

## Efecto de las prácticas sostenibles de manejo del suelo sobre la abundancia y diversidad de bacterias y hongos - cuarto ciclo

Venancio Arahana<sup>1</sup>, Coralía López<sup>1</sup>, Soraya Alvarado-Ochoa<sup>1</sup>, Aníbal Pozo<sup>1</sup>, Eulalia Vasco<sup>1</sup>, Manuel Pumisacho<sup>1</sup>, Marco Rivera<sup>1</sup>, Juan Pazmiño<sup>1</sup>, José Espinosa<sup>1</sup>

Siembra 13 (3 Especial) (2026):  
MEMORIAS DEL I SIMPOSIO INTERNACIONAL  
SOBRE SALUD DEL SUELO

DOI: [10.29166/siembra.v13i3\(Especial\).9596](https://doi.org/10.29166/siembra.v13i3(Especial).9596)



### Resumen

La agricultura intensiva ha provocado el deterioro de los suelos, lo que se evidencia por la baja fertilidad y productividad. En un intento por revertir este proceso, se busca prácticas alternativas de cultivo, que conduzcan a la restauración de los suelos y a la recuperación de las poblaciones microbianas que en ellos habitan. En este contexto, el objetivo de esta investigación fue evaluar, a largo plazo, el efecto de dos sistemas de labranza (convencional y siembra directa) y la rotación de tres especies vegetales (fréjol, cebada y maíz), sobre las propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo (aquí se reporta lo referente a la abundancia y diversidad de hongos y bacterias en el cuarto ciclo de rotación). El estudio se realizó en el Campo Docente Experimental «La Tola», de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central del Ecuador, ubicada en Tumbaco. Se aplicó un diseño de parcela dividida con tres repeticiones; en la parcela grande se colocó las rotaciones y en la parcela pequeña los sistemas de labranza. A la cosecha se tomaron muestras de suelo en cada unidad experimental, que luego fueron unidas para obtener una sola muestra por tratamiento. El ADN fue extraído usando el kit Purelink microbiome DNA purification kit de Invitrogen, siguiendo las instrucciones del fabricante. El resto del análisis de ADN lo realizó la empresa AZENTA de Estados Unidos. La amplificación de las regiones V3 y V4 del gen 16S de bacterias y de los ITS del gen 18S de hongos se efectuó con primers propios de AZENTA. La plataforma Illumina 2xP250bp fue usada para la secuenciación paralela de los amplicones, la cual se efectuó luego de la construcción y control de calidad de las librerías. Para el análisis bioinformático se utilizó el software Qiime, con el cual se limpió las secuencias, se asignó OTUS con 97% de identidad y se determinó la taxonomía usando el algoritmo Bayesiano RDP y las bases de datos Greengenes y UNITE, para bacterias y hongos; respectivamente. Los resultados, en el cuarto ciclo, mostraron diferencias en abundancia de bacterias y hongos entre los sistemas de labranza y entre las rotaciones, en varios niveles taxonómicos. A nivel de género, en siembra directa [SD] comparado con labranza convencional [LC] y en rotación 1 [R1] (fréjol-maíz-fréjol-maíz) comparado con las otras rotaciones, los géneros bacterianos con mayor presencia fueron: *Rhodoplanes* (fototrófico), *Nitrospira*

<sup>1</sup> Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Agrícolas. Quito, Pichincha, 170502, Ecuador

\* Correspondencia: varahana@uce.edu.ec



(nitrificante), *Bradyrhizobium* (fijador de N) y *Pedomicrobium* (biorremediación); y en hongos predominaron géneros descomponedores de materia orgánica (*Penicillium*, *Clonostachys*, *Chrysosporium* y *Mucor*), y un entomopatógeno (*Metarhizium*). Los índices de Chao1 (6784 especies), Shannon (10,77) y Simpson (0,99) indicaron, respectivamente, alta riqueza de especies, alta diversidad y dominancia, en todos los tratamientos. Se concluye que la SD y la R1 se perfilan como favorables a la acumulación de géneros bacterianos y fúngicos con funciones benéficas para los cultivos. Su confirmación dependerá de la continuación de la investigación por un período de tiempo más prolongado.

**Palabras clave:** 16S, ITS, Rotación de cultivos, Secuenciación paralela, Siembra directa.