



CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS AVANZADOS  
DEL INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

UNIDAD ZACATENCO

DEPARTAMENTO DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOINGENIERÍA

**“Efecto de las diferentes prácticas de agricultura sobre las  
comunidades bacterianas en suelos del Valle del Yaqui”**

T E S I S

Que presenta

**Norma Guadalupe Jiménez Bueno**

Para obtener el grado de

**DOCTORA EN CIENCIAS**

**EN LA ESPECIALIDAD DE BIOTECNOLOGÍA**

**Director de tesis:**

Dr. Luc Dendooven

Ciudad de México

Julio, 2016

El presente trabajo se realizó en el Laboratorio de Ecología de Suelos del Departamento de Biotecnología y Bioingeniería en el Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, bajo la dirección del Dr. Luc Dendooven. Contó con la asesoría del Dr. Frédéric Thalasso Siret, Dr. Luis Bernardo Flores Coterá y del Dr. Rodolfo Marsch Moreno del departamento de Biotecnología y Bioingeniería del CINVESTAV-IPN y con la asesoría externa de la Dra. Marina Olivia Franco Hernández de UPIBI-IPN.

# **AGRADECIMIENTOS**

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la beca otorgada, para realizar mis estudios de Doctorado, en el período de Agosto del 2011 a Agosto del 2015.

Al Dr. Luc Dendooven, mi tutor, por darme la oportunidad de trabajar en su laboratorio y, por introducirme al mundo de la Ecología de Suelos.

Al Dr. Marsch, por abrirme la puerta de su laboratorio, por compartir su conocimiento y acertadas sugerencias y por la revisión de este trabajo.

Al Dr. Frédéric Thalasso, por sus comentarios, su tiempo durante estos años y su infinita comprensión.

Al Dr. Luis Bernardo, por sus acertados comentarios y sugerencias; por el apoyo brindado y la revisión de este trabajo.

A la Dra. Olivia Franco, por abrirme la puerta de su laboratorio; por el apoyo brindado y la revisión de este trabajo a pesar de la premura.

# ÍNDICE

	Agradecimientos	lii
	Índice	iv
	Índice de tablas	vi
	Índice de figuras	vii
	Resumen	viii
	Abstract	ix
1	Introducción y antecedentes	1
1.1	Suelo	1
1.1.1	El suelo como un sistema de tres fases	2
1.1.2	Perfil del suelo	3
1.1.3	Suelo, agricultura y ambiente	4
1.1.3.1	Agricultura convencional	5
1.1.3.1.1	Revolución verde	6
1.1.3.2	Agricultura de conservación	7
1.1.3.2.1	Componentes principales de la Agricultura de Conservación	7
1.1.3.2.2	Agricultura en el Valle del Yaqui	9
1.2	Técnicas para estudiar las comunidades microbianas	11
1.2.1	Librerías rRNA 16S por pirosecuenciación	11
1.3	Métodos para determinar la diversidad de las comunidades bacterianas	12
1.3.1	Métodos de diversidad alfa	12
1.3.1.1	Riqueza específica	12
1.3.1.2	Estructura de las comunidades	14
1.3.1.2.1	Métodos no paramétricos	14
1.3.1.2.2	Índice de abundancia proporcional	14
1.3.2	Métodos de diversidad beta	15
1.3.2.1	Similitud/disimilitud	16
1.3.3.2	De distancia	16
1.3.3	Métodos de diversidad gama	18
1.4	Estudios previos en agroecosistemas	19
2	Justificación, Hipótesis y Objetivos	21
3	Materiales y métodos	23
3.1	Descripción del sitio experimental y tratamientos	24
3.1.1	Estación experimental Norman E-Bourlaug (CENEB)	24

3.1.2	Descripción del experimento a largo plazo.....	24
3.1.3	Caracterización y muestreo del suelo .....	26
3.2	Preparación de las librerías de los genes rRNA 16S.....	28
3.2.1	Extracción de DNA.....	28
3.2.2	Amplificación por PCR.....	28
3.2.3	Purificación y cuantificación de los productos de PCR.....	29
3.2.4	Pirosecuenciación.....	29
3.3	Determinación de la estructura y diversidad de las comunidades bacterianas.....	30
3.3.1	Procesamiento de las secuencias.....	30
3.3.2	Análisis estadístico y filogenético.....	31
3.3.3	Accesibilidad de los datos.....	32
4	Resultados.....	33
4.1	Comunidades bacterianas.....	33
4.1.1	Índices de diversidad.....	33
4.1.2	Estructura de las comunidades bacterianas (BCS).....	33
4.2	Efecto de la fertilización.....	36
4.3	Efecto de las camas permanentes vs camas labradas.....	36
4.4	Efecto del manejo de residuo.....	39
4.4.1	Efecto de la quema de residuo.....	42
4.5	Correlación entre los grupos bacterianos y las características físico-químicas.....	42
5	Discusión de resultados.....	47
5.1	Comunidades bacterianas.....	47
5.2	Efecto de la fertilización.....	48
5.3	Efecto de las camas permanentes vs camas labradas.....	49
5.4	Efecto del manejo de residuo.....	50
5.4.1	Efecto de la quema de residuo.....	51
5.5	Correlación entre los grupos bacterianos y las características físico-químicas.....	52
6	Conclusiones.....	53
7	Perspectivas.....	53
8	Bibliografía.....	54
	Anexo.....	60

# Índice de tablas

<b>Tabla 1</b>	Prácticas comunes y sus consecuencias en agricultura de conservación.....	6
<b>Tabla 2</b>	Estudios de los efectos de las diferentes prácticas agrícolas sobre las comunidades microbianas.....	19
<b>Tabla 3</b>	Valores de alfa diversidad de las comunidades bacterianas.....	34
<b>Tabla 4</b>	Análisis de las similitudes ( <i>R</i> ) para determinar la diferencia significativa entre las prácticas agrícolas basado en las distancias <i>weighted</i> UniFrac .....	41
<b>Tabla 5</b>	Características del suelo afectadas por labranza, manejo de residuo y aplicación de N.....	45
<b>Tabla 6</b>	BIO-ENV Coeficientes de Spearman rank.....	46
<b>Tabla S1</b>	Abundancia relativa de los <i>phyla</i> significativamente afectados por prácticas agrícolas.	60
<b>Tabla S2</b>	Asignación taxonómica de los OTU <sub>97</sub> indicadores y su valor IndVal.....	62

# Índice de figuras

<b>Figura 1</b>	Procesos y servicios ambientales del suelo.....	1
<b>Figura 2</b>	Composición (por volumen) de un suelo de textura media.....	2
<b>Figura 3</b>	Representación y descripción del perfil del suelo.....	3
<b>Figura 4</b>	Métodos para medir la diversidad alfa .....	13
<b>Figura 5</b>	Métodos para medir la diversidad beta .....	17
<b>Figura 6</b>	Esquema general para la determinación de las comunidades bacterianas.....	23
<b>Figura 7</b>	Localización del campo experimental Norman E. Borlaug (CENEB).....	26
<b>Figura 8</b>	Esquema de muestreo del lote C-10 del campo experimental CENEB.....	27
<b>Figura 9</b>	Efecto de la aplicación de nitrógeno sobre las comunidades bacterianas en el CENEB	35
<b>Figura 10</b>	Efecto de los sistemas de camas sobre las comunidades bacterianas en el CENEB...	38
<b>Figura 11</b>	Efecto del manejo de residuo sobre las comunidades bacterianas en el CENEB.....	40
<b>Figura 12</b>	Efecto del residuo quemado sobre las comunidades bacterianas en el CENEB.....	44

## RESUMEN

La agricultura de conservación es una alternativa sustentable a la agricultura convencional. Las bacterias del suelo llevan a cabo diferentes procesos esenciales en la agricultura sustentable. El objetivo de este estudio fue identificar los taxones bacterianos afectados por los cambios en las propiedades fisicoquímicas del suelo como resultado de las diferentes prácticas agrícolas. Se investigó el efecto de tres diferentes prácticas agrícolas: sistemas de labranza (camas labradas convencionalmente y camas permanentes con labranza cero), manejo de residuo (residuo incorporado, residuo quemado, removido, parcial y totalmente retenido) y aplicación de fertilizante N (0 o 300 kg N ha<sup>-1</sup>). Las muestras del suelo fueron obtenidas de un experimento a largo plazo, iniciado en 1992, en la estación experimental Norman E. Borlaug (CENEB) del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). La región V1-V3 del gen rRNA16S de cada muestra de suelo fue amplificada y pirosecuenciada. Análisis basados en taxonomía, filogenia y OTUs, y análisis IndVal fueron realizados para estudiar las comunidades bacterianas e identificar los taxones indicadores afectados por las prácticas agrícolas. La distribución de los taxones a nivel de *phylum* fue similar, a pesar de que algunos *phyla* fueron afectados por los diferentes tratamientos. Un gran número de OTU<sub>97</sub> (más del 60% Acidobacteria) fueron identificados como especies indicadores para los tratamientos de camas labradas convencionalmente. Las especies indicadoras de las diferentes tasas de fertilización son taxones relacionados a diferentes procesos del ciclo del nitrógeno (*e. g.*, *Azorhizobium*, *Nostoc* y *Nitrosomonas*). Los análisis IndVal identificaron diferentes taxones en cada uno de los tratamientos de manejo de residuo estudiados; esto indica que, aunque el mismo residuo es retenido en el campo, el manejo de residuo favorece taxones específicos. Los taxones indicadores de residuo quemado fueron, principalmente del orden SBR1031 (Anaerolineae, Chloroflexi) y los géneros *Bacillus* y *Alicyclobacillus*.



# ABSTRACT

Conservation agriculture is a sustainable alternative to conventional agriculture. Soil bacterial mediates many important biological processes for sustainable agriculture. In this study, the key taxa that define the bacterial community structure were identifying and correlating with changes in the physico-chemical soil properties resulting from different agricultural practices. We investigated three agricultural practices: raised bed planting systems (tilled raised beds and permanent raised beds), residue management (incorporation of crop residue, residue burned, removed, partly retained or fully retained) and two application rates of inorganic N fertilizer (0 or 300 kg N ha<sup>-1</sup>). Soil was sampled from a long-term field trial started in 1992 at the 'International Maize and Wheat Improvement Center' (CIMMYT) Norman E. Borlaug (CENEB) experimental station. DNA was PCR-amplified for the V1-V3 region of the 16S rRNA gene, and 454-pyrosequenced. Using taxonomic- and divergence-based 16S-metagenomics, and IndVal analysis it was identified indicator taxa affected by agricultural practices. Some *phyla* were affected significantly by different treatments, however, the distributions of taxa at the *phylum* level were similar. Bacterial taxa related to different processes of the N-cycle were indicators of different fertilization rates (e. g., *Azorhizobium*, *Nostoc* y *Nitrosomonas*). IndVal analysis identified different taxa in each of the residue management systems, indicating that although the same organic matter is retained in the field, residue management favored specific taxa. The taxa indicators of the burned residues were mainly of the order SBR1031 (*Anaerolineae*, *Chloroflexi*) and the *Bacillus* and *Alicyclobacillus* genera.

# 1 INTRODUCCIÓN Y ANTECEDENTES

## 1.1 Suelo

Se define como la capa más superficial de la corteza terrestre en la que se sustenta la vida vegetal, y a partir de la cual las plantas obtienen soporte mecánico y nutrientes (Alexander, 1994). Esta capa es una mezcla de cinco componentes: minerales, materia orgánica, organismos vivos, gases y agua. Los minerales son de tres tipos: arenas, arcillas y limos; el porcentaje en que están presentes estos minerales definen la textura del suelo. La materia orgánica está compuesta por restos de microorganismos y de animales y plantas en descomposición (Needelman, 2013). Inicialmente se forma a través de la desintegración y descomposición de las rocas por procesos físicos y químicos, y está influenciado por la actividad y residuos acumulados de numerosas plantas y animales microscópicos y macroscópicos.

El suelo es el depósito de nutrientes y agua para las plantas terrestres; previene de inundaciones; filtra contaminantes; regula la emisión de gases y recicla elementos y moléculas esenciales para la vida (Figura 1).

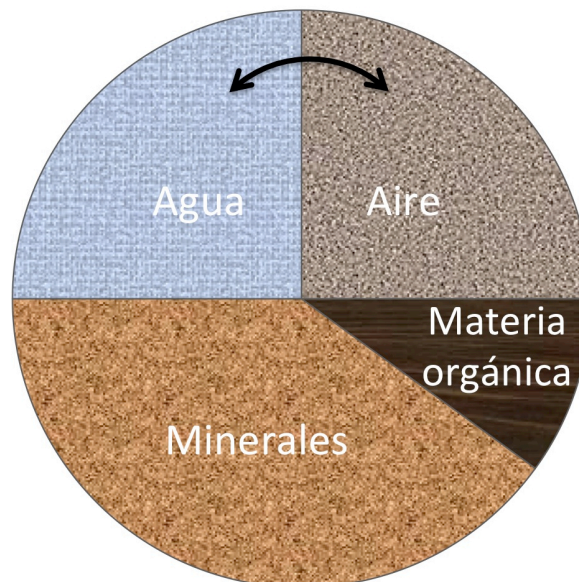


**Figura 1** Procesos y servicios ambientales del suelo (Adaptado de Needelman, 2013).

### 1.1.1 El suelo como un sistema de tres fases

El suelo es un sistema heterogéneo, polifásico, particulado, disperso y poroso. Las tres fases de la materia están representadas en el suelo como sigue: la fase sólida forma la matriz del suelo; la fase líquida es el agua en el suelo; y la fase gaseosa es la atmósfera del suelo. La matriz puede ser mineral u orgánica. La porción mineral consiste en partículas de varios tamaños, formas y composiciones químicas. La fracción orgánica incluye residuos en diferentes etapas de descomposición y organismos en estado de vida activa. La fase líquida es el agua del suelo que llena una parte o la totalidad de los espacios vacíos entre las partículas sólidas. La fase gaseosa ocupa aquella parte del espacio de los poros entre las partículas del suelo que no está llena de agua (Hillel, 1998).

La proporción relativa de estas tres fases en el suelo cambia continuamente, dependiendo de variables tales como el clima, la vegetación y manejo del suelo. La Figura 2 presenta la composición hipotética de un suelo de textura media a una condición considerada aproximadamente óptima para el crecimiento vegetal (Hillel, 1998).



**Figura 2** Composición (por volumen) de un suelo de textura media a una condición considerada aproximadamente óptima para el crecimiento de plantas. La materia sólida constituye el 50% y el espacio poroso el otro 50% del volumen del suelo. El espacio poroso está dividido a su vez en partes iguales entre el aire y el agua. La flechas indican que el agua y el aire están relacionados de modo que un aumento en uno está asociado con una disminución en el otro.

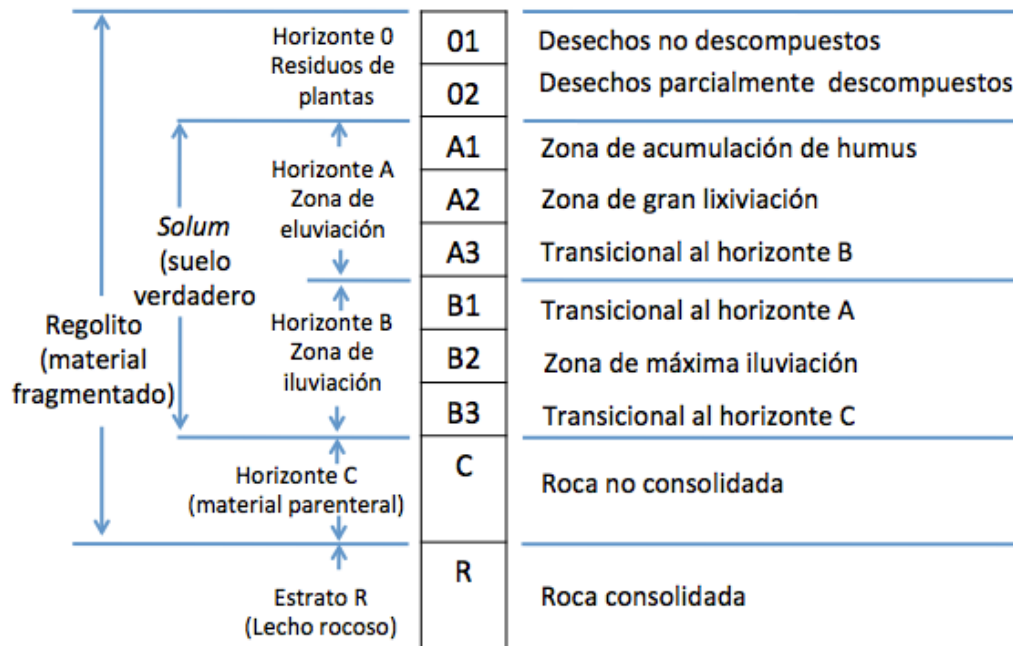
### 1.1.2 Perfil del suelo

El perfil del suelo es una sucesión vertical de capas que se forman en el lugar por procesos internos formadores del suelo, estas capas se denominan horizontes (Figura 3).

En el perfil típico del suelo, se distinguen los siguientes horizontes (ordenados de la superficie hacia abajo):

Horizonte O, es la capa superficial del horizonte A y corresponde a un material orgánico en su mayoría, fresco o en descomposición, con la siguiente composición:

- 30% de Materia Orgánica si el contenido es mayor al 50% de arcilla.
- 20% de Materia Orgánica si no contiene arcilla.



**Figura 3** Representación y descripción del perfil del suelo (Tomado de Hillel, 1998).

La capa superior, u horizonte A, es la zona de la actividad biológica importante y es, por tanto, generalmente rica en materia orgánica y típicamente de color más oscuro que el suelo subyacente. Aquí plantas y animales y sus residuos interactúan con una enorme diversidad de los microorganismos tales como bacterias, protozoos y hongos. A continuación se encuentra el horizonte B, donde algunos de los materiales (por ejemplo arcillas y carbonatos) que son lixiviados del horizonte A por filtración de agua tienden a acumularse. El horizonte B es generalmente más grueso que el horizonte A. La acumulación de arcilla y la presión del suelo superior se combinan para reducir la porosidad de las capas más profundas (Alexander, 1994; Hillel, 1998).

Subyacente al horizonte B está el horizonte C, que es el material parental del suelo. Consiste de material rocoso más o menos fragmentado (Alexander, 1994; Hillel, 1998).

Subyacente al Horizonte C está el horizonte R, que es el material rocoso subyacente que no ha sufrido alteración química o física significativa (Alexander, 1994; Hillel, 1998).

### **1.1.3 Suelo, agricultura y ambiente**

Debido a que la población humana ha crecido inexorablemente, y que los niveles de vida han aumentado, las necesidades mundiales de alimentos y otros productos agrícolas han aumentado enormemente. Una mayor cantidad de suelos han tenido que ser cultivados, ocasionando su degradación por procesos tales como erosión, salinización y agotamiento de materia orgánica y nutrientes (Lal, 2009, Govaerts *et al.*, 2009; Lang y Barling, 2012; Garnett, 2013; Berry 2015).

La agricultura no solo tiene efectos negativos sobre el suelo, también impactan de forma adversa la calidad del aire, agua, clima y biodiversidad que, a su vez, afectan la seguridad alimentaria y los medios de vida de la gente a largo plazo (Lal, 2009; Lang y Barling, 2012; Garnett, 2013; Berry 2015).

La seguridad alimentaria existe cuando todas las personas tienen, en todo momento, acceso físico y económico a suficientes alimentos para satisfacer sus necesidades dietéticas para una vida productiva y saludable (Lang y Barling, 2012; Timmer, 2012; Garnett, 2013; Berry 2015).

### **1.1.3.1 Agricultura Convencional**

La agricultura convencional está caracterizada principalmente por una labranza intensiva, quema de residuos y entradas externas (Tabla 1). Es un sistema agrícola basado en la labranza, mecanización e intensificación de la agricultura tradicional, generalmente acompañado de varios impactos adversos sobre los sistemas del suelo. La labranza deja el suelo desnudo resultando en su degradación y erosión (Hobbs *et al.*, 2008).

Además de la degradación del suelo, la agricultura convencional produce emisiones extras de CO<sub>2</sub> a la atmósfera, reduce la actividad biológica en el suelo y promueve la inundación en la zona de la raíz, causando la degradación de nutrientes en gases de efecto invernadero como CH<sub>4</sub> y N<sub>2</sub>O.

**Tabla 1** Prácticas comunes y sus consecuencias en la agricultura convencional

<b>Prácticas comunes</b>	<b>Consecuencias</b>
<b>Remoción o quemado de residuos de cultivos</b>	Pérdida de la fertilidad del suelo y disminución de los rendimientos
<b>Labranza continua</b>	Erosión
<b>Sobrepastoreo</b>	Mayores riesgos de sequías e inundaciones
<b>Deforestación</b>	Inseguridad alimentaria y riesgos sanitarios
<b>Monocultivo</b>	Pérdida de biodiversidad
<b>Uso excesivo de fertilizantes</b>	Contaminación de las aguas superficiales y subterráneas
<b>Uso incorrecto de pesticidas</b>	Contaminación y degradación de los suelos Invasión de plagas
<b>Uso incorrecto de agua</b>	Liberación de gases de efecto invernadero

Modificado de Bot y Benites, 2013

### **1.1.3.1.1 Revolución verde**

En décadas pasadas hubo un cambio dramático en agricultura con altísimas producciones debido a la revolución verde. La revolución verde implicó el uso de una mejor tecnología (particularmente el uso de variedades con altos rendimientos), la expansión de irrigación, mecanización, especialización y el uso de fertilizantes químicos y pesticidas. A pesar de que la revolución verde incrementó la producción, el rendimiento en la producción no fue sustentable y la pobreza y el hambre persistieron. La agricultura impactó de forma adversa la salud humana y el medio ambiente. Por ejemplo, la intensificación de la agricultura, a través del uso excesivo e inapropiado de fertilizantes químicos y pesticidas, ha contaminado cuerpos de agua y degradado suelos, conduciendo a pérdidas de la

biodiversidad debido a muerte de plantas, insectos y otras formas de vida silvestre. La irrigación conduce a salinización y pérdida de los niveles de agua subterránea. Mientras que los sistemas de monocultivo han, a través de las pérdidas de cultivo y biodiversidad, conducido al uso de una mayor cantidad de agroquímicos para mantener los niveles. Además, los fertilizantes inorgánicos pierden eficacia cuando la materia orgánica del suelo es baja (Evenson y Gollin, 2003; Pingali, 2012).

### **1.1.3.2 Agricultura de Conservación**

Como una alternativa a los sistemas agrícolas tradicionales, que conducen a muchos efectos adversos, surge la agricultura de conservación, la cual se basa en el manejo integrado del suelo, el agua y todos los recursos agrícolas. El objetivo de la Agricultura de Conservación es obtener una producción estable, altos rendimientos con bajo impacto ambiental a través de la aplicación de tres principios clave: mínimo movimiento del suelo, retención de residuos y rotación de cultivos económicamente viables (Verhulst *et al.*, 2011).

#### **1.1.3.2.1 Componentes principales de la Agricultura de Conservación**

##### **a. Mínimo movimiento del suelo/Cero labranza**

Consiste en perturbar no más de 20-25% de la superficie del suelo, incluyendo la franja de labranza o sistemas de camas elevadas y permanentes, reformando camas permanentes según sea necesario antes de la siembra del siguiente cultivo (Govaerts *et al.*, 2009a).



El mínimo movimiento del suelo y la retención parcial o total de residuos mejora la estructura, la actividad biológica y la biodiversidad del suelo. Además, mejora la calidad del agua, la infiltración del agua y aumenta el secuestro de carbono en el suelo (Hobbs *et al.*, 2008; Govaerts *et al.*, 2009a; Bot y Benites 2013).

#### **b. Retención de residuos**

Consiste en dejar un 30% de residuos sobre la superficie del suelo con el objetivo de proteger la superficie del suelo de la erosión por agua y aire. Aumenta la humedad (debido a que aumenta la infiltración de agua y reduce la evaporación) y ayuda a regular la temperatura del suelo. Esto promueve la actividad biológica y mejora la mineralización de N, especialmente en las capas superficiales. Además contribuye a la acumulación de materia orgánica del suelo (Hobbs *et al.*, 2008; Govaerts *et al.*, 2009a; Bot y Benites 2013).

La retención de residuos combinada con la cero labranza promueve una estabilidad de agregados más alta, un mayor tamaño de los agregados y una mejor agregación de la superficie del suelo, que puede ser incrementada por la adición de más residuos.

#### **c. Rotación de cultivos**

Consiste en alternar cultivos económicamente viables con el objetivo de ayudar a mitigar los posibles malezas, enfermedades y problemas de plagas (Govaerts *et al.*, 2009a, Bot y Benites 2013).

### **1.1.3.2.2 Agricultura en el Valle del Yaqui**

El estado de Sonora está localizado en el noroeste de México, se caracteriza por un clima desértico, soleado y seco, con una cantidad de lluvia promedio de 381 mm por año y una temperatura diurna promedio durante la etapa de llenado de trigo de 18 °C y de 31 °C para el maíz de verano (Govaerts *et al.*, 2009b).

Este estado tiene una importancia nacional e internacional para la producción de trigo, particularmente el Valle del Yaqui, que forma parte de las llanuras del noroeste de México y la costa. El Valle del Yaqui abarca aproximadamente 255 000 hectáreas de tierras de regadío con sistemas de riego por gravedad alimentados principalmente por canales (más del 80% de agua de riego) y los pozos profundos (alrededor del 20% del agua de riego). Los cultivos plantados durante el ciclo de invierno son el trigo (noviembre-mayo), cártamo (enero-junio), maíz de invierno (septiembre-febrero), garbanzo (diciembre-abril), mientras que durante el ciclo de verano son maíz de verano (mayo-octubre), sorgo (marzo-julio) y los frijoles secos (marzo-mayo) son las más comunes (Hobbs *et al.*, 2008; Govaerts *et al.*, 2009b).

El Valle del Yaqui representa un microcosmos de acontecimientos que caracterizan la evolución en la producción de trigo producido en todo el mundo en los últimos 40 años. En este valle, el Dr. Norman Borlaug y sus colegas iniciaron un programa de mejoramiento del trigo obteniendo una variedad de trigo semienana, que aumento los rendimientos de trigo en México, principalmente en las zonas de riego. La introducción de estas variedades semienanas en Asia del Sur estimularon la Revolución Verde en la producción de trigo a mediados y finales de 1960 (Govaerts *et al.*, 2009)

En las últimas décadas, han habido tres cambios principales en las prácticas de agricultura en el Valle del Yaqui: 1) En 1981, la mayoría de los agricultores sembraba con melgas (los cultivos eran sembrados en las masas sólidas en plano con riego por inundación en las cuencas). Sin embargo, en 1996, el 90% de los agricultores cambiaron a la siembra en camas elevadas. La utilización de camas reduce la compactación ya que el flujo solo se da próximo a los surcos (Verhulst *et al.*, 2011). Los agricultores que cultivan trigo en camas obtienen un 8% más de rendimiento y recuperan 25% más de los costos de producción comparado al sistema de riego por inundación. 2) Otro cambio en las prácticas de agricultura es el manejo de residuos de cosecha. En el ciclo 1992/93, los residuos eran quemados por un 95% de los agricultores. Sin embargo en 2001 el 96% de los agricultores no quemaban los residuos, los incorporan al suelo. 3) Reutilización de camas elevadas permanentes con reformación superficial de las camas según sea necesario antes de la siembra del siguiente cultivo, incluso después de la distribución de los residuos de cultivos anteriores (Govaerts *et al.*, 2009b).

Por tanto, el CIMMYT se propuso investigar, mediante ensayos a largo plazo en los campos experimentales del Valle del Yaqui, los efectos de los diferentes manejos de residuos, rotaciones y tipos de labranza sobre la calidad (basado en las características físicas, químicas y biológicas) del suelo (Verhulst *et al.*, 2011).

## **1.2 Técnicas para estudiar las comunidades microbianas**

Para estudiar la diversidad bacteriana en suelos se usan diferentes técnicas no dependientes de cultivo, entre las que podemos mencionar análisis de fosfolípidos de membrana (PLFA), polimorfismo de restricción en la longitud de fragmentos (RFLP), amplificación aleatoria de DNA polimórfico (RAPD), Electroforesis en Geles de Gradiente Desnaturalizante (DGGE), Electroforesis en Geles Gradiente de temperatura (TGGE), librerías rRNA 16S, prueba de isótopos estables (DNA-SIP), etc. (Amorim *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2012; Wixon y Balsler, 2013; Bumunang *et al.*, 2015; Song *et al.*, 2016).

### **1.2.1 Librerías rRNA 16S por pirosecuenciación**

Para estudiar a profundidad la diversidad y composición de las comunidades microbianas en diferentes muestras de suelo se emplea pirosecuenciación de regiones variables del gen rRNA 16S.

La pirosecuenciación es un método de secuenciación de DNA basado en la síntesis de DNA. La pirosecuenciación incluye cuatro enzimas que intervienen en una cascada. En la primera reacción el fragmento *Klenow* de la DNA polimerasa tras incorporar un nucleótido al cebador hibridado al DNA molde de cadena sencilla libera pirofosfato (PPi). En la segunda reacción el pirofosfato es utilizado como sustrato por la enzima ATP sulfurilasa y produce ATP. A su vez el ATP se convierte a una señal luminométrica por la enzima luciferasa. La intensidad de la señal es proporcional al número de nucleótidos incorporados. Finalmente, aquellos nucleótidos no incorporados y el exceso de ATP son degradados por la enzima apirasa; en este punto, se añade otro dNTP y un comienza un nuevo ciclo (Armougom y Raoult, 2009).

## **1.3 Métodos para determinar la diversidad de las comunidades bacterianas**

Una comunidad es un grupo de especies que interactúan en un lugar determinado en un tiempo determinado. Para los análisis de comunidades microbianas se usa el término de Unidades Taxonómicas Operacionales (OTUs, Operational Taxonomic Units) en vez de especies.

Para comprender los cambios de la diversidad de las comunidades con relación a la estructura del *landscape* se han definido tres niveles de diversidad: 1) La diversidad alfa evalúa la diversidad de las comunidades de un sitio o hábitat. 2) La diversidad beta evalúa la diversidad entre sitios o hábitats y 3) La diversidad gama evalúa la diversidad a grande escala y combina componentes de la diversidad alfa y beta (Moreno, 2001).

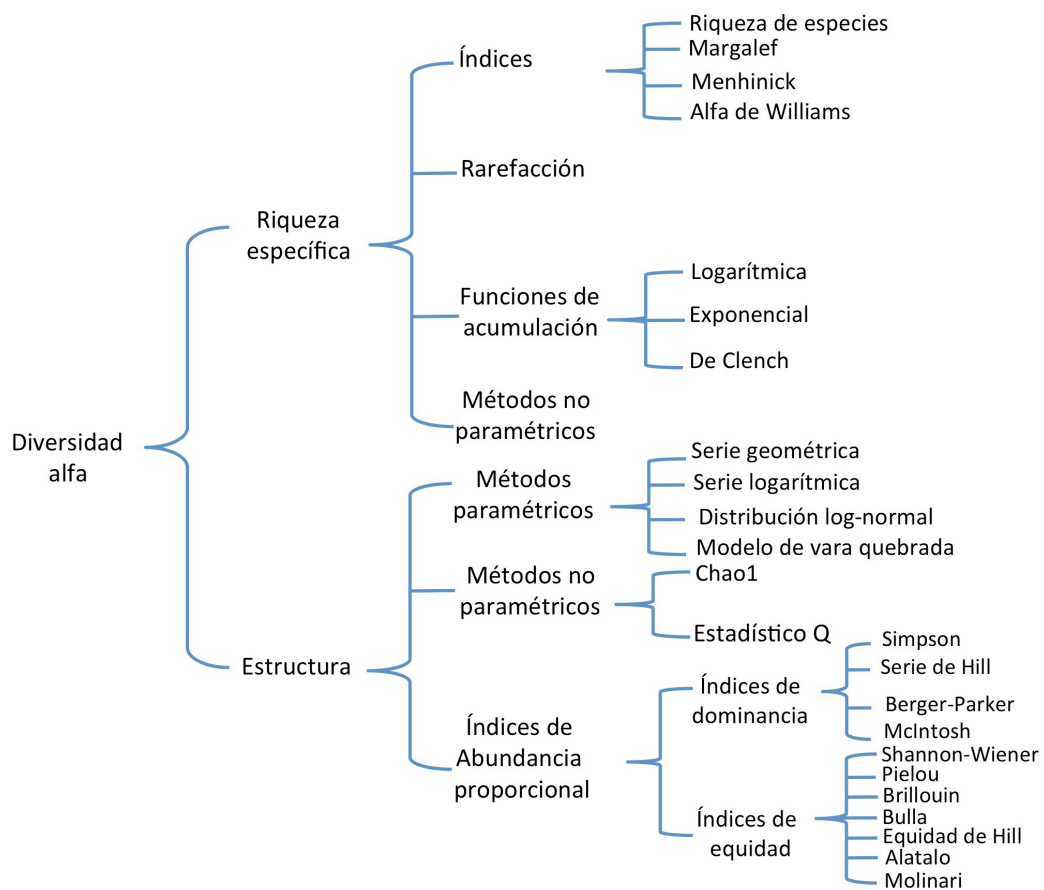
### **1.3.1 Métodos de diversidad alfa**

Evalúan la diversidad de especies dentro de las comunidades de un sitio o hábitat. (Figura 4). En función de las variables biológicas que miden, estos métodos se dividen en dos grandes grupos: 1) Métodos basados en la cuantificación del número de especies presentes (riqueza específica); 2) Métodos basados en la estructura de la comunidad (abundancia relativa). Éstos últimos a su vez pueden clasificarse en base a la dominancia o a la equidad de la comunidad.

#### **1.3.1.1 Riqueza específica**

La forma más sencilla de medir la diversidad es la riqueza específica (S). Se basa en el número de especies presente, sin tomar en cuenta el valor de importancia de las mismas (Moreno, 2001).

- Riqueza específica (S)  
Número total de especies obtenido por un censo de la comunidad.
- Rarefacción  
Permite hacer comparaciones de números de especies entre comunidades con diferentes tamaños de muestras.



**Figura 4** Métodos para medir la diversidad alfa (tomado y modificado de Moreno, 2001).

### 1.3.1.2 Estructura de las comunidades

#### 1.3.1.2.1 Métodos no paramétricos

- **Chao 1**

Estudia el número de especies en una comunidad en base al número de especies raras en la muestra.

$$Chao\ 1 = S + \frac{a^2}{2b}$$

$S$  es el número de especies en una muestra,  $a$  es el número de especies que están representadas solamente por un único individuo en esa muestra (número de *singletons*) y  $b$  es el número de especies representadas por exactamente dos individuos en la muestra (número de *doubletons*) (Chao, 1984).

#### 1.3.1.2.2 Índice de abundancia proporcional

Los índices de abundancia se dividen en índices de equidad e índices de abundancia

##### a. Índices de dominancia

Estos parámetros toman en cuenta la representatividad de las especies con mayor valor de importancia sin evaluar la contribución del resto de las especies (Moreno, 2011).

- **Simpson**

Representa la probabilidad de que dos individuos tomados al azar de una muestra sean de la misma especie. Está influido por la importancia de las especies más dominantes (Magurran, 1988; Peet, 1974). Dado que su valor es inverso a la equidad, la diversidad puede calcularse como  $1 - \lambda$  (Lande, 1996).

$$\lambda = \sum p_i^2$$

$p_i$  = abundancia proporcional de la especie  $i$ , es decir, la relación del número de individuos de la especie  $i$  con respecto al número total de individuos de la muestra.

## **b. Índices de equidad**

- **Shannon-Wiener**

Expresa la uniformidad de los valores de importancia a través de todas las especies de la muestra. Mide el grado promedio de incertidumbre en predecir a qué especie pertenecerá un individuo escogido al azar de una colección (Magurran, 1988; Peet, 1974; Baev y Penev, 1995). Asume que los individuos son seleccionados al azar y que todas las especies están representadas en la muestra.

$$H' = -\sum p_i \ln p_i$$

### **1.3.2 Métodos de diversidad beta**

La diversidad beta se define como la variación en la composición de especies entre sitios. La composición de una comunidad se define por el número, identidad y abundancia de especies (Whittaker, 1972).

La diversidad beta se evalúa con base en índices o coeficientes de similitud, de disimilitud o de distancia entre las muestras a partir de datos cualitativos (presencia/ausencia de especies) o cuantitativos (abundancia proporcional de cada especie medida como número de individuos, biomasa, densidad, cobertura, etc.), o bien con índices de diversidad beta (Figura 5) (Whittaker, 1972; Magurran, 1988; Wilson y Shmida, 1984; Moreno, 2001).



### 1.3.2.1 Similitud/disimilitud

Expresan el grado en que dos muestras son semejantes por las especies que están presentes en ellas, por lo que son una medida inversa de la diversidad beta. Estos índices pueden obtenerse con base en datos cualitativos o cuantitativos directamente o a través de métodos de ordenación o clasificación de las comunidades (Baev y Penev, 1995).

### 1.3.2.2 De distancia

Las distancias entre comunidades se emplean cuando, además de la presencia o ausencia de especies, se consideran las diferencias en sus proporciones (en cuanto a número de individuos, biomasa, cobertura, etc).

Cuando los valores son cercanos a cero, los sitios comparados tienen una composición similar de especies, mientras que si el valor se acerca a uno implica que la composición varía entre sitios.

- **Bray Curtis**

$$BC_{ij} = 1 - \frac{2C_{ij}}{S_i + S_j}$$

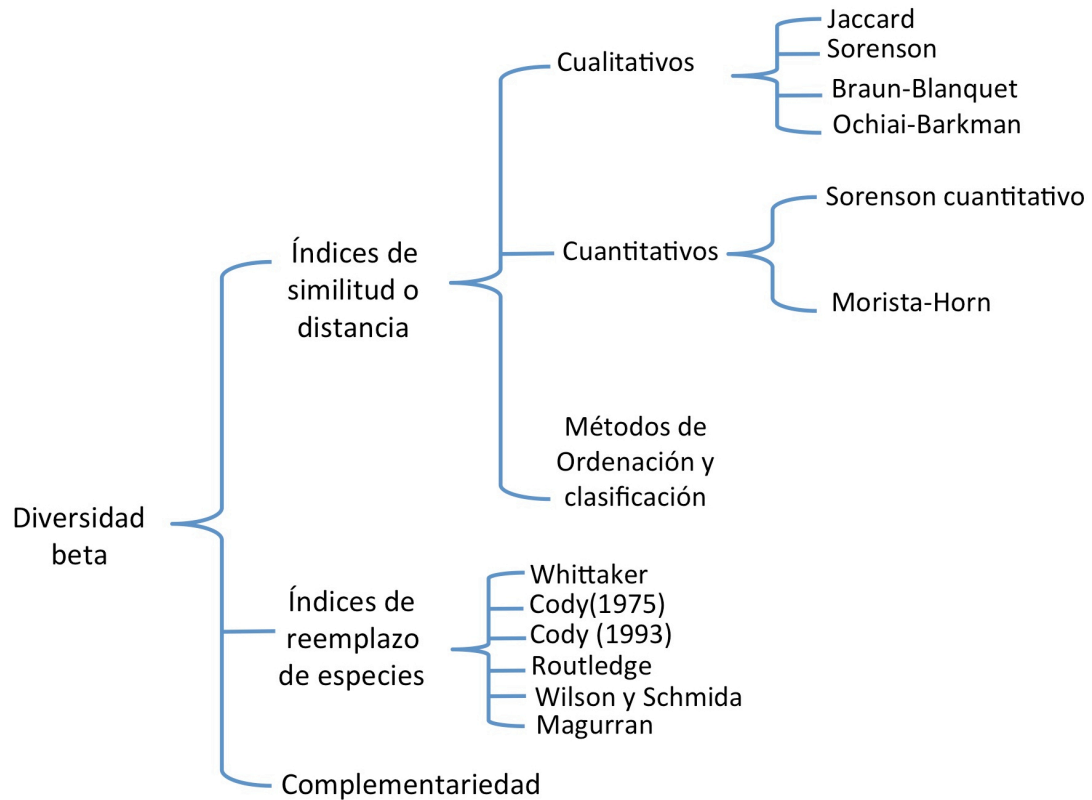
$C_{ij}$  = es la suma de los valores menores para las especies en común entre los dos sitios

$S_i$  y  $S_j$  = son el número total de especímenes contados en ambos sitios

- **UniFrac**

UniFrac (Unique Fraction Metric) mide la distancia filogenética entre dos comunidades en un árbol filogenético como la fracción de la longitud de la rama en un árbol filogenético que determinan los miembros descendientes de un ambiente u otro, pero no de ambas (Lozupone y Knight, 2005).

UniFrac es diferente del índice de Bray-Curtis porque incluye información sobre el parentesco de miembros de la comunidad mediante la incorporación de distancias filogenéticas entre organismos observados en el cálculo.



**Figura 5** Métodos para medir la diversidad beta (tomado y modificado de Moreno, 2001).

### **1.3.3 Métodos de diversidad gama**

La diversidad gamma se define como la riqueza en especies de un grupo de hábitats (por ejemplo, un paisaje, un área geográfica) resultado de la diversidad alfa de las comunidades individuales y del grado de diferenciación entre ellas (diversidad beta) (Moreno, 2001).

Gamma = diversidad alfa promedio x diversidad beta x dimensión de la muestra

## 1.4 Estudios previos en agroecosistemas

**Tabla 2** Estudios de los efectos de las diferentes prácticas agrícolas sobre las comunidades microbianas

Agroecosistema	Características	Marcador o técnica	Correlación	Referencia
Agrícola, pastizal	Monocultivo, rotación de cultivos y pastizales.	rRNA 16S, bTEFAP	Bacteroidetes predominó en los suelos agrícolas; Actinobacteria predominó en sistemas no perturbados	Acosta-Martínez <i>et al.</i> , 2008
Agrícola	Sin labranza y labranza intensiva	PLFA para hongos y bacterias	El número de PLFA para hongos y bacterias fue mayor en labranza cero que labranza intensiva.	Helgason <i>et al.</i> , 2009
Agrícola	Sin labranza, labranza convencional y rotación de cultivos.	Aislamiento de bacterias, MBC y FAME	La respiración microbiana del suelo, la biomasa y la actividad fueron mayores bajo labranza cero.	Meriles <i>et al.</i> , 2009;
Agrícola	Sin labranza, labranza convencional y manejo de residuos.	rRNA 16S	Los suelos con labranza cero y retención de residuos presentaron niveles más altos de diversidad y riqueza.	Ceja-Navarro <i>et al.</i> , 2010
Agrícola	Suelos con diferentes regímenes de fertilización	rRNA 16S, qPCR	Los diferentes tratamientos afectaron principalmente a Alphaproteobacteria, Firmicutes, Verrucomicrobia y Crenarchaeota.	Wessén <i>et al.</i> , 2010
Agrícola	Sin labranza, labranza intensiva, rotación de cultivo y monocultivo	rRNA 18S PCR-DGGE y PLFA	Labranza cero y monocultivo presentaron bajos PLFA	Vargas Gil <i>et al.</i> , 2011

Agrícola y pastizal	Cultivos orgánicos, cultivos con agroquímicos y pastizal.	rRNA 16S Pirosecuenciación	En cultivos orgánicos los <i>phyla</i> más abundantes fueron Proteobacteria, Bacteroidetes y Gemmatimonadetes; mientras que, Actinobacteria y Acidobacteria en cultivos con agroquímicos y pastizal.	Chaudhry <i>et al.</i> , 2012
Agrícola	Labranza convencional, labranza reducida, manejo de residuos, rotación de cultivos y fertilización orgánica.	PCR-DGGE	Cambios drásticos en las comunidades de bacterias y hongos debidas a la labranza.	Kihara <i>et al.</i> , 2012
Agrícola	Sin labranza y labranza intensiva, con aplicación de diferentes concentraciones de nitrógeno	MBC Y CLPPs	Labranza cero tuvo un efecto positivo sobre los MBC; N aplicado en exceso tuvo un efecto negativo sobre los MBC.	Lupwayi <i>et al.</i> , 2012
Agrícola	Labranza convencional, labranza cero, y manejo de residuos.	PLFA y MBC	MBC, arbuscular micorriza incrementaron en labranza cero.	Wang <i>et al.</i> 2012
Agrícola	Sin labranza, labranza intensiva,	Aislamiento de bacterias y ELISA	La proporción de aislados fue alta en 0-5 cm de profundidad.	Caesar-TonThat <i>et al.</i> , 2010
Agrícola	Cero labranza, labranza convencional y manejo de residuos.	rRNA 16S Pirosecuenciación	La cero labranza es la que más afecto a las comunidades bacterianas. El manejo de residuos con cero labranza tuvo un mayor efecto sobre las comunidades bacterianas que la labranza convencional.	Navarro-Noya <i>et al.</i> , 2013
Agrícola	Dos experimentos de largo plazo con la adición de nitrógeno.	rRNA 16S Pirosecuenciación	Sin efectos significativos de la fertilización sobre la diversidad bacteriana; efectos significativos sobre la composición de la comunidad en ambos sitios	Fierer <i>et al.</i> , 2012

## **2 JUSTIFICACIÓN, HIPÓTESIS Y OBJETIVOS**

### **2.1 Justificación**

El suelo es un ambiente rico en microorganismos dentro de los cuales las bacterias presentan una gran diversidad. Las bacterias del suelo no solo juegan un papel ecológico importante en los ciclos biogeoquímicos y el reciclado de material orgánico, sino también en el mantenimiento de los ecosistemas. Grupos específicos de bacterias pueden ser afectados como resultado de cambios en las propiedades fisicoquímicas del suelo causadas por actividades antropogénicas, como la agricultura.

Diferentes estudios, principalmente experimentos a largo plazo, con diferentes rotaciones de cultivo en diferentes suelos y climas, han reportado que las prácticas agrícolas tienen un efecto sobre el tamaño, composición y funcionalidad de las comunidades bacterianas cuando éstas son analizadas a niveles taxonómicos altos, *i. e. phylum* o clase. Sin embargo, existe poca información acerca de cómo las prácticas agrícolas determinan la estructura de las comunidades bacterianas a niveles taxonómicos más bajos, *e. g.* género y especie. Estos niveles taxonómicos más bajos son los que definen las comunidades bacterianas.

En este estudio se identificaron, a diferentes niveles taxonómicos, los taxones bacterianos afectados por los cambios en las propiedades fisicoquímicas del suelo como resultado de las diferentes prácticas agrícolas.

## **2.2 Hipótesis**

La estructura de las comunidades bacterianas estará definida por las diferentes prácticas agrícolas.

## **2.3 Objetivos**

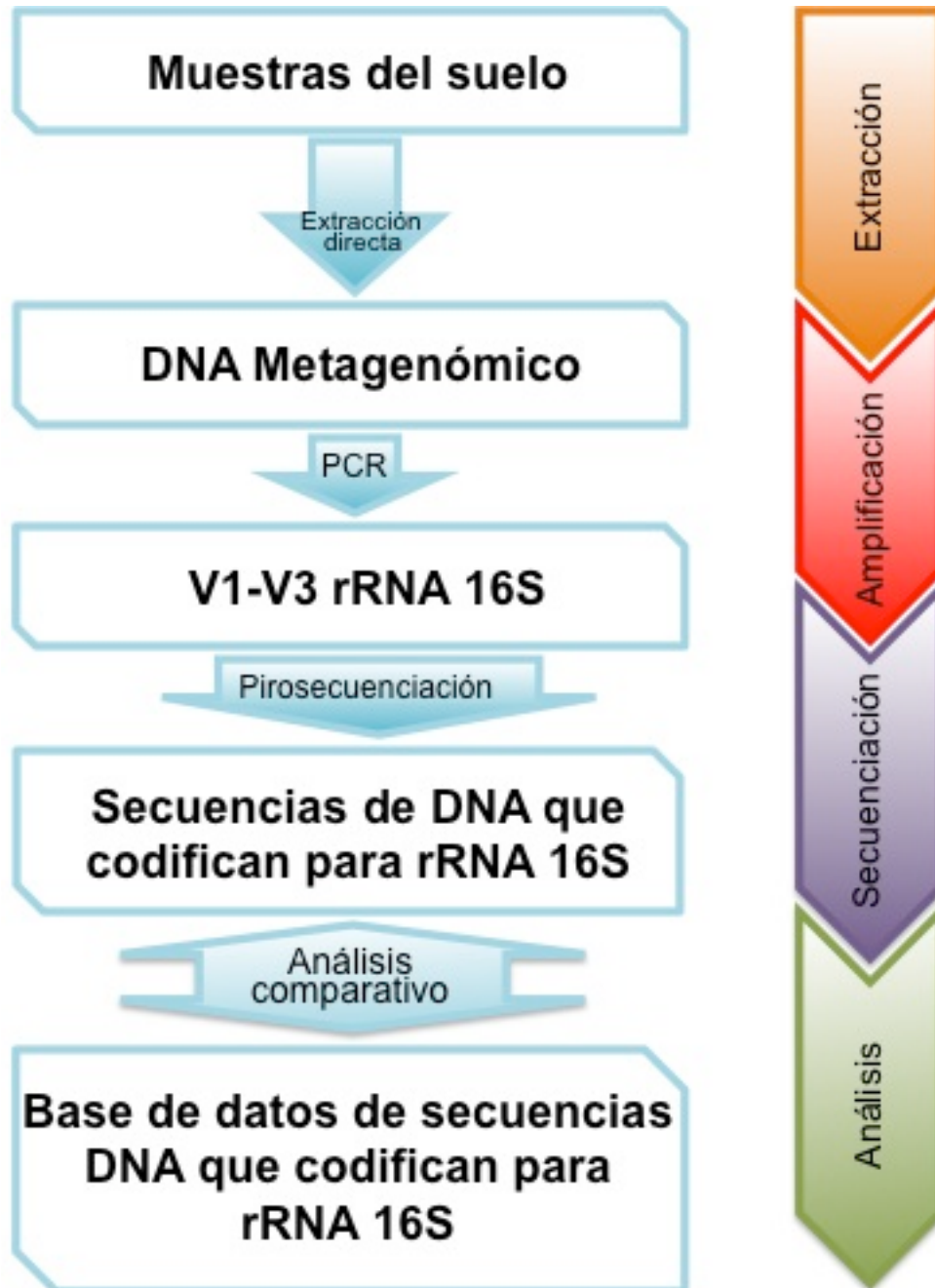
### **2.3.1 Objetivo general**

Identificar taxones específicos para cada práctica agrícola.

### **2.3.2 Objetivos específicos**

- Identificar, mediante análisis de indicadores de especies, los taxones bacterianos afectados por cambios en las características fisicoquímicas como resultado de diferentes sistemas de manejo de residuo y labranza.
- Determinar el grado de asociación entre las comunidades bacterianas y las características del suelo.

### 3 MATERIALES Y MÉTODOS



**Figura 6** Esquema general para la determinación de las comunidades bacterianas en suelos del Valle del Yaquí sometidos a diferentes prácticas agrícolas.



## **3.1 Descripción del sitio experimental y tratamientos**

### **3.1.1 Estación experimental Norman E. Borlaug (CENEB)**

Los suelos del Valle del Yaqui analizados forman parte de un experimento llevado a cabo durante ocho ciclos de cultivo invierno-primavera de 1997-1998 a 2004-2005 en la estación experimental Norman E. Borlaug del CIMMYT, localizada cerca de Ciudad Obregón, Sonora, México (noroeste de México, 38 msnm; latitud 27°22'10" N, longitud 109°55'51") (Figura 7). El tipo de suelo es granular, arenoso y arcilloso, con bajo contenido de materia orgánica (<1%) y ligeramente alcalino (pH 7.7). El suelo es un Vertisol Hiposódico (Calcárico, Crómico) de acuerdo al Sistema Base de Referencia Mundial (IUSS Working Group 2007). El sitio presenta un clima soleado y seco, con temperatura anual promedio de 24.7 °C y lluvia anual promedio de 381 mm con 253 mm de junio a agosto (1971-2000).

### **3.1.2 Descripción del experimento a largo plazo (iniciado en 1992)**

La estación experimental CENEB está dividida en lotes y éstos se dividen a su vez en parcelas. El lote C-10 (Figura 8) se utiliza desde 1992 para evaluar el efecto de la calidad del suelo de cinco sistemas diferentes de manejo de residuo y labranza.

El experimento consistió de dos cultivos en rotación: trigo como cultivo de invierno y maíz como cultivo de verano. El trigo se siembra, sobre camas permanentes en dos hileras separadas 22 cm, a finales de noviembre-principios de diciembre y se cosecha en mayo. El maíz se siembra, en una hilera en el centro de la cama, en junio y se cosecha en octubre.

El experimento se llevó a cabo usando un diseño de bloques completamente al azar con parcelas divididas y tres réplicas (Figura 8). Los tratamientos de toda la parcela consistieron en cinco combinaciones de manejo de residuos y labranza. Los subtratamientos para trigo consistieron en la aplicación de urea (0 y 300 kg N ha<sup>-1</sup>). Se usaron un total de 10 tratamientos. Los tratamientos se mantuvieron en las mismas parcelas cada año.

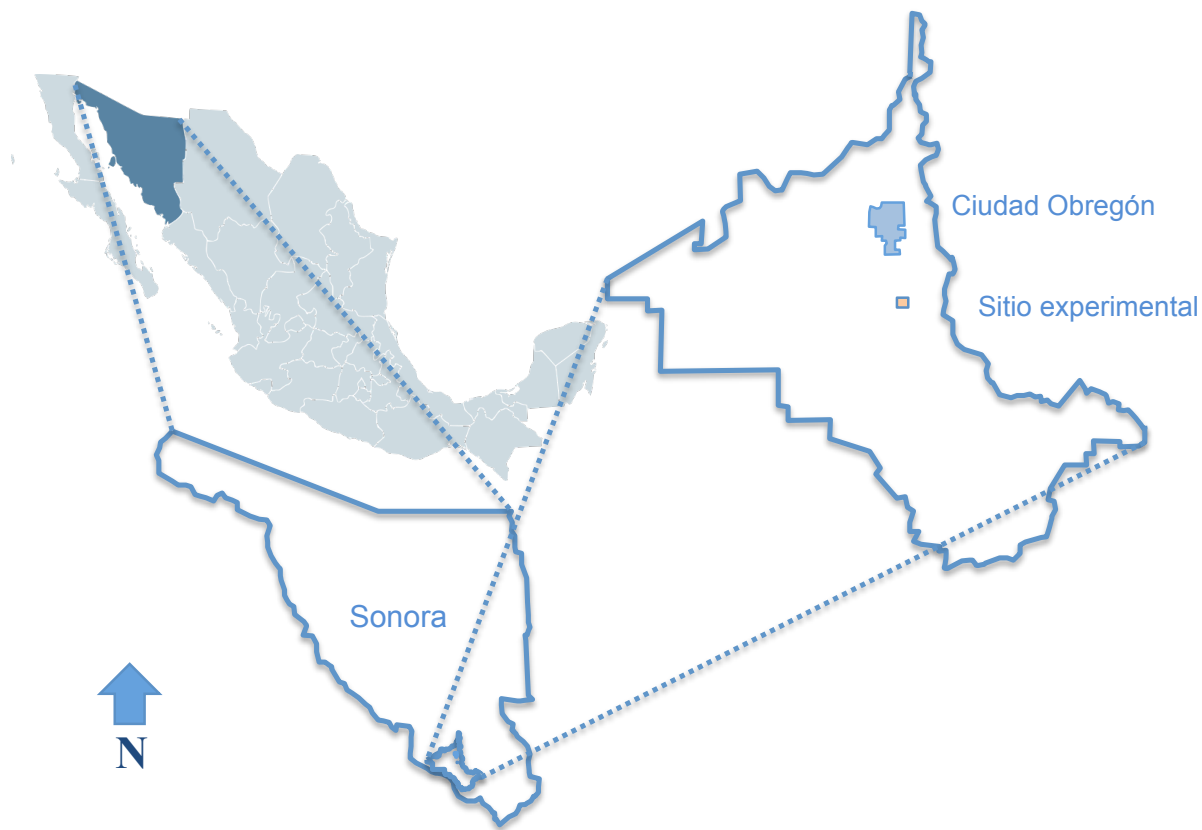
### **A. Parcela principal**

Las parcelas principales consistieron en combinaciones de manejo de residuos y labranza.

- 1. CTB-residuo incorporado:** Todos los residuos son incorporados por labranza convencional cada ciclo de cultivo; se forman camas nuevas después de cada cultivo
- 2. PB-residuo quemado:** Quema de paja de maíz y trigo; cuando es necesario las camas permanentes son reformadas para cada cultivo.
- 3. PB-residuo removido:** Se remueve la paja de trigo que pasa a través de la cosechadora; se deja el rastrojo de trigo, se remueve el rastrojo de maíz para forraje. Cuando es necesario las camas permanentes son reformadas.
- 4. PB-residuo parcialmente retenido:** Se muele la paja de trigo y se deja en su lugar. Se remueve el rastrojo de maíz para forraje. Cuando es necesario las camas permanentes son reformadas.
- 5. PB-residuo completamente retenido:** Se muelen la paja de trigo y maíz y se dejan en su lugar. Cuando es necesario las camas permanentes son reformadas.

### **B. Subtratamientos de N para trigo - Se utilizó urea como fuente de N**

1. 0 N.
2. 300 N ha<sup>-1</sup> cerca del primer nodo, bandeo en el surco.

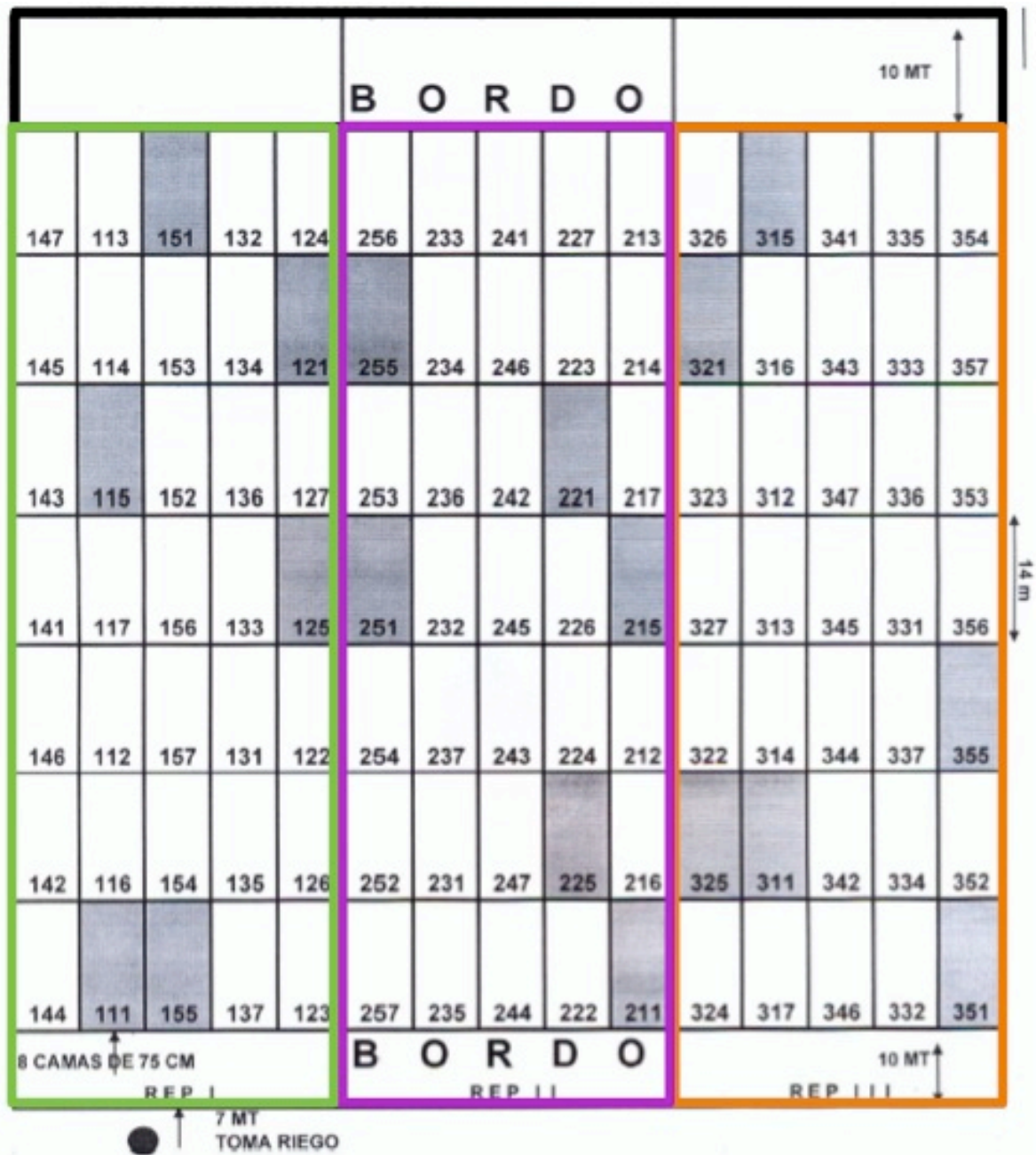


**Figura 7** Localización del campo experimental Norman E. Borlaug (CENEB).

### 3.1.3 Caracterización y muestreo del suelo

Sesenta muestras de suelo se tomaron barrenando 10 veces la capa 0-20 cm en sitios opuestos de las camas (cama 3 y cama 6) ( $n = 2$ ) de cada parcela ( $n = 3$ ) de cada tratamiento ( $n = 10$ ). Con la finalidad de evitar pseudoreplicación, las réplicas de campo se mantuvieron para la caracterización y extracción de DNA del suelo. Las muestras se tomaron el 11 de Abril de 2012 y se almacenaron a  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  hasta su uso. El procedimiento de muestreo se observa en la Figura 8.

A las muestras del suelo se les determinó C total, N total, conductividad electrolítica (EC) y pH de acuerdo a los métodos descritos por Verhulst *et al.* (2011).



**Figura 8** Esquema de muestreo del lote C-10 del campo experimental CENEB. El experimento consta de 10 tratamientos por triplicado en diseño de bloques completamente al azar. Se observan los triplicados de cada tratamiento. El primer número indica la réplica (*i. e.*, réplica 1, 2 ó 3), el segundo número indica el tratamiento y el tercer número indica el esquema de fertilización con urea como fuente de N (1 y 5 para 0 y 300 N ha<sup>-1</sup>, respectivamente). Los recuadros en gris representan las parcelas muestreadas.

## **3.2 Preparación de las librerías de los genes rRNA 16S**

### **3.2.1 Extracción de DNA**

La extracción de DNA total de muestras de suelo, se llevó a cabo con el kit “PowerSoil™ Total DNA Isolation” (MO BIO Laboratories, Solana Beach, CA, USA), siguiendo las indicaciones descritas por el fabricante. La pureza e integridad del DNA total se analizaron por electroforesis en gel de agarosa-TAE al 0.8%, teñidos con bromuro de etidio ( $0.5 \mu\text{g ml}^{-1}$ ), y se visualizaron en un transiluminador 2000 (Gel Doc 2000, BIO-RAD Laboratories Inc., Carlsbad, CA, USA) con ayuda del software “Quantity One”. La concentración de DNA total se determinó por espectrofotometría a una  $\text{DO}_{260}$  (Thermo Scientific NanoDrop 2000).

### **3.2.2 Amplificación por PCR**

Se eligió amplificar la región V1-V3 (570 pb) del gen rRNA16S de bacterias. Las muestras de DNA fueron amplificadas usando los oligonucleótidos, directo 8F (5'-AGAGTTTGATCITGGCTCA-3') y reverso 556R (5'-TTACCGCIGCTICTGGCA-3'). Estos oligonucleótidos contienen el adaptador de pirosecuenciación de Roche 454 Lib-L, esto es, el adaptador 454 y una secuencia única de 10 nt (etiqueta) incorporada entre el adaptador 454 y el oligonuclétido directo.

La amplificación de la región V1-V3 del gen rRNA 16S, a partir de DNA metagenómico de las muestras de suelo, se llevó a cabo por PCR utilizando la siguiente mezcla de reacción (25  $\mu\text{l}$ ): Buffer PCR 1 X,  $\text{MgCl}_2$  1.5 mM, 200  $\mu\text{M}$  de cada dNTPs, 0.5  $\mu\text{M}$  de cada oligonucleótido, 55  $\mu\text{g}$  de BSA, 0.65 U de Taq DNA polimerasa (Fermentas) y 10-20 ng de DNA total.

El protocolo de amplificación consistió de una desnaturalización inicial a 94 °C por 10 min; seguida de 25 ciclos de 1 min a 94 °C, 50 s a 55 °C, 50 s a 72 °C; con una extensión final de 10 min a 72 °C. La reacción de amplificación se llevó a cabo en un termociclador MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc.). Se amplificó por cuadruplicado cada una de las muestras de suelo.

Los productos de PCR se separaron por electroforesis en geles de agarosa-TAE al 1.5 %, teñidos con bromuro de etidio (0.5 µg ml<sup>-1</sup>) y se visualizaron en un transiluminador 2000 (Gel Doc 2000, BIO-RAD Laboratories Inc., Carlsbad, CA, USA) con ayuda del software “Quantity One”.

### **3.2.3 Purificación y cuantificación de los productos de PCR**

Los productos de PCR fueron purificados usando el kit DNA Clean & Concentrator™-5 (Zymoresearch), siguiendo las indicaciones descritas por el fabricante. Los productos de PCR purificados se separaron por electroforesis en geles de agarosa-TAE al 1.5 %, teñidos con bromuro de etidio (0.5 µg ml<sup>-1</sup>) y se visualizaron en un transiluminador 2000 (Gel Doc 2000, BIO-RAD Laboratories Inc., Carlsbad, CA, USA) con ayuda del software “Quantity One”. La concentración de DNA de los productos de PCR purificados se determinó por espectrofotometría a una DO<sub>260</sub> (Thermo Scientific NanoDrop 2000).

### **3.2.4 Pirosecuenciación**

Los productos de PCR purificados se mezclaron en cantidades equimolares y fueron pirosecuenciados utilizando la plataforma 454 GS FLX Titanium y el protocolo Lib-L. La secuenciación fue realizada por Macrogen Inc. (Seul, Korea) en un pirosecuenciador Roche 454 GS-FLX Titanium™ (Roche, Mannheim, Alemania).

### **3.3 Determinación de la estructura y diversidad de las comunidades bacterianas**

#### **3.3.1 Procesamiento de las secuencias**

El análisis de los datos de pirosecuenciación se realizó en QIIME (Quantitative Insights into Microbial Ecology) versión 1.8.0 (Caporaso *et al.*, 2010b). Primero, se eliminaron del análisis las secuencias de baja calidad (secuencias < 250 nt, con una calidad < 25 o secuencias con errores en los adaptadores, etiquetas de 10 nt y oligonucleótidos). A continuación, se eliminó el ruido de fondo de la pirosecuenciación (de la química FLX) con `denoise_wrapper.py` (Reeder y Knight, 2010).

Después se realizó la determinación de las unidades taxonómicas operacionales (OTUs) a una similitud del 97% (OTU<sub>97</sub>) con un método de referencia abierto utilizado por Uclust (Edgar, 2010) y contra la base de datos Greengenes (disponible en <http://greengenes.lbl.gov/>). Se alinearon las secuencias representativas para cada uno de los grupos a un mínimo de identidad de secuencia de 75% utilizando PyNast (Caporaso *et al.*, 2010a). Se identificaron las secuencias quiméricas con ChimeraSlayer (Haas *et al.*, 2011) y éstas fueron eliminadas del conjunto de datos con `filter_fasta.py`. Se obtuvo la asignación taxonómica y abundancia relativa de los diferentes grupos bacterianos, con un nivel de confianza del 80%, utilizando el clasificador Bayesiano de rRNA de RDP (Ribosomal Data Project; <http://rdp.cme.msu.edu/classifier/classifier.jsp>) (Wang *et al.*, 2007). Se eliminaron las secuencias presentes en una sola muestra (singletons).

Posteriormente, se construyeron las Matrices de Observación Biológica (BIOM, Biological Observation Matrix) con las asignaciones taxonómicas y los metadatos de las muestras del suelo. Para evitar sesgo debido a las diferencias en el número de secuencias en las muestras, las tablas BIOM fueron rarificadas a 10 800

secuencias por muestra para los análisis de diversidad alfa. Las tablas BIOM rarificadas se obtuvieron por submuestreo consecutivo de la población de ocurrencias bacterianas para cada muestra de suelo a intervalos de 100 secuencias entre 100 y 10 800. Esta rarefacción secuencial se realizó 50 veces.

Finalmente, se calcularon las distribuciones a diferentes niveles taxonómicos usando la tabla BIOM.

### **3.3.2 Análisis estadístico y filogenético**

La variabilidad de la estructura de las comunidades se consideró en términos de taxonomía, distribución de OTUs y distancias UniFrac.

Primero, se calcularon las abundancias para OTU<sub>97</sub> y género en cada muestra, y se calcularon las matrices de similitud utilizando coeficientes de similitud de Bray-Curtis (Legendre y Legendre, 2012).

Al mismo tiempo, se construyeron matrices de distancias pareadas UniFrac, con datos *weighted*, utilizando Fast UniFrac (Hamady *et al.*, 2010b) dentro de QIIME *pipeline* (Caporaso *et al.*, 2010b). UniFrac determina la distancia entre dos comunidades como la fracción de la longitud de las ramas en un árbol filogenético que determinan los miembros descendientes de cualquier comunidad pero no de ambas (fracción de la evolución que es única en una de las comunidades) (Lozupone y Knight, 2005). UniFrac *weighted* divide la longitud total de la rama de un árbol entre las diferentes comunidades y la frecuencia de OTUs bacterianas entre las muestras. Este enfoque filogenético explica el hecho de que no todas las OTUs dentro de una muestra están relacionadas de igual forma una con otra (Lozupone *et al.*, 2007).



Se determinaron las diferencias significativas entre las comunidades microbianas de las diferentes prácticas agrícolas y tratamientos con un análisis de similitud (ANOSIM). Las diferencias significativas en la abundancia de los grupos taxonómicos, como resultado de los diferentes tratamientos, se calculó utilizando un análisis de varianza (ANOVA). Las diferencias globales se visualizaron con un análisis de coordenadas principales (PCoA).

También se identificaron las OTU<sub>97</sub> y géneros específicos para cada práctica agrícola mediante un análisis de especies indicadoras, con el paquete *indicspecies* versión 1.7.1 del entorno R (<http://www.r-project.org>) (De Cáceres y Legendre, 2009). Los valores indicadores (IV, Indicator value) se calcularon utilizando las tablas de abundancia de OTU<sub>97</sub> y géneros; y solo se consideraron los indicadores fuertes, es decir,  $IV > 0.5$  y  $P > 0.05$  (Dufrene y Legendre, 1997). Una especie indicadora es aquella que define un rasgo o una característica del ambiente. El valor indicador evalúa la relación entre la abundancia relativa y la frecuencia relativa de ocurrencia.

Las submuestras ( $n = 2$ , cama 3 y cama 6) se promediaron en las réplicas de las parcelas ( $n = 3$ ) antes del análisis estadístico.

### **3.3.3 Accesibilidad de los datos**

Las secuencias de este estudio se depositaron en NCBI *Sequences Read Archive* asociadas con el proyecto PRJNA255111 con número de acceso SRP044268.

# 4 RESULTADOS

## 4.1 Comunidades bacterianas

La secuenciación de las 60 librerías generó un total de 726 618 secuencias (de las regiones V1-V3 del rRNA 16S) con una longitud promedio de 452 nt. Después de los filtros de calidad, se encontraron 7 742 OTU<sub>97</sub>.

### 4.1.1 Índices de diversidad

Los índices de diversidad alfa indicaron que la diversidad y riqueza de especies son similares en los diferentes tratamientos. Los valores del indicador de riqueza Chao1 oscilan de 1248 a 1856. Los índices de diversidad filogenética varían de 42.2 a 53.3 (Tabla 3).

### 4.1.2 Estructura de las comunidades bacterianas (BCS)

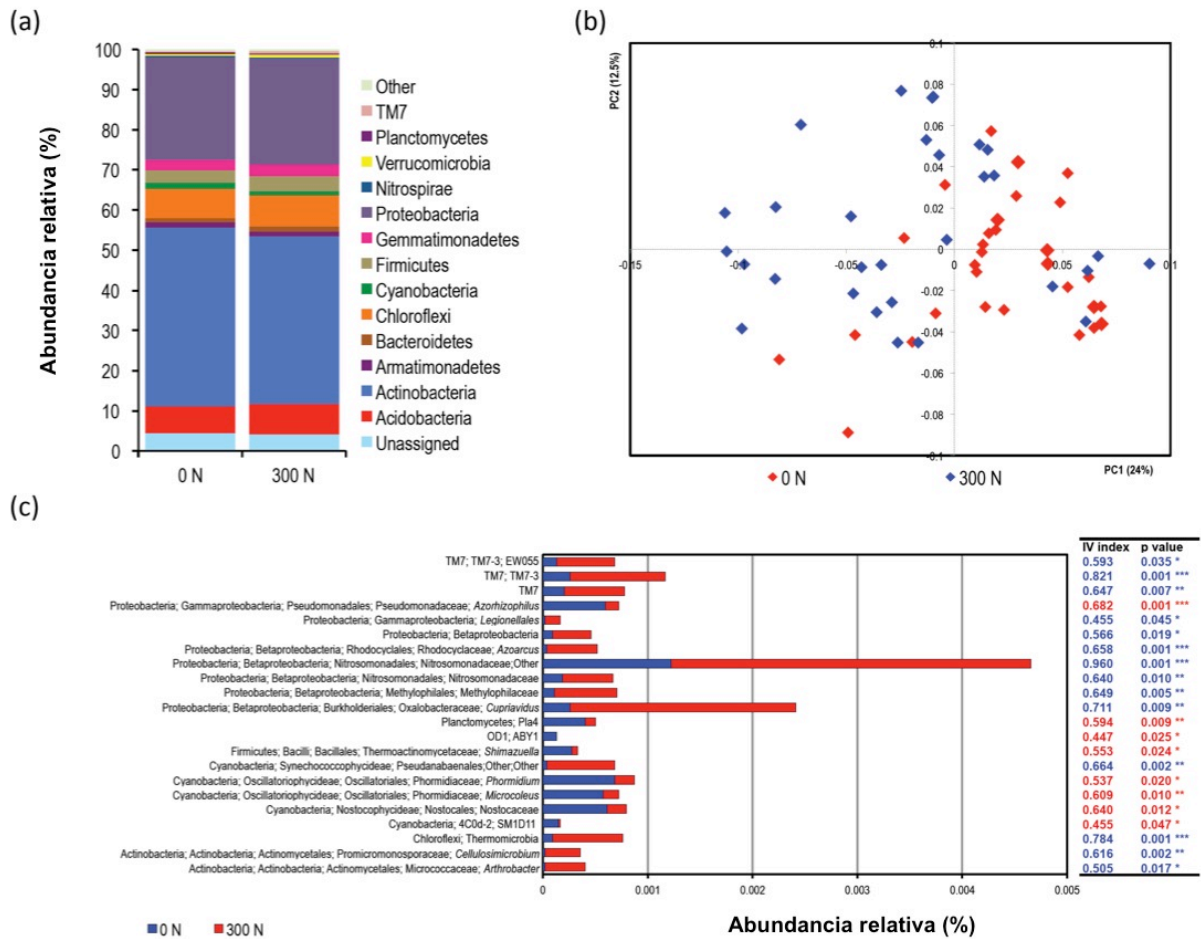
En las secuencias clasificadas se identificaron 32 *phyla*, 105 clases, 204 ordenes, 331 familias y 532 géneros, mientras que 4.9% de todas las secuencias permaneció sin clasificación.

Los *phyla* más abundantes fueron Acidobacteria (43.1% de todas las secuencias), Proteobacteria (25.9%) y Chloroflexi (7.5%). Los géneros más abundantes en todos los tratamientos fueron *Rubrobacter* (Actinobacteria) y *Bacillus* (Firmicutes) con una abundancia relativa de 8.4% y 2.5%, respectivamente.

**Tabla 3** Valores de diversidad alfa de las comunidades bacterianas del suelo en el CENEB

Manejo de residuo y camas permanentes	Fertilizante N (kg N ha <sup>-1</sup> )	No. de secuencias <sup>a</sup>	Diversidad filogenética	Chao1	OTUs observados <sup>b</sup>	(%) cobertura
CTB- residuo incorporado <sup>c</sup>	0	47,069	49.88 (2.16)	1565 (104)	863 (35)	89.5
CTB- residuo incorporado	300	54,890	53.74 (1.47)	1685 (112)	955 (23)	90.3
PB-residuo quemado <sup>d</sup>	0	68,483	51.57 (2.21)	1655 (146)	903 (35)	91.1
PB- residuo quemado	300	61,292	51.67 (1.09)	1683 ( 59)	924 (16)	89.5
PB-residuo removido <sup>e</sup>	0	69,428	52.87 (2.87)	1738 (113)	942 (54)	89.9
PB- residuo removido	300	57,811	50.89 (3.30)	1641 (129)	923 (56)	88.4
PB- residuo parcialmente retenido <sup>f</sup>	0	64,370	52.25 (1.39)	1746 ( 61)	928 (20)	90.2
PB- residuo parcialmente retenido	300	54,652	48.93 (1.77)	1546 (114)	829 (35)	88.9
PB- residuo retenido <sup>g</sup>	0	64,810	50.42 (2.83)	1631 (121)	879 (33)	90.5
PB- residuo retenido	300	48,410	49.59 (3.07)	1568 (122)	886 (34)	87.4

<sup>a</sup> número de lecturas después del filtro de calidad, <sup>b</sup> OTU: Unidad Taxonómica Operacional al 97% de similitud, <sup>c</sup> Camas labradas convencionalmente con todos los residuos retenidos usando labranza convencional, <sup>d</sup> Residuos de maíz y trigo quemados con camas permanentes, <sup>e</sup> Se remueve paja de trigo que pasa a través de la cosechadora con camas permanentes, <sup>f</sup> Paja de trigo se muele y deja en su lugar con camas permanentes, <sup>g</sup> Paja de trigo y maíz se muelen y dejan en su lugar con camas permanentes.



**Figura 9** Efecto de la aplicación de nitrógeno sobre las comunidades bacterianas en el CENEB. (a) Abundancia relativa de grupos taxonómicos (0 N, 0 kg N ha<sup>-1</sup>; 300 N, 300 kg N ha<sup>-1</sup>) (b) Análisis de coordenadas principales de las distancias *weighted* UniFrac de las comunidades bacterianas. (c) Abundancia relativa de los géneros indicadores con índices de valores indicadores (IV) > 0.5 y *P* > 0.05; valores en rojo corresponden a géneros indicadores de 0 kg N ha<sup>-1</sup>.

## 4.2 Efecto de la fertilización

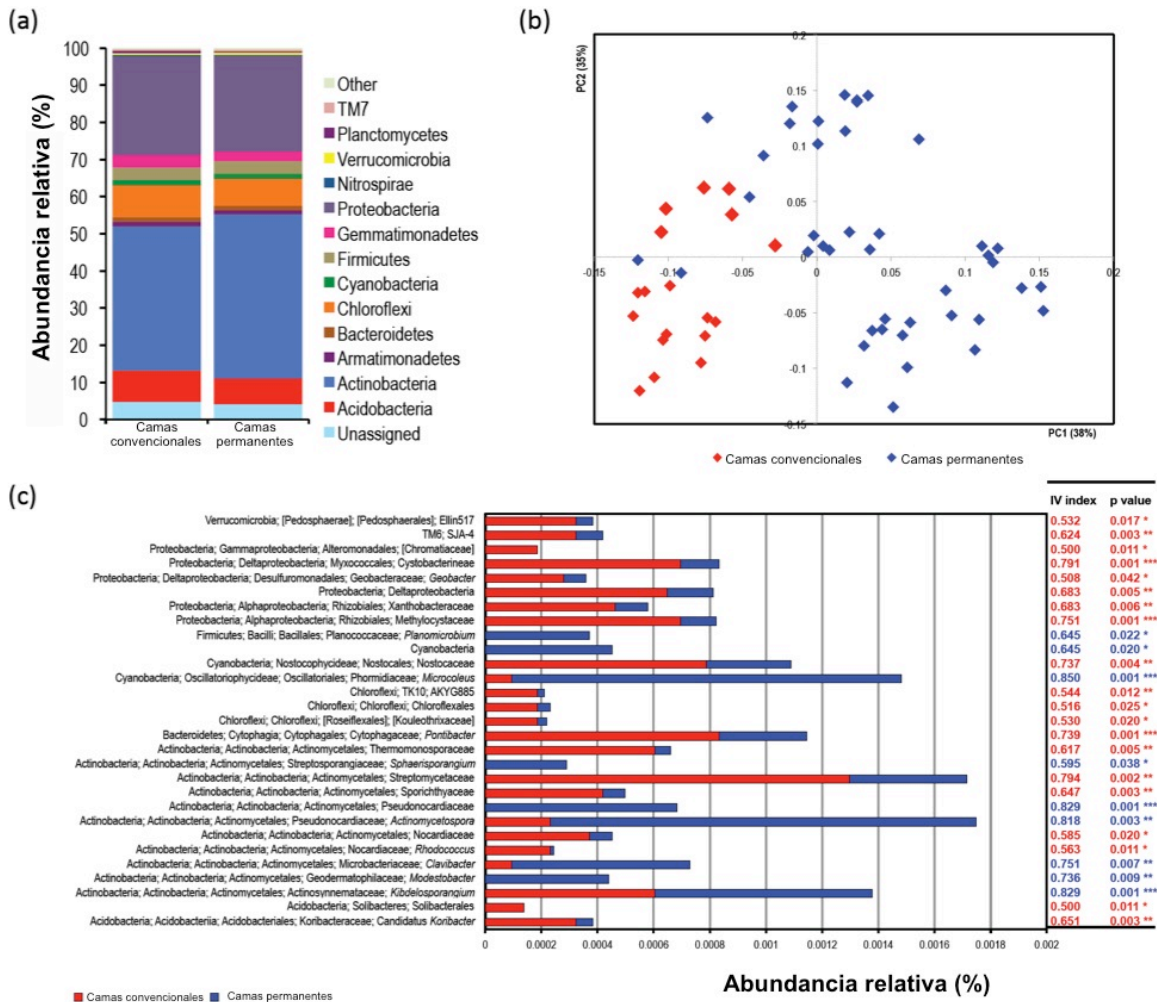
La estructura de las comunidades bacterianas en los suelos fertilizados y no fertilizados se comparó utilizando información taxonómica y filogenética. La distribución de los taxones, a niveles taxonómicos altos, fue similar en los tratamientos de N probados (0 y 300 kg N ha<sup>-1</sup>); no se encontró diferencia significativa entre la abundancia relativa de *phyla* como resultado de la aplicación de N (Figura 9a). Sin embargo, cuando las estructuras de las comunidades bacterianas fueron comparadas en términos de información filogenética, los tratamientos con 0-N y 300-N fueron significativamente diferentes ( $P < 0.05$ ) (Figura 9b). Los taxones indicadores para los tratamientos 0-N fueron *Azorhizophilus*, *Nostocaceae*, *Microcoleus*, *Shimazuella* y *Chloronema*; los taxones indicadores para los tratamientos 300-N fueron *Phormidium*, *Nitrosomonadaceae*, *Cupriavidus*, *Streptomyces*, *Cellulosimicrobium*, *Azoarcus*, *Arthrobacter* y *Anaerolineae* (Figura 9c).

## 4.3 Efecto de camas permanentes vs camas labradas

Cambios en la abundancia relativa de algunos *phyla* se debieron a los diferentes manejos de las camas (Figura 10). La abundancia relativa de Planctomycetes y Proteobacteria fue significativamente más baja en camas permanentes que en camas labradas convencionalmente ( $P < 0.05$ ) (Tabla S2). Sin embargo, cuando la composición de las comunidades bacterianas se comparó usando las distancias *weighted* UniFrac, los tratamientos de camas permanentes y camas labradas no fueron significativamente diferentes (Figura 10b, Tabla 3).

Usando los índices IndVal, 339 OTU<sub>97</sub> fueron indicadores de la diferencia entre las comunidades bacterianas presentes en los tratamientos de camas labradas convencionalmente y las comunidades bacterianas presentes en las camas permanentes (Tabla S3). Más del 60% de los OTU<sub>97</sub> indicadores de los

tratamientos de camas permanentes fueron *Acidobacteria* (por ejemplo, *Actinomycespora*, *Clavibacter* y *Sphaerisporangium*), mientras que los indicadores para camas labradas convencionalmente fueron *Bacillus*, *Skermanella*, *Pontibacter*, *Rhodococcus* y *Geobacter* (Figura 10c).



**Figura 10** Efecto de los sistemas de camas sobre las comunidades bacterianas en el CENEB. (a) Abundancia relativa de los grupos taxonómicos. (b) Análisis de coordenadas principales de las distancias *weighted* UniFrac de las comunidades bacterianas. (c) Abundancia relativa de los géneros indicadores con índices de valores indicadores (IV) > 0.5 y  $P > 0.05$ ; valores en rojo corresponden a géneros indicadores de camas convencionales.

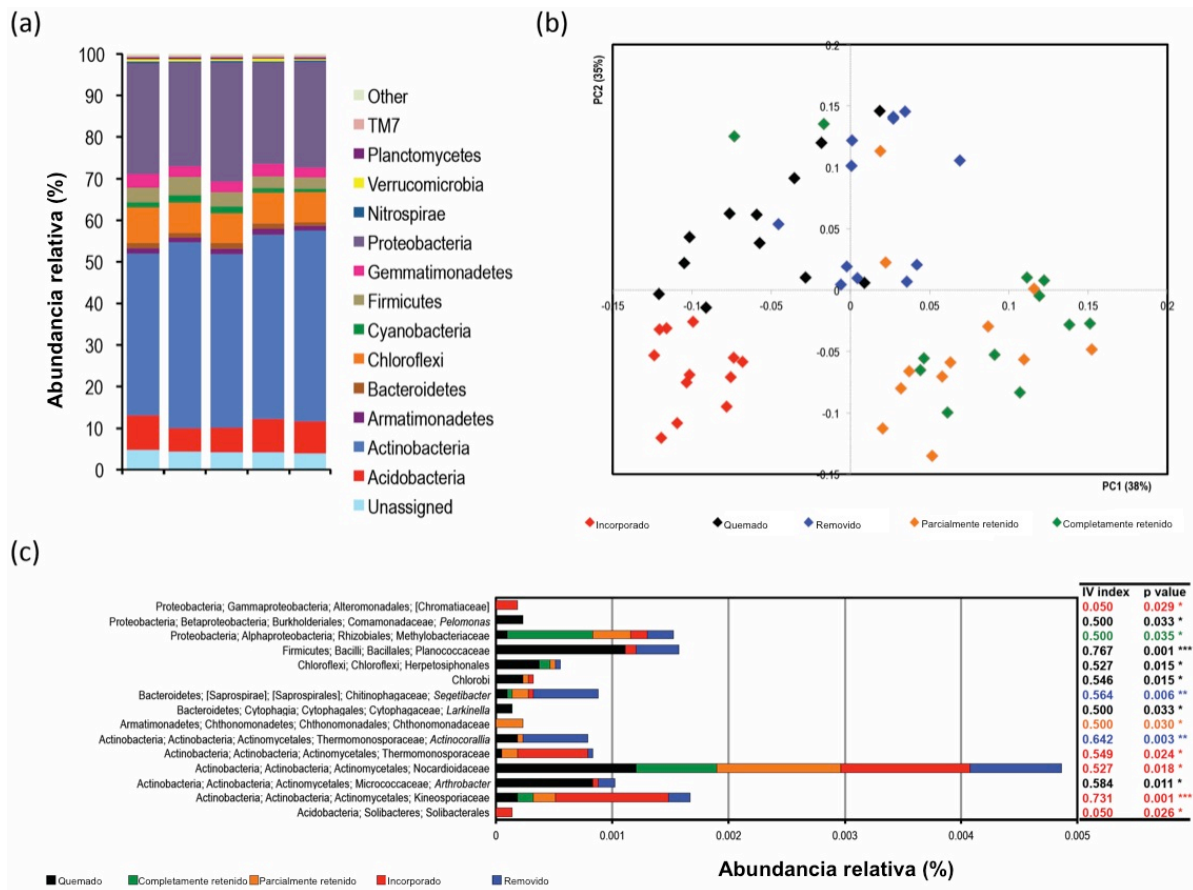
#### 4.4 Efecto del manejo de residuo

La distribución taxonómica a nivel de *phylum* presentó cambios pequeños como resultado del manejo de residuo (Figura 11a). El manejo de residuo afectó la abundancia relativa de Actinobacteria, por ejemplo, la abundancia relativa de Actinobacteria fue más baja en los tratamientos donde el residuo es quemado y más alta en los otros tratamientos de manejo de residuo estudiados (*i. e.*, CTB-residuo incorporado, PB-residuo removido, PB-residuo parcialmente removido y PB-residuo totalmente retenido) (Tabla S2). El manejo de residuo también afectó la abundancia relativa de los *phyla* Bacteroidetes, Proteobacteria y Verrucomicrobia.

En términos de información filogenética, la estructura de las comunidades bacterianas fue significativamente afectada por el manejo del residuo ( $P < 0.05$ ) (Figura 11, Tabla 4). Se encontró que los tratamientos donde el residuo es totalmente retenido conformó las comunidades bacterianas de igual forma que en los tratamientos donde el residuo fue removido parcialmente.

Para los tratamientos con residuo incorporado los indicadores bacterianos fueron Kineosporiaceae, Methylocystaceae, Thermomonosporaceae, Nocardiaceae, Solibacterales y Chromatiaceae; para residuos quemados fueron Planococcaceae, *Arthrobacter*, Herpetosiphonales, *Larkinella* y *Bacillus*; para residuos removidos fueron *Actinocorallia* y *Segetibacter*, y para residuos totalmente retenidos fue Chthonomonadaceae (Figura 11c).





**Figura 11** Efecto del manejo de residuo sobre las comunidades bacterianas en el CENEB. (a) Abundancia relativa de los grupos taxonómicos. (b) Análisis de coordenadas principales de las distancias *weighted* UniFrac de las comunidades bacterianas. (c) Abundancia relativa de los géneros indicadores con índices de valores indicadores (IV) > 0.5 y  $P > 0.05$ .

**Tabla 4** Análisis de las similitudes (*R*) para determinar la diferencia significativa entre las prácticas agrícolas basado en las distancias *weighted* UniFrac

Comparación	Valor <i>R</i>	Valor <i>P</i>
Uso de fertilizante N: 0 vs 300 kg N ha <sup>-1</sup>	0.1455	0.001
Camas labradas convencionalmente vs camas permanentes	0.0840	0.129
Quemado en camas permanentes	0.2196	0.002
Manejo de residuo en camas permanentes	0.3545	0.001

#### 4.4.1 Efecto de la quema de residuos

Evidentemente, la quema de residuos tuvo un efecto grande sobre las comunidades bacterianas a varios niveles taxonómicos (Figura 12). La quema de residuos incrementó significativamente la abundancia relativa de Acidobacteria, Bacteroidetes, Gemmatimonadetes y Verrucomicrobia; sin embargo, la abundancia relativa de Actinobacteria disminuyó ( $P < 0.05$ ) (Tabla S2). Se encontró que los tratamientos donde el residuo es totalmente retenido conformó las comunidades bacterianas de igual forma que en los tratamientos donde el residuo fue removido parcialmente.

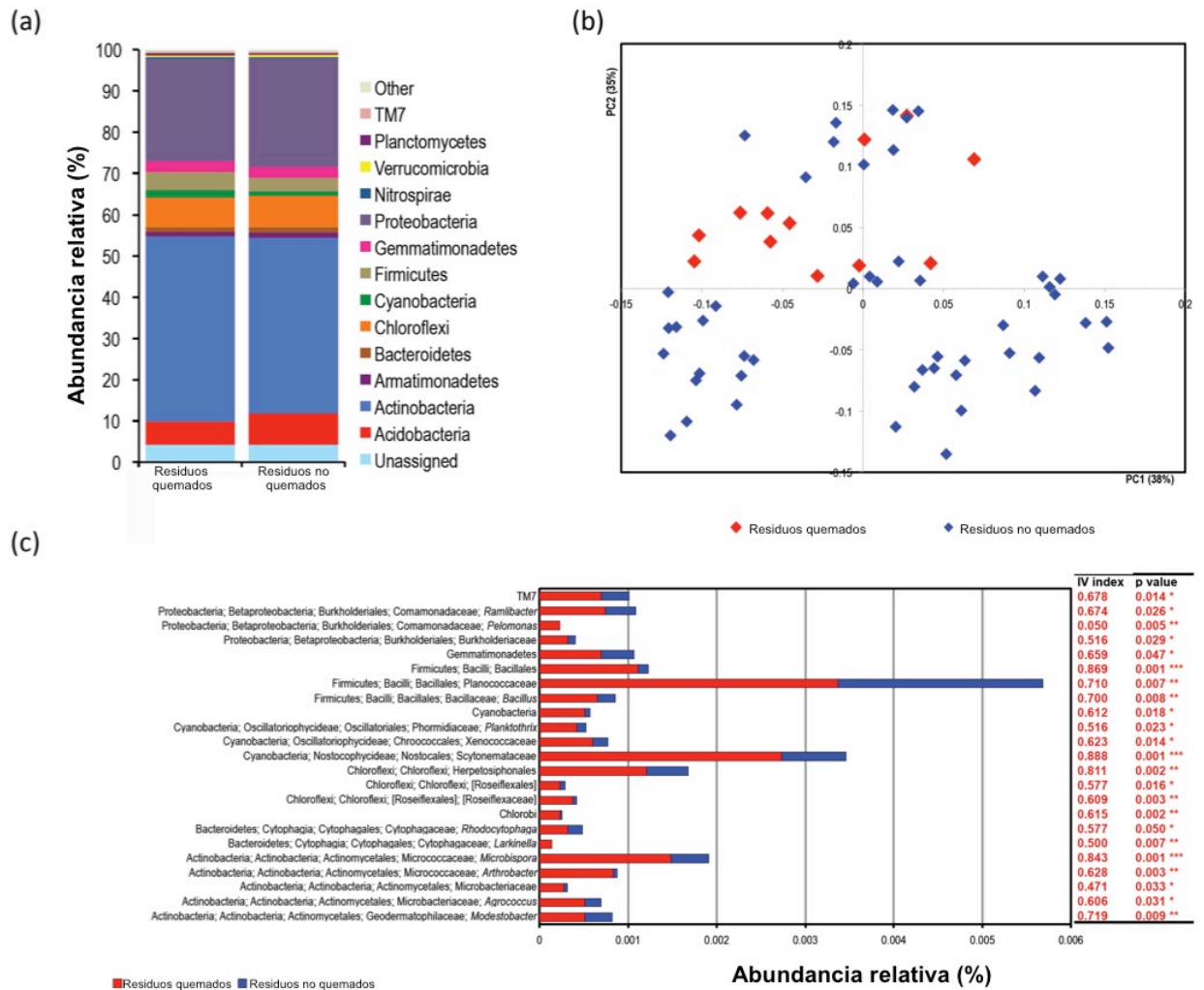
Un gran número de bacterias indicadoras, 197 OTU<sub>97</sub> y 23 géneros, fueron encontradas en los tratamientos de residuos quemados; por ejemplo, el orden SBR1031 de Anaerolineae (Chloroflexi), *Bacillus*, *Alicyclobacillus*, *Microbispora*, *Roseiflexaceae*, *Modestobacter*, *Ramlibacter*, *Arthrobacter*, Scytonemataceae, *Planktothrix*, *Rhodocytophaga*, Xenococcaceae y Burkholderiaceae (Tabla S3).

#### 4.5 Correlación entre los grupos bacterianos y las características fisicoquímicas

Las características fisicoquímicas del suelo, pH, EC, C y N totales, fueron significativamente afectados por el tratamiento ( $P < 0.05$ ) (Tabla 5). La aplicación de fertilizante tuvo un efecto significativo sobre el N total ( $F$ -value 34.63,  $P < 0.0001$ ) y pH ( $F$ -value 6.53,  $P < 0.0163$ ), pero no sobre C total ( $F$ -value 1.08,  $P$  value 0.3076) ni EC ( $F$ -value 2.49,  $P < 0.2255$ ).

La correlación entre las propiedades fisicoquímicas y las comunidades bacterianas, determinada por análisis BIO-ENV, reveló que el pH y carbono total son las características fisicoquímicas que explican mejor la variación en la composición bacteriana ( $p_w = 1.957$ ) (Tabla 6). El análisis BIO-ENV utilizando los patrones de

distribución de los indicadores bacterianos para las diferentes prácticas agrícolas identificó que, la combinación de pH y EC explica mejor la distribución de los indicadores bacterianos por aplicación de N, mientras que el Carbono Orgánico total explica labranza; y la combinación de TOC y pH explican el manejo de residuo y quemado.



**Figura 12** Efecto del residuo quemado sobre las comunidades bacterianas en el CENEB. (a) Abundancia relativa de los grupos taxonómicos. (b) Análisis de coordenadas principales de las distancias *weighted* UniFrac de las comunidades bacterianas. (c) Abundancia relativa de los géneros indicadores con índices de valores indicadores (IV) > 0.5 y  $P > 0.05$ .

**Tabla 5** Características del suelo afectadas por labranza, manejo de residuo y aplicación de N en el CENEB

<b>Manejo de residuo y camas permanentes</b>	Fertilizante N (kg N ha <sup>-1</sup> )	pH	EC <sup>a</sup> (dS m <sup>-1</sup> )	N total (g kg <sup>-1</sup> suelo)	C total (g kg <sup>-1</sup> suelo)
CTB-residuo incorporado <sup>b</sup>	0	8.7	0.86	0.48	10.1
CTB- residuo incorporado	300	8.8	1.02	0.54	10.9
PB-residuo quemado <sup>c</sup>	0	8.9	1.25	0.47	9.6
PB- residuo quemado	300	8.8	0.87	0.56	10.2
PB-residuo removido <sup>d</sup>	0	8.9	0.87	0.44	8.9
PB- residuo removido	300	8.7	0.77	0.62	9.9
PB-residuo parcialmente retenido <sup>e</sup>	0	8.8	1.02	0.47	8.9
PB-residuo parcialmente retenido	300	8.7	0.86	0.60	9.1
PB-residuo retenido <sup>f</sup>	0	8.7	0.77	0.50	12.9
PB-residuo retenido	300	8.6	0.79	0.60	13.3
MSD <sup>g</sup>		0.1	0.24	0.15	1.5
valor <i>P</i>		<0.001	<0.001	0.002	<0.001

<sup>a</sup> EC: conductividad electrolítica, <sup>b</sup> Camas labradas convencionalmente con todos los residuos retenidos usando labranza convencional, <sup>c</sup> Residuos de maíz y trigo quemados con camas permanentes, <sup>d</sup> Se remueve paja de trigo que pasa a través de la cosechadora con camas permanentes, <sup>e</sup> Paja de trigo se muele y deja en su lugar con camas permanentes, <sup>f</sup> Paja de trigo y maíz se muelen y dejan en su lugar con camas permanentes, <sup>g</sup> MSD: diferencia mínima significativa a  $P < 0.05$ .

**Tabla 6** BIO-ENV Coeficientes de Spearman *rank* (*r*) correlación entre las comunidades bacterianas del suelo, OTU<sub>97</sub> indicadores y las características fisicoquímicas

	Factores BIO-ENV <sup>a</sup>	Coefficiente r
Comunidades bacterianas basadas en OTU <sub>97</sub>	TOC	1.957
OTU <sub>97</sub> indicadores para aplicación de fertilizante N	pH y EC	0.204
OTU <sub>97</sub> Indicadores para labranza	TOC	0.1620
OTU <sub>97</sub> Indicadores para manejo de residuos	TOC y pH	0.3363
OTU <sub>97</sub> Indicadores para residuos quemados	TOC y pH	0.3277
<sup>a</sup> pH, carbono orgánico total (TOC), nitrógeno total y conductividad electrolítica (EC) son los factores probados		

## 5 DISCUSIÓN DE RESULTADOS

El entendimiento de los patrones de distribución de las especies microbianas es de creciente interés debido a que puede ayudar a identificar estrategias de manejo sustentable de los ecosistemas (Philippot *et al.*, 2010). En este estudio, se determinó el efecto del manejo de residuo, labranza y aplicación de nitrógeno sobre las comunidades bacterianas y se identificaron los taxones bacterianos clave afectados por cambios en las propiedades fisicoquímicas del suelo como resultado de las prácticas agrícolas.

### 5.1 Comunidades bacterianas

Se encontró que los ensamblajes taxonómicos a nivel de *phylum* fueron similares en los diez tratamientos, aunque algunos *phyla* fueron significativamente afectados por el tratamiento. El índice de diversidad alfa (riqueza de especies y heterogeneidad) de las comunidades bacterianas en suelo con diferentes prácticas agrícolas no mostró diferencias entre tratamientos, como lo reportó Navarro-Noya *et al.* (2013).

En general, la abundancia relativa de algunos *phyla* es explicada por las condiciones ambientales del suelo (Fierer *et al.*, 2012b). Por ejemplo, Actinobacteria, Bacteroidetes y Cyanobacteria son, con frecuencia, más abundantes en suelos de desierto. También se ha reportado que suelos con pH altos, típicamente tienen una abundancia relativa de Actinobacteria más alta (Lauber *et al.*, 2009; Fierer *et al.*, 2012b; Shange *et al.*, 2012). El campo experimental CENEB-CIMMYT, localizado cerca del desierto de Sonora, presentó pHs que varían de 8.6 a 8.9, lo que explica la gran abundancia relativa de Actinobacteria en este agroecosistema. Cyanobacteria está ampliamente



distribuida, la podemos encontrar tanto en ambientes naturales como en ambientes hechos por el hombre, son importantes en los sistemas de maíz y trigo (Karthikeyan *et al.*, 2007; Mohan *et al.*, 2015; Prasanna *et al.*, 2015) y juegan un importante papel ecológico en ambientes con pocos nutrientes, tales como los suelos de desierto. El nicho ecológico de Cyanobacteria indica que juegan un papel importante en la fijación de N en agroecosistemas áridos donde no se aplica fertilizante N.

## 5.2 Efecto de la fertilización

Como se esperaba, la estructura de las comunidades bacterianas fue afectada por las diferentes prácticas agrícolas, particularmente por N. La variabilidad de las comunidades bacterianas a niveles taxonómicos más bajos permitió identificar taxones clave que caracterizan a las prácticas agrícolas estudiadas. El análisis de especies indicadoras identificó a *Azorhizophilus*, *Nostoc*, *Microcoleus* y *Phormidium*, microorganismos diazotróficos, como especies indicadoras para los tratamientos 0-N y miembros de Nitrosomonadaceae para los tratamientos 300-N. Aplicación de fertilizante es, una práctica agrícola común, usada para incrementar el rendimiento de los cultivos; sin embargo, la fertilización repetida de N tiene un efecto significativo sobre la estructura de las comunidades bacterianas (Shen *et al.*, 2010; Wessén *et al.*, 2010; Fierer *et al.*, 2012a; Wu *et al.*, 2012).

Otras especies indicadoras encontradas para los tratamientos 300-N son OTU<sub>97</sub> pertenecientes a diferentes grupos de Chloroflexi, OTU<sub>97</sub> pertenecientes a Actinobacteriales (Streptosporagiaceae, Nocardioidaceae, Micrococcaceae, Streptomycetaceae, etc.) y miembros de Anaerolineae y Thermomicrobia; mientras que *Chloronema* y el aún no cultivable TK10 fueron indicadores para los tratamientos 0-N. Chloroflexi son bacterias ampliamente distribuidas en ecosistemas terrestres y acuáticos y, muchos de sus miembros, juegan un papel importante en el ciclo del nitrógeno; *i. e.*, fijación de nitrógeno (Madigan, 1995) y

oxidación de nitrito (Sorokin *et al.*, 2012). La relación entre los diferentes grupos de Chloroflexi en suelo sometidos a diferentes concentraciones de N resalta todavía más su papel ecológico en los agroecosistemas. También es probable que la aplicación de N estimuló microorganismos (Actinomycetales, conocidos descomponedores de materia orgánica, y OTU<sub>97</sub> pertenecientes a Actinobacteriales) capaces de mineralizar materiales orgánicos.

### **5.3 Efecto de camas permanentes vs camas labradas**

La labranza es utilizada para preparar la tierra para el cultivo. La agricultura convencional, normalmente, está basada en la labranza del suelo como principal operación. La labranza convencional y la remoción de residuos rompen los agregados del suelo, incrementa la compactación, erosión, desecación y pérdida del material orgánico, alterando las interacciones microbianas (Lupwayi *et al.*, 2012).

Mientras que los sistemas de cero labranza, que mantienen el suelo cubierto con residuos del cultivo, resultan en menos erosión que los sistemas de labranza convencional. El mantener una cobertura permanente del suelo sirve como una protección física contra los efectos del sol, la lluvia y el viento; maximiza la infiltración de agua mediante la formación de una barrera física y mejora la estructura física del suelo. Del mismo modo, mejoran la aireación del suelo, reducen las fluctuaciones de temperatura y humedad, incrementan el contenido de carbono en la superficie del suelo, reducen la compactación en la zona de las raíces y permite a los agricultores usar prácticas variadas de herbicidas y fertilizantes (Govaerts *et al.*, 2008; Hobbs *et al.*, 2008).

En estudios llevados a cabo en otros agroecosistemas se encontró que la labranza es la práctica agrícola que más afecta la estructura de las comunidades bacterianas (Kihara *et al.*, 2012; Lupwayi *et al.*, 2012). El presente estudio

identificó taxones indicadores, para dos diferentes sistemas labranza (labranza convencional con camas formadas después de cada cultivo y labranza cero con reutilización de camas permanentes). Un gran número de OTU<sub>97</sub> pertenecientes a 14 diferentes grupos taxonómicos incluidos Acidobacteria, Armatimonadetes, Gemmatimonadetes y Chloroflexi fueron identificados como indicadores para los tratamientos de camas labradas convencionalmente. Los taxones indicadores para los tratamientos de camas permanentes fueron principalmente miembros de Actinobacteria (*Actinomyces*, *Clavibacter*, *Mycobacterium*, *Sphaerisporangium*). La abundancia relativa de Actinobacteria, reconocido descomponedor de materia orgánica, también incrementó en los sistemas de labranza cero en otro campo experimental del CIMMYT ubicado en el altiplano central de México, como previamente lo reportó Navarro-Noya *et al.* (2013).

#### **5.4 Efecto del manejo de residuo**

El manejo de residuo puede afectar la calidad del suelo positiva o negativamente. Cuando los residuos vegetales son incorporados al suelo, diferentes compuestos orgánicos comienzan su descomposición. La descomposición sucesiva de material muerto y orgánico modificado forma el humus y éste a su vez mejora las características del suelo, *e. g.* incrementa la agregación del suelo y la estabilidad de los agregados, incrementa la capacidad de intercambio catiónico; y aporta nitrógeno, fósforo y otros nutrientes durante su lenta descomposición. No obstante, para cada sistema de cultivo se debe seleccionar el mejor manejo de residuo para aumentar el rendimiento de los cultivos con el menor impacto sobre el ambiente (Kumar y Goh, 1999). El típico efecto de la incorporación de residuos es que la biomasa microbiana aumenta (Kallenbach y Grandy, 2011) como se encontró en el suelo del CENEB (Verhulst *et al.*, 2011). En este estudio se identificaron, por análisis IndVal, diferentes taxa en cada sistema de manejo de residuo. Esto indica que, aunque la misma materia orgánica fue retenida en campo, los diferentes prácticas de manejo de residuo favorecen taxones específicos. Los taxones

indicadores cuando el residuo fue incorporado o parcialmente retenido fueron miembros de Actinobacteriales, y Betaproteobacteria (incluidas especies ambientales y Burkholderiales) cuando el residuo fue incorporado. Los taxones indicadores en los tratamientos donde el residuo es parcialmente retenido en campo fueron filotipos pertenecientes a Gemmatimonadetes y Armatimonadetes, mientras que diferentes clases de Proteobacteria surgen como OTU<sub>97</sub> indicadoras cuando el residuo es totalmente retenido en campo. A pesar de que Gemmatimonadetes son ubicuos en suelo y, probablemente jueguen un papel importante en los ecosistemas terrestres, su función ecológica es pobremente entendida. Se sabe que el *phylum* Gemmatimonidetes depende de la disponibilidad de humedad en el suelo y los miembros de este *phylum* están adaptados a condiciones de baja humedad; sin embargo, no son capaces de resistir fluctuaciones de humedad. La presencia de Gemmatimonidetes se podría explicar por el hecho de que, el residuo que se mantiene en campo evita fluctuaciones en la humedad favoreciendo su crecimiento.

#### **5.4.1 Efecto de la quema de residuos**

La quema de residuos es una práctica agronómica ampliamente utilizada. Se sabe que el quemado tiene un efecto profundo sobre las características fisicoquímicas y las poblaciones microbianas del suelo (Goberna *et al.*, 2012; Paredes Junior *et al.*, 2015). En este estudio la quema de residuos afectó la estructura de las comunidades bacterianas y varios grupos de bacterias, por ejemplo, Acidobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Gemmatimonadetes y Verrucomicrobia. Los indicadores de residuos quemados fueron principalmente del orden SBR1031 de Anaerolineae (Chloroflexi) y los géneros *Bacillus* y *Alicyclobacillus*. Debido a que hay muy poca información acerca del grupo SBR1031, su presencia como especie indicadora es difícil de explicar. Por su parte Anaerolineae contiene algunos miembros que son termófilos (Sekiguchi *et al.*, 1999; Yamada *et al.*, 2006) y se ha reportado que sus características fisiológicas son muy diversas y altamente especializadas (Zhou *et al.*, 2007). En cuanto a *Bacillus* y *Alicyclobacillus* son

bacterias formadoras de esporas, altamente resistentes al calor, desecación, radiación y químicos lo que les permite hacer frente al estrés ambiental como las causadas por el quemado de los residuos. (Marles-Wright y Lewis, 2007) Nicholson *et al.*, 2010; Yang y Ponce, 2011).

## **5.5 Correlación entre los grupos bacterianos y las características fisicoquímicas**

Es bien conocido que, las características del suelo definen la estructura de las comunidades bacterianas. Se encontró que el carbono orgánico total explicó la composición general de las comunidades bacterianas. No obstante lo anterior, el pH y la conductividad electrolítica explicaron la abundancia de las especies indicadores de las diferentes aplicaciones de N. La aplicación repetida de fertilizantes incrementa el contenido de sal en el suelo y como consecuencia cambia el pH. Sin embargo, Acidobacteria, un grupo altamente sensible a cambios en el pH, no aparece como especie indicadora pero especies que participan en el ciclo del nitrógeno (e. g., fijación de nitrógeno, oxidación de nitrato de nitrato y amonio) si lo hicieron. Esto sugiere que las características del suelo son las que definen la estructura de las comunidades bacterianas a niveles taxonómicos altos. Sin embargo, cuando se determina el efecto de los cambios graduales en las características fisicoquímicas del suelo, como aquellas inducidas por las prácticas agrícolas, los niveles taxonómicos más bajos tienen que ser considerados.

## **6 CONCLUSIONES**

En general, los resultados de este estudio muestran que:

- La aplicación de nitrógeno (0 y 300 kg N ha<sup>-1</sup>) afectó taxones del ciclo del nitrógeno.
- La labranza afectó a los miembros de Actinobacteria y a los descomponedores de materia orgánica.
- Los diferentes manejos de residuo favorecieron taxones específicos.

## **7 PERSPECTIVAS**

Se requieren más estudios para incrementar el conocimiento acerca del efecto del uso y manejo del suelo sobre la estructura de las comunidades microbianas para preservar la salud y calidad de un suelo sometido a un determinado manejo. Por ello, se recomienda determinar los perfiles metabólicos de las comunidades bacterianas del suelo mediante análisis metagenómico.

## 8 BIBLIOGRAFÍA

- Acosta-Martínez V, Dowd S, Sun Y, Allen V (2008) Tag-encoded pyrosequencing analysis of bacterial diversity in a single soil type as affected by management and land use. *Soil Biol Biochem* **40**: 2762-2770.
- Alexander M (1994) *Introducción a la microbiología del suelo*. México, AGT Editor.
- Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman DJ (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* **25**: 3389-3402.
- Amorim JH, Vidal RO, Lacerda-Junior GV, Dias JC, Brendel M, Rezende RP, Cascardo JC (2012) A simple boiling-based DNA extraction for RAPD profiling of landfarm soil to provide representative metagenomic content. *Genet Mol Res* **11**: 182-9.
- Armougom F, Raoult D (2009) Exploring Microbial Diversity Using 16S rRNA High-Throughput Methods. *J Comput Sci Syst Biol* **2**: 074-092.
- Baev PV, Penev LD (1995) BIODIV: program for calculating biological diversity parameters, similarity, niche overlap, and cluster analysis. Version 5.1. Pensoft, Sofia-Moscow, 57 pp.
- Berry EM, Dernini S, Burlingame B, Meybeck A, Conforti P (2015) Food security and sustainability: can one exist without the other?. *Public Health Nutr* **18**: 2293-2302.
- Borneman J, Skroch P W, O'Sullivan KM, Palus JA, Rumjanek NG, Jansen JL, Nienhuis J, Triplett EW (1996) Molecular microbial diversity of an agricultural soil in Wisconsin. *Appl Environ Microbiol* **62**: 1935-1943.
- Bumunang EW, Jordaan K, Barros E, Bezuidenhout, C, Babalola OO (2015) Analysis of rhizobacterial community in field grown GM and non-GM maize soil samples using PCR-DGGE. *J Agric Technol* **11**: 1109-1117.
- Caporaso JG, Bittinger, K, Bushman FD, DeSantis TZ, Andersen GL, Knight R (2010a) PyNAST: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment. *Bioinformatics* **26**: 266-267.
- Caporaso JG, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman FD, Costello EK, Fierer N, Peña AG, Goodrich JK, Gordon JI, Huttley GA, Kelley ST, Knights D, Koenig JE, Ley RE, Lozupone CA, McDonald D, Muegge BD, Pirrung M, Reeder J, Sevinsky JR, Turnbaugh PJ, Walters WA, Widmann J, Yatsunenko T, Zaneveld J, Knight R.

- (2010b) QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat Methods* **7**: 335-336.
- Chao A (1984) Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scand J Stat* **11**: 256-270.
- De Cáceres M, Legendre P (2009) Associations between species and groups of sites: indices and statistical inference. *Ecology* **90**: 3566-3574.
- Dufrene M, Legendre P (1997) Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. *Ecol Monogr* **67**: 345-366.
- Enwall K, Throback IN, Stenberg M, Soderstrom M, Hallin H (2010) Soil resources influence spatial patterns of Denitrifying communities at scale compatible with land management. *Appl Environ Microbiol* **76**: 2243-2250.
- Evenson RE, Gollin D (2003) Assessing the impact of the Green Revolution, 1960 to 2000. *Science* **300**: 758-762.
- Fierer N, Leff JW, Adams BJ, Nielsen UN, Bates ST, Lauber CL, Owens S, Gilbert JA, Wall DH, Caporaso JG (2012) Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes. *Proc Nat Acad Sci USA* **109**: 21390-21395.
- Garnett T (2013) Food sustainability: problems, perspectives and solutions. *Proc Nutr Soc* **72**: 29-39.
- Goberna M, Garcia C, Insam H, Hernandez M, Verdu M. (2012) Burning fire-prone Mediterranean shrublands: immediate changes in soil microbial community structure and ecosystem functions. *Microb Ecol* **64**: 242-255.
- Govaerts B, Sayre KD, Ceballos-Ramirez JM, Luna-Guido ML, Limon-Ortega A, Deckers J, Dendooven L (2006) Conventionally tilled and permanent raised beds with different crop residue management: Effects on soil C and N dynamics. *Plant Soil* **280**: 143-155.
- Govaerts B, Mezzalama M, Sayre KD, Crossa J, Lichter K, Troch V, Vanherck K, de Corte P, Deckers J (2008) Long-term consequences of tillage, residue management, and crop rotation on selected soil micro-flora groups in the subtropical highlands. *Appl Soil Ecol* **38**: 197-210.
- Govaerts B, Verhulst N, Castellanos-Navarrete A, Sayre KD, Dixon J, Dendooven L (2009a) Conservation Agriculture and Soil Carbon Sequestration: Between Myth and Farmer Reality. *Critical Reviews in Plant Science* **28**: 97-122.



- Govaerts B, Verhulst N, Sayre KD, Kienle F, Flores D, Limon-Ortega (2009b) Implementing Conservation Agriculture Concepts for Irrigated Wheat Based Systems in Northwest Mexico: A Dynamic Process Towards Sustainable Production. 4th World Congress on Conservation Agriculture. February 4-7.
- Gutierrez T (2011) Identifying polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacteria in oil-contaminated surface waters at Deepwater Horizon by cultivation, stable isotope probing and pyrosequencing. *Rev Environ Sci Biotechnol* **10**: 301-305.
- Hamady M, Lozupone C, Knight R (2010) Fast UniFrac: facilitating high-throughput phylogenetic analyses of microbial communities including analysis of pyrosequencing and PhyloChip data. *ISME J* **4**: 17-27.
- Haas BJ, Gevers , Earl A, Feldgarden M, Ward DV, Giannokous G, Ciulla D, Tabbaa D, Highlander SK, Sodergren E, Methé B, DeSantis TZ, Petrosino JF, Knight R, Birren, BW (2011) Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons. *Genome Res* **21**: 494-504.
- Hillel D (1998) *Environmental Soil Physics*. Academic Press. USA. 3-10 pp.
- Hobbs PR, Sayre KD, Gupta R (2008) The role of conservation agriculture in sustainable agriculture. *Phil Trans R Soc B* **363**: 543-555.
- Jones R, Robeson M, Lauber C, Hamady M, Knight R, Fierer N (2009) A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses. *ISME J* **3**: 442-453.
- Karthikeyan N, Prasanna R, Nain L, Kaushik BD (2007) Evaluating the potential of plant growth promoting cyanobacteria as inoculants for wheat. *Eur J Soil Biol* **43**: 23-30.
- Kihara J, Martius C, Bationo A, Thuita M, Lesueur D, Herrmann L, Amelung W, Vlek PLG (2012) Soil aggregation and total diversity of bacteria and fungi in various tillage systems of sub-humid and semi-arid Kenya. *Appl Soil Ecol* **58**: 12-20.
- Kumar K, Goh KM (1999) Crop residues and management practices: effects on soil quality, soil nitrogen dynamics, crop yield, and nitrogen recovery. *Adv Agron* **68**: 197-319.
- Lal R (2009) Soils and food sufficiency. A review. *Agron Sustain Dev* **29**: 113-133.
- Lande R (1996) Statistics and partitioning of species diversity, and similarity among multiple communities. *Oikos* **76**: 5-13.
- Lang T, Barling D (2012) Food security and food sustainability: reformulating the debate. *Geogr J* **178**: 313-326.
- Lauber CL, Hamady M, Knight R, Fierer N (2009) Pyrosequencing based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Appl Environ Microbiol* **75**: 5111-5120.

- Legendre P, Legendre LFJ (2012) Numerical Ecology. 3rd ed. Elsevier, Amsterdam.
- Lozupone C, Knight R (2005) UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities. *Applied and Environmental Microbiology* **71**: 8228-8235.
- Lozupone CA, Hamady M, Kelley ST, Knight R (2007) Quantitative and qualitative beta diversity measures lead to different insights into factors that structure microbial communities. *Appl Environ Microbiol* **73**: 1576-1585.
- Lupwayi NZ, Lafond GP, Ziadi N, Grant CA (2012) Soil microbial response to nitrogen fertilizer and tillage in barley and corn. *Soil Till Res* **118**, 139-146.
- Madigan MT (1995) Microbiology of nitrogen fixation by anoxygenic photosynthetic bacteria. In *Anoxygenic photosynthetic bacteria* ed. Blankenship, R.E., Madigan, M.T., Bauer, C.E. pp. 915-928. Netherlands: Springer.
- Magurran A E (1988) Ecological diversity and its measurement. Princeton University Press, New Jersey, 179 pp.
- Marles-Wright J, Lewis RJ (2007) Stress responses of bacteria. *Curr Opin Struct Biol* **17**: 755-760.
- Mohan A, Kumar B, Nath D (2015) Cyanobacterial consortium in the improvement of maize crop. *Int J Curr Microbiol App Sci* **4**: 264-274.
- Moreno C (2001) Métodos para medir la biodiversidad. Manuales y tesis. España. 24-69 pp.
- Navarro-Noya YE, Gómez-Acata S, Montoya-Ciriaco N, Rojas-Valdez A, Suárez-Arriaga MC, 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 Biol Biochem* **65**: 86-95.
- Needelman BA (2013) What Are Soils? *Nature Education Knowledge* 4(3): 2.
- Nicholson WL, Munakata N, Horneck G, Melosh HJ, Setlow, P (2000) Resistance of *Bacillus* endospores to extreme terrestrial and extraterrestrial environments. *Microbiol Mol Biol Rev* **64**: 548572.
- Peet R K (1974) The measurement of species diversity. *Annu Rev Ecol Syst* **5**: 285-307.
- Paredes Junior FP, Portilho IIR, Mercante FM (2015) Microbiological attributes of the soil under cultivation of sugar cane with and without burning straw. *Semina: Ciências Agrárias (Londrina)* **36**: 151-163.
- Philippot L, Andersson SGE, Battin TJ, Prosser JI, Schimel JP, Whitman WB, Hallin S (2010) The ecological coherence of high bacterial taxonomic ranks. *Nat Rev Microbiol* **8**: 523-529.

- Pingali PL (2012) Green Revolution: Impacts, limits, and the path ahead. *Proc Natl Acad Sci USA* **109**: 12302-12308.
- Prasanna R, Bidyarani N, Babu S, Hossain F, Shivay YS, Nain L (2015) Cyanobacterial inoculation elicits plant defense response and enhanced Zn mobilization in maize hybrids. *Cogent Food Agric* **1**: 998507.
- Reeder J, Knight R (2010) Rapidly denoising pyrosequencing amplicon reads by exploiting rank–abundance distributions. *Nat Methods* **7**: 668-669.
- Roesch L, Fulthorpe R, Riva A, Casella G, Hadwin A, Kent A, Daroub S, Camargo F, Farmerie W, Triplett E (2007) Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity. *ISME J* **1**: 283-290.
- Schloss P D, Handelsman J (2005) Introducing DOTUR, a computer program for defining operational taxonomic units and estimating species richness. *Appl Environ Microbiol* **71**: 1501-1506.
- Sekiguchi Y, Kamagata Y, Nakamura K, Ohashi A, Harada H (1999) Fluorescence in situ hybridization using 16S rRNA-targeted oligonucleotides reveals localization of methanogens and selected uncultured bacteria in mesophilic and thermophilic sludge granules. *Appl Environ Microbiol* **65**: 1280-1288.
- Shange RS, Ankumah RO, Ibekwe AM, Zabawa R, Dowd SE (2012) Distinct soil bacterial communities revealed under a diversely managed agroecosystem. *PLoS One* **7**: e40338.
- Shen JP, Zhang LM, Guo JF, Ray JL, He JZ (2010) Impact of long–term fertilization practices on the abundance and composition of soil bacterial communities in Northeast China. *Appl Soil Ecol* **46**: 119-124.
- Song M, Jiang L, Zhang D, Luo C, Wang Y, Yu Z, Zhang G (2016) Bacteria capable of degrading anthracene, phenanthrene, and fluoranthene as revealed by DNA based stable-isotope probing in a forest soil. *J Hazard Mater* **308**: 50-57.
- Sorokin DY, Lückner S, Vejmelkova D, Kostrikina NA, Kleerebezem R, Rijpstra WI, Damsté JS, Le Paslier D, Muyzer G, Wagner M, van Loosdrecht MC, Daims H (2012) Nitrification expanded: discovery, physiology and genomics of a nitrite–oxidizing bacterium from the *phylum* Chloroflexi. *ISME J* **6**: 2245-2256.
- Timmer CP (2012) Behavioral dimensions of food security. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **109**: 12315-12320.
- Uhlík O, Jecná K, Leigh MB, Macková M, Macek T (2009) DNA-based stable isotope probing: a link between community structure and function. *Sci Total Environ* **407**: 3611-3619.

- Verhulst N, Kienle F, Sayre KD, Deckers J, Raes D, Limon-Ortega A, Tijerina-Chavez L, Govaerts Bram (2011) Soil quality as affected by tillage-residue Management in a wheat-maize irrigated bed planting system. *Plant Soil* **340**: 453-466.
- Wang Q, Garrity GM, Tiedje JM, Cole JR (2007) Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. *Appl Environ Microbiol* **73**: 5261-5267.
- Wang X, Song M, Wang Y, Gao C, Zhang Q, Chu X, Yu Y (2012) Response of soil bacterial community to repeated applications of carbendazim. *Ecotoxicol Environ Saf* **75**: 33-39.
- Will C, Thurmer A, Wollherr A, Nacke H, Herold N, Schrumpf M, Gutknecht J, Wubet T, Buscot F, Daniel R (2010) Horizon-specific bacterial community composition of German grassland soils, a revealed by pyrosequencing-based analysis of 16S rRNA genes. *Appl Environ Microbiol* **76**: 6751-6759.
- Wilson M V, Shmida A (1984) Measuring beta diversity with presence-absence data. *J Ecol* **72**: 1055-1064.
- Whittaker RH (1972) Evolution and measurement of species diversity *Taxon* **21**: 213-251.
- Wixon DL, Balser TC (2013) Toward conceptual clarity: PLFA in warmed soils. *Soil Biol Biochem* **57**: 769-774.
- Wu M, Qin H, Chen Z, Wu J, Wei W (2011) Effect of long-term fertilization on bacterial composition in rice paddy soil. *Biol Fert Soils* **47**: 397-405.
- Yamada T, Sekiguchi Y, Hanada S, Imachi H, Ohashi A, Harada H, Kamagata Y (2006) *Anaerolinea thermolimosa* sp. nov., *Levilinea saccharolytica* gen. nov., sp. nov. and *Leptolinea tardivitalis* gen. nov., sp. nov., novel filamentous anaerobes, and description of the new classes *Anaerolineae* classis nov., *Caldilineae* classis nov. in the bacterial phylum *Chloroflexi*. *Int J Syst Evol Microbiol* **56**: 1331-1340.
- WW, Ponce A (2011) Validation of a Clostridium endospore viability assay and analysis of Greenland ices and Atacama Desert soils. *Appl Environ Microbiol* **77**: 2352-2358.
- Zhou J, Gu Y, Zou C, Mo M. (2007) Phylogenetic diversity of bacteria in an earth-cave in Guizhou province, southwest of China. *J Microbiol* **45**: 105-112.

# ANEXOS

**Tabla S1** Abundancia relativa de los *phyla* que fueron significativamente afectados por prácticas agrícolas

## Aplicación de fertilizante

<i>Phylum</i>	0 N	300 N	MSD <sup>a</sup>
Acidobacteria	7.3 a	6.9 a	1.5
Actinobacteria	66.1 a	64.8 a	2.0
Bacteroidetes	1.1 a	1.2 a	0.2
Gemmatimonadetes	2.6 a	2.8 a	0.4
Planctomycetes	0.4 a	0.5 a	0.1
Proteobacteria	25.6 a	26.2 a	1.3
Verrucomicrobia	0.4 a	0.5 a	0.1

<sup>a</sup> MSD: Diferencia Mínima Significativa a  $P < 0.05$ .

## Labranza

<i>Phylum</i>	Camas convencionales	Camas permanentes	MSD <sup>a</sup>
Acidobacteria	6.2 a	7.3 a	1.8
Actinobacteria	64.3 a	65.8 a	2.5
Bacteroidetes	1.3 a	1.1 a	0.2
Gemmatimonadetes	2.8 a	2.7 a	0.5
Planctomycetes	0.5 a	0.3 b	0.1
Proteobacteria	28.0 a	25.3 b	1.8
Verrucomicrobia	0.4 a	0.5 a	0.2

<sup>a</sup> MSD: Diferencia Mínima Significativa a  $P < 0.05$ .

## Manejo del residuo

<i>Phylum</i>	Incorporado	Quemado	Removido	Parcialmente retenido	Totalmente retenido	MSD <sup>a</sup>
Acidobacteria	6.2 ab	9.1 a	6.6 ab	8.0 ab	5.7 b	3.3
Actinobacteria	64.3 a	62.9 a	67.4 a	65.9 a	67.1 a	4.5
Bacteroidetes	1.3 a	1.4 a	1.2 a	0.9 a	1.0 a	0.4
Gemmatimonadetes	2.8 a	3.2 a	2.6 a	2.7 a	2.3 a	0.9
Planctomycetes	0.5 a	0.4 a	0.3 a	0.4 a	0.3 a	0.2
Proteobacteria	28.0 a	25.3 ab	24.3 b	24.3 b	27.5 a	2.9
Verrucomicrobia	0.4 a	0.7 a	0.5 a	0.4 a	0.4 a	0.3

<sup>a</sup> MSD: Diferencia Mínima Significativa a  $P < 0.05$ .

## Residuos quemados

<i>Phylum</i>	Residuos quemados	Residuos no quemados	MSD <sup>a</sup>
Acidobacteria	9.1 a	6.6 a	1.8
Actinobacteria	62.9 b	66.2 a	2.5
Bacteroidetes	1.4 a	1.1 b	0.2
Gemmatimonadetes	3.2 a	2.6 b	0.5
Planctomycetes	0.4 a	0.4 a	0.1
Proteobacteria	26.0 a	25.3 a	1.8
Verrucomicrobia	0.7a	0.4 b	0.2

<sup>a</sup> MSD: Diferencia Mínima Significativa a  $P < 0.05$ .

**Tabla S2** Asignación taxonómica de los OTU<sub>97</sub> indicadores y su valor IndVal

**Taxones indicadores para los suelos no fertilizados**

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU2133	0.788	0.001 ***	Bacteria	Cyanobacteria	Nostocophycideae	Nostocales	Nostocaceae	
OTU3561	0.680	0.003 **	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	C114		
OTU4403	0.676	0.003 **	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		
OTU4303	0.673	0.008 **	Bacteria	Armatimonadetes	Chthonomonadetes	SJA-22		
OTU4382169	0.658	0.006 **	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Azorhizophilus</i>
OTU1925	0.653	0.003 **	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU3470	0.636	0.009 **	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	
OTU3844	0.629	0.004 **	Bacteria	Chloroflexi	TK10	AKYG885	Dolo_23	
OTU9774	0.621	0.004 **	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU45	0.615	0.017 *	Bacteria	Cyanobacteria	Nostocophycideae	Nostocales	Nostocaceae	
OTU8033	0.595	0.010 **	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Chloroflexaceae	<i>Chloronema</i>
OTU702	0.586	0.010 **	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU592808	0.573	0.019 *	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU7554	0.556	0.031 *	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU2400	0.553	0.024 *	Bacteria	Chloroflexi	S085			
OTU585221	0.551	0.015 *	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	
OTU2056	0.550	0.030 *	Bacteria	Chloroflexi	TK10	AKYG885	Dolo_23	
OTU3225782	0.548	0.030 *	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU4317	0.547	0.016 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		
OTU785	0.534	0.033 *	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	C111	
OTU564	0.530	0.045 *	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU3942	0.524	0.010 **	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		
OTU278371	0.524	0.021 *	Bacteria	Cyanobacteria	Oscillatorioophycideae	Oscillatoriales	Phormidiaceae	<i>Microcoleus</i>
OTU4322321	0.516	0.004 **	Bacteria	Cyanobacteria	Oscillatorioophycideae	Oscillatoriales	Phormidiaceae	<i>Phormidium</i>
OTU242669	0.515	0.050 *	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	
OTU3172	0.514	0.016 *	Bacteria	Planctomycetes	Pla4			
OTU2025	0.512	0.049 *	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales		
OTU988157	0.509	0.014 *	Bacteria	Cyanobacteria	Chloroplast	Stramenopiles		
OTU244331	0.504	0.023 *	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	
OTU510265	0.504	0.036 *	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU9793	0.504	0.030 *	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Thermoactinomycetaceae	<i>Shimazuella</i>
OTU3747	0.503	0.034 *	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU4309488	0.500	0.042 *	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41		
OTU5265	0.500	0.044 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Promicromonosporaceae	<i>Xylanimicrobium</i>

## Taxones indicadores para suelos fertilizados (300 kg N ha<sup>-1</sup>)

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU6602	0.944	0.001 ***	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Nitrosomonadales	Nitrosomonadaceae	
OTU2811	0.876	0.001 ***	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Nitrosomonadales	Nitrosomonadaceae	
OTU9362	0.794	0.001 ***	Bacteria	Chloroflexi	Thermomicrobia			
OTU1143016	0.719	0.002 **	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	
OTU3049	0.712	0.001 ***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	
OTU3078	0.702	0.002 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiodiaceae	
OTU1563	0.677	0.003 **	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	SJA-101	
OTU1179	0.671	0.005 **	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU7089	0.664	0.001 ***	Bacteria	Cyanobacteria	Synechococcophycideae	Pseudanabaenales		
OTU4379869	0.660	0.003 **	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	
OTU6373	0.647	0.005 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	
OTU151649	0.625	0.003 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		
OTU5955	0.619	0.007 **	Bacteria	Bacteroidetes	Rhodothermi	Rhodothermales	Rhodothermaceae	
OTU1123395	0.616	0.003 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Promicromonosporaceae	<i>Cellulosimicrobium</i>
OTU829867	0.606	0.001 ***	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU550712	0.592	0.007 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>
OTU519510	0.586	0.005 **	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Erythrobacteraceae	
OTU3437276	0.581	0.015 *	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Cupriavidus</i>
OTU6019	0.577	0.007 **	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU1509	0.577	0.025 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU113711	0.574	0.002 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinosynnemataceae	<i>Kibdelosporangium</i>
OTU133328	0.573	0.030 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	
OTU4409901	0.568	0.027 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	
OTU4488	0.566	0.033 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiodiaceae	
OTU328081	0.566	0.045 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiodiaceae	
OTU5156	0.566	0.014 *	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae	
OTU1104566	0.560	0.037 *	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Rhodocyclales	Rhodocyclaceae	<i>Azoarcus</i>
OTU4422114	0.558	0.008 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU4364413	0.552	0.006 **	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>
OTU6839	0.550	0.012 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU237085	0.548	0.007 **	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
OTU79	0.548	0.001 ***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	
OTU2108	0.540	0.012 *	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU6955	0.537	0.045 *	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Methylophilales	Methylophilaceae	
OTU9036	0.534	0.048 *	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
OTU655278	0.526	0.014 *	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU181641	0.519	0.040 *	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales		
OTU1809	0.516	0.003 **	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	
OTU7736	0.516	0.025 *	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	
OTU4480703	0.515	0.046 *	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhodobiaceae	<i>Aififella</i>



## Taxones indicadores para camas labradas convencionalmente

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU9270	0.960	0.001***	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU4403531	0.920	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	
OTU1755	0.905	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU4431015	0.894	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Conexibacteraceae	
OTU4229	0.890	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU113365	0.882	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Haliangiaceae	
OTU7827	0.882	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Kineosporiaceae	
OTU1112399	0.879	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU8242	0.876	0.001***	Bacteria	Cyanobacteria	Synechococcophycideae	Pseudanabaenales	Pseudanabaenaceae	
OTU4215	0.868	0.001***	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU4336436	0.863	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Rubrivivax</i>
OTU138062	0.863	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU305094	0.853	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU60	0.850	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	
OTU27227	0.847	0.001***	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU9346	0.846	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU2885855	0.845	0.001***	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU163345	0.842	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	<i>Skermanella</i>
OTU6246	0.837	0.001***	Bacteria	Cyanobacteria	Synechococcophycideae	Pseudanabaenales		
OTU9646	0.835	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU569	0.816	0.001***	Bacteria	Armatimonadetes	Chthonomonadetes	SJA-22		
OTU3538	0.807	0.004**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	
OTU4256	0.806	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529			
X4356723	0.804	0.002**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41		
X4363202	0.802	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	<i>Nocardioides</i>
OTU5825	0.791	0.004**	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>
OTU550415	0.789	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	
OTU1146343	0.785	0.003**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	envOPS12		
OTU775737	0.784	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
X4340665	0.773	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Ellin6067		
OTU4308655	0.771	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	C111	
OTU2299	0.764	0.001***	Bacteria	Cyanobacteria	Nostocophycideae	Nostocales	Nostocaceae	
OTU123	0.763	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU8884	0.762	0.002**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU5813	0.760	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Thermomicrobia	JG30-KF-CM45		
OTU335380	0.759	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	NB1-j	NB1-i	
OTU4479100	0.758	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU246078	0.756	0.014*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>

OTU535040	0.754	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874	
OTU93	0.753	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15	mb2424	
OTU6043	0.751	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Methylocystaceae	
OTU114147	0.749	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU3421	0.748	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU6274	0.748	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU7759	0.747	0.002**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU2342	0.743	0.005**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU577242	0.739	0.001***	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	
OTU2902	0.732	0.011*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Anaeromyxobacter</i>
OTU6910	0.730	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874	
OTU8403	0.730	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Virgisporangium</i>
OTU3103	0.723	0.012*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	
OTU1442	0.721	0.014*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	C111	
OTU511192	0.716	0.013*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales		
OTU4372310	0.709	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU153621	0.708	0.012*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Erythrobacteraceae	
OTU814232	0.707	0.009**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU9215	0.707	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU156210	0.702	0.022*	Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Opitutales	Opitutaceae	<i>Opitutus</i>
OTU588995	0.702	0.016*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5			
OTU1759	0.702	0.006**	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	
OTU1682862	0.695	0.014*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae	
OTU971270	0.694	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	
OTU585221	0.693	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	
OTU4320	0.691	0.011*	Bacteria	Chloroflexi	C0119			
OTU4366007	0.690	0.003**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU4419310	0.690	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	
OTU6032	0.688	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU131787	0.687	0.008**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales		
OTU5734	0.685	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU4303696	0.683	0.003**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	
OTU604	0.679	0.001***	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU4343194	0.679	0.031*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>
OTU7596	0.678	0.006**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU3264	0.675	0.002**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU136264	0.674	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU672144	0.670	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	
OTU242669	0.667	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	
OTU785	0.667	0.007**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	C111	
OTU1827	0.667	0.025*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	

OTU4308017	0.667	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU1509	0.660	0.014*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>	
OTU4865	0.660	0.009**	Bacteria	Chloroflexi	Gitt-GS-136				
OTU9630	0.660	0.010**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Polyangiaceae		
OTU7422	0.659	0.003**	Bacteria	TM7	TM7-1				
OTU4401184	0.659	0.042*	Bacteria	Chloroflexi	TK10	AKYG885			
OTU592043	0.658	0.003**	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	
OTU142848	0.657	0.011*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales			
OTU4327844	0.651	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales			
OTU4764	0.651	0.017*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae		
OTU238390	0.650	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae		
OTU980525	0.649	0.009**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales			
OTU7930	0.645	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae		
OTU8368	0.644	0.004**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5				
OTU546371	0.643	0.023*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales			
OTU5985	0.643	0.010**	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	
OTU6363	0.643	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales			
OTU147	0.641	0.009**	Bacteria	Chloroflexi	Gitt-GS-136				
OTU854	0.638	0.029*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874		
OTU76	0.637	0.041*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	SJA-101		
OTU6481	0.637	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales			
OTU7895	0.637	0.001***	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2				
OTU7012	0.634	0.042*	Bacteria	Acidobacteria	Sva0725	Sva0725			
OTU132483	0.632	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Intrasporangiaceae		
OTU4393265	0.632	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	MND1			
OTU1006	0.632	0.041*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales			
OTU4147	0.632	0.006**	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Pontibacter</i>	
OTU7340	0.632	0.004**	Bacteria	Planctomycetes	Phycisphaerae	WD2101			
OTU3537	0.628	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b		
OTU320629	0.627	0.020*	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529				
OTU114049	0.626	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b		
OTU850135	0.625	0.011*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae		
OTU1135345	0.624	0.004**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU6103	0.624	0.015*	Bacteria	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae		
OTU2593	0.620	0.002**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales			
OTU8858	0.617	0.036*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales			
OTU7014	0.617	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Thermomonosporaceae		
OTU3207	0.614	0.017*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales			
OTU3077	0.612	0.016*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15			
OTU4408439	0.609	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales			
OTU540826	0.609	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales			

OTU345	0.609	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU4793	0.609	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874	
OTU9222	0.609	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU6774	0.607	0.028*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	
OTU1003093	0.604	0.003**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41		
OTU2870	0.603	0.012*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	
OTU7144	0.603	0.031*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Polyangiaceae	
OTU7698	0.603	0.007**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-2			
OTU4433661	0.602	0.003**	Bacteria	Planctomycetes	Phycisphaerae	WD2101		
OTU1146405	0.601	0.043*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales		
OTU4469867	0.596	0.033*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	
OTU8231	0.596	0.034*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU803640	0.595	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Catellatospora</i>
OTU6189	0.595	0.004**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU9331	0.594	0.009**	Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>
OTU7516	0.590	0.049*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15	mb2424	
OTU3608294	0.589	0.003**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU263	0.589	0.014*	Bacteria	Acidobacteria	Sva0725	Sva0725		
OTU5823	0.589	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU4411671	0.587	0.014*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Ellin5290		
OTU534	0.586	0.010**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5			
OTU8061	0.584	0.022*	Bacteria	Chloroflexi	Thermomicrobia	AKYG1722		
OTU8660	0.583	0.018*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Anaeromyxobacter</i>
OTU181641	0.583	0.037*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales		
OTU8699	0.582	0.020*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	
OTU509487	0.577	0.028*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU2932	0.577	0.009**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	
OTU3576	0.577	0.021*	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU9204	0.577	0.013*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Rhodocyclales	Rhodocyclaceae	
OTU210266	0.577	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	EB1017	
OTU4319592	0.577	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	
OTU113711	0.577	0.011*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinosynnemataceae	<i>Kibdelosporangium</i>
OTU113915	0.577	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	
OTU588492	0.577	0.010**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU4309831	0.577	0.019*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU253	0.577	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionellales	Coxiellaceae	<i>Aquicella</i>
OTU1086	0.577	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae	
OTU1363	0.577	0.013*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae	
OTU2007	0.577	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU2395	0.577	0.002**	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU3072	0.577	0.017*	Bacteria	Acidobacteria	iii1-8	DS-18		

OTU3290	0.577	0.003**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3				
OTU4731	0.577	0.003**	Bacteria	TM6	SJA-4				
OTU5234	0.577	0.002**	Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Opitiales	Opitutaceae		<i>Opitutus</i>
OTU5412	0.577	0.002**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales			
OTU6724	0.577	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae		<i>Streptomyces</i>
OTU7808	0.577	0.003**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria				
OTU7814	0.577	0.003**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5				
OTU9036	0.577	0.042*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae		
OTU3983	0.569	0.029*	Bacteria	Nitrospirae	Nitrospira	Nitrospirales	Nitrospiraceae		<i>Nitrospira</i>
OTU107	0.568	0.010**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Methylocystaceae		<i>Pleomorphomonas</i>
OTU7336	0.568	0.015*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae		
OTU1262	0.567	0.006**	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2				
OTU5270	0.566	0.021*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Methylocystaceae		
OTU7018	0.566	0.039*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales			
OTU4334625	0.566	0.004**	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529				
OTU336433	0.566	0.003**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15			
OTU816425	0.566	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46			
OTU5512	0.566	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae		
OTU8249	0.566	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46			
OTU4467399	0.563	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfuromonadales	Geobacteraceae		<i>Geobacter</i>
OTU589356	0.563	0.005**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15			
OTU4385	0.563	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiaceae		
OTU5511	0.563	0.006**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU311035	0.562	0.025*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae		
OTU1862	0.561	0.029*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae		<i>Virgisporangium</i>
OTU647097	0.560	0.003**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae		
OTU630	0.560	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae		<i>Virgisporangium</i>
OTU8173	0.560	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	SC-I-84			
OTU9645	0.560	0.005**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales			
OTU1280	0.559	0.015*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae		<i>Jiangella</i>
OTU1792	0.559	0.040*	Bacteria	Bacteroidetes	Rhodothermi	Rhodothermales	Rhodothermaceae		<i>Rubricoccus</i>
OTU62	0.556	0.013*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3				
OTU28	0.555	0.007**	Bacteria	Chloroflexi	TK10	AKYG885	Dolo_23		
OTU7828	0.555	0.003**	Bacteria	Nitrospirae	Nitrospira	Nitrospirales	0319-6A21		
OTU838527	0.554	0.037*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15			
OTU1143975	0.553	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae		<i>Lysobacter</i>
OTU4445	0.552	0.005**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3				
OTU1809	0.547	0.014*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae		
OTU1677	0.546	0.047*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes				
OTU236657	0.544	0.005**	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae		<i>Bacillus</i>
OTU5064	0.544	0.021*	Bacteria	Chloroflexi	TK10	AKYG885			

OTU1223	0.538	0.014*	Bacteria	Chloroflexi	TK10	AKYG885	Dolo_23		
OTU3149	0.538	0.023*	Bacteria	Planctomycetes	Phycisphaerae	WD2101			
OTU3552	0.538	0.013*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales			
OTU4674	0.538	0.017*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	DRC31			
OTU4495	0.537	0.025*	Bacteria	Armatimonadetes	Chthonomonadetes	SJA-22			
OTU2298	0.536	0.048*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae		
OTU7799	0.536	0.045*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3				
OTU1050	0.535	0.020*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Chloroflexaceae	<i>Chloronema</i>	
OTU4276833	0.532	0.045*	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae		
OTU966	0.530	0.020*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>	
OTU2423	0.530	0.026*	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae		
OTU2680	0.530	0.025*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Kouleothrixaceae		
OTU7936	0.530	0.010**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075		
OTU822913	0.527	0.038*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae		
OTU915285	0.527	0.023*	Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	<i>Tepidibacter</i>	
OTU1054927	0.527	0.018*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b		
OTU607579	0.527	0.029*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15	mb2424		
OTU2632	0.527	0.029*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales			
OTU7260	0.527	0.028*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b		
OTU8141	0.527	0.025*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes				
OTU1543	0.525	0.026*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae		
OTU8636	0.525	0.022*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	GCA004			
OTU3224	0.524	0.030*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3				
OTU1121836	0.516	0.030*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae		
OTU2886	0.516	0.040*	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2				
OTU3058	0.516	0.020*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Kouleothrixaceae		
OTU4579	0.516	0.021*	Bacteria	Acidobacteria	Sva0725	Sva0725			
OTU4773	0.516	0.027*	Bacteria	Armatimonadetes	Fimbriimonadia	Fimbriimonadales	Fimbriimonadaceae	<i>Fimbriimonas</i>	
OTU5337	0.516	0.022*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46			
OTU5411	0.516	0.032*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiaceae	<i>Rhodococcus</i>	
OTU5946	0.516	0.034*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b		
OTU6894	0.516	0.039*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales			
OTU8986	0.516	0.042*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	EB1017		
OTU829867	0.509	0.045*	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2				
OTU4419538	0.508	0.045*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874		
OTU9551	0.508	0.046*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae		
OTU2195184	0.506	0.049*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15	RB40		
OTU4895	0.506	0.041*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU2776	0.504	0.048*	Bacteria	Actinobacteria	Nitriliruptoria	Euzebyales	Euzebyaceae	<i>Euzebya</i>	
OTU2525736	0.500	0.007**	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>	
OTU213177	0.500	0.006**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	<i>Rhodoplanes</i>	

OTU4339765	0.500	0.008**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU1128343	0.500	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	Chromatiaceae		
OTU2353709	0.500	0.009**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Janthinobacterium</i>	
OTU532928	0.500	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Methylophilales	Methylophilaceae		
OTU4364519	0.500	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46			
OTU209920	0.500	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria				
OTU4429750	0.500	0.007**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU113044	0.500	0.007**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae		
OTU1122202	0.500	0.007**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41			
OTU963353	0.500	0.007**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae		
OTU572494	0.500	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae		
OTU811424	0.500	0.003**	Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Opitutales	Opitutaceae		
OTU4434810	0.500	0.009**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU4366263	0.500	0.008**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Virgisporangium</i>	
OTU11	0.500	0.007**	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Pontibacter</i>	
OTU388	0.500	0.007**	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	
OTU902	0.500	0.003**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Haliangiaceae		
OTU928	0.500	0.009**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15			
OTU1416	0.500	0.006**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-1				
OTU2710	0.500	0.009**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>	
OTU3746	0.500	0.011*	Bacteria	Bacteroidetes	Saprosirae	Saprosirales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>	
OTU4190	0.500	0.009**	Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Symbiobacteriaceae	<i>Symbiobacterium</i>	
OTU4618	0.500	0.005**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobia	Acidimicrobiales	EB1017		
OTU4758	0.500	0.006**	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae		
OTU6005	0.500	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae		
OTU6257	0.500	0.008**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15			
OTU6456	0.500	0.010**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b		
OTU6511	0.500	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Ellin6067			
OTU6644	0.500	0.008**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales			
OTU6962	0.500	0.009**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales			
OTU7727	0.500	0.006**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Anaeromyxobacter</i>	
OTU8997	0.500	0.007**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria				

## Taxones indicadores para camas permantes

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU8878	0.881	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	
OTU1542689	0.875	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	envOPSI2		
OTU2206	0.846	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		
OTU1026431	0.829	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Actinomycetospora</i>
OTU4451433	0.812	0.004**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874	
OTU52	0.780	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU3263	0.751	0.014*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	<i>Clavibacter</i>
OTU582813	0.750	0.005**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU1022551	0.749	0.007**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>
OTU545487	0.722	0.011*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14	
OTU1138092	0.722	0.007**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	
OTU3397	0.722	0.011*	Bacteria	Cyanobacteria				
OTU9548	0.722	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU1146183	0.713	0.008**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Geodermatophilaceae	<i>Geodermatophilus</i>
OTU4298525	0.707	0.011*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Alicyclobacillus</i>
OTU78	0.707	0.007**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU142	0.707	0.019*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilla	Solirubrobacterales		
OTU5343	0.692	0.014*	Bacteria	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae	
OTU67	0.684	0.033*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	
OTU3815	0.684	0.022*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	
OTU4010666	0.677	0.026*	4010666	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprosirales	<i>Chitinophagaceae</i>
OTU4313359	0.671	0.050*	4313359	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	
OTU1135893	0.668	0.030*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilla	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU993373	0.661	0.012*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU966091	0.661	0.018*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Geodermatophilaceae	<i>Modestobacter</i>
OTU226	0.661	0.017*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	<i>Microbacterium</i>
OTU5100	0.661	0.016*	Bacteria	Cyanobacteria				
OTU12836	0.645	0.021*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Couchioplanes</i>
OTU4401989	0.645	0.027*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	
OTU4464	0.645	0.026*	Bacteria	Actinobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU6687	0.645	0.037*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU4467439	0.637	0.038*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU4429439	0.629	0.031*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilla	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU4428066	0.629	0.047*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Haliangiaceae	<i>Haliangium</i>
OTU1133558	0.629	0.048*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU3319	0.629	0.034*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU3569	0.629	0.042*	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	211ds20	
OTU510188	0.619	0.046*	Bacteria	Actinobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15	RB40	
OTU977026	0.617	0.045*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Catellatospora</i>
OTU346459	0.612	0.033*	Bacteria	Actinobacteria	Chloracidobacteria	11-24		
OTU702	0.612	0.028*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU6373	0.612	0.038*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	
OTU7679	0.612	0.033*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales		
OTU4389633	0.595	0.042*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	
OTU592808	0.595	0.048*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU1252	0.595	0.050*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilla	Solirubrobacterales		
OTU4506	0.595	0.046*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5			
OTU4621	0.595	0.042*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU6587	0.595	0.040*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	<i>Sphaerisporangium</i>



## Taxones indicadores para residuos incorporados

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU9270	0.864	0.001***	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU4229	0.831	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU4215	0.766	0.001***	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU2299	0.764	0.001***	Bacteria	Cyanobacteria	Nostocophycideae	Nostocales	Nostocaceae	
OTU7827	0.731	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Kineosporiaceae	
OTU550415	0.720	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	
OTU775737	0.707	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
OTU9215	0.707	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU7759	0.703	0.001***	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU577242	0.677	0.001***	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	
OTU971270	0.658	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	
OTU6910	0.651	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874	
OTU7930	0.645	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	
OTU5813	0.642	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Thermomicrobia	JG30-KF-CM45		
OTU6032	0.640	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU4479100	0.636	0.014*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU5734	0.630	0.002**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU6043	0.620	0.012*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Methylocystaceae	
OTU604	0.612	0.003**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU6481	0.612	0.003**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU7895	0.612	0.001***	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU136264	0.598	0.006**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU7340	0.598	0.004**	Bacteria	Planctomycetes	Phycisphaerae	WD2101		
OTU4372310	0.597	0.010**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU3537	0.584	0.008**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU114049	0.577	0.004**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU4308017	0.577	0.011*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU210266	0.577	0.008**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	EB1017	
OTU4319592	0.577	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	
OTU113915	0.577	0.010**	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	
OTU253	0.577	0.006**	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionellales	Coxiellaceae	<i>Aquicella</i>
OTU1086	0.577	0.004**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae	
OTU2007	0.577	0.004**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU2395	0.577	0.004**	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU3290	0.577	0.009**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU4731	0.577	0.005**	Bacteria	TM6	SJA-4			
OTU5234	0.577	0.004**	Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Opitutales	Opitutaceae	<i>Opitutus</i>
OTU5412	0.577	0.010**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales		

OTU6724	0.577	0.004**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU7808	0.577	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU7814	0.577	0.005**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5			
OTU1135345	0.569	0.004**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU2593	0.559	0.008**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales		
OTU7014	0.549	0.017*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Thermomonosporaceae	
OTU1262	0.540	0.009**	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU4334625	0.535	0.013*	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529			
OTU336433	0.535	0.020*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU816425	0.535	0.017*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU5512	0.535	0.020*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	
OTU8249	0.535	0.019*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU4467399	0.527	0.023*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfuromonadales	Geobacteraceae	<i>Geobacter</i>
OTU540826	0.527	0.015*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		
OTU589356	0.527	0.020*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU345	0.527	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU4385	0.527	0.023*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardiaceae	
OTU5511	0.527	0.016*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU9222	0.527	0.026*	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU647097	0.516	0.017*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	
OTU630	0.516	0.019*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Virgisporangium</i>
OTU8173	0.516	0.017*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	SC-I-84		
OTU9645	0.516	0.027*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales		
OTU2525736	0.500	0.030*	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>
OTU213177	0.500	0.044*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	<i>Rhodoplanes</i>
OTU4339765	0.500	0.029*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU1128343	0.500	0.039*	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	Chromatiaceae	
OTU2353709	0.500	0.031*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Janthinobacterium</i>
OTU532928	0.500	0.027*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Methylophilales	Methylophilaceae	
OTU4364519	0.500	0.029*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU209920	0.500	0.036*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU4429750	0.500	0.027*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU113044	0.500	0.029*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae	
OTU1122202	0.500	0.030*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41		
OTU963353	0.500	0.030*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	
OTU572494	0.500	0.044*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU811424	0.500	0.037*	Bacteria	Verrucomicrobia	Opitutae	Opitutaes	Opitutaceae	
OTU4434810	0.500	0.035*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU4366263	0.500	0.024*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Virgisporangium</i>
OTU11	0.500	0.031*	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Pontibacter</i>
OTU388	0.500	0.022*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>

OTU902	0.500	0.043*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Haliangiaceae	
OTU928	0.500	0.030*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU1416	0.500	0.033*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-1			
OTU2710	0.500	0.035*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU3746	0.500	0.032*	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>
OTU4190	0.500	0.030*	Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Symbiobacteriaceae	<i>Symbiobacterium</i>
OTU4618	0.500	0.033*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	EB1017	
OTU4758	0.500	0.031*	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	
OTU6005	0.500	0.036*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae	
OTU6257	0.500	0.037*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU6456	0.500	0.037*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU6511	0.500	0.038*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Ellin6067		
OTU6644	0.500	0.031*	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU6962	0.500	0.035*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU7727	0.500	0.033*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Anaeromyxobacter</i>
OTU8997	0.500	0.029*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU4445	0.492	0.015*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU5823	0.481	0.048*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU236657	0.471	0.022*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>

## Taxones indicadores para residuos removidos

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU1318	0.803	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU214	0.802	0.001***	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU155349	0.769	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinosynnemataceae	
OTU1140807	0.728	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Erythrobacteraceae	
OTU195864	0.707	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU616	0.686	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Kouleothrixaceae	<i>Kouleothrix</i>
OTU7882	0.667	0.002**	Bacteria	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae	
OTU385	0.645	0.002**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Ellin5290		
OTU3727	0.640	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	
OTU2219	0.637	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU4387051	0.627	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Ellin6067		
OTU954992	0.624	0.001***	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>
OTU4077	0.624	0.002**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU4323887	0.620	0.002**	Bacteria	Bacteroidetes	Saprospirae	Saprospirales	Chitinophagaceae	<i>Segetibacter</i>
OTU790420	0.615	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	AKIW874	
OTU1555	0.612	0.004**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU641892	0.611	0.026*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU4390554	0.609	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU8441	0.609	0.001***	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Oscillochloridaceae	<i>Oscillochloris</i>
OTU1705	0.606	0.003**	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU4021	0.592	0.023*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		
OTU2467	0.592	0.007**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Chloroflexaceae	<i>Chloronema</i>
OTU4466	0.589	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	C111	
OTU4745	0.589	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Thermomonosporaceae	<i>Actinocorallia</i>
OTU4296767	0.577	0.007**	Bacteria	TM7	TM7-1			
OTU837322	0.577	0.006**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptosporangiaceae	
OTU88	0.577	0.008**	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	
OTU806	0.577	0.010**	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	211ds20	
OTU1856	0.577	0.009**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU4040	0.577	0.009**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU4069	0.577	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	
OTU9157	0.577	0.008**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU5594	0.564	0.007**	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU7789	0.559	0.011*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	C111	
OTU268476	0.544	0.017*	Bacteria	Cyanobacteria	Nostocophycideae	Nostocales	Nostocaceae	
OTU4248323	0.540	0.022*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	CCU21		
OTU8735	0.540	0.020*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU2943	0.540	0.006**	Bacteria	Cyanobacteria				

OTU2489887	0.537	0.014*	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>
OTU1713	0.537	0.016*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU114176	0.527	0.022*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Oscillochloridaceae	<i>Oscillochloris</i>
OTU5178	0.527	0.021*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
OTU6244	0.527	0.020*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU8196	0.527	0.022*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Ardenscatenales	Ardenscatenaceae	<i>Ardenscatena</i>
OTU5103	0.516	0.022*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU6909	0.516	0.021*	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Adhaeribacter</i>
OTU9051	0.516	0.019*	Bacteria	Chloroflexi	C0119			
OTU7601	0.515	0.040*	Bacteria	Acidobacteria	Sva0725	Sva0725		
OTU1639776	0.510	0.036*	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales		
OTU2874	0.509	0.024*	Bacteria	TM7	TM7-1			
OTU7527	0.509	0.034*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	<i>Catellatospora</i>
OTU711803	0.506	0.032*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>
OTU4302799	0.500	0.035*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
OTU1136536	0.500	0.037*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU952388	0.500	0.032*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>
OTU365967	0.500	0.030*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>
OTU843254	0.500	0.036*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Brucellaceae	<i>Ochrobactrum</i>
OTU349	0.500	0.034*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU819	0.500	0.030*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	
OTU2501	0.500	0.037*	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionellales	Coxiellaceae	
OTU2714	0.500	0.035*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Haliangiaceae	
OTU3174	0.500	0.043*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes			
OTU3414	0.500	0.025*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU5607	0.500	0.025*	Bacteria	Cyanobacteria	Synechococcophycideae	Pseudanabaenales	Pseudanabaenaceae	<i>Leptolyngbya</i>
OTU6690	0.500	0.043*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU8378	0.500	0.037*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU1126235	0.483	0.022*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria			
OTU5086	0.471	0.047*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Promicromonosporaceae	<i>Xylanimicrobium</i>

## Taxones indicadores para residuos parcialmente retenidos

OTU ID	IndVal	Valor <i>P</i>	Dominio	<i>Phylum</i>	Clase	Orden	Familia	Género
OTU448	0.604	0.005**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU1808	0.577	0.002**	Bacteria	Acidobacteria	Solibacteres	Solibacterales		
OTU8304	0.542	0.044*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU9188	0.527	0.019*	Bacteria	Chloroflexi	Thermomicrobia	AKYG1722		
OTU1106595	0.510	0.014*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU5182	0.510	0.036*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae	
OTU1140285	0.509	0.021*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Jiangella</i>
OTU4319329	0.500	0.027*	Bacteria	Cyanobacteria	Oscillatoriophyycideae	Oscillatoriales	Phormidiaceae	<i>Phormidium</i>
OTU62	0.500	0.028*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU2317	0.500	0.035*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU2925	0.500	0.046*	Bacteria	Acidobacteria	S035			
OTU3551	0.500	0.034*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU3687	0.500	0.032*	Bacteria	Armatimonadetes	0319-6E2			
OTU4180	0.500	0.032*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU4365	0.500	0.033*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU5083	0.500	0.042*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>

## Taxones indicadores para residuos totalmente retenidos

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU1074498	0.784	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		
OTU98	0.773	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales		
OTU4308739	0.744	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales		
OTU800619	0.733	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Thiotrichales	Piscirickettsiaceae	
OTU311898	0.725	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Methylobacteriaceae	
OTU60579	0.707	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	
OTU6839	0.702	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU635	0.677	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU592808	0.675	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU6820	0.661	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	CCU21		
OTU2370	0.655	0.001***	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Ellin5290		
OTU1088543	0.645	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU505	0.645	0.001***	Bacteria	Acidobacteria	Sva0725	Sva0725		
OTU7851	0.645	0.002**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	<i>Nocardioides</i>
OTU316	0.640	0.001***	Bacteria	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae	
OTU844122	0.636	0.005**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	<i>Microbacterium</i>
OTU4219	0.628	0.006**	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529			
OTU251263	0.625	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	
OTU7230	0.622	0.002**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Ellin6067		
OTU9415	0.620	0.003**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideae	
OTU7723	0.612	0.003**	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU589	0.604	0.005**	Bacteria	Acidobacteria	Sva0725	Sva0725		
OTU6852	0.604	0.005**	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU3875675	0.598	0.008**	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	
OTU2706	0.598	0.008**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	<i>Microbacterium</i>
OTU4837	0.598	0.003**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales		
OTU134616	0.577	0.006**	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529			
OTU2565175	0.577	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	
OTU110	0.577	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU1838	0.577	0.010**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>
OTU3657	0.577	0.006**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Kouleoethrixaceae	
OTU9169	0.577	0.008**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	C114		
OTU9448	0.577	0.009**	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5			
OTU3233	0.559	0.010**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	<i>Agromyces</i>
OTU156976	0.553	0.016*	Bacteria	Acidobacteria	iii1-8	DS-18		
OTU7484	0.553	0.019*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		

OTU5071	0.548	0.012*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Kouleothrixaceae	
OTU4343647	0.535	0.018*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Propionibacteriaceae	
OTU1112552	0.530	0.041*	Bacteria	Acidobacteria	iii1-8	DS-18		
OTU235943	0.527	0.022*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	
OTU5761	0.527	0.027*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	
OTU6133	0.527	0.021*	Bacteria	Acidobacteria	iii1-8	DS-18		
OTU7969	0.527	0.010**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae	
OTU518694	0.522	0.024*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	SC-I-84		
OTU5249	0.522	0.016*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>
OTU834425	0.516	0.018*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-5			
OTU582097	0.516	0.018*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	
OTU727	0.516	0.026*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU3507	0.516	0.018*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Ellin5290		
OTU199799	0.500	0.025*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		
OTU3621664	0.500	0.047*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>
OTU587687	0.500	0.039*	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionellales	Coxiellaceae	<i>Aquicella</i>
OTU901585	0.500	0.037*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	<i>Nocardioides</i>
OTU170834	0.500	0.037*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	
OTU4473154	0.500	0.029*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales		
OTU588861	0.500	0.036*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Kouleothrixaceae	
OTU357	0.500	0.037*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Caldilineales	Caldilineaceae	
OTU1185	0.500	0.037*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Novosphingobium</i>
OTU3092	0.500	0.030*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	SC-I-84		
OTU3441	0.500	0.038*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Geodermatophilaceae	
OTU4568	0.500	0.035*	Bacteria	Nitrospirae	Nitrospira	Nitrospirales	0319-6A21	
OTU4678	0.500	0.032*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	
OTU4892	0.500	0.027*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU6248	0.500	0.035*	Bacteria	Acidobacteria	Acidobacteria-6	iii1-15		
OTU6264	0.500	0.039*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	<i>Balneimonas</i>
OTU6875	0.500	0.038*	Bacteria	Gemmatimonadetes	Gemm-3			
OTU7430	0.500	0.040*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales		
OTU8133	0.500	0.029*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		
OTU8180	0.500	0.029*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Pseudonocardiaceae	<i>Saccharopolyspora</i>
OTU8665	0.500	0.017*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Propionibacteriaceae	
OTU5438	0.483	0.039*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Agrobacterium</i>
OTU1074498	0.784	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	MIZ46		



## Taxones indicadores para residuos quemados

OTU ID	IndVal	Valor P	Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género
OTU6356	0.809	0.001***	Bacteria	Cyanobacteria				
OTU4400789	0.745	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	<i>Microbispora</i>
OTU2511	0.736	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	
OTU1667535	0.703	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Intrasporangiaceae	
OTU8755	0.683	0.001***	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	
OTU4382183	0.677	0.001***	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	
OTU318338	0.640	0.004**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	
OTU2343	0.632	0.006**	Bacteria	Chloroflexi	C0119			
OTU3670	0.621	0.005**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	
OTU8856	0.612	0.007**	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529			
OTU5026	0.598	0.004**	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	
OTU4360812	0.577	0.009**	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhodobiaceae	<i>Afifella</i>
OTU1419	0.577	0.012*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Haliangiaceae	
OTU4411	0.577	0.010**	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	
OTU7248	0.577	0.010**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Chloroflexaceae	
OTU7905	0.577	0.005**	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Chloroflexales	Chloroflexaceae	<i>Chloronema</i>
OTU1964	0.553	0.012*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Actinosynnemataceae	<i>Kibdelosporangium</i>
OTU7571	0.550	0.013*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	
OTU7489	0.546	0.015*	Bacteria	Chlorobi				
OTU4474485	0.540	0.013*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU7024	0.535	0.021*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	
OTU131414	0.527	0.017*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	
OTU151713	0.522	0.035*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	<i>Arthrobacter</i>
OTU8414	0.516	0.035*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU7907	0.515	0.045*	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria			
OTU8909	0.510	0.028*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae	
OTU8639	0.509	0.018*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	
OTU811596	0.500	0.032*	Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Pelomonas</i>
OTU672839	0.500	0.036*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU113232	0.500	0.036*	Bacteria	Chloroflexi	Ellin6529			
OTU1051517	0.500	0.032*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
OTU1110169	0.500	0.033*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales		
OTU4425840	0.500	0.043*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41	Ellin6075	
OTU156	0.500	0.033*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	<i>Roseomonas</i>
OTU1008	0.500	0.036*	Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexi	Roseiflexales	Roseiflexaceae	
OTU1009	0.500	0.032*	Bacteria	Actinobacteria	Rubrobacteria	Rubrobacterales	Rubrobacteraceae	<i>Rubrobacter</i>
OTU1881	0.500	0.034*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU2783	0.500	0.032*	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Alicyclobacillus</i>

OTU6089	0.500	0.037*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	
OTU6805	0.500	0.032*	Bacteria	Cyanobacteria	Oscillatoriothycideae	Oscillatoriales	Phormidiaceae	<i>Planktothrix</i>
OTU7431	0.500	0.038*	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	
OTU7713	0.500	0.023*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales		
OTU9252	0.500	0.038*	Bacteria	Bacteroidetes	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Adhaeribacter</i>
OTU9286	0.500	0.036*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	
OTU9730	0.500	0.043*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales		
OTU217700	0.463	0.032*	Bacteria	Armatimonadetes	Fimbriimonadia	Fimbriimonadales	Fimbriimonadaceae	<i>Fimbriimonas</i>
OTU4342312	0.738	0.011*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	
OTU1563	0.722	0.005**	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	SJA-101	
OTU1129425	0.722	0.020*	Bacteria	Actinobacteria	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	
OTU35	0.713	0.017*	Bacteria	Cyanobacteria	Synechococcophycideae	Pseudanabaenales	Pseudanabaenaceae	<i>Leptolyngbya</i>
OTU4313359	0.696	0.028*	Bacteria	Acidobacteria	Chloracidobacteria	RB41		
OTU5343	0.692	0.017*	Bacteria	Armatimonadetes	Armatimonadia	Armatimonadales	Armatimonadaceae	
OTU1179	0.672	0.024*	Bacteria	Actinobacteria	MB-A2-108	0319-7L14		
OTU9384	0.650	0.032*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU335380	0.646	0.029*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	NB1-j	NB1-i	
OTU3198	0.645	0.038*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micromonosporaceae	
OTU9301	0.645	0.043*	Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Entotheonellales	Entotheonellaceae	
OTU4488	0.629	0.026*	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Nocardioideaceae	
OTU6019	0.559	0.050*	Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	SBR1031	A4b	
OTU6390	0.559	0.048*	Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>