

## Respuesta de la comunidad microbiana a la desinfección del suelo con compost

## Response of microbial community to soil disinfection with compost

A. Hernández-Lara<sup>1\*</sup>, M. Ros<sup>1</sup>, J. Cuartero<sup>1</sup>, C. Egea-Gilabert<sup>2,3</sup>, J.A. Pascual<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS). Campus Universitario de Espinardo, 30100, Murcia, España.

<sup>2</sup>Departamento de Ingeniería Agronómica. Universidad Politécnica de Cartagena. P<sup>o</sup> Alfonso XIII, 48, 30203, Cartagena, Murcia, España.

<sup>3</sup>Instituto de Biotecnología Vegetal. Edificio I+D+I. Universidad Politécnica de Cartagena. Campus Muralla del Mar, 30202, Cartagena, Murcia, España.

\*ahernandez@cebas.csic.es

### Resumen

**Evaluamos una enmienda de compost incorporada a un proceso de solarización en comparación con la solarización de suelos agrícolas para determinar si produce algún efecto beneficioso sobre la comunidad microbiana, la fertilidad y la funcionalidad del suelo relacionado con el ciclo del N y C. Se tomaron muestras al inicio (T1), una semana después de añadir los tratamientos (T2) y justo al terminar los tratamientos (T3). La solarización del suelo con enmienda de compost (SEC) enriqueció el suelo con diferentes bacterias y hongos, que se caracterizaron por estar involucradas en diferentes funciones relacionadas con el ciclo del N y C; promotores del crecimiento de las plantas o defensa contra patógenos en comparación con el suelo no modificado (SNM). El compost dio un valor agregado al suelo al aumentar la actividad microbiana, la diversidad microbiana y la composición de la comunidad, aumentando la fertilidad funcional del suelo manteniendo el ciclo del C y N del suelo.**

**Palabras clave:** enmienda de compost; solarización del suelo; comunidad microbiana.

### Abstract

**We evaluated a compost amendment incorporated into a solarization process compared to solarization of agricultural soils to determine if it produced any enhanced effects on the microbial community, fertility, and soil functionality related to N and C cycling. at the beginning (T1), one week after adding the treatments (T2) and just after finishing the treatments (T3). Soil solarization with compost amendment (CAS) enriched the soil with different bacteria and fungi, which were characterized by being involved in different functions related to the N and C cycle; plant growth promoters or defense against pathogens compared to unmodified soil (NAS). CAS brought added value to the soil by increasing microbial activity, microbial diversity, and community composition, increasing functional soil fertility maintaining the soil C and N cycle.**

**Palabras clave:** compost amendment; soil solarization; microbial community.

## 1. INTRODUCCIÓN

La solarización, es una forma libre de químicos para controlar los patógenos y malezas, implica una cubierta del suelo con una película de plástico transparente para atrapar radiación solar y acumular calor y humedad (1). La solarización perturba el equilibrio biológico microbiano

en el suelo y provoca un vacío biológico que puede permitir el restablecimiento de patógenos introducidos en el suelo después del final del proceso de solarización (1). La incorporación de una enmienda orgánica durante la solarización contribuye al aumento de microorganismos beneficiosos. Esto se debe a la acumulación de compuestos volátiles producidos por la descomposición de los compuestos orgánicos en el compost, combinado con elevadas temperaturas provocadas por la solarización (2,3) y ayudado de microorganismo endógenos del suelo, así como los introducidos vía enmiendas orgánicas (4). Se podría esperar que la comunidad microbiana del suelo varíe después de la solarización y la enmienda de compost (5). El compost es rico en materia orgánica que puede alterar las comunidades microbianas en el suelo y la abundancia de los microorganismos relacionados con el ciclo de C y N a través de cambios en las propiedades fisicoquímicas del suelo (6).

El objetivo fue observar los cambios significativos en la comunidad de bacterias y hongos y los cambios en los genes funcionales relacionados con el ciclo de C y N relacionados con la enmienda de compost durante la solarización.

## 2. MATERIALES Y MÉTODOS

### 2.1 Experimento de campo y muestreo

Se realizó en Cartagena entre julio de 2020 y noviembre de 2020. Se utilizaron seis parcelas con dos tratamientos y tres repeticiones de cada tratamiento. En el tratamiento de solarización, el suelo se cubrió con plástico de polietileno transparente (SNM); el tratamiento combinado de solarización y compost, el suelo se cubrió con el plástico de polietileno transparente después de incorporar el compost (SEC). El compost fue elaborado con un 72% de poda de viñedo y 28% de residuo de puerro.

Se tomaron muestras de suelo a una profundidad de 10 cm. Hubo tres muestreos a lo largo del experimento: justo después de agregar compost y antes de colocar la cubierta de plástico (24 julio de 2020) (T1); una semana después de colocar la cubierta de plástico (14 de agosto de 2020) (T2); y antes de quitar la cubierta de plástico (18 de noviembre de 2020) (T3). Se almacenó a -80°C para la extracción de ADN.

### 2.2 Extracción de ADN y secuenciación

El ADN fue extraído de 0,5 g de suelo usando el kit Dneasy PowerSoil (Qiagen, Alemania). La cantidad y calidad de los extractos de ADN fue cuantificada usando NanoDrop 2000 fluoroespectrómetro (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA). Los primers fueron 515F y 909R para bacterias, ITS4 y gITS7 para hongos. El estudio de la comunidad microbiana se realizó a través de la amplificación por PCR utilizando la plataforma Illumina.

### 2.3 Análisis bioinformático y estadístico

Para estudiar las diferencias en las propiedades de las pilas del compostaje, se aplicaron distintas pruebas estadísticas dependiendo de si se cumplían las condiciones de normalidad y homocedasticidad previamente comprobadas: Anova o Kruskal-Wallis.

## 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Diferentes bacterias y hongos fueron significativamente más altos en SEC que en SNM debido al compost agregado que aportó nutrientes para los microorganismos del suelo. La Fig. 1 muestra las diferencias significativas a nivel de género bacteriano y fúngico para cada tiempo de muestreo entre tratamientos. Solo se representaron los géneros que mostraron diferencias significativas entre tratamientos. Los géneros bacterianos se mostraron en la Fig. 1A, en T1, solo *Photobacterium*, *Pseudomonas*, *Nocardioides*, *Glycomyces* y *Blastococcus* mostraron mayor abundancia en SEC que en SNM. En T2, los géneros significativos aumentaron en SEC. En T3 solo *Nitrospira* y *Acidibacter* fueron más abundantes en SEC que en SNM. SEC contenía bacterias

relacionadas con funciones biogeoquímicas; *Woeseia* que realiza diversas funciones ecológicas como la desnitrificación (7); *Glycomyces* que participa en la degradación de la materia orgánica; *Photobacterium*, *Pseudomonas* y *Sphingomonas* que son promotores del crecimiento y supresión de enfermedades de plantas (8, 9); y NMD1, que es oxidante de nitrito y está involucrado en la nutrición de las plantas (7). A diferencias de los géneros bacterianos, los géneros fúngicos tuvieron menor representación (Fig. 1b). Durante el proceso, los géneros más abundantes en SEC fueron *Acremonium*, *Thermomyces* y *Ascobolus*. *Acremonium* es un hongo dominante en suelos y observado en suelos tratados con residuos orgánicos; *Thermomyces*, utilizado para potenciar las defensas de las plantas contra patógenos, además, está involucrado en el ciclo de C debido a su capacidad degradando celulosa y en el ciclo de N como fijador (8). Géneros como *Luteimonas*, *Sphingomonas* y *Ascobolus* pueden considerarse supresores de enfermedades transmitidas por el suelo (9).

El uso de compost como enmienda orgánica promueve la microbiota del suelo y mejora su expresión génica (6). El compost tuvo un efecto notable en la expresión de genes del ciclo N y C (Fig. 2A y B), excepto en T2, donde ambos tratamientos mostraron una expresión más baja debido al aumento de temperatura. El gen *nifD* cataliza el proceso de fijación de N, lo que podría explicar la abundancia de *Thermomyces*. Genes *amoA* y *amoB* contribuyen a la oxidación de amoníaco debido a la abundancia de NMD1 y *Woeseia*. El aumento de *nosZ* disminuye el efecto invernadero y el incremento de *nirk* en SEC favoreció las tasas más altas de reducción de nitrato a amonio (10). La abundancia de genes involucrados en la degradación de celulosa, hemicelulosa y lignina sugiere que mejoró la disponibilidad nutricional en el suelo modificado con compost (3).

#### 4. CONCLUSIONES

Se puede concluir que la combinación de compost y solarización agregó valor para el suelo al aumentar la fertilidad del suelo, la actividad, diversidad y funcionalidad microbiana, cambiando además la composición de la comunidad.

#### 5. AGRADECIMIENTOS

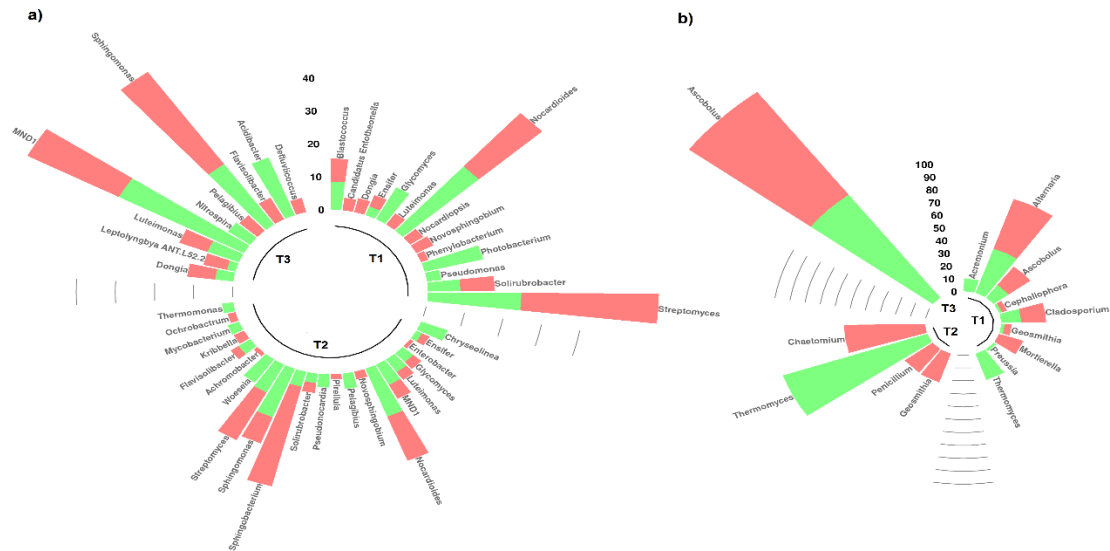
Al Ministerio de Economía, Industria y Competitividad por la financiación recibida para llevar a cabo el proyecto AGL 2017-84085-C3-1-R.

#### 6. REFERENCIAS

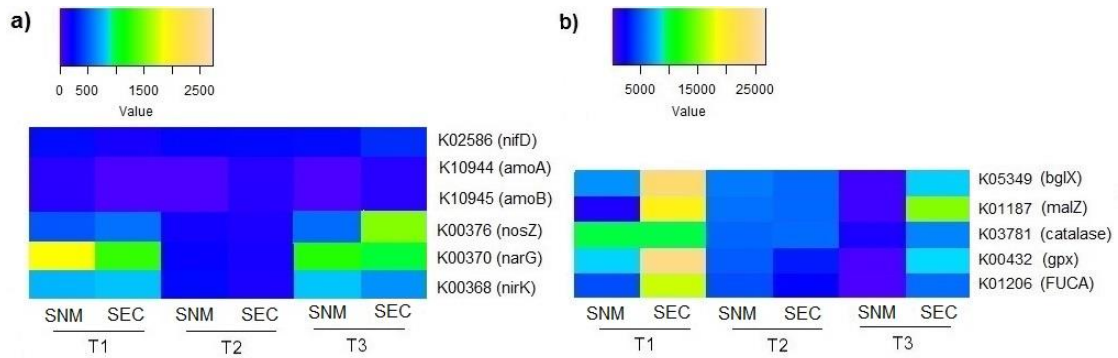
1. Kanaan H, Frenk S, Raviv M, Medina S, Minz D. Long and short term effects of solarization on soil microbiome and agricultural production. *Appl Soil Ecol.* 2018;124:54–61.
2. Kanaan H, Medina S, Raviv M. The effects of soil solarization and compost on soil suppressiveness against *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*. *Compost Sci Util.* 2017;25(3):206–10.
3. Fernández-Bayo JD, Hestmark K V, Claypool JT, Harrold DR, Randall TE, Achmon Y, et al. The initial soil microbiota impacts the potential for lignocellulose degradation during soil solarization. *J Appl Microbiol.* 2019;126(6):1729–41.
4. Bonanomi G, Chiurazzi M, Caporaso S, Del Sorbo G, Moschetti G, Felice S. Soil solarization with biodegradable materials and its impact on soil microbial communities. *Soil Biol Biochem.* 2008;40(8):1989–98.
5. Simmons CW, Guo H, Claypool JT, Marshall MN, Perano KM, Stapleton JJ, et al. Managing compost stability and amendment to soil to enhance soil heating during soil solarization. *Waste Manag.* 2013;33(5):1090–6.
6. Yanardağ IH, Zornoza R, Bastida F, Büyükkiliç-Yanardağ A, García C, Faz A, et al. Native soil organic matter conditions the response of microbial communities to organic inputs with different stability. *Geoderma.* 2017;295:1–9.
7. Zhang D, Yan D, Cheng H, Fang W, Huang B, Wang X, et al. Effects of multi-year biofumigation on soil bacterial and fungal communities and strawberry yield. *Environ Pollut.* 2020;256:113415.
8. Fu H, Li H, Yin P, Mei H, Li J, Zhou P, et al. Integrated application of rapeseed cake and green manure enhances soil nutrients and microbial communities in tea garden soil. *Sustainability.* 2021;13(5):2967.
9. Hernández-Lara A, Ros M, Cuartero J, Bustamante MÁ, Moral R, Andreu-Rodríguez FJ, et al. Bacterial and fungal

community dynamics during different stages of agro-industrial waste composting and its relationship with compost suppressiveness. *Sci Total Environ.* 2022;805:150330.

10. Llimós M, Segarra G, Sancho-Adamson M, Trillas MI, Romanyà J. Impact of olive saplings and organic amendments on soil microbial communities and effects of mineral fertilization. *Front Microbiol.* 2021;12.



**Figura 1.** Gráfico de barras apiladas circulares que muestra los géneros bacterianos (a) y los géneros fúngicos (b) a lo largo del experimento. El color rojo corresponde al suelo no modificado (SNM) y el color verde corresponde al suelo enmendado con compost (SEC).



**Figura 2.** Mapa de calor de la expresión génica bacteriana a) genes de nitrógeno y b) genes de carbono a lo largo del experimento.