

El papel de las raíces y la microbiota en la estabilidad y fertilidad de suelos volcánico-arenosos del Valle de México

Iván Pável Moreno Espíndola¹ Margarita Ros, Fernando De León González, María Jesús Ferrara Guerrero, Facundo Rivera Becerril, Diego González Halphen, Carlos García

Resumen. *Los componentes biológicos del suelo son fundamentales en los agroecosistemas debido a que desempeñan un papel crucial en la transformación de la materia orgánica y en los ciclos de los nutrimentos. Los procesos biológicos en suelos volcánico-arenosos del Valle de México son poco conocidos. Este trabajo presenta resultados sobre el papel de las raíces de cuatro especies vegetales, y de la microbiota en relación con la estabilidad estructural y calidad biológica del suelo. Se observó que: a) las raíces finas de maíz y pasto Bermuda tienen mayor capacidad para atrapar partículas de arena y limo, que las de girasol y amaranto; b) la comunidad del amaranto mostró el mayor contenido de C_{mic} (casi 50% mayor que el del maíz) y la mayor actividad deshidrogenasa (casi 40% mayor que la del maíz); c) el potencial para producir enzimas extracelulares microbianas evidenció comunidades heterótrofas, con capacidad para producir las a presión parcial de O_2 de 4 a 21%; d) las comunidades fúngica y bacteriana general presentan una estructura semejante en todas las rizosferas.*

Palabras clave: *suelos volcánicos, comunidad bacteriana, comunidad fúngica, raíces, agregación.*

¹ Doctorado en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma Metropolitana, e-mail: ivan7878@gmail.com.

Abstract. *The biological components of soil are fundamental in agroecosystems because they play a crucial role in the decomposition of organic matter and the nutrient cycles. Biological processes in volcanic sandy soil of the Mexico Valley are poorly understood. This paper presents results on the role of the roots of four plant species and of the microbial community in relation to structural stability and biological soil quality. It was noted that: a) the fine roots of maize and Bermuda grass are more capable than those of sunflower and amaranth to trap particles of sand and silt; b) the community of amaranth showed the highest content of Cmic (almost 50% higher than the maize) and the highest dehydrogenase activity (almost 40% more than maize), c) the potential to produce extracellular enzymes showed microbial heterotrophic communities with capacity to produce O₂ partial pressure from 4 to 21%, d) fungal and bacterial communities generally have a similar structure in all the rhizosphere.*

Keywords: *volcanic soil bacterial community, fungal community, roots; aggregation.*

Résumé. *Les composantes biologiques du sol sont essentielles dans les agro systèmes, vu qu'elles jouent un rôle clé dans la transformation de la matière organique et le cycle des nutriments. Les processus biologiques en terrains volcanico-sableux de la Vallée du Mexique sont peu connus. Ce travail présente les résultats du rôle que jouent les racines de quatre espèces végétales, et du microbiote par rapport à la stabilité structurelle et la qualité biologique du sol. Il est observé que: a) les fines racines du maïs et de la pâture Bermuda possèdent une meilleure capacité pour attraper les particules de sable et de limon que celles du tournesol et de l'amarante b) la communauté de l'amarante montre un plus grand contenu de Cmic (presque 50% de plus que le maïs) et une plus grande activité de déshydrogénase (presque 40% de plus que le maïs) ; c) le potentiel pour produire des enzymes extracellulaires microbiennes met en évidence des communautés hétérotrophes, avec une capacité de production à pression partielle de O₂ de 4 à 21% ; d) les communautés fongique et bactérienne générale présentent une structure semblable dans toutes les rhizosphères.*

Mots-clés: *Sols volcaniques, communauté bactérienne, communauté fungique, racines, agrégation.*

INTRODUCCIÓN

El conocimiento del estado, estructura y función de las comunidades microbianas en el sistema suelo constituye un campo de investigación amplio y necesario para el manejo y conservación del mismo (Dubey *et al.*, 2006). Las comunidades microbianas asociadas a la rizosfera –región del suelo que se encuentra en contacto directo con las raíces de las plantas, y en la que ocurre una elevada actividad microbiana en comparación con la del suelo no rizosférico (Landi *et al.*, 2006)– juegan un papel central en el reciclado de los nutrientes a través de la degradación y mineralización de la materia orgánica (MO), procesos que contribuyen con el aporte de moléculas orgánicas y minerales simples asimilables por las plantas y otros organismos (van Elsas y Trevors, 1997; Nannipieri *et al.*, 2003; Deyn *et al.*, 2004). Su participación en los ciclos de nutrientes como el carbono (C), el nitrógeno (N) y el fósforo (P) refleja la gran diversidad de las comunidades microbianas, así como la complejidad de los niveles tróficos en los que se involucran (Torsvik y Øvreås, 2002). De acuerdo con Bending *et al.* (2004) y García *et al.* (1997), el contenido de carbono microbiano (C_{mic}) y las actividades enzimáticas microbianas como la deshidrogenasa, amilasa, celulasa, quitinasa, proteasa y fosfatasa pueden considerarse como indicadores bioquímicos de la calidad del suelo, pues, están estrechamente relacionadas con la transformación de la MO mediada por las comunidades microbianas, las cuales son sensibles a cambios en el ambiente edáfico. Adicionalmente, ciertos grupos de microorganismos confieren resistencia a las plantas contra agentes fitopatógenos y factores ambientales limitantes (Doran *et al.*, 1996).

Dentro de la comunidad microbiana fúngica los hongos micorrízico-arbusculares (HMA) establecen relaciones simbióticas mutualistas con las plantas (Linderman, 1992). El papel de la comunidad bacteriana en el suelo ha sido estudiado a partir de aquellos géneros que son capaces de proveer a la planta de nitrógeno asimilable, como sucede con las especies representantes de *Rhizobium* y *Frankia* (Prescott *et al.*, 1999). Otras bacterias, como los miembros del género *Pseudomonas* que habitan en la rizosfera, se han estudiado debido a su capacidad de inducir en las plantas una respuesta de defensa contra microorganismos fitopatógenos (Atlas y Bartha, 2006). La diversidad microbiana en el suelo, considerando su variabilidad genética y funcional, está asociada tanto a la calidad del suelo y las plantas como a la sustentabilidad del ecosistema en que se encuentran (Garbeva *et al.*, 2004). Estudiar las relaciones de todos los componentes de un sistema agrícola permite aportar elementos para el diseño de estrategias en la producción de alimentos y el manejo del suelo con un enfoque sustentable (Bethlenfalvay y Barea, 1994; Othman *et al.*, 2004; Ros *et al.*, 2006; Kesavan y Swaminathan, 2008; Hobbs *et al.*, 2008).

El presente estudio se inició en 2006, donde fue abordada la contribución de las raíces de plantas cultivadas en el proceso de agregación de suelos estructuralmente inestables. Se trabajó con *Amaranthus hypochondriacus* L. (amaranto), *Helianthus annuus* L. (girasol) y *Zea mays* L. (maíz), además de *Cynodon dactylon* (L.) Pers. (pasto Bermuda) que crece espontáneamente en la zona en estudio. Los suelos arenosos del Valle de México se componen fundamentalmente de arenas de pómez, y son susceptibles a procesos erosivos que conducen a pérdidas de 10 a 200 t de suelo por ha (SMA, 2007). Lo anterior puede afectar a largo plazo la producción de cultivos establecidos en la región como el maíz, avena, trigo, nopal verdura y amaranto.

Igualmente, los estudios previos han puesto en evidencia el papel de la comunidad microbiana y las raíces de las plantas en la formación de macroagregados estables que favorecen la estabilidad de estos suelos (De

León-González *et al.*, 2007; Moreno-Espíndola *et al.*, 2007). Los objetivos del presente trabajo fueron evaluar el papel de cuatro especies vegetales de interés en la región sobre la agregación del suelo, así como caracterizar indicadores de la calidad biológica del suelo (actividad deshidrogenasa, contenido de carbono microbiano y estructuras de la comunidad fúngica y bacteriana).

El conocimiento generado deberá traducirse en estrategias como el empleo de aislados microbianos que, por su fisiología, sean útiles en la fertilización de los agroecosistemas locales al fomentar la fijación de nitrógeno o la solubilización del fósforo (Van *et al.*, 2006). También podrá guiar la selección de especies vegetales que interactúen favorablemente con las comunidades microbianas en beneficio de la estructura y fertilidad del suelo (Wu *et al.*, 2005), o, en la identificación de prácticas agrícolas de labranza y manejo de residuos de cosecha que propicien el desarrollo de poblaciones microbianas involucradas en el incremento de la fertilidad del suelo (Govaerts *et al.*, 2007).

MATERIALES Y MÉTODOS

Suelo bajo estudio

El suelo arenoso bajo estudio se localiza en Tulyehualco (Xochimilco, México D.F., 19°15'N, 99°13'W, 2 280 m de altitud), representativo de suelos volcánicos de reciente formación en el Eje Neovolcánico (De Cserna *et al.*, 1988). Es un Entisol (Typic Ustifluent; Soil Survey Staff, 2003) formado por deposiciones de ceniza volcánica; su textura es franco arenosa con 7, 14 y 79% de arcilla, limo y arena, respectivamente; su profundidad es superior a 1.5 m, con un sustrato de roca basáltica; los minerales más abundantes son pómez y feldespatos. La presencia de pómez modifica el régimen de retención de humedad debido a la naturaleza esponjosa del mineral. La precipitación pluvial anual promedio alcanza 567 mm y se

concentra en el verano; la temperatura media mensual es de 17.9 °C (De León-González *et al.*, 2006).

Especies vegetales y parcela de trabajo

Se estableció un lote de parcelas de trabajo en 2006 y 2007; cada parcela fue de 9 m² y con distribución en bloques al azar, con tres repeticiones por especie vegetal. Las especies consideradas fueron amaranto, girasol, maíz y pasto Bermuda. El amaranto es una especie domesticada en la región donde se realizó la investigación, está adaptada a condiciones de bajo contenido de humedad en el suelo y posee un alto valor nutrimental (Spehar *et al.*, 2003; Pospišil *et al.*, 2006). El girasol es una especie introducida en el Valle de México de interés en floricultura. El pasto Bermuda es una gramínea invasiva resistente a la sequía y a las heladas; está presente en la región de estudio y su contribución a la conservación de los suelos (Simmonds, 1979) ha sido corroborada para las arenas pomáceas (Moreno-Espíndola *et al.*, 2007). Las semillas de amaranto, maíz y girasol se sembraron directamente; el pasto Bermuda crece de manera espontánea. Las plantas se desarrollaron en condiciones de temporal, en un sistema de labranza cero, con deshierbe con azadón antes de siembra y manual durante el ciclo. Las parcelas se fertilizaron con una sola aplicación de 80-80-0 kg ha⁻¹ de N, P y K, respectivamente.

Muestreo

Se realizaron dos muestreos, en septiembre de 2006 (posterior a la floración) y en enero de 2007 (posterior a la cosecha). En cada uno de ellos se colectaron tres monolitos de suelo-raíces por especie vegetal (25.5 cm de diámetro por 37.5 cm de largo) (Moreno-Espíndola *et al.*, 2007). La pre-

servación de las muestras se realizó de acuerdo con la determinación analítica correspondiente. Con las muestras obtenidas en 2006 se realizaron los análisis de agregación del suelo, colonización radical por HMA, determinación de los grupos funcionales bacterianos y estimación de la biomasa bacteriana, así como la evaluación de las actividades enzimáticas extracelulares de bacterias y hongos. Con las muestras de 2007 se realizaron los análisis de indicadores de la calidad del suelo y la estructura de las comunidades microbianas.

Agregación del suelo

Se siguió el método de separación de raíces y suelo (De León-González *et al.*, 2006), para determinar la masa de suelo y la biomasa de raíces adheridas por monolito y por m². El método de tamizado, pesado, análisis de imágenes y resistencia al agua (Le Bissonais, 1996; De León-González *et al.*, 2006) fue considerado para estimar la masa de suelo en siete fracciones de agregados (<0.04, 0.04, 0.25, 0.50, 1.00, 2.00 y >5.00 mm), así como el porcentaje del suelo total adherido a las raíces, la masa de macroagregados (>250 mm), y su porosidad y estabilidad en húmedo. La relación suelo adherido/biomasa de raíces y la micrometría de hifas y pelos radicales se estimó mediante tinciones y un analizador de imágenes (Image Pro®) (Moreno-Espíndola *et al.*, 2007).

Indicadores de la calidad del suelo

La evaluación del contenido de carbono microbiano (C_{mic}) se llevó a cabo a través del método de fumigación-extracción (Vance *et al.*, 1987). Para determinar la actividad deshidrogenasa se empleó el método de Skujin, modificado por García *et al.* (1997).

Comunidad fúngica

La micorrización arbuscular fue estimada considerando la intensidad de la colonización (M%), así como la abundancia de arbusculos (A%) en el sistema radical (Phillips y Haymann, 1970). Fue cuantificado el total de esporas de HMA en 250 g de suelo, después de una extracción con base en la técnica de tamizado en húmedo y decantación (Gerdeman y Nicholson, 1963); los morfotipos fueron identificados con una aproximación a género, registrando las características morfológicas de las esporas y del tubo germinativo. Para conocer la estructura de la comunidad fúngica en la rizosfera, el gen ribosomal 18S rDNA fue amplificado mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR); los amplicones fueron separados en electroforesis de gel con gradiente desnaturalizante (PCR-DGGE) (Gelsomino y Cacco, 2006). Los resultados fueron analizados con el programa Quantity One 4.5, que se basa en el coeficiente de Dice (SD) para establecer la semejanza entre los perfiles formados por las bandas de cada muestra (intensidad y posición de la banda). Los dendogramas se construyeron con el método Ward (1963). El índice de diversidad de Shannon (H') (Shannon y Weaver, 1963) se calculó para observar la diversidad funcional de la comunidad. La ecuación utilizada fue $H' = - \sum p_i (1/p_i)$, donde p_i es el cociente corregido de la absorbancia de cada banda respecto a la suma de todas las absorbancias en cada muestra.

Comunidad bacteriana

La estimación de la biomasa celular bacteriana en suelo rizosférico, adyacente y macroagregado se llevó a cabo por conteo directo/biovolumen mediante el empleo de diamino-fenil-indol (DAPI) como fluorocromo (Evelyn *et al.*, 1993) y un microscopio de epifluorescencia Olympus Bimax 50. La presencia de grupos bacterianos funcionales viables

como los fijadores de nitrógeno atmosférico y amonificantes, presentes en el suelo rizosférico, adyacente y macroagregados, así como su capacidad para producir enzimas extracelulares (incluyendo bacterias y hongos), fue evaluada mediante el método del Número Más Probable (NMP), en el que se emplearon medios de cultivo selectivos; se cuantificaron también las Unidades Formadoras de Colonias (UFC) (Ferrara-Guerrero *et al.*, 1993); la evaluación de la producción de enzimas extracelulares se realizó en dos condiciones de disponibilidad de oxígeno (O_2), 4% y 21% de presión parcial de O_2 (pO_2). Para definir la estructura de la comunidad bacteriana general y de bacterias oxidadoras de amonio en la rizosfera, se amplificó por PCR el gen ribosomal 16S rDNA; de igual forma, los amplicones fueron separados en DGGE (Gelsomino y Cacco, 2006). El perfil de bandas fue analizado según lo descrito en el apartado precedente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

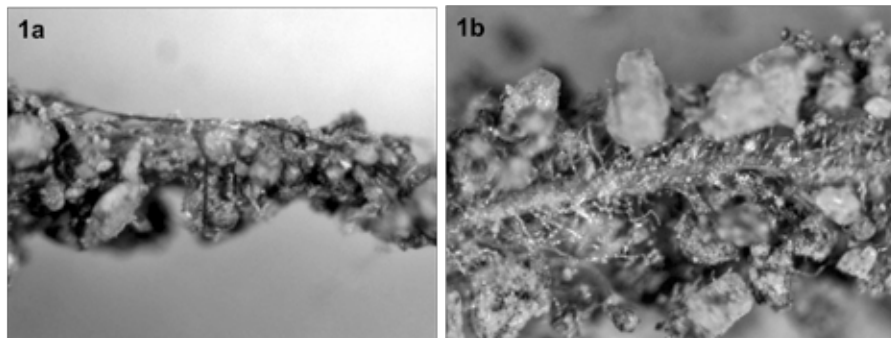
Agregación del suelo

El análisis de la proporción de siete fracciones de agregados mostró diferencias significativas ($P < 0.05$) sólo en las fracciones de 0.50, 1.00, 2.00 y > 5.00 mm (macroagregados), atribuibles a la especie vegetal, donde las raíces de amaranto presentaron el mayor porcentaje (Moreno-Espíndola *et al.*, 2007). Los agregados con mayor resistencia al agua fueron los asociados a maíz, girasol y pasto Bermuda con 66.8, 66.5 y 64.3 g 100 g^{-1} , respectivamente.

Se observó que el pasto Bermuda y el maíz retienen el número más alto de partículas de suelo en sus raíces (21 por mm). Lo anterior está asociado a la extensión de sus pelos absorbentes, 198.9 y 228.8 mm, respectivamente (Figura 1a) (Moreno-Espíndola *et al.*, 2007). La estructura edáfica está dada por el reacomodo del suelo en diferentes

escalas (micro y macroagregados, terrones y perfil arable); esta condición permite procesos de flujo hídrico, crecimiento radical, intercambio catiónico y gaseoso, entre otros (Six *et al.*, 2004). Los resultados indican que en suelos arenosos inestables las uniones físicas que existen entre pelos absorbentes y raíces finas (<1 mm de diámetro) son fundamentales para la formación de macroagregados (>0.25 mm), como lo ha reportado Degens (1997). Esto ha sido corroborado en el suelo arenoso y cultivos bajo estudio a través de la micromorfología de la relación suelo-raíces en láminas delgadas (De León-González *et al.*, 2007).

Figura 1. Hífa fúngica atrapando partículas de suelo (1a) a lo largo de un segmento de raíz de *A. hypochondriacus* (ancho del marco 1.33 mm). Pelos radicales (1b) de *Z. mays* atrapando partículas de un suelo arenoso del Valle de México (ancho del marco 1.22 mm).



Indicadores de calidad del suelo

En el suelo arenoso en estudio se encontraron valores promedio de 188.4 mg C_{mic} kg^{-1} suelo, y una actividad deshidrogenasa de 11.7 mg INTF g^{-1}

suelo h^{-1} (Cuadro 1). Se observaron diferencias por especie vegetal en ambos indicadores. En el caso de la deshidrogenasa, la microbiota del amaranto mostró la actividad más elevada ($13.9 \text{ mg INTF g}^{-1} \text{ suelo h}^{-1}$), así como el mayor contenido de C_{mic} ($244.9 \text{ mg C}_{\text{mic}} \text{ kg}^{-1}$); en contraste la microbiota del maíz presentó la menor actividad deshidrogenasa ($8.1 \text{ mg INTF g}^{-1} \text{ suelo h}^{-1}$) y el contenido más bajo de C_{mic} ($139 \text{ mg C}_{\text{mic}} \text{ kg}^{-1}$) (Cuadro 1). Lo anterior sugiere que las condiciones específicas que se generan en cada rizosfera, tales como la naturaleza de los metabolitos, hidratos de carbono y otros polímeros exudados por las raíces de cada planta (Schimel y Weintraub, 2003; Caldwell, 2005; Lesuffleur *et al.*, 2007), así como las propias raíces y la MO en descomposición (Franzluebbers *et al.*, 1995), influyen en el contenido de C_{mic} y actividades enzimáticas. Igualmente, la relación C/N en las raíces en cada una de las etapas del ciclo de cultivo puede determinar la actividad enzimática y, en su conjunto, la dinámica poblacional de la microbiota (Porta *et al.*, 2003), de tal modo que influya en el contenido de C_{mic} . En un estudio previo se reportó en raíces de maíz (colectadas un mes después de la cosecha del grano), una relación C/N de 48 y de 18 en amaranto (De León-González *et al.*, 2006). Risai *et al.* (1998) encontraron un valor de C/N de 40.3 en raíces $<2 \text{ mm}$ en plantas de maíz de cuatro meses de edad. Estos resultados sugieren una mayor labilidad de las raíces de amaranto comparadas con las de maíz. De León-González *et al.* (2007) reportaron que el número de raíces finas muertas, presentes en la rizosfera de amaranto en la etapa de post-cosecha, fue de 30.6 cm^2 , mientras que en maíz y girasol alcanzaron 1.4 y 5.4 cm^2 , respectivamente; datos que sugieren una tasa de descomposición mucho más alta en amaranto que en maíz y girasol. Lo anterior estaría relacionado con la composición química de las raíces, y ello explicaría una actividad deshidrogenasa más elevada y el mayor contenido de C_{mic} en la microbiota de la rizosfera del amaranto. Esto puede explicar la mayor actividad deshidrogenasa y el mayor contenido de C_{mic} en la microbiota de la rizosfera de amaranto.

Cuadro 1. Carbono de la biomasa microbiana (C_{mic}) y actividad deshidrogenasa en la rizosfera de cuatro plantas creciendo en un suelo arenoso del Valle de México.

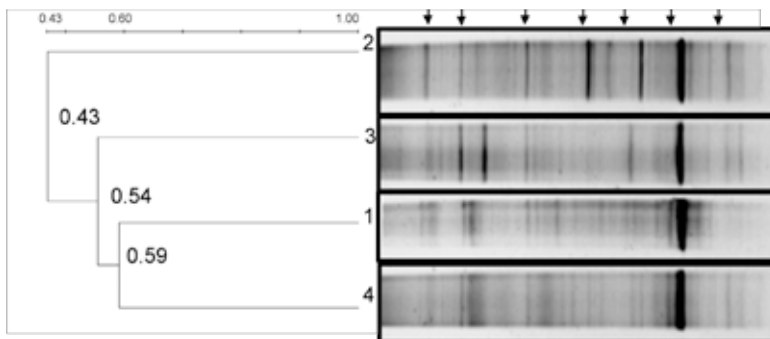
	C_{mic} (mg C_{mic} kg ⁻¹ suelo)	Deshidrogenasa (mg INTF g ⁻¹ suelo h ⁻¹)
Amaranto	244.9a	13.9a
Girasol	193.2b	13.0ab
Maíz	139c	8.1c
Pasto Bermuda	176.4bc	12.1b

La letra indica diferencias estadísticas significativas ($P < 0.05$).

Comunidad fúngica

Los HMA estuvieron presentes en las raíces de las cuatro especies vegetales. Cabe destacar que *A. hypochondriacus* presentó niveles de colonización de 6.8% en el sistema radical, en tanto que el maíz mostró el mayor porcentaje de colonización micorrízica seguido por el pasto Bermuda (23%) y el girasol (22%) (Moreno-Espíndola *et al.*, 2007). Las esporas de HMA identificadas pertenecieron a los géneros *Glomus*, *Gigaspora*, *Acaulospora* y *Scutellospora*. La colonización micorrízica mostró una fuerte correlación con la estabilidad de los macroagregados ($R^2=0.64$; $P<0.01$), así como con su abundancia ($R^2=0.44$; $P<0.01$); los resultados de la estructura de la comunidad fúngica mostraron índices de similaridad (Dice) de 0.43 a 0.59, lo que indica la presencia de comunidades heterogéneas en las cuatro rizosferas (Figura 2). La comunidad fúngica con menor diversidad (índice de Shannon) fue la del maíz ($H' = 2.7$), presentando también la menor riqueza (Cuadro 2).

Figura 2. Perfil de la estructura de la comunidad fúngica general, obtenido por la amplificación del gen 18S rDNA (PCR-DGGE).



Los cluster se construyeron por el método de Ward; se calculó el coeficiente de similaridad de Dice (SD). Las bandas corresponden a suelo rizosférico de amaranto (1), pasto Bermuda (2), maíz (3) y girasol (4). Gradiente de desnaturalización (urea y formamida): 35-60% (8%). Las flechas indican bandas comunes a las cuatro rizosferas.

Cuadro 2. Riqueza (S) e índice de diversidad de Shannon (H') de bacterias (generales y oxidadoras de amonio) y hongos (obtenidas mediante PCR-DGGE) en la rizosfera de cuatro plantas creciendo en un suelo arenoso del Valle de México.

Comunidad		Amaranto	Girasol	Maíz	Pasto B.
Bacteriana general	S	22.0	20.0	19.0	17.0
	H'	3	2.9	2.9	2.8
Bacterias Ox. de amonio	S	12.0	14.0	15.0	10.0
	H'	2.4	2.6	2.7	2.3
Fúngica general	S	19.0	20.0	16.0	21.0
	H'	2.9	2.9	2.7	3.0

Comunidad bacteriana

El método del Número Más Probable (NMP) permitió poner en evidencia la presencia de grupos bacterianos amonificantes, fijadores de N_2 y oxidadoras de NH_4^+ en suelo rizosférico, adyacente y en macroagregados (>5 mm). El análisis estadístico mostró que el maíz y el amaranto fueron las especies asociadas a una mayor potencialidad bacteriana para amonificar el suelo (Cuadro 3). En el caso de las bacterias fijadoras de N_2 , el NMP más alto se observó en suelo rizosférico de amaranto. Por otra parte, el NMP más elevado de bacterias oxidadoras de NH_4^{++} se encontró en el suelo rizosférico de pasto Bermuda, suelo adyacente de amaranto, pasto Bermuda y girasol, así como en macroagregados de pasto Bermuda, maíz y girasol. Asimismo, la biomasa bacteriana fue mayor en el suelo rizosférico que en agregados y suelo adyacente con valores promedio de 1.21, 0.43 y 0.33 mgC m⁻², respectivamente. Los potenciales para producir enzimas extracelulares, por parte de la microflora presente, mostraron una elevada actividad heterótrofa en este suelo arenoso. La mayoría de los microorganismos fijadores libres de N_2 de vida libre a nivel edáfico son heterótrofos (Evans y Burris, 1992); entre ellos se encuentran miembros de los géneros *Azotobacter*, *Beijerinckia*, *Derxia*, *Bacillus* y *Pseudomonas*. Estas bacterias alcanzan un tamaño semejante al de algunas levaduras (Prescott *et al.*, 1999); los biovolúmenes bacterianos encontrados en maíz y girasol fueron de 1.29 y 2.12 mgC m⁻² respectivamente, superiores estadísticamente de los observados en amaranto y pasto Bermuda. Cuando la textura del suelo favorece una condición aerobia, aumenta la actividad amonificante; sin embargo, esta actividad fue desarrollada con la misma intensidad tanto en la rizosfera como en el suelo adyacente y los macroagregados de amaranto y maíz, aun cuando se podría esperar que al interior de los macroagregados se presentan condiciones subóxicas que podrían inhibir esta actividad (Cuadro 3).

Cuadro 3. NMP de bacterias (ml^{-1}), con capacidad para recilcar el N y respuesta positiva o negativa a la respiración de NO_3^- oxidación y fermentación de glucosa, provenientes de cuatro especies vegetales creciendo en un suelo arenoso del Valle de México.

	Fij N_2	Amonificantes	Ox. NH_4^+	Ox. NO_2^-	Resp. de NO_3^-	Ox. de $\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$	Ferm. de $\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$
Rizosfera							
Amaranto	5.4×10^8	5.4×10^8 a	2.3×10^7	5.4×10^8	+	+	+
Pasto Bermuda	1.3×10^2	1.7×10^3 b	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	+
Maíz	5.4×10^6	5.4×10^8 a	2.6×10^4	5.4×10^8	+	+	-
Girasol	2.1×10^2	5.4×10^4 b	5.4×10^7	5.4×10^8	+	+	-
Suelo adyacente							
Amaranto	1.0×10^6	5.4×10^8 a	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	+
Pasto Bermuda	4.5×10^3	2.6×10^3 b	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	+
Maíz	7.3×10^3	5.4×10^8 a	1.0×10^6	5.4×10^8	+	+	-
Girasol	1.6×10^4	1.0×10^6 b	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	+
Macroagregados							
Amaranto	3.6×10^2	5.4×10^8 a	2.6×10^4	5.4×10^8	+	+	+
Pasto Bermuda	1.0×10^4	2.2×10^4 b	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	+
Maíz	1.0×10^2	5.4×10^8 a	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	-
Girasol	5.5×10^1	1.4×10^6 b	5.4×10^8	5.4×10^8	+	+	+

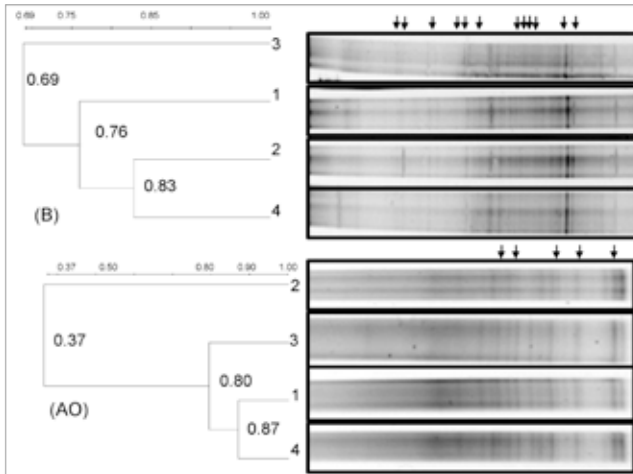
Las letras indican diferencias estadísticas ($P < 0.05$).

Los análisis basados en el empleo de medios de cultivo específicos y la técnica de conteo de unidades formadoras de colonias (UFC) han puesto en evidencia que las comunidades bacterianas y fúngicas, presentes en estos suelos, tienen una alta capacidad de hidrolizar hidratos de carbono

de alto peso molecular, como quitina y esculina; así como proteínas presentes en los residuos vegetales. Aunque ambas comunidades microbianas mostraron capacidad para producir todas las enzimas extracelulares probadas, la comunidad bacteriana fue mayor en número y presentó un mayor potencial exoenzimático que la fúngica en las tres fracciones del suelo estudiadas. Estos análisis deberán ser corroborados cuantificando las actividades enzimáticas microbianas *in situ* y a lo largo del ciclo de cultivo.

Los resultados del estudio de la estructura de las comunidades bacterianas muestran que la comunidad general presenta índices de similaridad (Dice) de 0.69 a 0.83, e índices de diversidad (Shannon) de 2.8 (pasto Bermuda) a 3.0 (amaranto), lo que sugiere la presencia de comunidades bacterianas semejantes en las cuatro rizosferas (Cuadro 2; Figura 3). Igualmente se observó la presencia de comunidades bacterianas más abundantes y diversas en la rizosfera de amaranto y girasol, condición que coincide con la mayor actividad deshidrogenasa y contenido de C_{mic} . La comunidad de bacterias oxidadoras de amonio presentó índices de similaridad de 0.37 a 0.87, mientras que los índices de diversidad fluctuaron de 2.3 (pasto Bermuda) a 2.7 (maíz) (Cuadro 2). Esta comunidad bacteriana presenta mayor diversidad y riqueza en el maíz y el girasol, resultado que contrasta con el NMP de bacterias, que fue mayor en el pasto Bermuda, girasol y amaranto (Cuadro 3). Lo anterior sugiere la necesidad de profundizar en el estudio de las comunidades microbianas a lo largo del ciclo de cultivo y considerando análisis más puntuales, ya que los perfiles de diversidad revelados mediante la técnica de PCR-DGGE, tanto de bacterias como de hongos, incluyen organismos que no son cultivables por medios convencionales (Nannipieri *et al.*, 2003).

Figura 3. Perfil de la estructura de las comunidades de bacterias generales (B) y bacterias oxidadoras de amonio (AO) obtenidos por la amplificación del gen 16S rDNA (PCR-DGGE).



Los cluster se construyeron por el método de Ward; se calculó el coeficiente de similaridad de Dice (SD). Las bandas corresponden a suelo rizosférico de amaranto (1), pasto Bermuda (2), maíz (3) y girasol (4). Gradientes de desnaturalización (urea y formamida): (B) 45-65% (7%) y (AO) 40-60% (7%). Las flechas indican bandas comunes a las cuatro rizosferas.

CONCLUSIONES

1. Las raíces finas de maíz y pasto Bermuda tienen mayor capacidad que las de girasol y amaranto para atrapar partículas de arena y limo, formando rizocorazas estables.
2. Los niveles de los indicadores de calidad biológica del suelo, C_{mic} y actividad deshidrogenasa mostraron diferencias considerables entre las comunidades microbianas de la rizosfera. La comunidad

- microbiana rizosférica del amaranto mostró en el período de post-cosecha (inicio de la descomposición de las raíces) el contenido más alto de C_{mic} (casi 50% más que la del maíz) y la actividad deshidrogenasa más elevada (casi 40% superior a la del maíz).
3. El potencial para producir enzimas extracelulares microbianas evidenció la presencia de comunidades microbianas con alto potencial heterótrofo, tanto en condiciones de saturación de oxígeno en el suelo como en condiciones subóxicas.
 4. Las comunidades fúngica y bacteriana general, en la época de post-cosecha, presentan una estructura semejante en todas las rizosferas; es necesario realizar el monitoreo de dichas comunidades a lo largo del ciclo de cultivo, así como de la comunidad en el suelo adyacente a la rizosfera.

Estos resultados preliminares deberán ser profundizados por medio de la cuantificación de las actividades enzimáticas *in situ* y a lo largo del ciclo de cultivo. Actualmente, el trabajo desarrollado en el suelo arenoso del Valle de México se enfoca en la identificación molecular –por métodos convencionales– de los integrantes de las comunidades microbianas asociadas al suelo rizosférico y al suelo adyacente, así como a una evaluación más amplia de los indicadores de calidad biológica del suelo durante un ciclo de cultivo. A largo plazo el objetivo es generar tecnologías que incidan en el aprovechamiento de los recursos microbianos con los que cuenta el suelo.

AGRADECIMIENTOS

Al Conacyt por el financiamiento de la investigación. A la Fundación Carolina (España) por financiar la estancia de investigación de I.P. Moreno-Espíndola en el Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura-CSIC (Murcia), orientada a la evaluación del C_{mic} , actividad deshidrogenasa y estructura de la comunidad microbiana.

REFERENCIAS

- Atlas, R. y R. Bartha, 2006, *Ecología microbiana y microbiología ambiental*, Pearson Educación Madrid, Madrid.
- Bending, D. *et al.*, 2004, "Microbial and biochemical soil quality indicators and their potential for differentiating areas under contrasting agricultural management regimes", en *Soil Biol. Biochem.* 36:1785-1792.
- Bethlenfalvay, J. y M. Barea, 1994, "Mycorrhizae in sustainable agriculture. I. Effects on seed yield and soil aggregation", en *Amer. J. Alternative Agriculture* 9:157-161.
- Caldwell, A., 2005, "Enzyme activities as a component of soil biodiversity: A review", en *Pedobiologia* 49:637-644.
- De Cserna, R. *et al.*, 1988, "Estructura geológica, gravimetría, sismicidad y relaciones neotectónicas regionales de la cuenca de México", en *Boletín 104*, Instituto de Geología, UNAM, México.
- De León-González, F., 2007, "Root-aggregation in a pumiceous sandy soil", en *Geoderma* 142:308-317.
- De León-González, F. *et al.*, 2006, "Root-soil adhesion as affected by crop species in a volcanic sandy soil of Mexico", en *Soil Till. Res.* 90:77-83.
- Degens, P., 1997, "Macro-aggregation of soils by biological bonding and binding mechanisms and the factors affecting these: a review", en *Australian J. Soil Research* 35:431-459.
- Deyn, B., 2004, "Plant community development is affected by nutrients and soil biota", en *J. Ecol* 92:824-834.
- Doran, W. *et al.*, 1996, "Soil health and sustainability", en *Adv. Agron.* 56:2-5438.
- Dubey, K. *et al.*, 2006, "Exploration of soil bacterial communities for their potential as bioresource", en *Bioresource Technology* 97:2217-2224.
- Evans, J. y H. Burris, 1992, "Highlights in biological nitrogen fixation during the last 50 years", en Stacey, G., R. Burris, H. Evans (comps.), *Biological nitrogen fixation*, Chapman & Hall, Inc, Nueva York.

- Evelyn, S., 1993, "Staining protist for visualization via epifluorescence microscopy", en Kemp, P., F. Sherr, E. Sherr y J. Code (comps.) *Handbook of methods in aquatic microbial ecology*, Lewis/BocaRaton, Florida.
- Ferrara-Guerrero, J. et al., 1993, "Isolation and enumeration of aerobic and microaerophilic bacteria in aquatic habitats", en Kemp, P. et al., (comps.) *Handbook of methods in aquatic microbial ecology*, Lewis/BocaRaton, Florida.
- Franzluebbers, J. et al., 1995, "Tillage and crop effects on seasonal soil carbon and nitrogen dynamics", en *Soil Sci Soc Am J.* 59:1618-1624.
- Garbeva, P. et al., 2004, "Microbial diversity in soil: selection of microbial populations by plant and soil type and implications for disease suppressiveness", en *Annual Rev. Phytopathol* 42:243-270.
- García, C. et al., 1997, "Potential use of dehydrogenase activity as an index of microbial activity in degraded soils", en *Soil Science Plant Analysis* 28:123-134.
- Gelsomino, A. y G. Cacco, 2006, "Compositional shifts of bacterial groups in a solarized and amended soil as determined by denaturing gradient gel electrophoresis. *Soil Biol*", en *Biochem* 38:91-102.
- Gerdeman, W. y H. Nicholson, 1963, *Spores of mycorrhizal endogone species extracted from soil by wet sieving and decanting*, Transactions of the British Mycological Society, Londres.
- Govaerts, B. et al., 2007, "Influence of tillage, residue management, and crop rotation on soil microbial biomass and catabolic diversity", en *Appl. Soil Ecol.* 37:18-30.
- Hobbs, R., 2008, "The role of conservation agriculture in sustainable agriculture", en *Phil. Trans. R. Soc. B.* 363:543-555.
- Kesavan, C. y S. Swaminathan, 2008, "Strategies and models for agricultural sustainability in developing Asian countries", en *Phil. Trans. R. Soc. B.* 363, 877-891.
- Landi, L. et al., 2006, "Root exudate effects on the bacterial communities, CO₂ evolution, nitrogen transformations and ATP content of rhizosphere and bulk soils", en *Soil Biol. Biochem.* 38:509-516.

- Le Bissonais, Y., 1996, "Aggregate stability and assessment of soil crustability and erodability: en I. Theory and methodology", en *Eur. J. Soil Science* 47:245-437.
- Lesuffleur, F. et al., 2007, "Root amino acid exudation: measurement of high efflux rates of glycine and serine from six different plant species", en *Plant Soil* 294:235-246.
- Linderman, G., 1992, "Vesicular-arbuscular mycorrhizae and soil microbial interactions", en *ASA Special Publication*, núm. 54, American Society of Agronomy, Madison.
- Moreno-Espíndola, P. et al., 2007, "Role of root-hairs and hyphae in adhesion of sand particles", en *Soil Biol. Biochem.* 39:2520-2526.
- Nannipieri, P. et al., 2003, "Microbial diversity and soil functions", en *Eur. J. Soil Science* 54:655-670.
- Othman, A. et al., 2004, "Rhizosphere of Sinai desert plants is a potential repository for associative diazotrophs", en *Microbiological Res.* 159:285-293.
- Phillips, M. y S. Hayman, 1970, "Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection", en *Transactions of the British Mycological Society* 55:158-161.
- Porta, J., 2003, *Edafología para la agricultura y el medio ambiente*, 3ª ed., Mundi-Prensa, Barcelona, España.
- Pospišil, A. et al., 2006, "Grain yield and protein concentration of two amaranth species (*Amaranthus* spp.) as influenced by the nitrogen fertilization", en *Eur. J. Agronomy* 25:250-253.
- Prescott, L. et al., 1999, *Microbiología*, McGraw-Hill, México.
- Risai, L. Kang et al., 1998, "Assessment of N availability of roots of selected woody species and maize", en *Biol. Agric. Hortic.* 16:87-96.
- Ros, M. et al., 2006, "Molecular and physiological bacterial diversity of a semi-arid soil contaminated with different levels of formulated atrazine", en *Appl. Soil Ecol.* 34:93-102.

- Schimel, J. y M. Weintraub, 2003, "The implications of exoenzyme activity on microbial carbon and nitrogen limitation in soil: a theoretical model", en *Soil Biol. Biochem.* 35:549-563.
- Shannon, E. y W. Weaver, 1963, *The Mathematical Theory of Communication*, University of Illinois Press, Urbana.
- SMA (Secretaría del Medio Ambiente), DF, en <http://www.sma.df.gob.mx/>, consultado en septiembre de 2007.
- Simmonds, W., 1979, *Evolution of crop plants*, Londres.
- Six, J. et al., 2004, "A history of research on the link between (micro)aggregates, soil biota, and soil organic matter dynamics", en *Soil Till. Res.* 79:7-31.
- Soil Survey Staff, 2003, *Soil Taxonomy*, 9a ed., Natural Resources Conservation Service, Washington.
- Spehar, R. et al., 2003, "Amaranto BRS Alegria: alternativa para diversificar os sistemas de produção", en *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 38:659-663.
- Torsvik, V. y L. Øvreås, 2002, "Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems", en *Ecology Industrial Microbiol* 5:240-244.
- Van, N. et al., 2006, The production and application of biofertilizers in Vietnam, International workshop on sustained management of the soil-rhizosphere system for efficient crop production and fertilizer use, Land Development Department, Bangkok, Thailand.
- Vance, D. et al., 1987, "An extraction method for measuring soil microbial biomass-C", en *Soil Biol. Biochem* 19:703-707.
- Van Elsas, D. y T. Trevors, 1997, *Modern soil microbiology*, Marcel Dekker, Nueva York.
- Wu, C. et al., 2005, "Effects of biofertilizer containing N-fixer, P and K solubilizers and AM fungi on maize growth: a greenhouse trial", en *Geoderma* 125:155-166.