$ 15.20 ^a	443.77 $\pm$ 2.87 ^{ab}	427.80 $\pm$ 30.94 ^b	448.70 $\pm$ 59.73 ^{ab}	318.80 $\pm$ 36.17 ^c	353.47 $\pm$ 52.65 ^c	11.65	5	0.000
<i>Materia orgánica %</i>	2.24 $\pm$ 0.08 ^d	2.29 $\pm$ 0.04 ^d	2.42 $\pm$ 0.04 ^c	3.05 $\pm$ 0.00 ^a	3.12 $\pm$ 0.07 ^a	2.88 $\pm$ 0.04 ^b	16.19	5	0.006
<i>Carbono orgánico %</i>	1.30 $\pm$ 0.04 ^d	1.33 $\pm$ 0.02 ^d	1.40 $\pm$ 0.02 ^c	1.77 $\pm$ 0.00 ^a	1.81 $\pm$ 0.04 ^a	1.67 $\pm$ 0.02 ^b	16.19	5	0.006
<i>Carbono total %</i>	2.06 $\pm$ 0.03 ^c	2.08 $\pm$ 0.03 ^c	2.38 $\pm$ 0.09 ^b	2.63 $\pm$ 0.07 ^a	2.68 $\pm$ 0.23 ^a	2.39 $\pm$ 0.07 ^b	14.53	5	0.013
<i>Glomalina total mg mg⁻¹</i>	0.63 $\pm$ 0.03 ^d	0.60 $\pm$ 0.03 ^d	0.84 $\pm$ 0.01 ^c	0.87 $\pm$ 0.02 ^b	0.90 $\pm$ 0.05 ^b	1.65 $\pm$ 0.03 ^a	15.50	5	0.008
<i>Glomalina difícilmente extraíble mg ml⁻¹</i>	0.60 $\pm$ 0.03 ^c	0.57 $\pm$ 0.03 ^c	0.81 $\pm$ 0.01 ^b	0.82 $\pm$ 0.02 ^b	0.84 $\pm$ 0.04 ^b	1.58 $\pm$ 0.03 ^a	14.85	5	0.011
<i>Glomalina fácilmente extraíble mg g⁻¹</i>	0.03 $\pm$ 0.00 ^d	0.03 $\pm$ 0.00 ^d	0.03 $\pm$ 0.00 ^c	0.05 $\pm$ 0.00 ^b	0.05 $\pm$ 0.00 ^b	0.07 $\pm$ 0.00 ^a	15.70	5	0.008
<i>Hongos UFC g⁻¹</i>	2.7E+06 $\pm$ 5.8E+05 ^{bc}	2.0E+06 $\pm$ 0.0E+00 ^c	3.3E+06 $\pm$ 5.8E+05 ^b	4.3E+06 $\pm$ 2.1E+06 ^b	9.0E+06 $\pm$ 3.5E+06 ^a	8.0E+06 $\pm$ 3.0E+06 ^a	13.29	5	0.021
<i>Bacterias, UFC g⁻¹</i>	7.4E+06 $\pm$ 2.8E+06 ^{bc}	7.1E+06 $\pm$ 2.9E+06 ^b	4.0E+06 $\pm$ 3.5E+05 ^c	1.1E+07 $\pm$ 1.0E+06 ^a	1.2E+07 $\pm$ 2.7E+06 ^a	3.9E+06 $\pm$ 9.5E+05 ^c	13.65	5	0.018
<i>Actinomicetos UFC g⁻¹</i>	5.5E+06 $\pm$ 7.0E+05 ^a	1.7E+06 $\pm$ 4.9E+05 ^{bc}	4.5E+06 $\pm$ 2.2E+06 ^a	1.9E+06 $\pm$ 1.5E+05 ^b	3.6E+06 $\pm$ 1.7E+06 ^{ab}	4.5E+06 $\pm$ 1.3E+06 ^a	11.04	5	0.051
<i>Peroxidasa μmol g⁻¹ h⁻¹</i>	11.79 $\pm$ 0.58 ^a	10.21 $\pm$ 1.09 ^b	10.45 $\pm$ 0.17 ^b	9.26 $\pm$ 1.72 ^b	12.23 $\pm$ 1.50 ^a	10.84 $\pm$ 0.28 ^b	12.56	5	0.028

<i>Polifenol oxidasa $\mu\text{mol g}^{-1} \text{h}^{-1}$</i>	10.75± 0.70 ^{bc}	12.39± 0.99 ^a	12.11± 0.09 ^a	13.43± 1.70 ^a	10.55± 1.46 ^b	11.89± 0.26 ^{ab}	11.66	5	0.040
<i>B-galactosidasa mg pNP g^{-1}</i>	24.10± 0.34 ^d	22.99± 1.30 ^d	28.08± 1.73 ^c	34.12± 0.44 ^a	33.49± 1.57 ^{ab}	32.32± 0.88	15.34	5	0.009
<i>Respiración basal (48 hrs) $\mu\text{g g}^{-1} \text{h}^{-1}$</i>	58.38± 7.22 ^a	58.38± 7.22 ^a	66.72± 7.22 ^a	70.89± 7.22 ^a	58.38± 7.22 ^a	54.21± 7.22 ^a	8.006	5	0.156
<i>Rendimiento P seco kg ha⁻¹</i>	5924.70± 410.56 ^{bc}	5695.21± 148.96 ^c	6884.75± 813.05 ^b	8337.21± 978.85 ^{ab}	8575.22± 160.21 ^a	8806.41± 826.37 ^a	13.983	5	0.016

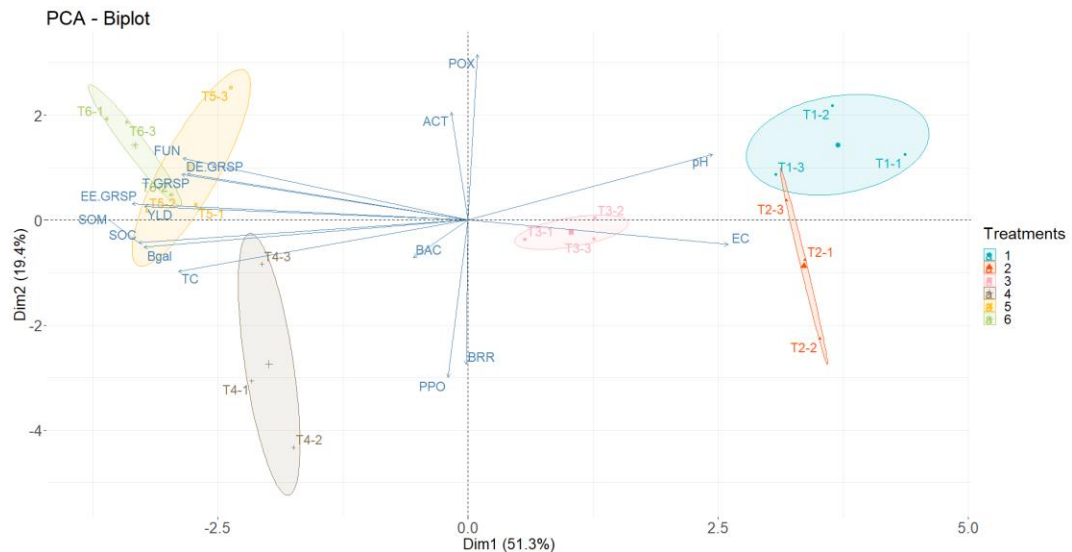


Figura 1. Análisis de componentes principales (PCA) de las comunidades microbianas en las 18 muestras de suelo bajo seis tipos de labranza.

Abundancia de taxa bacterianos

La media de las secuencias obtenidas de los tratamientos de suelo fue de 105,398. En cuanto a las secuencias ensambladas se obtuvo una media de 47,415, y un promedio de 65,165 de secuencias desechadas; además, se eliminó una media de 860 quimeras, obteniendo así una media de 42,802 secuencias de calidad. Luego de realizar la asignación taxonómica, se obtuvo un promedio de 36,249 secuencias bacterianas y después de descartar singletons fue de 14,982 (Tabla 3). El número de OTUs bacterianos de las muestras registraron una profundidad de cobertura adecuada, ya que se alcanzó una asíntota cerca de las 10, 000 secuencias en todas las curvas (Figura 2). Las secuencias obtenidas fueron subidas en el National Center for Biotechnology Information (NCBI, por sus siglas en inglés) para conocimiento público, BioProject: PRJNA824822.

Cuadro 3. Número de secuencias obtenidas para cada tratamiento de muestras de suelo

<i>Muestra</i>	<i>Total</i>	<i>Ensambladas</i>	<i>Descartadas</i>	<i>QE</i>	<i>SC</i>	<i>SB</i>	<i>OTUs</i>
<i>T1</i>	88,986	77,052	55,027	1,229	54,070	45,052	18,043
<i>T2</i>	96,823	36,244	60,579	484	35,629	28,738	10,662
<i>T3</i>	110,814	40,994	69,820	647	40,189	33,610	12,816
<i>T4</i>	113,980	50,807	63,173	884	49,738	44,355	21,674
<i>T5</i>	106,341	39,717	66,624	1,323	38,254	31,245	10,708
<i>T6</i>	115,445	39,679	75,766	592	38,932	34,493	15,989
<i>Media</i>	105,398	47,415	65,165	860	42,802	36,249	14,982

QE =, quimeras descartadas, SC = secuencias de calidad después de descartadas las quimeras, SB = secuencias bacterianas, OTUs = operational taxonomic units.

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

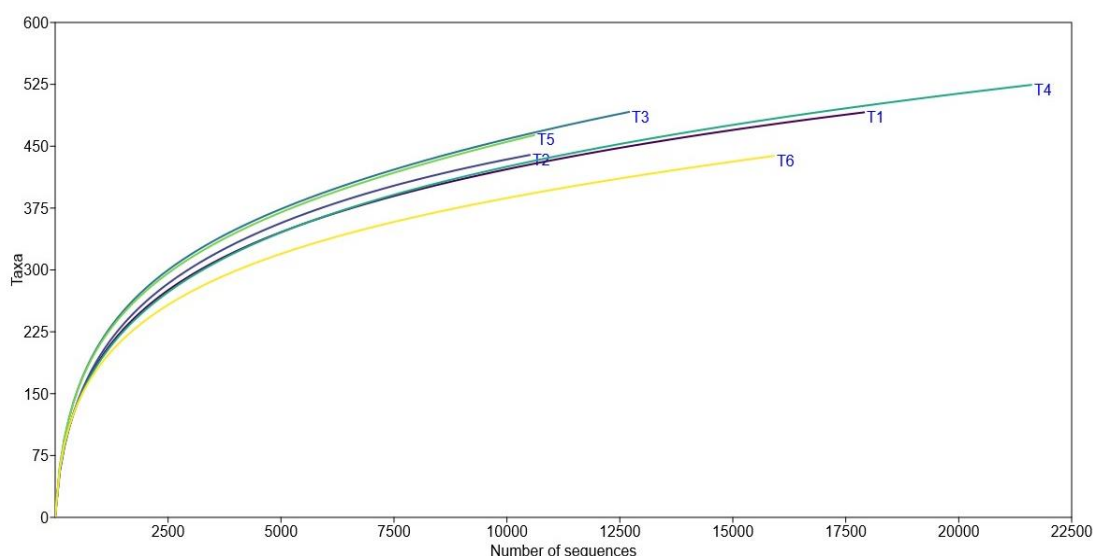


Figura 2. Representación gráfica de los OTUs bacterianos, asíntota cerca de las 10, 000 secuencias.

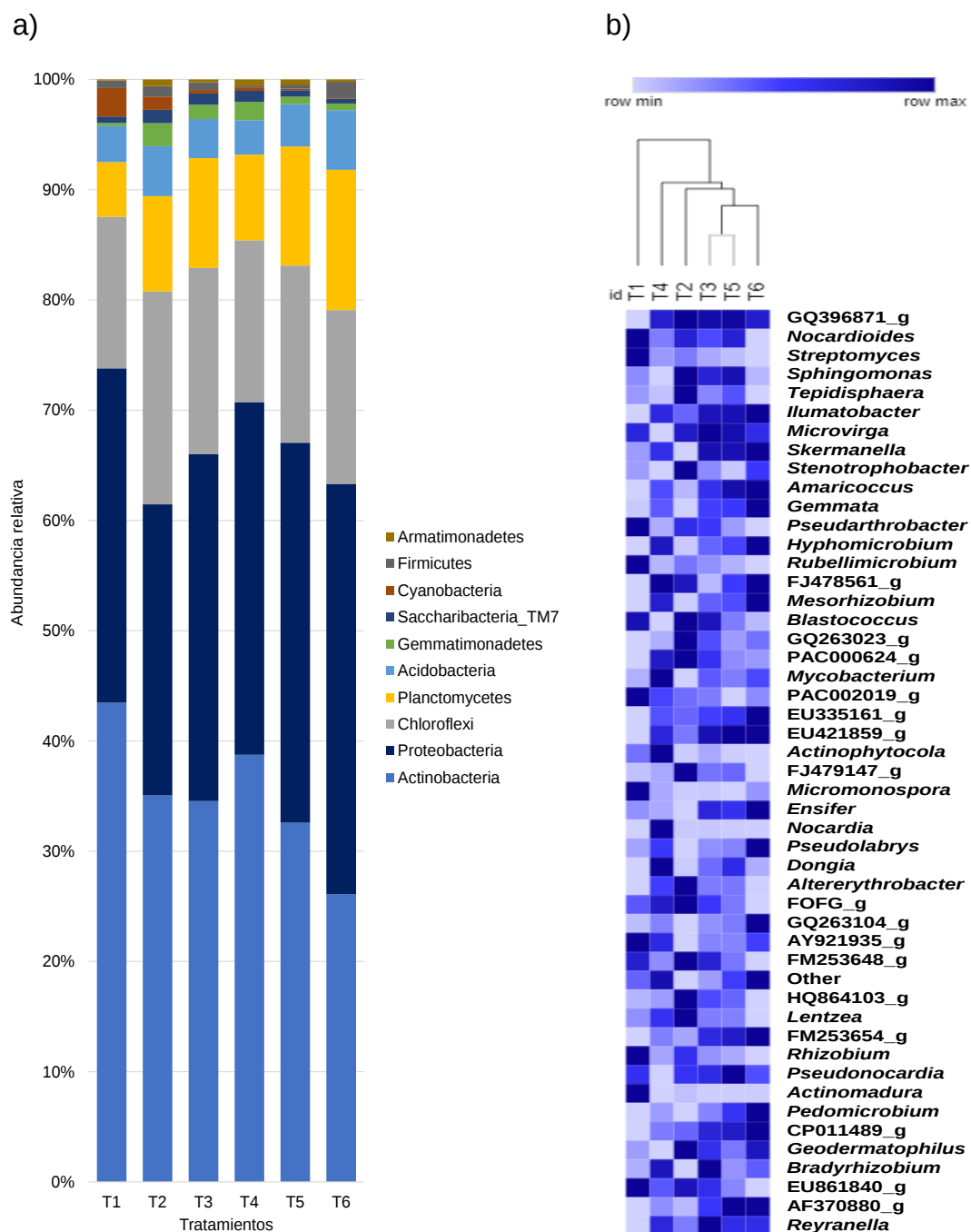


Figura 3. a) Abundancia relativa de los principales phyla, b) Mapa de calor de los principales géneros.

Se registraron 24 phyla, de los cuales los principales fueron: Actinobacteria (x= 35%), Proteobacteria (x= 32%), Chloroflexi (x= 16%) y Planctomycetes (x= 9%) (Figura 3a). Existió un mayor porcentaje de Actinobacteria en los tratamientos T1, T2, T3, y T4, los cuales están basados en labranza convencional y, aunque el tratamiento 4 está basado en labranza cero, no cuenta con cobertura vegetal. Por otro lado, en los tratamientos de labranza cero con cobertura vegetal (T5 y T6) existió un mayor porcentaje de Proteobacteria.

Asimismo, se registraron 733 géneros, de los cuales los principales fueron GQ396871_g (x= 6%) perteneciente al phylum Chloroflexi, *Nocardioides* (x = 5%), *Streptomyces* (x = 5%), *Sphingomonas* (x = 4%) y *Tepidisphaera* (x = 4%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia fue mayor a 0.5% se representa visualmente en la Figura 3b.

Análisis estadístico

De acuerdo con el RDA, existe una relación significativa entre las variables ambientales y los principales phyla encontrados bajo los distintos tratamiento ($F = 1.8191$, g.l. =7, $P = 0.036$). Mas aún, se presentó una correlación entre las variables ambientales y los phyla dominantes de 0.56 (Figura 4). A partir de los resultados obtenidos, se puede observar que los phyla Proteobacteria y Planctomycetes son más abundantes en suelos con alto contenido de PSRG (T, DE y FE), mayor UFC de hongos y rendimiento del cultivo, variables relacionadas con la agricultura de conservación, según lo mostrado en el PCA (Figura 1). Por su parte, los phyla como Actinobacteria, Saccharibacteria_TM7 y Cyanobacteria se relacionan con valores mayores de pH y C.E., parámetros conexos con suelos bajo labranza convencional (T1, T2 y T3) (Figura 4).

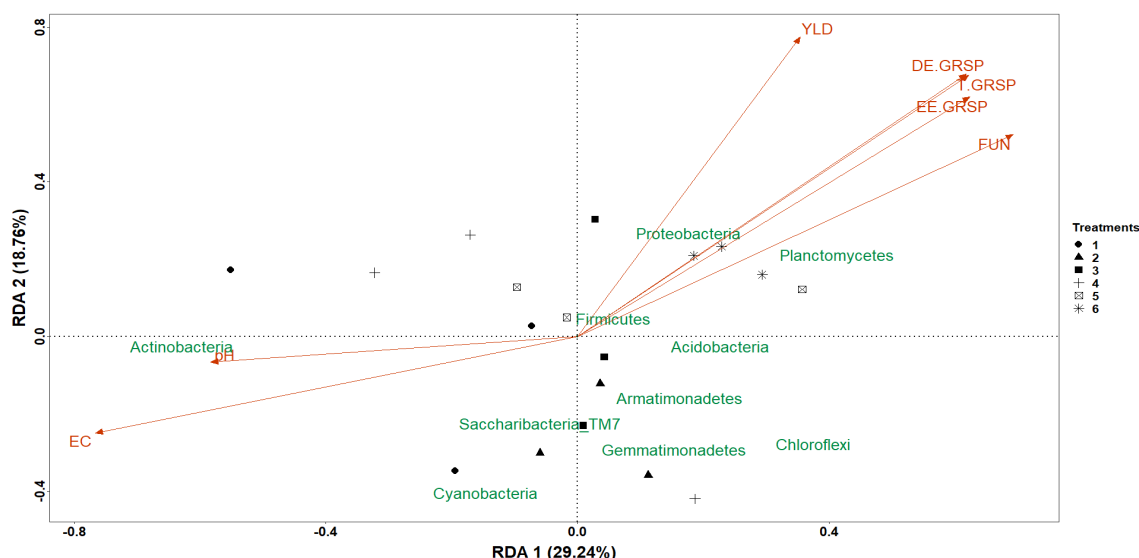


Figura 4. Análisis de redundancia de los phyla más abundantes y las propiedades del suelo en las 18 muestras de suelo bajo seis tipos de labranza.

3.3.2. Discusión

El manejo del suelo en los sistemas agrícolas afecta sus propiedades físicas, químicas y biológicas (Tabla 2). El PCA demostró que las principales variables afectadas por el tipo de labranza son el pH, C.E., REN, HON y PSRG (T, DE y FE). El pH más bajo en los tratamientos bajo labranza de conservación puede estar relacionado a la acumulación de MOS en los centímetros superiores del suelo, provocando así un aumento en la concentración de electrolitos (Rhoton, 2000). En el estudio realizado por Limousin & Tessier (2007), se observó que el suelo superficial se vuelve más ácido bajo labranza cero que, bajo labranza convencional, y ha sido atribuido a procesos como la mineralización de la materia orgánica y exudación de raíces. En cuanto a la conductividad eléctrica, Chatterjee & Lal (2009), señalaron que fue menor en suelos bajo labranza cero a comparación de los suelos basado en labranza convencional y se relaciona al movimiento mejorado del agua en el suelo y el desarrollo de los agregados del suelo, lo cual coincide con este estudio. La labranza cero beneficia el movimiento de agua en el suelo, hecho que aumenta la concentración de electrolitos, lo que también podría estar relacionado a los niveles mas bajos de CE, es decir, en los tratamientos de AC (Busari *et al.*, 2015; Yu *et al.*, 2016).

Varios estudios han demostrado que los factores ambientales, incluido el pH y la CE, son importantes en el cambio de la comunidad bacteriana (Liu & Kang, 2014; Shen *et al.*, 2013), lo cual pudo observarse en el análisis de redundancia, donde se demostró la influencia de estos parámetros en la abundancia relativa de los phyla, cyanobacteria, saccharibacteria_TM7, y actinobacteria) (Figura 5).

Por tanto, el pH y la CE podrían ser factores importantes en el control de las diferencias, ya que afectarán el crecimiento bacteriano en suelos de alta salinidad (Rath *et al.*, 2019). Por otro lado, el análisis de PSRG en sus tres derivados, fueron mayores en los tratamientos de labranza de conservación, lo cual puede deberse a la formación de complejos proteicos, beneficiando a la formación de agregados del suelo. Lo anterior se ve reflejado en la importancia de los tres tipos de PSRG (T, DE y FE) dentro del RDA, donde su valor fue determinante en la abundancia de phyla como Proteobacteria y Planctomycetes, (Figura 5), lo que puede estar relacionado a la abundancia de HON entre los cuales se distinguen los hongos micorrízicos arbusculares HMA, que a su vez se son productores de glomalina, y de esta manera se da paso a la formación de agregados del suelo (Yang *et al.*, 2017). En el caso de los hongos, muchas investigaciones han demostrado un incremento en la población fúngica cuando se utiliza cero labranza en comparación a la labranza convencional (Dai *et al.*, 2015; Wang, *et al.*, 2016), específicamente de los HMA, aunque otras han reportado que no existe efecto de la labranza en las comunidades fúngicas, a excepción de que los HMA son más abundantes en la agricultura de conservación y los hongos fitopatógenos en suelos arados (Detheridge *et al.*, 2016). Por otra parte, también la descomposición de la glomalina puede ser alterada por características del suelo como su remoción y la disponibilidad de nutrientes, que influye sobre la actividad microbiana (Wu *et al.*, 2014). Galazka *et al.*, (2017) compararon el efecto de prácticas convencionales y de conservación, y observaron un mayor contenido de PSRG con el análisis de T-PSRG en los tratamientos bajo labranza de conservación a comparación con los de labranza convencional, mientras que Huidoro (2011), realizó un estudio donde analizó diferentes manejos de suelo, teniendo incluso tratamientos de referencia contrastados a los convencionales y

de conservación, cuyos resultados demostraron una mayor concentración de FE-PSRG en los tratamientos de labranza de conservación, lo que demuestra claramente que los grupos PSRG son sensibles a las prácticas de manejo. Tales diferencias en la contribución de glomalina parecen estar relacionadas con el diferente origen de suelos y la diferente estabilización según la naturaleza de la MOS (Lozano *et al.*, 2016; Staunton *et al.*, 2020). La descomposición de la MOS es una manifestación del crecimiento de la actividad biológica, que se traduce en una mejora de la fertilidad y, por tanto, de la calidad del suelo (Guerra, 2015).

Por otro lado, la diversidad beta presentó diferencia significativa entre tratamientos, lo cual refleja el grado de diferenciación en las comunidades bacterianas entre los distintos métodos de labranza, lo que coincide con los resultados presentados por Wang *et al.*, (2016). Además, algunos investigadores han sugerido que el cambio en la estructura de la comunidad (diversidad beta) se relaciona con cambios en el comportamiento funcional (Fierer *et al.*, 2013; Griffiths & Philippot, 2013). Se especula que la función responde de manera sensible y rápida en el entorno, lo que se muestra a través de la diversidad beta en lugar de la diversidad alpha (Wang *et al.*, 2020).

Cabe mencionar que las actinobacterias tienen un papel fundamental en la descomposición de los materiales orgánicos del suelo, como la celulosa y la quitina (Stevenson & Hallsworth, 2014). Además, se ha demostrado que los miembros de este phylum tienen la capacidad de producir esporas, aumentando así la capacidad de este grupo para resistir los eventos de perturbación (Ventura *et al.*, 2007), lo que podría ayudar a explicar su presencia predominante en los tratamientos convencionales en el presente estudio. Por otra parte, en los tratamientos 5 y 6 existió un mayor porcentaje del phylum Proteobacteria. El phylum Proteobacteria ha sido considerado muy versátil en cuanto a actividades metabólicas, ya que puede responder de manera significativa cuando se adiciona alguna fuente de carbono (Ferrier *et al.*, 2007); así, las proteobacterias abarcan una enorme diversidad metabólica en un ambiente de carbono total más alto. Lo anterior puede relacionarse a la administración de enmiendas vegetales en los

tratamientos de labranza de conservación, aumentando el porcentaje de MOS en las capas superficiales del suelo.

De acuerdo con el mapa de calor (Figura 3b), los géneros *Pseudarthrobacter*, *Rubellimicrobium*, *Blastococcus* y *Rhizobium* fueron más abundantes en los tratamientos de labranza convencional (T1, T2). Se ha reportado que actinobacterias como *Pseudarthrobacter* disminuyen con la cero labranza en comparación con la labranza convencional (Jia *et al.*, 2021); este género se ha aislado de suelos salinos de desiertos y minas (Chai *et al.*, 2019; Fekih *et al.*, 2018; Finger *et al.*, 2019), ya que tienen la capacidad de reducir de nitrato a nitrito y ser clave en el ciclo del nitrógeno (Liu *et al.*, 2020), así como reducir sulfato a sulfito y contribuir al ciclo del azufre. *Rubellimicrobium*, por otra parte, pareció responder al uso del suelo en un estudio reciente sobre el impacto de la agricultura a largo plazo en suelo desértico, en el que se demostró que este género estaba entre los grupos de bacterias extremófilas que desaparecieron del suelo después del uso agrícola. Sin embargo, en el mismo estudio se demostró que el pH, los factores abióticos y el suministro de agua fueron factores determinantes para la proliferación de las comunidades bacterianas del suelo (Köberl *et al.*, 2011). Estudios anteriores han demostrado que los miembros de *Blastococcus* tienen requisitos de crecimiento modestos, ya que muestran una resistencia inusual al estrés oxidativo y tienden a estar asociados con biomas hiperáridos y oceánicos/costeros (Castro *et al.*, 2018). *Rhizobium*, participa en el proceso de reducción del N atmosférico en amoníaco, haciéndolo disponible para las plantas (Tong *et al.*, 2018). Se ha informado sobre una gran abundancia de especies de *Rhizobium* tolerantes a condiciones estresantes, como las remociones del suelo (Ribeiro *et al.*, 2012).

Adicionalmente, los géneros *Hyphomicrobium*, *Mesorhizobium*, *Mycobacterium*, GQ263104_g, FM253654_g, *Gemmata*, *Amaricoccus*, *Pedomicrobium*, *Bradyrhizobium*, AF370880_g y *Reyranella* presentaron mayor abundancia relativa en suelos bajo AC a largo plazo (T4, T5, T6) y en transición (T3). En el caso de *Hyphomicrobium*, son facultativamente metilotróficas y pueden usar

algunos compuestos C1, como el metanol y el clorhidrato de metilamina como únicas fuentes de carbono (Moore *et al.*, 1984); sus propiedades metalotróficas les concede un gran potencial para mitigar el estrés abiótico de las plantas, incrementar el rendimiento de los cultivos y promover el crecimiento de las plantas (Kumar *et al.*, 2019). El género GQ396871_g pertenece al phylum Chloroflexi, el cual ha sido identificado como una importante comunidad microbiana de la rizosfera antigua en la rizosfera (Ai *et al.*, 2015). Además, las poblaciones de Chloroflexi que, se sabe, metabolizan los carbohidratos y son bacterias degradantes de polisacáridos comunes, parecen estar muy extendidas en las bacterias del suelo, creciendo predominantemente en suelos con baja disponibilidad de oxígeno y especializadas en la degradación de polisacáridos (Gschwend *et al.*, 2020). Por otro lado, los miembros del género *Gemmata* son tolerante a bajas temperaturas, puede aumentar la actividad enzimática de la ureasa con la capacidad de degradar la materia orgánica a través de una reacción enzimática (Zhang *et al.*, 2017). *Amaricoccus* se asocia a la degradación de la materia orgánica; además, sintetiza polímeros de almacenamiento como PHB, que es beneficioso para el suministro de nutrientes (Wang *et al.*, 2021) y se ha observado un incremento en su abundancia bajo labranza de conservación (Babin *et al.*, 2018).

De acuerdo con Liu *et al.* (2021), las prácticas de labranza de conservación aumentan la abundancia de bacterias fijadoras de nitrógeno como *Mesorhizobium* y *Bradyrhizobium*; en cambio, disminuyeron la abundancia de bacterias degradadoras de carbono del suelo, especialmente *Blastococcus*. En el estudio de Zhou *et al.* (2021) también se encontró que la incorporación de cubierta vegetal tuvo diferentes efectos en las abundancias relativas de algunos géneros con ciclos de C y N, por ejemplo, aumentó *Mycobacterium*, siendo el pH del suelo y las diferentes fracciones de nitrógeno y carbono orgánico los principales impulsores que dieron forma a la comunidad bacteriana del suelo. Ambos trabajos coinciden con los resultados obtenidos en el presente estudio.

Los géneros *Pedomicrobium*, FM253654_g, AF370880_g y *Reyranella* pertenecen al phylum Proteobacteria, encontrado en mayor abundancia en los tratamientos de labranza de conservación, al igual que por Wang *et al.*, (2020). Mas aún, de acuerdo con Fierer *et al.* (2007) y su hipótesis copiotrófica, los grupos copiotróficos como las Proteobacteria son capaces de aprovechar las fuentes de carbono lábil y ser más abundantes en ambientes con alto contenido de nutrientes, razón por la cual pudieron presentar mayor abundancia relativa en suelos bajo AC. *Pedomicrobium* son microorganismos quimiorganotróficos que utilizan generalmente sustratos de C (Ye *et al.*, 2016) y han sido reportados en suelos con sistemas agrícolas sustentables (Embarcadero *et al.*, 2015; Liao *et al.*, 2019). *Reyranella* ha sido detectado en reservorios de petróleo y tiene alta capacidad de biodegradación de carbono (Song *et al.*, 2018). Li *et al.*, (2020) encontraron una correlación entre la abundancia relativa de *Reyranella* spp. con la concentración de malato y lactato en la rizósfera por la exudación de las raíces y la incorporación de paja, lo que pudiera estar relacionado con su mayor abundancia en las prácticas de AC.

3.4. CONCLUSIONES

El efecto a acumulado de las prácticas de labranza tienee impacto en las propiedades fisicoquímicas y biológicas del suelo, lo que afecta directamente las comunidades microbianas rizosféricas en suelos semiáridos. Mas aún, las prácticas de agricultura de conservación permitieron el mejoramiento de la salud del suelo mediante el aumento de sus propiedades, especialmente las biológicas como la abundancia de hongos y el incremento de la producción de proteínas del suelo relacionadas con glomalina, vinculadas con la estabilidad de los agregados del suelo y la captura de carbono, lo cual repercute en la fertilidad del suelo.

En cuando a la diversidad microbiana, se observó el grado de diferenciación en las comunidades bacterianas entre los distintos métodos de labranza ya que el cambio en la estructura de la comunidad (diversidad beta) se relaciona con cambios en el comportamiento funcional, y por lo tanto responde de manera sensible y rápida en el entorno. Además, con ayuda del análisis de componentes principales y el análisis de redundancia se obsevoó que la agricultura de conservación parece favorecer la abundancia de rizobacterias promotoras del crecimiento de las plantas, como los phyla Proteobacteria y Planctomycetes que son más abundantes en suelos con alto contenido de proteínas del suelo relacioandas con la glomalina (Total, difícilmente extraíble y fácilmente extraíble), mayor cantidad de unidades formadoras de colonias de hongos y rendimiento del cultivo, por lo que consecuentemente, la AC incrementa el rendimiento de los cultivos. Por otro lado, la labranza convencional está relacionada a variables como el pH y la conductividad electrica, lo que puede comprometer el crecimiento y productividad de los cultivos, siedo los phyla Actinobacteria, Saccharibacteria_TM7 y Cyanobacteria los que se relacionaron con dichas variables.

3.5. LITERATURA CITADA

- Ai, C., Liang, G., Sun, J., Wang, X., He, P., Zhou, W., & He, X. (2015). Reduced dependence of rhizosphere microbiome on plant-derived carbon in 32-year long-term inorganic and organic fertilized soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 80(40975095), 70–78. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2014.09.028>
- Anderson, J. P. E. (1982). *Soil Respiration*. 9(9), 831–871. <https://doi.org/10.2134/agronmonogr9.2.2ed.c41>
- Babin, D., Deubel, A., Jacquiod, S., Sørensen, S. J., Grosch, R., & Smalla, K. (2018). Impact of long-term agricultural management practices on soil prokaryotic communities. *Soil Biology and Biochemistry*.
- Busari, M. A., Kukal, S. S., Kaur, A., Bhatt, R., & Dulazi, A. A. (2015). Conservation tillage impacts on soil, crop and the environment. *International Soil and Water Conservation Research*, 3(2), 119–129. <https://doi.org/10.1016/j.iswcr.2015.05.002>
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., Fierer, N., Peña, A. G., Goodrich, J. K., Gordon, J. I., Huttley, G. A., Kelley, S. T., Knights, D., Koenig, J. E., Ley, R. E., Lozupone, C. A., McDonald, D., Muegge, B. D., Pirrung, M., ... Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 7(5), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>
- Castro, J. F., Nouioui, I., Sangal, V., Choi, S., Yang, S. J., Kim, B. Y., Trujillo, M. E., Riesco, R., Montero-Calasanz, M. del C., Rahmani, T. P. D., Bull, A. T., Sutcliffe, I. C., Asenjo, J. A., Andrews, B., & Goodfellow, M. (2018). *Blastococcus atacensis* sp. Nov., a novel strain adapted to life in the yungay core region of the atacama desert. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(9), 2712–2721. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002828>
- Chai, X., Wang, L., Yang, Y., Xie, L., Zhang, J., Wu, T., Zhang, X., Xu, X., Wang, Y., & Han, Z. (2019). Apple rootstocks of different nitrogen tolerance affect the rhizosphere bacterial community composition. *Journal of Applied Microbiology*, 126(2), 595–607. <https://doi.org/10.1111/jam.14121>
- Chatterjee, A., & Lal, R. (2009). On farm assessment of tillage impact on soil carbon and associated soil quality parameters. *Soil and Tillage Research*, 104(2), 270–277. <https://doi.org/10.1016/j.still.2009.03.006>
- Dai, J., Hu, J., Zhu, A., Bai, J., Wang, J., & Lin, X. (2015). No tillage enhances arbuscular mycorrhizal fungal population, glomalin-related soil protein content, and organic carbon accumulation in soil macroaggregates. *Journal of Soils and Sediments*, 15(5), 1055–1062. <https://doi.org/10.1007/s11368-015-1091-9>
- Detheridge, A. P., Brand, G., Fychan, R., Crotty, F. V., Sanderson, R., Griffith, G. W., & Marley, C. L. (2016). The legacy effect of cover crops on soil fungal

- populations in a cereal rotation. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 228, 49–61. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2016.04.022>
- Di Felice, V., Mancinelli, R., Proulx, R., & Campiglia, E. (2012). A multivariate analysis for evaluating the environmental and economical aspects of agroecosystem sustainability in central Italy. *Journal of Environmental Management*, 98(1), 119–126. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2011.12.015>
- Eivazi, F., & Tabatabai, M. A. (1988). Glucosidases and galactosidases in soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 20(5), 601–606. [https://doi.org/10.1016/0038-0717\(88\)90141-1](https://doi.org/10.1016/0038-0717(88)90141-1)
- Embarcadero-Jiménez, S., Rivera-Orduña, F. N., & Wang, E. T. (2015). Bacterial communities estimated by pyrosequencing in the soils of chinampa, a traditional sustainable agro-ecosystem in Mexico. *Journal of Soils and Sediments*, 16(3), 1001–1011. <https://doi.org/10.1007/s11368-015-1277-1>
- Fekih, I. Ben, Ma, Y., Herzberg, M., Zhang, C., Li, P., & Mazhar, S. H. (2018). *Draft Genome Sequence of Pseudarthrobacter sp. Strain AG30, Isolated from a Gold and Copper Mine in China*. 4–5.
- Ferrier, S., Manion, G., Elith, J., & Richardson, K. (2007). Using generalized dissimilarity modelling to analyse and predict patterns of beta diversity in regional biodiversity assessment. *Diversity and Distributions*, 13(3), 252–264. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2007.00341.x>
- Fierer, N., Bradford, M. A., & Jackson, R. B. (2007). Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 88(6), 1354–1364. <https://doi.org/10.1890/05-1839>
- Fierer, N., Ladau, J., Clemente, J. C., Leff, J. W., Owens, S. M., Pollard, K. S., Knight, R., Gilbert, J. A., & McCulley, R. L. (2013). Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States. *Science*, 342(6158), 621–624. <https://doi.org/10.1126/science.1243768>
- Finger, S., Godoy, F. A., Wittwer, G., Aranda, C. P., Calderón, R., & Miranda, C. D. (2019). Purification and characterization of indochrome type blue pigment produced by *Pseudarthrobacter* sp. 34LCH1 isolated from Atacama desert. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, 46(1), 101–111. <https://doi.org/10.1007/s10295-018-2088-3>
- Galazka, A., Gawryjolek, K., Grzadziel, J., & Ksiezak, J. (2017). Effect of different agricultural management practices on soil biological parameters including glomalin fraction. *Plant, Soil and Environment*, 63(7), 300–306. <https://doi.org/10.17221/207/2017-PSE>
- García-De la Peña, C., Garduño-Niño, E., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C., Barrows, C. W., Gomez-Gil, B., & Valenzuela-Núñez, L. M. (2019). Comparison of the fecal bacterial microbiota composition between wild and captive bolson tortoises (*Gopherus flavomarginatus*). *Herpetological*

Conservation and Biology, 14(3), 587–600.

- García R., D. Y., Cárdenas H., J. F., & Silva Parra, A. (2018). Evaluación de sistemas de labranza sobre propiedades físico-químicas y microbiológicas en un Inceptisol. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 35(1), 16. <https://doi.org/10.22267/rcia.183501.79>
- Griffiths, B. S., & Philippot, L. (2013). Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community. *FEMS Microbiology Reviews*, 37(2), 112–129. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2012.00343.x>
- Gschwend, F., Aregger, K., Gramlich, A., Walter, T., & Widmer, F. (2020). Periodic waterlogging consistently shapes agricultural soil microbiomes by promoting specific taxa. *Applied Soil Ecology*, 155(April), 103623. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103623>
- Guerra, B. (2015). *Estudio del rendimiento productivo del maíz (Zea mays) en suelos Ferralítico Amarillento Lixiviado en la provincia de Pinar del Río . Study of the causes of low yields in the production of basic grains particularly in maize (Zea mays) in soils Leachin.* 29.
- Henneron, L., Bernard, L., Hedde, M., Pelosi, C., Villenave, C., Chenu, C., Bertrand, M., Girardin, C., & Blanchart, E. (2015). Fourteen years of evidence for positive effects of conservation agriculture and organic farming on soil life. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(1), 169–181. <https://doi.org/10.1007/s13593-014-0215-8>
- Huidoro, J. & Perez, C. (2011). *Niveles de glomalina y estabilidad de agregados del suelo, en distintos sistemas de manejo de tabaco en el Valle de Lerma, Salta.* 1–3.
- Illumina. (2017). *16S Metagenomic Sequencing Library Preparation.*
- Illumina. (2019). *Nextera XT DNA Library Prep Kit Reference Guide (15031942).*
- Jackson, M. L. (1982). *Análisis Químico de Suelos* (O. Barcelona (ed.); 4 ta).
- Jia, L., Wang, Z., & Paul, C. S. (2021). *Keystone Microbiome in the Rhizosphere Soil Reveals the Effect of Long-Term Conservation Tillage on Crop Growth in the Chinese Loess Plateau.*
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Research*, 41(1), 1–11. <https://doi.org/10.1093/nar/gks808>
- Köberl, M., Müller, H., Ramadan, E. M., & Berg, G. (2011). Desert farming benefits from microbial potential in arid soils and promotes diversity and plant health. *PLoS ONE*, 6(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024452>
- Kumar, B. T. N., & Babalad, H. B. (2018). Soil organic carbon, carbon sequestration, soil microbial biomass carbon and nitrogen, and soil enzymatic activity as influenced by conservation agriculture in pigeonpea

- (Cajanus cajan) + soybean (Gycine max) intercropping system. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 88(7), 1024–1029.
- Kumar, M., Kour, D., Yadav, A. N., Saxena, R., Rai, P. K., Jyoti, A., & Tomar, R. S. (2019). Biodiversity of methylotrophic microbial communities and their potential role in mitigation of abiotic stresses in plants. *Biologia*, 74(3), 287–308. <https://doi.org/10.2478/s11756-019-00190-6>
- Leyva, S. L., Masaguer, A., & Baldoquin, A. (2014). Sistemas de labranza en la producción de pastos Efecto de sistemas de labranza en luvisoles dedicados a la producción de pastos. *Pastos y Forrajes*, 37(4), 408–412.
- Li, R., Liu, J., Li, J., & Sun, C. (2020). Straw input can parallelly influence the bacterial and chemical characteristics of maize rhizosphere. *Environmental Pollutants and Bioavailability*, 32(1), 1–11. <https://doi.org/10.1080/26395940.2019.1710260>
- Liao, J., Xu, Q., Xu, H., & Huang, D. (2019). Natural farming improves soil quality and alters microbial diversity in a cabbage field in Japan. *Sustainability (Switzerland)*, 11(11), 1–16. <https://doi.org/10.3390/su11113131>
- Limousin, G., & Tessier, D. (2007). Effects of no-tillage on chemical gradients and topsoil acidification. *Soil and Tillage Research*, 92(1–2), 167–174. <https://doi.org/10.1016/j.still.2006.02.003>
- Liu, Z., Gu, H., Liang, A., Li, L., Yao, Q., Xu, Y., ... & Wang, G. (2021). *Conservation tillage regulates soil bacterial community assemblies , network structures and ecological functions in black soils*. 1–26.
- Liu, N., Shao, C., Sun, H., Liu, Z., Guan, Y., Wu, L., Zhang, L., Pan, X., Zhang, Z., Zhang, Y., & Zhang, B. (2020). Arbuscular mycorrhizal fungi biofertilizer improves American ginseng (*Panax quinquefolius* L.) growth under the continuous cropping regime. *Geoderma*, 363(November 2019). <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.114155>
- Liu, S. H., & Kang, Y. H. (2014). Changes of soil microbial characteristics in saline-sodic soils under drip irrigation. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 14(1), 139–150. <https://doi.org/10.4067/S0718-95162014005000011>
- Lozano, E., Jiménez-Pinilla, P., Mataix-Solera, J., Arcenegui, V., & Mataix-Beneyto, J. (2016). Sensitivity of glomalin-related soil protein to wildfires: Immediate and medium-term changes. *Science of the Total Environment*, 572, 1238–1243. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.08.071>
- Martínez-Gamiño, M. Á., Jasso-Chaverria, C., Osuna-Ceja, E. S., Reyes-Muro, L., Huerta-Díaz, J., & Figuero-Sandoval, B. (2018). Efecto del fertirriego y labranza de conservación en propiedades del suelo y el rendimiento de maíz. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 5(6), 937. <https://doi.org/10.29312/remexca.v5i6.880>
- Martínez-Peña, M. D. ., Lara-Aguilera, J., Cadena-Zamudio, J. D., Salinas-Moreno, Y., Ramírez-Vega, H., & Arteaga-Garibay, R. I. (2016). Microbiota rizosferica de un cultivo mixto de maíz(*Zea mays* L.) en los altos de Jalisco:

- estudio descriptivo. *Agroproductividad*, 9(8), 65–70.
- Moore, R. L., Weiner, R. M., & Gebers, R. (1984). *Genus Hyphomonas Pongratz 1957 norn. rev. emend. Hyphomonas polymorpha Pongratz 1957 norn. rev. emend. and Hyphomonas neptunium (Leifson 1964) comb. nov. emend. (Hyphomicrobium neptunium)*. 71–73.
- Pandey, D., Agrawal, M., & Bohra, J. S. (2014). Effects of conventional tillage and no tillage permutations on extracellular soil enzyme activities and microbial biomass under rice cultivation. *Soil and Tillage Research*, 136, 51–60. <https://doi.org/10.1016/j.still.2013.09.013>
- Rath, K. M., Fierer, N., Murphy, D. V., & Rousk, J. (2019). Linking bacterial community composition to soil salinity along environmental gradients. *ISME Journal*, 13(3), 836–846. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0313-8>
- Rhoton, F. E. (2000). Influence of Time on Soil Response to No-Till Practices. *Soil Science Society of America Journal*, 64(2), 700–709. <https://doi.org/10.2136/sssaj2000.642700x>
- Ribeiro, R. A., Roge, M. A., López-López, A., Ormeño-Orrillo, E., Barcellos, F. G., Martínez, J., Thompson, F. L., Martínez-Romero, E., & Hungria, M. (2012). Reclassification of *Rhizobium tropici* type A strains as *Rhizobium leucaenae* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(5), 1179–1184. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.032912-0>
- Rillig, M. C., Ramsey, P. W., Morris, S., & Paul, E. A. (2003). Glomalin, an arbuscular-mycorrhizal fungal soil protein, responds to land-use change. *Plant and Soil*, 253(2), 293–299. <https://doi.org/10.1023/A:1024807820579>
- Saiy-Cork K. R, Sinsabaugh R. L, Z. D. R. (2002). The effects of long term nitrogen deposition on extracellular enzyme activity in an *Acer saccharum* forest soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 34(9), 1309–1315. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(02\)00074-3](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(02)00074-3)
- Shen, C., Xiong, J., Zhang, H., Feng, Y., Lin, X., Li, X., Liang, W., & Chu, H. (2013). Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain. *Soil Biology and Biochemistry*, 57, 204–211. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2012.07.013>
- Silva Parra, A., Mogollón Ortiz, Á. M., & Delgado Huertas, H. (2018). Soil microbiota: Influence of different land use patterns and soil management factors at Villavicencio Oxisol, East Colombia. *Biota Colombiana*, 18(12), 1–11. <https://doi.org/10.21068/c2017.v18.n02.a1>
- Song, W. F., Wang, J. W., Yan, Y. C., An, L. Y., Zhang, F., Wang, L., Xu, Y., Tian, M. Z., Nie, Y., & Wu, X. L. (2018). Shifts of the indigenous microbial communities from reservoir production water in crude oil- and asphaltene-degrading microcosms. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 132(December 2017), 18–29. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2018.04.015>
- Sonmez, S., Buyuktas, D., Okturen, F., & Citak, S. (2008). Assessment of different soil to water ratios (1:1, 1:2.5, 1:5) in soil salinity studies. *Geoderma*, 144(1–

- 2), 361–369. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2007.12.005>
- Staunton, S., Saby, N. P. A., Arrouays, D., & Quiquampoix, H. (2020). Can soil properties and land use explain glomalin-related soil protein (GRSP) accumulation? A nationwide survey in France. *Catena*, 193(October 2019), 104620. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2020.104620>
- Stevenson, A., & Hallsworth, J. E. (2014). Water and temperature relations of soil Actinobacteria. *Environmental Microbiology Reports*, 6(6), 744–755. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12199>
- Tong, W., Li, X., Huo, Y., Zhang, L., Cao, Y., Wang, E., ... & Wei, G. (2018). Genomic insight into the taxonomy of Rhizobium genospecies that nodulate Phaseolus vulgaris. *Systematic and Applied Microbiology*, 1(1), 1–11.
- Ventura, M., Canchaya, C., Tauch, A., Chandra, G., Fitzgerald, G. F., Chater, K. F., & van Sinderen, D. (2007). Genomics of Actinobacteria: Tracing the Evolutionary History of an Ancient Phylum. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 71(3), 495–548. <https://doi.org/10.1128/mmbr.00005-07>
- Walkley, A., & Black, I. A. (1934). An examination of the method for determining soil organic matter and a proposed modification of the chromic acid titration method. *Soil Science*. <https://doi.org/10.1097/00010694-193401000-00003>
- Wang, H., Li, X., Li, X., Wang, J., Li, X., Guo, Q., Yu, Z., Yang, T., & Zhang, H. (2020). Long-term no-tillage and different residue amounts alter soil microbial community composition and increase the risk of maize root rot in northeast China. *Soil and Tillage Research*, 196(January 2019). <https://doi.org/10.1016/j.still.2019.104452>
- Wang, Q., Zhou, G., Qin, Y., Wang, R., Li, H., Xu, F., Du, Y., Zhao, C., Zhang, H., & Kong, Q. (2021). Sulfate removal performance and co-occurrence patterns of microbial community in constructed wetlands treating saline wastewater. *Journal of Water Process Engineering*, 43(August). <https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2021.102266>
- Wang, S., Sun, L., Ling, N., Zhu, C., Chi, F., Li, W., Hao, X., Zhang, W., Bian, J., Chen, L., & Wei, D. (2020). Exploring Soil Factors Determining Composition and Structure of the Bacterial Communities in Saline-Alkali Soils of Songnen Plain. *Frontiers in Microbiology*, 10(January). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02902>
- Wang, Z., Liu, L., Chen, Q., Wen, X., & Liao, Y. (2016). Conservation tillage increases soil bacterial diversity in the dryland of northern China. *Agronomy for Sustainable Development*, 36(2), 1–9. <https://doi.org/10.1007/s13593-016-0366-x>
- Willekens, K., Vandecasteele, B., Buchan, D., & De Neve, S. (2014). Soil quality is positively affected by reduced tillage and compost in an intensive vegetable cropping system. *Applied Soil Ecology*, 82, 61–71. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.05.009>
- Wu, Z., McGrouther, K., Huang, J., Wu, P., Wu, W., & Wang, H. (2014).

- Decomposition and the contribution of glomalin-related soil protein (GRSP) in heavy metal sequestration: Field experiment. *Soil Biology and Biochemistry*, 68, 283–290. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.10.010>
- Yang, Y., He, C., Huang, L., Ban, Y., & Tang, M. (2017). The effects of arbuscular mycorrhizal fungi on glomalin-related soil protein distribution, aggregate stability and their relationships with soil properties at different soil depths in lead-zinc contaminated area. *PLoS ONE*, 12(8), 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182264>
- Ye, J., Zhang, R., Nielsen, S., Joseph, S. D., Huang, D., & Thomas, T. (2016). A combination of biochar-mineral complexes and compost improves soil bacterial processes, soil quality, and plant properties. *Frontiers in Microbiology*, 7(APR), 1–13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00372>
- Yeboah, S., Zhang, R., Cai, L., Li, L., Xie, J., Luo, Z., Liu, J., & Wu, J. (2016). Tillage effect on soil organic carbon, microbial biomass carbon and crop yield in spring wheat-field pea rotation. *Plant, Soil and Environment*, 62(6), 279–285. <https://doi.org/10.17221/66/2016-PSE>
- Yoon, S. H., Ha, S. M., Kwon, S., Lim, J., Kim, Y., Seo, H., & Chun, J. (2017). Introducing EzBioCloud: A taxonomically united database of 16S rRNA gene sequences and whole-genome assemblies. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67(5), 1613–1617. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001755>
- Yu, Z. H., Liu, X. M., Xu, C. Y., Xiong, H. L., & Li, H. (2016). Specific ion effects on soil water movement. *Soil and Tillage Research*, 161, 63–70. <https://doi.org/10.1016/j.still.2016.03.004>
- Zhang, Q., Miao, F., Wang, Z., Shen, Y., & Wang, G. (2017). Effects of long-term fertilization management practices on soil microbial biomass in China's cropland: A meta-analysis. *Agronomy Journal*, 109(4), 1183–1195. <https://doi.org/10.2134/agronj2016.09.0553>
- Zhou, Z., Li, Z., Chen, K., Chen, Z., Zeng, X., Yu, H., Guo, S., Shangguan, Y., Chen, Q., Fan, H., Tu, S., He, M., & Qin, Y. (2021). Changes in soil physicochemical properties and bacterial communities at different soil depths after long-term straw mulching under a no-till system. *Soil*, 7(2), 595–609. <https://doi.org/10.5194/soil-7-595-2021>