



FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA

DIVERSIDAD MICROBIANA EN EL SUELO RIZOSFÉRICO DE PAPA NATIVA

BAJO MANEJO ORGÁNICO Y CONVENCIONAL EN HUANCAYO

**Línea de investigación:
Genética, bioquímica y biotecnología**

Tesis para optar el Título Profesional de Licenciado en Biología

Autora

Romero Avila, Yolanda Madelein

Asesor

Nolasco Cárdenas, Oscar Patricio

ORCID: 0000-0002-5672-5516

Jurado

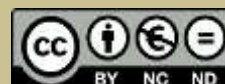
Yupanqui Siccha, Gisela Francisca

Murrugarra Bringas, Victoria Ysabel

Cuya Briones, Miryan Rebeca

Lima - Perú

2025



Diversidad microbiana en el suelo rizosférico de papa nativa bajo manejo orgánico y convencional en Huancayo

INFORME DE ORIGINALIDAD

15%	13%	6%	3%
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	repositorio.unfv.edu.pe	3%
	Fuente de Internet	
2	www.researchgate.net	1%
	Fuente de Internet	
3	bdigital.unal.edu.co	<1%
	Fuente de Internet	
4	gredos.usal.es	<1%
	Fuente de Internet	
5	hdl.handle.net	<1%
	Fuente de Internet	
6	ruja.ujaen.es	<1%
	Fuente de Internet	
7	s369b157da8f522cf.jimcontent.com	<1%
	Fuente de Internet	
8	idus.us.es	<1%
	Fuente de Internet	
9	www.fontagro.org	<1%
	Fuente de Internet	
10	Submitted to colpos	<1%
	Trabajo del estudiante	
11	Submitted to Instituto Tecnológico de Costa Rica	<1%
	Trabajo del estudiante	



FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA
DIVERSIDAD MICROBIANA EN EL SUELO RIZOSFÉRICO DE PAPA
NATIVA BAJO MANEJO ORGÁNICO Y CONVENCIONAL EN
HUANCAYO

Línea de Investigación:

Genética, bioquímica y biotecnología

Tesis para optar por el Título Profesional de Licenciado en Biología

Autora:

Romero Avila, Yolanda Madelein

Asesor Interno:

Nolasco Cárdenas, Oscar Patricio

ORCID: 0000-0002-5672-5516

Jurado:

Yupanqui Siccha, Gisela Francisca

Murrugarra Bringas, Victoria Ysabel

Cuya Briones, Miryan Rebeca

Lima - Perú

2025

ÍNDICE

RESUMEN.....	vi
ABSTRACT.....	vii
I. INTRODUCCIÓN.....	8
1.1 Descripción y formulación del problema.....	10
1.2 Antecedentes.....	11
1.3 Objetivos.....	13
1.4 Justificación	13
1.5 Hipótesis	15
II. MARCO TEÓRICO	16
2.1. Bases teóricas sobre el tema de investigación	16
2.1.1. <i>La rizósfera y su importancia en la agricultura</i>	16
2.1.2. <i>Diversidad microbiana en la rizósfera de la papa (Solanum tuberosum)</i>	16
2.1.3. <i>Diferencias entre sistemas de manejo orgánico y convencional</i>	18
2.1.4. <i>Técnicas de análisis de la microbiota rizosférica</i>	19
III. MÉTODO.....	21
3.1 Tipo de investigación.....	21
3.2 Ámbito temporal y espacial	21
3.3 Variables	22
3.4 Población y muestra.....	22
3.5 Instrumentos	22
3.5.1 <i>Instrumentos y materiales para el muestreo</i>	22
3.5.2 <i>Instrumentos para el análisis de laboratorio</i>	22
3.5.3 <i>Instrumentos para análisis bioinformático</i>	23
3.6 Procedimientos	23
3.6.1. <i>Muestreo de suelos y preservación de las muestras</i>	23
3.6.2. <i>Propiedades fisicoquímicos del suelo</i>	24
3.6.3. <i>Extracción de ADN</i>	25
3.6.4. <i>Cuantificación y evaluación de calidad del ADN</i>	25
3.6.5. <i>Amplificación por PCR y construcción de bibliotecas</i>	26

3.6.6. <i>Secuenciación del ADN de suelos</i>	26
3.6.7. <i>Procesamiento bioinformático y clasificación taxonómica</i>	27
3.7 <i>Análisis de datos</i>	28
3.8 <i>Consideraciones éticas</i>	29
IV. RESULTADOS.....	30
4.1 <i>Composición taxonómica de la microbiota del suelo rizosférico de papa nativa</i>	30
4.2 <i>Riqueza y estructura de las comunidades microbianas según el sistema de manejo</i>	32
4.3 <i>Parámetros físicoquímicos del suelo y su relación con la diversidad microbiana</i>	37
V. DISCUSIÓN.....	44
VI. CONCLUSIONES	54
VII. RECOMENDACIONES	55
VIII. REFERENCIAS	56
IV. ANEXOS.....	73
Anexo A. <i>Autorización del uso de datos por Instituto Nacional de Innovación Agraria</i>	73

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Resultados del PERMANOVA según diferentes distancias beta-diversidad	35
---	----

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Composición microbiana del suelo bajo manejo orgánico y convencional de la papa nativa Cacho de Toro.....	31
Figura 2. Curva de rarefacción de las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro	32
Figura 3. Alfa Diversidad de las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro	33
Figura 4. Gráficos de PCoA de la diversidad beta de las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro	34
Figura 5. Análisis del tamaño del efecto discriminante lineal (LEfSe) que muestra los géneros bacterianos más significativos que se diferencian entre las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro.	36
Figura 6. Comparación de parámetros fisicoquímicos del suelo en sistemas de manejo orgánico y convencional	38
Figura 7. Comparación de parámetros fisicoquímicos del suelo en sistemas de manejo orgánico y convencional.	39
Figura 8. Comparación de parámetros fisicoquímicos del suelo en sistemas de manejo orgánico y convencional	40
Figura 9. Análisis de correlación de Spearman entre géneros bacterianos y variables fisicoquímicas del suelo que resultaron significativamente diferentes según ANOVA, evaluadas por separado en suelos con manejo orgánico y tradicional	43

RESUMEN

La papa nativa (*Solanum tuberosum*) representa un cultivo estratégico en los Andes peruanos, cuya sostenibilidad depende de la salud del suelo y su microbiota rizosférica.

Objetivo: Evaluar y comparar la diversidad microbiana del suelo rizosférico bajo manejo orgánico y convencional en Huancayo (Junín). **Método:** Se recolectaron 14 muestras durante la floración; se extrajo ADN del suelo, se amplificó la región V3–V4 del gen 16S rRNA y se secuenció mediante Illumina MiSeq. El análisis se realizó en QIIME2 y RStudio, considerando diversidad alfa y beta, composición taxonómica, biomarcadores mediante LEfSe y su relación con variables fisicoquímicas. **Resultados:** Proteobacteria fue el filo dominante, más abundante en manejo orgánico. La riqueza microbiana fue mayor en suelos orgánicos ($p < 0.01$), sin diferencias en equitatividad. La diversidad beta mostró separación significativa entre ambos sistemas. LEfSe identificó a *Pseudomonas* y *Blrii41* como biomarcadores del manejo orgánico, y a *Roseiarcus*, *Dokdonella* y *Sphingomonas* en el manejo convencional. Los suelos convencionales presentaron mayores niveles de P, Ca, Zn y Cd, mientras que los orgánicos mostraron concentraciones superiores de Fe, Mo y Al, además de correlaciones específicas entre taxones y propiedades edáficas. **Conclusión:** El manejo agrícola influye de manera significativa en la diversidad y estructura de la microbiota rizosférica de la papa nativa y en su relación con la química del suelo, apoyando la adopción de prácticas agroecológicas para fortalecer la sostenibilidad de los sistemas andinos

Palabras clave: Papa nativa, Microbiota rizosférica, Manejo agrícola, Diversidad microbiana, Metabarcoding 16S rRNA.

ABSTRACT

The native potato (*Solanum tuberosum*) is a strategic crop in the Peruvian Andes, whose sustainability depends on soil health and its rhizospheric microbiota. **Objective:** To evaluate and compare the microbial diversity of the rhizospheric soil under organic and conventional management in Huancayo (Junín). **Method:** Fourteen samples were collected during the flowering stage; DNA was extracted from the soil, the V3–V4 region of the 16S rRNA gene was amplified, and sequencing was performed using Illumina MiSeq. Bioinformatic analyses were conducted in QIIME2 and RStudio, assessing alpha and beta diversity, taxonomic composition, differential biomarkers through LEfSe, and their relationship with physicochemical soil variables. **Results:** Proteobacteria was the dominant phylum and was more abundant under organic management. Microbial richness was higher in organic soils ($p < 0.01$), with no differences in evenness. Beta diversity showed a significant separation between both management systems. LEfSe identified *Pseudomonas* and *Blrii41* as biomarkers of organic management, while *Roseiarcus*, *Dokdonella*, and *Sphingomonas* were more representative of conventional management. Conventional soils exhibited higher levels of P, Ca, Zn, and Cd, whereas organic soils presented higher concentrations of Fe, Mo, and Al, along with specific correlations between bacterial taxa and soil properties. **Conclusion:** Agricultural management significantly influences the diversity and structure of the rhizospheric microbiota of native potato, as well as its relationship with soil chemistry, supporting the promotion of agroecological practices that enhance the sustainability of Andean production systems.

Keywords: Native potato, Rhizospheric microbiota, Agricultural management, Microbial diversity, 16S rRNA metabarcoding

I. INTRODUCCIÓN

El Perú es reconocido como el centro de origen de la papa (*Solanum* spp.), con una riqueza genética que abarca entre 2,800 y 3,300 variedades, pese a una clasificación taxonómica aún en debate (de Haan & Rodriguez, 2016; Spooner et al., 2014). Esta diversidad, desarrollada a lo largo de milenios en los Andes, refleja no solo una notable capacidad de adaptación a condiciones ambientales extremas, sino también una constante interacción genética con especies silvestres como *Solanum candolleanum* y *S. acaule*, que han contribuido significativamente al flujo génico entre papas cultivadas y silvestres (Jackson & Hanneman, 1999; Spooner et al., 2014). Esta dinámica evolutiva ha sido clave para la resiliencia del cultivo frente al cambio climático y otras perturbaciones, resaltando la importancia de comprender los sistemas agrícolas que mantienen esta diversidad biocultural (Brush, 2000; Zimmerer et al., 2020).

En regiones altoandinas como Huancayo, se cultivan más de 500 variedades de papa nativa (Agromercado – Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego, 2020), valoradas por su diversidad morfológica, así como por sus atributos agronómicos y nutricionales (Agromercado – Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego, 2025). Esta zona, ubicada en la región de Junín, es una de las principales áreas productoras del país, con más de 6,500 hectáreas destinadas a la papa nativa. El cultivo es desarrollado por comunidades campesinas que combinan prácticas agrícolas tradicionales con estrategias de articulación comercial moderna, respaldadas por iniciativas del MIDAGRI y otras instituciones que promueven su sostenibilidad (Agromercado – Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego, 2025).

Sin embargo, los suelos agrícolas de los Andes centrales presentan condiciones edafoclimáticas desafiantes, como acidez y escasa disponibilidad de nutrientes esenciales

como nitrógeno y fósforo, que limitan la fertilidad y la productividad agrícola (Zu et al., 2018). Estas limitaciones han impulsado un uso intensivo de fertilizantes químicos, cuya aplicación prolongada altera la microbiota del suelo, disminuyendo su diversidad y afectando grupos microbianos clave como Acidobacteria y Chloroflexi (Cai et al., 2017; Upadhayay et al., 2018). En contraste, se ha documentado que el uso de microorganismos beneficiosos —como bacterias fijadoras de nitrógeno o solubilizadoras de fósforo— representa una alternativa sostenible para mejorar la salud del suelo y la eficiencia productiva (Bargaz et al., 2018; Yadav et al., 2016).

A pesar de la importancia del cultivo de papa nativa en Huancayo, donde se concentra aproximadamente el 20 % de las 23,000 hectáreas sembradas en Junín (Agromercado – Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego, 2020), existe aún escasa evidencia científica sobre cómo los distintos tipos de manejo agrícola, en particular el orgánico y el convencional, influyen en la diversidad y composición microbiana del suelo rizosférico. Esta falta de información representa una limitación importante para el desarrollo de prácticas agrícolas que aseguren la sostenibilidad productiva y ecológica en los ecosistemas altoandinos.

En este contexto, el presente estudio tiene como objetivo caracterizar y comparar la diversidad microbiana del suelo rizosférico de la papa nativa bajo sistemas de manejo orgánico y convencional en Huancayo, mediante herramientas de metabarcoding. Los resultados permitirán evaluar las diferencias en la composición microbiana entre ambos sistemas agrícolas y generar evidencia útil para comprender la interacción entre las prácticas de manejo del suelo y la microbiota, con miras a fortalecer la sostenibilidad del cultivo de papa nativa en la región andina.

1.1 Descripción y formulación del problema

La papa nativa, en las comunidades altoandinas del Perú enfrenta desafíos derivados de las condiciones edafoclimáticas adversas propias de estas regiones, como la acidez del suelo y la baja disponibilidad de nutrientes. Para contrarrestar estas limitaciones, los agricultores han incrementado el uso de fertilizantes químicos, lo que ha generado impactos negativos sobre la microbiota del suelo, reduciendo su diversidad y alterando el equilibrio ecológico.

En Huancayo, una zona de gran importancia para el cultivo de papa nativa, coexisten principalmente dos distintos sistemas de manejo agrícola, el convencional y el orgánico. Sin embargo, existe una falta de evidencia científica que documente cómo estos tipos de manejo afectan la diversidad y composición de la microbiota rizosférica en estos cultivos. Este vacío de conocimiento limita la comprensión sobre la relación entre prácticas agrícolas y salud del suelo, lo cual es crítico para garantizar la sostenibilidad de los sistemas productivos altoandinos.

En resumen, el problema radica en la escasa información científica sobre el impacto de los distintos manejos agrícolas en la diversidad microbiana del suelo rizosférico de la papa nativa en Huancayo, lo que impide una toma de decisiones informada orientada a la sostenibilidad agrícola y la conservación de los ecosistemas microbianos del suelo.

Pregunta de investigación: ¿De qué manera difiere la diversidad y composición microbiana del suelo rizosférico de la papa nativa entre sistemas de manejo orgánico y convencional en Huancayo?

1.2 Antecedentes

La influencia del manejo agrícola en la diversidad microbiana de la rizósfera de la papa nativa es un factor clave en la sostenibilidad de este cultivo. Estudios previos han demostrado que la rizósfera de la papa está dominada por Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes, grupos involucrados en la disponibilidad de nutrientes y en la salud del suelo (Buchholz et al., 2021; Chen et al., 2022).

Hou et al. (2020) estudiaron la diversidad microbiana en la rizósfera de la papa a lo largo de su ciclo de crecimiento en condiciones de campo, encontrando cambios significativos en la estructura microbiana según la etapa fenológica del cultivo. Mediante secuenciación de amplicones del gen 16S de ácido ribonucleico ribosomal (16S rRNA), identificaron que los filos bacterianos más abundantes en la rizósfera fueron Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes. Se observó que la diversidad microbiana era mayor durante la etapa de floración y disminuía significativamente en la cosecha, lo que sugiere un efecto directo del crecimiento de la papa sobre la comunidad microbiana del suelo. Además, se encontró que factores físico-químicos como el pH, la actividad enzimática y la disponibilidad de nutrientes influenciaban la composición microbiana a lo largo del desarrollo del cultivo, demostrando la estrecha relación entre la microbiota del suelo y la fisiología de la papa.

Bak et al. (2024) analizaron la diversidad bacteriana en la rizósfera de la papa en tres regiones de Corea mediante secuenciación del gen 16S rRNA, identificando 10,139 Amplicon Sequence Variants (ASVs). Encontraron que Pyeongchang, la región con mayor rendimiento de papa, presentó una mayor diversidad bacteriana, con predominio de Propionibacteriales, Burkholderiales y Vicinamibacterales, grupos asociados a la promoción del crecimiento vegetal. En contraste, Gangneung, con menor producción, mostró una menor

diversidad bacteriana y una mayor presencia de Chitinophagales y Streptomycetales, relacionadas con suelos menos fértiles. Además, se observó una correlación positiva entre el rendimiento y la abundancia de ciertas bacterias promotoras del crecimiento, lo que sugiere su papel clave en la productividad del cultivo.

En el Perú, los estudios sobre la diversidad microbiana en la rizósfera de la papa cultivada en los Andes han revelado comunidades bacterianas dominadas por Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria, con variaciones en su estructura según el sitio de muestreo, la etapa de crecimiento del cultivo y las prácticas agrícolas utilizadas. Pfeiffer et al. (2017) analizaron la microbiota rizosférica en los distritos de Pazos (Huancavelica), Sincos y Sicaya (Junín), identificando un microbioma central compuesto por 40 Operational Taxonomic Units (OTUs) recurrentes en todos los sitios de muestreo, destacando géneros como *Bradyrhizobium* y *Sphingobium*, asociados a la promoción del crecimiento vegetal. Este estudio evidenció que la estructura comunitaria bacteriana varía según el sitio y la etapa de crecimiento, subrayando la importancia de la microbiota rizosférica en la adaptación de la papa a los ecosistemas agrícolas andinos y su potencial en la sostenibilidad del cultivo en estas regiones. De manera complementaria, García-Serquén et al. (2024) investigaron la diversidad bacteriana en suelos agrícolas del departamento de Huánuco bajo sistemas tradicionales de labranza, identificando que Pseudomonadota fue el filo predominante, seguido de Actinomycetota, Acidobacteriota y Bacteroidota. A nivel de género, *Bradyrhizobium*, *Pseudomonas*, *Rhodanobacter* y *Paraburkholderia* fueron los más abundantes, destacando su rol en la promoción del crecimiento vegetal. La coincidencia de géneros dominantes en Huancavelica, Junín y Huánuco sugiere la existencia de un microbioma central adaptado a las condiciones agroecológicas andinas. Estos resultados

resaltan la importancia de la microbiota rizosférica en la productividad y sostenibilidad del cultivo de papa en el Perú, y destacan la necesidad de continuar explorando su potencial para optimizar prácticas agrícolas sostenibles en los Andes peruanos (García-Serquén et al., 2024; Pfeiffer et al., 2017).

1.3 Objetivos

Objetivo General

Evaluar cuantitativamente y comparar la diversidad microbiana en el suelo rizosférico de la papa nativa bajo sistemas de manejo orgánico y convencional en la región de Huancayo.

Objetivos Específicos

Caracterizar la composición taxonómica de la microbiota en el suelo rizosférico de la papa nativa mediante técnicas de secuenciación de última generación.

Identificar la riqueza de especies y las variaciones en la composición de comunidades microbianas del suelo para analizar la diversidad microbiana en distintos sistemas de manejo en la región de Huancayo.

Explorar las diferencias en los parámetros fisicoquímicos del suelo entre sistemas de manejo orgánico y convencional, y analizar su relación con la diversidad microbiana

1.4 Justificación

Los suelos agrícolas andinos representan ecosistemas clave para la seguridad alimentaria y la sostenibilidad agrícola en el Perú (de Valença et al., 2017). Sin embargo, su manejo inadecuado y la intensificación agrícola han generado la degradación progresiva de estos suelos, afectando su fertilidad y productividad (Gutierrez et al., 2023).

La microbiota del suelo, en particular las bacterias, juega un papel esencial en el mantenimiento de la salud del suelo, la promoción del crecimiento vegetal y la estabilidad de

los agroecosistemas andinos (Sahu et al., 2019). No obstante, la alteración de las comunidades microbianas debido a la degradación del suelo puede disminuir la disponibilidad de nutrientes esenciales como nitrógeno y fósforo, afectando el rendimiento de cultivos fundamentales como la papa y el maíz, base de la seguridad alimentaria en los Andes (Visscher et al., 2024). Se ha demostrado que la microbiota del suelo puede ser modulada por diversos factores, como el tipo de labranza, el contenido de materia orgánica y las propiedades fisicoquímicas del suelo, influyendo directamente en la producción agrícola (Hartmann & Six, 2023; Q. Wang et al., 2024). La falta de estrategias de manejo sostenible del suelo no solo impacta la productividad agrícola, sino que también contribuye a la desertificación y pérdida de suelos fértiles, agravando los efectos del cambio climático y amenazando la seguridad alimentaria de las comunidades altoandinas (Barrera et al., 2021).

En el Perú, la caracterización de la diversidad bacteriana en suelos agrícolas andinos es aún incipiente. Investigaciones recientes han identificado la presencia de filos dominantes como Pseudomonadota, Actinomycetota y Acidobacteriota en suelos cultivados con papa en Huánuco, Huancavelica y Junín, resaltando el rol de géneros como *Bradyrhizobium* y *Sphingomonas* en la promoción del crecimiento vegetal y la protección contra patógenos (García-Serquén et al., 2024; Pfeiffer et al., 2017). Sin embargo, aún persisten vacíos en el conocimiento sobre cómo la composición bacteriana varía en función del manejo agrícola y su impacto en la funcionalidad del suelo a largo plazo.

Asimismo, este estudio se alinea con los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) de la Organización de las Naciones Unidas (ONU), particularmente con el ODS 2: Hambre Cero y el ODS 15: Vida de Ecosistemas Terrestres. Esta alineación se justifica en la medida en que la investigación genera conocimiento sobre la microbiota edáfica en sistemas

agrícolas andinos, el cual puede ser aplicado en el diseño de estrategias de manejo sostenible que favorezcan la productividad agrícola, la conservación de la biodiversidad del suelo y la resiliencia frente al cambio climático, contribuyendo así a metas establecidas en la Agenda 2030 (Organización de las Naciones Unidas, 2015).

Finalmente, esta investigación pretenderá generar información científica clave sobre la microbiota de suelos agrícolas andinos, facilitando su aplicación en programas de restauración y manejo agroecológico que contribuyan a la sostenibilidad de los sistemas agrícolas en el Perú.

1.5 Hipótesis

- ***Hipótesis nula***

Ho: No existen diferencias significativas en la diversidad microbiana del suelo rizosférico de la papa nativa entre los sistemas de manejo orgánico y convencional en la región de Huancayo.

- ***Hipótesis alterna***

Ha: Existen diferencias significativas en la diversidad microbiana del suelo rizosférico de la papa nativa entre los sistemas de manejo orgánico y convencional en la región de Huancayo.

II. MARCO TEÓRICO

2.1. Bases teóricas sobre el tema de investigación

2.1.1. La rizósfera y su importancia en la agricultura

La rizósfera es la región del suelo que rodea las raíces de las plantas, caracterizada por una alta densidad microbiana y una intensa actividad bioquímica influenciada por la exudación de compuestos orgánicos por parte de las raíces. Estos exudados regulan la composición microbiana en la rizósfera, afectando directamente la nutrición y el desarrollo vegetal (Fasusi et al., 2021; Prashar et al., 2014).

Los microorganismos presentes en la rizósfera mejoran la absorción de nutrientes y aumentan la tolerancia de las plantas a factores de estrés biótico y abiótico (Khan et al., 2021). Destacan las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), como *Rhizobium*, *Bacillus* y *Pseudomonas*, que contribuyen mediante la fijación biológica de nitrógeno, la solubilización de fósforo y la producción de fitohormonas, promoviendo un crecimiento saludable de las plantas (Fasusi et al., 2021).

En el ámbito agrícola, la rizósfera facilita la movilización de nutrientes esenciales como nitrógeno (N), fósforo (P) y potasio (K), optimizando la disponibilidad de estos elementos y reduciendo la dependencia de fertilizantes químicos (Sindhu et al., 2022). Además, algunos microorganismos rizosféricos funcionan como barrera natural contra fitopatógenos, produciendo compuestos antimicrobianos que mejoran la sanidad vegetal (Benaissa, 2024), contribuyendo así a una agricultura más sostenible y eficiente.

2.1.2. Diversidad microbiana en la rizósfera de la papa (*Solanum tuberosum*)

La rizósfera de la papa (*Solanum tuberosum*) alberga una comunidad microbiana diversa y dinámica, compuesta por bacterias, hongos, actinomicetos y protozoos, que cumplen funciones fundamentales en la disponibilidad de nutrientes, el crecimiento vegetal

y la protección contra patógenos (Hou et al., 2020). Esta comunidad microbiana está influenciada por factores como el crecimiento de la planta, las características del suelo y las condiciones climáticas, lo que genera variaciones en su estructura a lo largo del ciclo de vida del cultivo (Dastogeer et al., 2020). A medida que la planta madura, los exudados de las raíces modifican la composición microbiana, promoviendo la proliferación de microorganismos específicos que pueden mejorar la nutrición y la resistencia a enfermedades (Hou et al., 2020).

A nivel taxonómico, las bacterias predominantes en la rizósfera de la papa incluyen Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Gemmatimonadetes y Acidobacteria (Chen et al., 2022; Hou et al., 2020). Durante el desarrollo de la planta, estas comunidades experimentan fluctuaciones notables: Bacteroidetes se asocia con el ciclo del nitrógeno en la etapa de plántula, mientras que Gemmatimonadetes y Chloroflexi aumentan durante la floración, probablemente por su rol en la degradación de materia orgánica. Al finalizar el ciclo del cultivo, Acidobacteria y Saccharibacteria proliferan, indicando su participación en la descomposición de compuestos liberados por las raíces en descomposición (Hou et al., 2020).

La comunidad fúngica también muestra una dinámica compleja, dominada por los filos Ascomycota y Basidiomycota (Gao et al., 2019). Ascomycota predomina en las etapas iniciales, mientras que Basidiomycota aumenta en fases posteriores, reflejando su especialización en la degradación de compuestos orgánicos complejos. Además, las propiedades fisicoquímicas del suelo, como el pH, el contenido de nitrógeno y la disponibilidad de fósforo y potasio, influyen significativamente en la estructura de estas comunidades microbianas (Y. Zhang et al., 2017). La acidificación progresiva del suelo

durante el ciclo de cultivo de la papa puede reducir la abundancia de algunos grupos microbianos, mientras que otros proliferan en respuesta a estos cambios, afectando directamente la salud del cultivo y su productividad (Hou et al., 2020).

2.1.3. Diferencias entre sistemas de manejo orgánico y convencional

La agricultura orgánica utiliza métodos naturales como la rotación de cultivos, abonos orgánicos y control biológico de plagas, evitando el uso de fertilizantes y pesticidas sintéticos (Gomiero, 2018). En cambio, la agricultura convencional depende del uso intensivo de agroquímicos para maximizar los rendimientos y controlar enfermedades y malezas (Azarbad, 2022). Estas diferencias en el manejo afectan la estructura y fertilidad del suelo, ya que el manejo orgánico fomenta interacciones biológicas que mejoran la disponibilidad de nutrientes, mientras que el manejo convencional, al usar altas cantidades de fertilizantes nitrogenados y pesticidas, puede degradar la biodiversidad microbiana, afectando filos clave como Acidobacteria y Chloroflexi, esenciales para el ciclo del carbono y la salud del suelo (Azarbad, 2022; Montgomery & Biklé, 2021).

En términos de productividad, los cultivos orgánicos tienden a rendir entre un 20 % y 30 % menos que los convencionales debido a la menor disponibilidad de nitrógeno y la ausencia de pesticidas de alta eficacia, aunque en condiciones de sequía presentan una mayor capacidad de retención de agua, lo que estabiliza los rendimientos a largo plazo (Abdallah et al., 2021; Fess & Benedito, 2018). Además, se ha demostrado que la agricultura convencional aumenta el rendimiento por hectárea mediante el uso intensivo de insumos químicos, pero con un costo ambiental significativo, incluyendo la reducción de la diversidad microbiana y mayor degradación del suelo (Azarbad, 2022). Sin embargo, en el manejo orgánico, aunque el rendimiento inicial puede ser menor, este puede incrementarse

progresivamente debido a la mejora en la fertilidad del suelo y el restablecimiento del equilibrio ecológico (Schrama et al., 2018).

Desde una perspectiva ambiental, la agricultura orgánica está asociada con una menor contaminación del agua y los suelos, evitando el uso de fertilizantes sintéticos que pueden provocar eutrofización. En contraste, la agricultura convencional genera preocupación por la acumulación de residuos tóxicos y la resistencia en plagas debido al uso intensivo de pesticidas (Rashmi et al., 2020; Rasool et al., 2022). Además, aunque los agroquímicos en convencional permiten un control más eficiente de malezas y patógenos, también degradan la microbiota edáfica y reducen la calidad del suelo (Gomiero, 2018). En cuanto a la calidad nutricional, los cultivos orgánicos contienen menos residuos de pesticidas y mayores concentraciones de fitoquímicos antioxidantes (Rashmi et al., 2020).

2.1.4. Técnicas de análisis de la microbiota rizosférica

El análisis de la microbiota rizosférica se basa en la extracción de ADN y la secuenciación de alto rendimiento (NGS), herramientas fundamentales para caracterizar la composición taxonómica y funcional de las comunidades microbianas. La extracción de ADN es un paso crítico, ya que la cantidad y pureza del ADN afectan directamente la precisión de la identificación taxonómica (Francioli et al., 2021). Sin embargo, la complejidad de la matriz del suelo, incluyendo inhibidores como ácidos húmicos y polifenoles, puede dificultar la eficiencia de extracción y amplificación de ADN mediante PCR (Tartaglia et al., 2020). Para superar estos desafíos, se utilizan métodos de extracción directa para obtener ADN total de la comunidad microbiana, y extracción indirecta para reducir la contaminación con inhibidores, aunque con un potencial sesgo en la recuperación de microorganismos con paredes celulares resistentes (Delmont et al., 2011).

La amplificación de ADN se realiza mediante PCR para caracterizar taxonómicamente la comunidad microbiana presente. Para bacterias, el gen 16S rRNA (regiones V3-V4) es el marcador más utilizado, mientras que, para hongos, se emplea la región ITS (Tekpinar & Kalmer, 2019). La secuenciación masiva se efectúa mediante Illumina MiSeq, que ofrece alta precisión y profundidad de lectura, permitiendo analizar la composición y estructura microbiana de manera eficiente (Wydro, 2022). El flujo de trabajo incluye la preparación de librerías, la adición de adaptadores y etiquetas moleculares (barcodes) y la secuenciación en plataforma Illumina MiSeq con lecturas pareadas de 2x300 pb, lo cual asegura una cobertura completa de las regiones génicas de interés (Wydro, 2022).

El análisis bioinformático de las secuencias se realiza utilizando herramientas como QIIME2, DADA2 y Mothur, que permiten identificar Variantes de Secuencia del Amplicón (ASVs), proporcionando una resolución taxonómica precisa (Abellan-Schneyder et al., 2021). La asignación taxonómica se efectúa mediante la comparación con bases de datos especializadas, como SILVA para bacterias y UNITE para hongos, utilizando algoritmos de alineamiento y clasificación filogenética. Posteriormente, se calcula la diversidad alfa (riqueza y equitatividad de especies) y beta (índices de Bray-Curtis y UniFrac), lo que permite evaluar las diferencias en la composición microbiana (Xia & Sun, 2023). A pesar de su alta precisión, las técnicas de metabarcoding enfrentan desafíos metodológicos como sesgos en la extracción de ADN y amplificación por PCR, lo que puede influir en la representación de la comunidad microbiana detectada (Hong et al., 2024).

III. MÉTODO

3.1 Tipo de investigación

El presente estudio es una investigación básica que tiene como objeto de estudio la diversidad microbiana del suelo rizosférico de la papa nativa bajo manejo orgánico y convencional en Huancayo, utilizando técnicas de metabarcoding del gen 16S rRNA para la identificación de comunidades bacterianas.

Asimismo, se trata de una investigación transversal, dado que la recolección de datos se realizará en un único momento del ciclo de cultivo. Este enfoque permitirá comparar la composición microbiana en ambos sistemas de manejo y evaluar las diferencias en la estructura de la microbiota rizosférica.

El estudio tiene un carácter descriptivo-comparativo, y cuantitativa, dado que se emplearán herramientas estadísticas para comparar la diversidad microbiana entre los dos grupos agronómicos; manejo orgánico y convencional. Los resultados contribuirán a una mejor comprensión de los efectos del manejo agrícola sobre la microbiota del suelo, sentando las bases para futuras estrategias de manejo sostenible en cultivos andinos.

3.2 Ámbito temporal y espacial

El muestreo de los suelos rizosféricos se llevó a cabo en cultivos de papa nativa en la región de Huancayo, Perú. Las muestras fueron trasladadas a la ciudad de Lima, donde el procesamiento y análisis del ADN del suelo rizosférico microbiano se realizaron en el Laboratorio de Biología Molecular del Laboratorio de Cambio Climático del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). La extracción de ADN se llevó a cabo en este laboratorio, asegurando condiciones óptimas para la preservación y análisis de la microbiota del suelo rizosférica.

3.3 Variables

- ***Variable independiente:***

Tipo de manejo agrícola, manejo orgánico y convencional.

Parámetros fisicoquímicos entre suelos con manejo orgánico y convencional.

- ***Variable dependiente:***

Diversidad microbiana de la rizósfera en los dos tipos de manejo agrícola.

3.4 Población y muestra

La población de estudio estuvo conformada por el suelo rizosférico de cultivos de papa nativa en la región de Huancayo, bajo dos sistemas de manejo agrícola: orgánico y convencional. Se tomaron un total de 14 muestras de suelo rizosférico, de las cuales 7 correspondieron a suelos bajo manejo orgánico y 7 a suelos bajo manejo convencional. Las muestras fueron recolectadas en zonas representativas de cada sistema de manejo.

3.5 Instrumentos

3.5.1 Instrumentos y materiales para el muestreo

- 14 tubos bolsas estériles.

3.5.2 Instrumentos para el análisis de laboratorio

Para el procesamiento de las muestras de suelo hasta la obtención del DNA se emplearon:

- Materiales de laboratorio:

Se emplearon seis cucharillas de acero inoxidable, seis morteros con pilón de cerámica, catorce tubos cónicos de 30 ml, microtubos de 1,5 ml y 2 ml, puntas para micropipetas de 10 µl, 200 µl y 1000 µl, y soportes para microtubos.

- Equipos e instrumentos de laboratorio:

Refrigeradora (Samsung Corea del Sur), Micropipetas de 10 μ l, 200 μ l y 1000 μ l (Eppendorf, Alemania), Vortex Mixer (Benchmark Scientific, USA), mini centrifuga (Cleaver Scientific, Reino Unido), microcentrífuga digital (Hettich, Alemania), Thermoblock (Eppendorf, Alemania), Termociclador de PCR (Thermo Fisher, USA), Cámara de electroforesis (Beijing JUNYI electrophoresis Co., Ltd., China) y Software AIDA del fotodocumentador de electroforesis (SmartView Pro-1100 Imagen System), Espectrofotómetro Nanodrop (NanoDrop Technologies, Wilmington, DE, USA) y Fluorómetro Quantus TM (Promega, EE. UU.).

3.5.3 Instrumentos para análisis bioinformático

Para el análisis del DNA obtenido a partir de los suelos se requirió:

- Servicio de secuenciación con la plataforma Illumina MiSeq, realizado por la compañía Novogene (Sacramento, CA, USA).
- Servicio de lenguaje de programación para análisis estadístico del software Linux y RStudio (RStudio Team, 2020).
- Servicios bioinformáticos de acceso libre: paquetes bioinformáticos útiles para predecir ASVs como QIIME2-DADA2 (Callahan et al., 2016) en Linux y bases de datos de referencia como SILVA (Pruesse et al., 2007). Y otros, que se detallaron en procedimientos.

3.6 Procedimientos

3.6.1. Muestreo de suelos y preservación de las muestras

El experimento de campo se llevó a cabo en 2021 en el distrito de Huancayo, Perú, ubicado a una altitud aproximada de 2800 a 3700 msnm. Se seleccionaron dos sistemas de

manejo agrícola: uno bajo manejo orgánico y otro bajo manejo convencional. En ambos sistemas se cultivó la variedad de papa Cacho de Toro.

Las muestras de suelo rizosférico fueron recolectadas durante la fase de floración del cultivo. Para ello, se excavaron cuidadosamente las plantas seleccionadas, y el suelo adherido a la raíz (a 1-5 mm de la superficie radicular) fue retirado con pinzas y un cepillo estéril.

Las muestras de suelo rizosférico se recolectaron por triplicado en cada sistema de manejo agrícola (orgánico y convencional), obteniendo un total de catorce muestras. Se definieron dos tipos de suelo en función del sistema de manejo: suelo rizosférico bajo manejo convencional y suelo rizosférico bajo manejo orgánico.

Todas las muestras fueron recolectadas por personal profesional del INIA, almacenadas en bolsas de plástico estériles y transportadas en una hielera al Laboratorio de Biología Molecular del Laboratorio de Cambio Climático del INIA - Sede Central, donde fueron procesadas para la extracción de ADN. Antes del análisis molecular, las muestras fueron tamizadas a 2 mm y almacenadas a -80 °C hasta su posterior procesamiento.

3.6.2. Propiedades fisicoquímicas del suelo

Los análisis físico-químicos del suelo se realizaron en el Laboratorio de Servicios Analíticos del INIA (LABSAF) en la Sede Central, donde se determinaron los siguientes parámetros: pH, conductividad eléctrica (CE), contenido de carbono orgánico (CO), materia orgánica (MO), nitrógeno total (NT), fósforo disponible (Pd), potasio disponible (Kd), cationes intercambiables (Ca, Mg, K, Na), aluminio intercambiable (Al), capacidad de intercambio catiónico (CIC), bases intercambiables (Be), porcentaje de saturación de bases (V), así como la presencia y concentración de metales y micronutrientes.

Entre los micronutrientes evaluados se analizaron cobre (Cu), hierro (Fe), manganeso (Mn) y zinc (Zn), mientras que en la fracción de metales totales se cuantificaron aluminio (Al), bario (Ba), cadmio (Cd), calcio (Ca), cobalto (Co), cromo (Cr), estroncio (Sr), molibdeno (Mo), níquel (Ni), plomo (Pb), sodio (Na) y arsénico (As). Adicionalmente, se realizó un análisis de fertilidad que incluyó la determinación de materia orgánica, nitrógeno-materia orgánica, fósforo y potasio disponible, así como la textura del suelo. Todos los análisis fueron realizados por el equipo técnico del LABSAF-INIA, conforme a los protocolos establecidos por la institución y siguiendo estándares internacionales para la evaluación de suelos agrícolas.

3.6.3. Extracción de ADN

La extracción de ADN fue realizada por personal técnico del INIA a partir de 250 mg de muestra de suelo rizosférico, procesados en tres repeticiones, utilizando el kit PowerSoil® (MO Bio Labs, Carlsbad, CA, EE. UU.), siguiendo las indicaciones del fabricante. El procedimiento se llevó a cabo bajo condiciones asépticas para evitar contaminaciones cruzadas. El ADN extraído fue almacenado a -20 °C hasta su posterior análisis. La verificación de la integridad del ADN se realizó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1%, empleando buffer TBE 1X. Se cargaron 4 µL de ADN por muestra junto con 1 µL de marcador de peso molecular (DNA Ladder 1Kb). La corrida se efectuó a 120V durante 15 minutos y la visualización se llevó a cabo en un fotodocumentador de luz UV, utilizando tinción con SYBR Green.

3.6.4. Cuantificación y evaluación de calidad del ADN

La concentración y calidad del ADN extraído fueron evaluadas por personal técnico del INIA empleando dos métodos complementarios de cuantificación: fluorometría y

espectrofotometría. En el primer caso, se utilizó el Fluorómetro Qubit® 3.0 (Invitrogen, Life Technologies, Carlsbad, CA, EE. UU.), aplicando el kit Qubit™ dsDNA BR Assay Kit, el cual permite la cuantificación precisa del ADN de doble cadena en solución. En cuanto a la espectrofotometría, la concentración y pureza del ADN fueron determinadas mediante NanoDrop ND-1000 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, EE. UU.), evaluando la relación de absorbancia 260/280 nm para estimar la pureza proteica.

3.6.5. Amplificación por PCR y construcción de bibliotecas

La amplificación por PCR y la construcción de bibliotecas de secuenciación fueron realizadas por el equipo técnico del INIA. Para ello, se amplificó la región V3-V4 del gen 16S rRNA utilizando el par de cebadores universales 341F/805R. El protocolo de amplificación incluyó una desnaturalización inicial a 98 °C durante 1 minuto, seguida de 30 ciclos consistentes en desnaturalización a 98 °C durante 10 s, hibridación a 50 °C durante 30 s y extensión a 72 °C durante 30 s, finalizando con una extensión a 72 °C durante 5 minutos. Las bibliotecas generadas fueron verificadas en gel de agarosa al 1% y posteriormente enviadas para secuenciación a través de la plataforma Illumina MiSeq..

3.6.6. Secuenciación del ADN de suelos

La amplificación y secuenciación del ADN de suelos fueron realizadas por la empresa Novogene (Sacramento, CA, EE. UU.), utilizando la plataforma MiSeq (Illumina) y la región hipervariable V3–V4 del gen 16S rRNA. Los amplicones obtenidos, de aproximadamente 460 pb de longitud, fueron generados mediante la amplificación con los cebadores Illumina_16S_341F (5'-TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCCTACG GGNGGCWGCAG-3') e Illumina_16S_805R (5'-GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC-3'). La empresa

Novogene llevó a cabo la verificación del tamaño de los fragmentos amplificados mediante un bioanalizador Agilent Technologies 2100 con un chip DNA 1000 y posteriormente realizó la secuenciación en una corrida de extremos emparejados de 2×300 pb utilizando el kit MiSeq Reagent Kit v3 (MS-102-3001), siguiendo los protocolos establecidos por el fabricante (Illumina, San Diego, CA, EE. UU.). Los datos de secuenciación fueron entregados en formato fastq, con archivos correspondientes a las secuencias Forward y Reverse de cada muestra.

3.6.7. Procesamiento bioinformático y clasificación taxonómica

A todos los archivos FASTQ de secuenciación emparejada se les aplicó un control de calidad previo en un entorno Linux, utilizando FastQC v0.11.9 para evaluar los valores de Phred y verificar la ausencia de adaptadores. Los resultados fueron consolidados mediante MultiQC para una evaluación global de los parámetros de calidad.

Posteriormente, los reads emparejados, previamente desmultiplexados por Illumina, fueron procesados en Qiime2 v2023.9 utilizando el pipeline DADA2 para la inferencia de Amplicon Sequence Variants (ASVs). Se aplicaron criterios de filtrado para optimizar la calidad de las secuencias, estableciendo un recorte de longitud de 200 pb en las lecturas forward y 210 pb en las reverse ($\text{truncLen} = c(200, 210)$), excluyendo secuencias con bases ambiguas ($\text{maxN} = 0$), descartando aquellas con valores de calidad truncados por debajo de Q2 ($\text{truncQ} = 2$) y estableciendo un umbral máximo de errores esperados de 2 por lectura ($\text{maxEE} = c(2, 2)$). Asimismo, se eliminaron secuencias con una longitud menor a 200 pb para garantizar la fidelidad de los datos analizados.

Tras la filtración, se construyó un modelo de error basado en la calidad de las secuencias y la distribución de errores observados, lo que permitió mejorar la inferencia

precisa de los ASVs. Se aplicó un proceso de eliminación de quimeras mediante la función `removeBimeraDenovo`, reduciendo su presencia en el conjunto de datos y refinando la exactitud de las secuencias finales.

La asignación taxonómica se realizó utilizando la base de datos SILVA v138.1, optimizada para secuencias 16S rRNA, y se eliminaron taxones no deseados como Cyanobacteria/Chloroplasts. Posteriormente, las secuencias de alta calidad fueron alineadas con MAFFT, y se generaron árboles filogenéticos enraizados y no enraizados mediante el algoritmo FastTree, integrado en QIIME2.

Finalmente, los datos procesados fueron exportados a RStudio v4.4.0, generando un objeto `phyloseq`, compuesto por: OTU Table: [2073 taxa y 14 muestras], Sample Data: [14 muestras con 42 variables], Taxonomy Table: [2073 taxa en 7 niveles taxonómicos] y Phylogenetic Tree: [2073 tips y 2055 nodos internos]

3.7 Análisis de datos

El análisis de diversidad microbiana se realizó en RStudio v4.4.0, utilizando los paquetes Microeco v.1.12.0, MicrobiotaProcess v.1.16.0, Vegan v.2.6-4, Phyloseq v.1.48.0 y qiime2R v.0.99.6.

Para la estimación de diversidad alfa, se realizó una rarefacción por mínimo tamaño de muestra (min sample size) empleando el paquete Vegan, con el objetivo de estandarizar la profundidad de secuenciación entre muestras. A partir del objeto rarefactado, se calcularon los índices Chao1 (riqueza estimada), Shannon y Simpson (diversidad y equitatividad) mediante el paquete Microeco, visualizando los resultados a través de diagramas de caja.

La diversidad beta se evaluó sin rarefacción utilizando el paquete MicrobiotaProcess, aplicando un Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) con el índice de disimilitud Bray-

Curtis para visualizar patrones de agrupación en función del manejo agrícola. Para determinar diferencias significativas en la estructura de la comunidad microbiana entre los sistemas de manejo orgánico y convencional, se aplicó una prueba de PERMANOVA mediante la función `adonis2` del paquete `Vegan`.

La composición taxonómica de la microbiota rizosférica se determinó con el paquete `Microeco`, obteniendo la abundancia relativa de los taxones a nivel de phylum, familia y los 20 géneros más representativos. Adicionalmente, se identificaron biomarcadores diferenciales entre los sistemas de manejo agrícola mediante el análisis `LefSe` (Linear Discriminant Analysis Effect Size), implementado en `Microeco`.

El análisis de los parámetros fisicoquímicos del suelo se realizó mediante un ANOVA en `Microeco`, con el objetivo de evaluar diferencias significativas entre los sistemas de manejo. Posteriormente, se aplicó una correlación de Spearman para explorar la relación entre los parámetros fisicoquímicos y la diversidad microbiana bajo diferentes condiciones de manejo. Asimismo, se analizó la correlación entre la diversidad alfa y las propiedades fisicoquímicas del suelo utilizando el paquete `Microeco`.

Finalmente, se realizó un Análisis de Correspondencia Canónica (CCA) en `Microeco` para evaluar la influencia de los parámetros fisicoquímicos sobre la composición microbiana de la rizósfera. Este análisis permitió establecer relaciones directas entre los taxones microbianos predominantes y las características edáficas bajo manejo orgánico y convencional.

3.8 Consideraciones éticas

La investigación se llevó a cabo en el marco de las actividades del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA).

IV. RESULTADOS

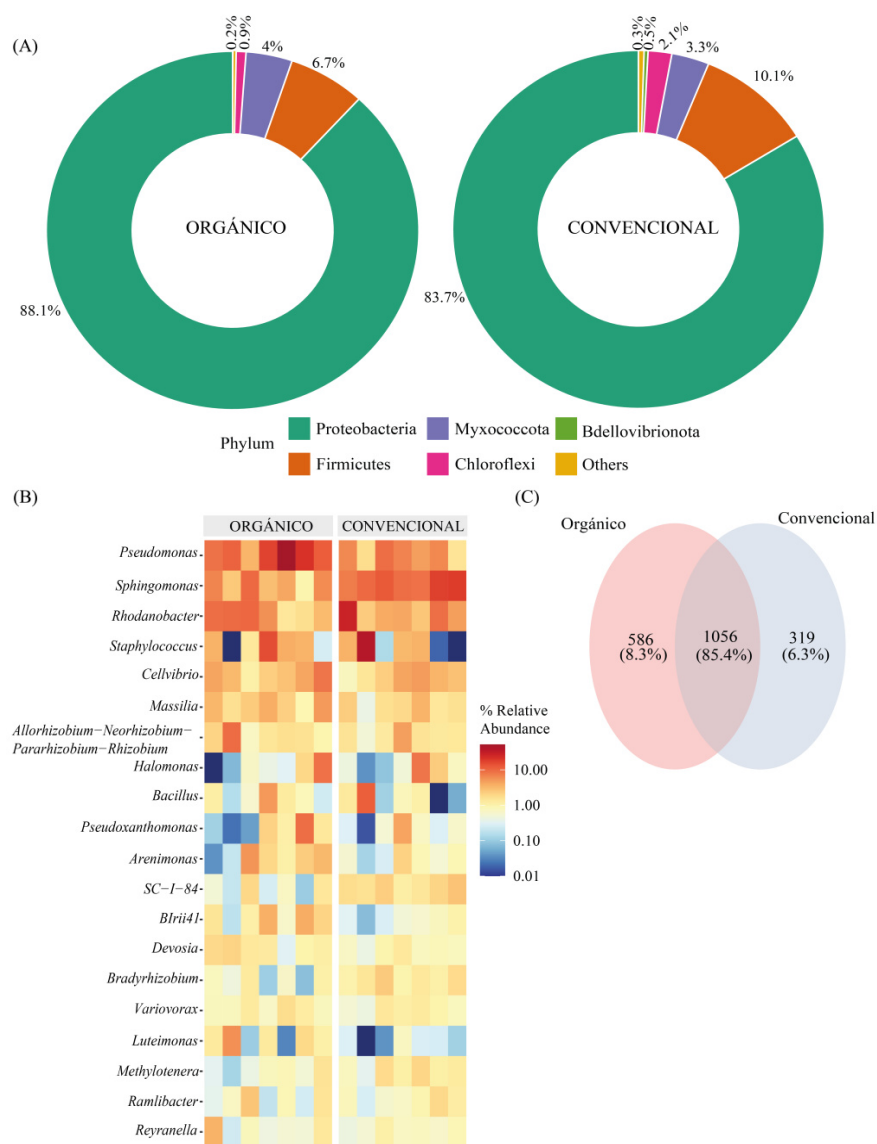
4.1 Composición taxonómica de la microbiota del suelo rizosférico de papa nativa

La Figura 1 muestra la composición taxonómica de las comunidades bacterianas del suelo bajo manejo orgánico y convencional en cultivos de papa nativa. En ambos sistemas, el filo dominante es Proteobacteria, con una mayor proporción en el manejo orgánico (88.1%) en comparación con el convencional (83.7%). Firmicutes se encuentra en mayor abundancia en el manejo convencional (10.1%) frente al orgánico (6.7%). Por su parte, Myxococcota presenta una proporción similar en ambos manejos (4%), mientras que Chloroflexi es más abundante en el convencional (2.1%) que en el orgánico (0.9%). Bdellovibrionota está presente únicamente en el manejo convencional (0.5%), y los demás filos agrupados como “otros” representan el 0.2% en el manejo orgánico y el 0.3% en el convencional.

El heatmap muestra la abundancia relativa de los 25 géneros bacterianos más representativos en los suelos con manejo orgánico y convencional. Se observa que géneros como los cinco géneros con mayor presencia son *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Rhodanobacter*, *Staphylococcus* y *Cellvibrio* tanto para orgánico y convencional. Finalmente, el diagrama de Venn revela que ambos manejos comparten el 85.4% de los ASVs detectados, aunque el manejo orgánico presenta una mayor proporción de ASVs exclusivos (8.3%) en comparación con el convencional (6.3%).

Figura 1.

Composición microbiana del suelo bajo manejo orgánico y convencional de la papa nativa Cacho de Toro. (A) Distribución relativa de los principales filos bacterianos. (B) Heatmap de la abundancia relativa de los 25 géneros bacterianos más representativos en ambos manejos. (C) Diagrama de Venn que muestra el número de ASVs compartidos y exclusivos entre los dos sistemas de manejo.

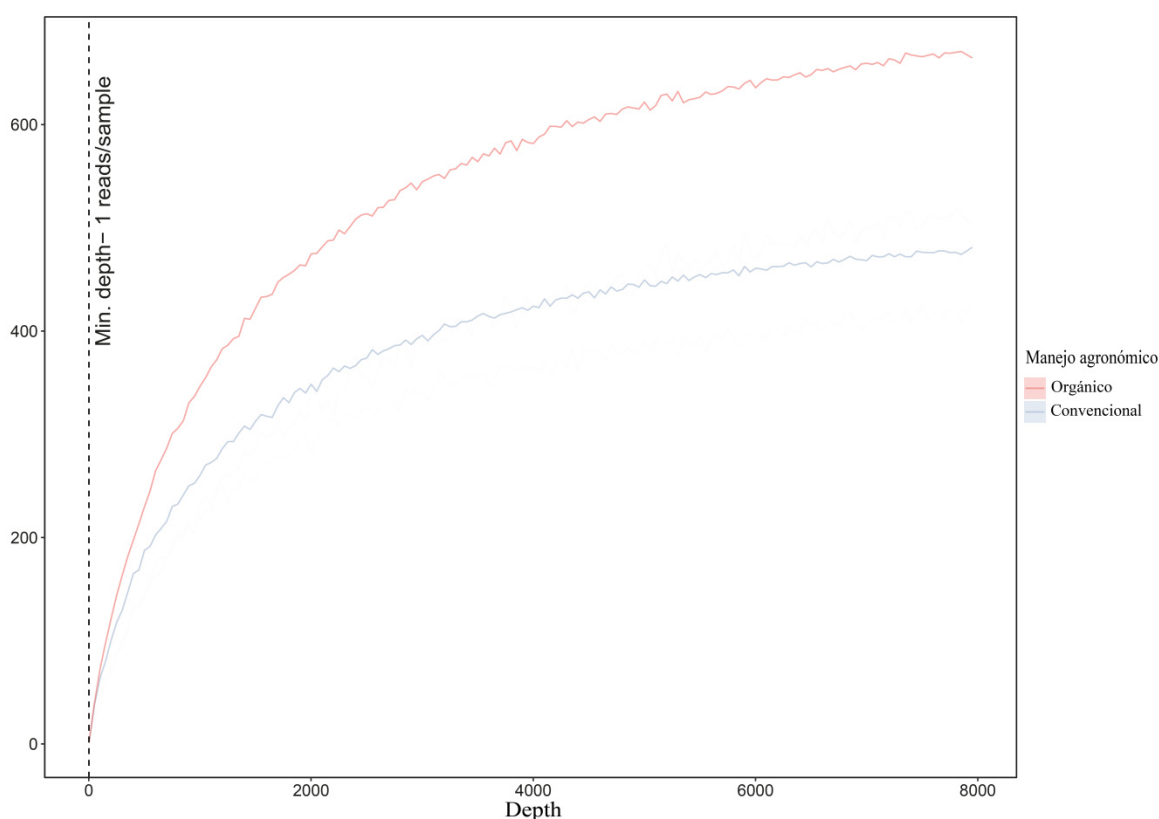


4.2 Riqueza y estructura de las comunidades microbianas según el sistema de manejo

La curva de rarefacción muestra la riqueza de especies observada en función de la profundidad de secuenciación para los suelos con manejo orgánico y convencional presentadas en la Figura 2. Ambas curvas tienden a estabilizarse conforme aumenta el número de lecturas, lo que indica que la profundidad de secuenciación fue suficiente para captar la mayor parte de la diversidad microbiana presente.

Figura 2.

Curva de rarefacción de las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro.

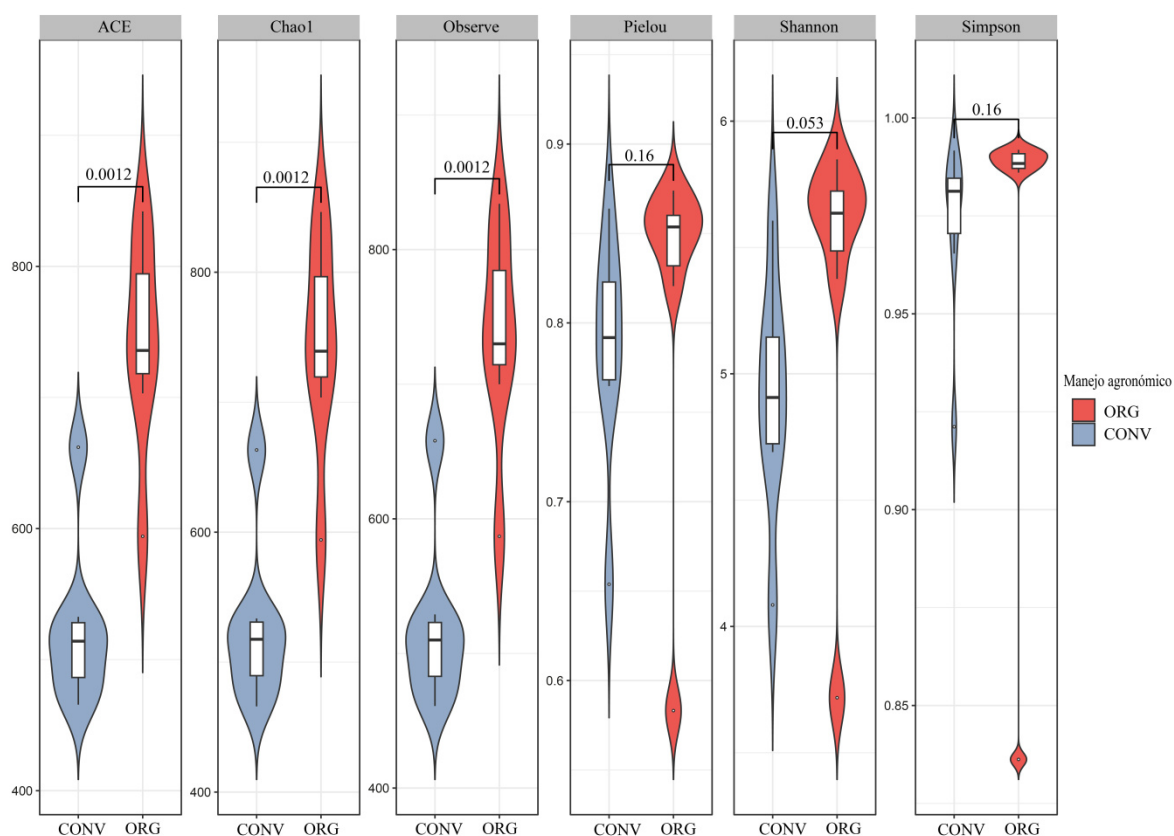


La Figura 3 muestra los índices de diversidad alfa comparando los suelos con manejo orgánico y convencional. Los estimadores de riqueza (ACE, Chao1 y Observed) presentan

valores significativamente mayores en el manejo orgánico ($p = 0.0012$), lo que indica una mayor cantidad de taxones detectados en este tipo de suelo. Por otro lado, los índices que consideran equidad y dominancia (Pielou, Shannon y Simpson) no presentan diferencias estadísticamente significativas entre los tratamientos ($p > 0.05$), aunque el índice de Shannon muestra una diferencia marginal ($p = 0.053$) a favor del manejo orgánico.

Figura 3.

Alfa Diversidad de las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro.



La Figura 4 presenta el análisis de coordenadas principales (PCoA) de la diversidad beta de las comunidades microbianas del suelo bajo manejo orgánico y convencional en cultivos de papa nativa (var. Cacho de Toro), empleando las métricas Bray-Curtis, Jaccard,

Unifrac y Weighted Unifrac. En todos los casos se observa una clara diferenciación en la composición microbiana entre ambos tipos de manejo, evidenciada por la separación espacial de las muestras en los ejes principales. Esta diferenciación fue estadísticamente significativa según el análisis PERMANOVA, con valores de p de 0.0006 para Bray-Curtis, Jaccard y Unifrac, y de 0.0039 para Weighted Unifrac (Tabla 1).

Figura 4.

Gráficos de PCoA de la diversidad beta de las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro. A) Bray-Curtis B) Jaccard C) Unifrac D) Weighted Unifrac.

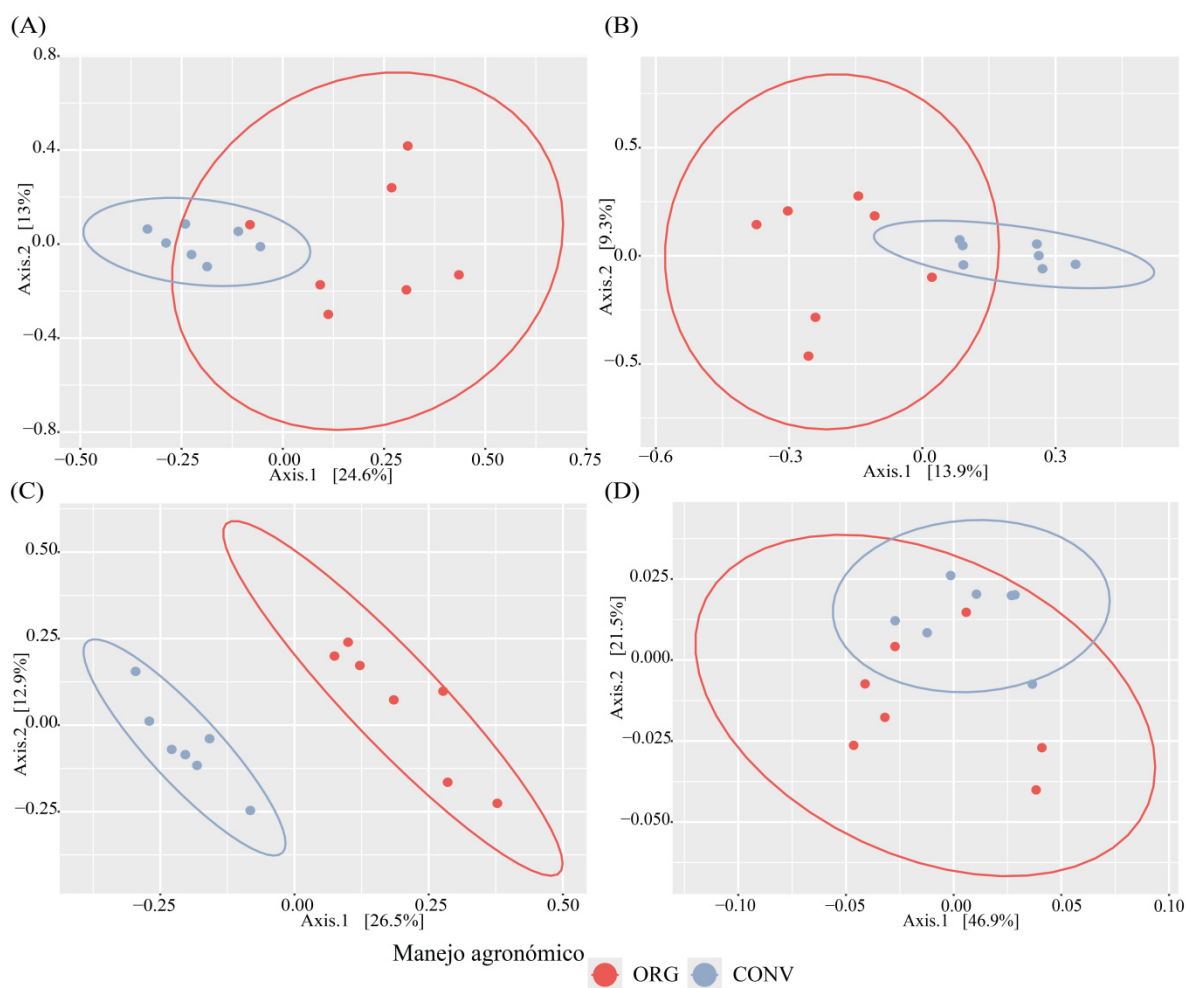


Tabla 1.*Resultados del PERMANOVA según diferentes distancias beta-diversidad*

Unifrac					
	Df	SumOfSqs	R2	F	p-value
Manejo agronómico	1	0.62523	0.24198	3.8306	0.00006
Residual	12	1.95864	0.75802		
Total	13	2.58387	1		
Weighted Unifrac					
Manejo agronómico	1	0.0040962	0.18993	2.8135	0.0039
Residual	12	0.0174712	0.81007		
Total	13	0.0215675	1		
Bray-Curtis					
Manejo agronómico	1	0.70275	0.26435	4.3122	0.00006
Residual	12	1.95562	0.73565		
Total	13	2.65837	1		
Jaccard					
Manejo agronómico	1	0.7429	0.15177	2.147	0.00006
Residual	12	4.1521	0.84823		
Total	13	4.895	1		

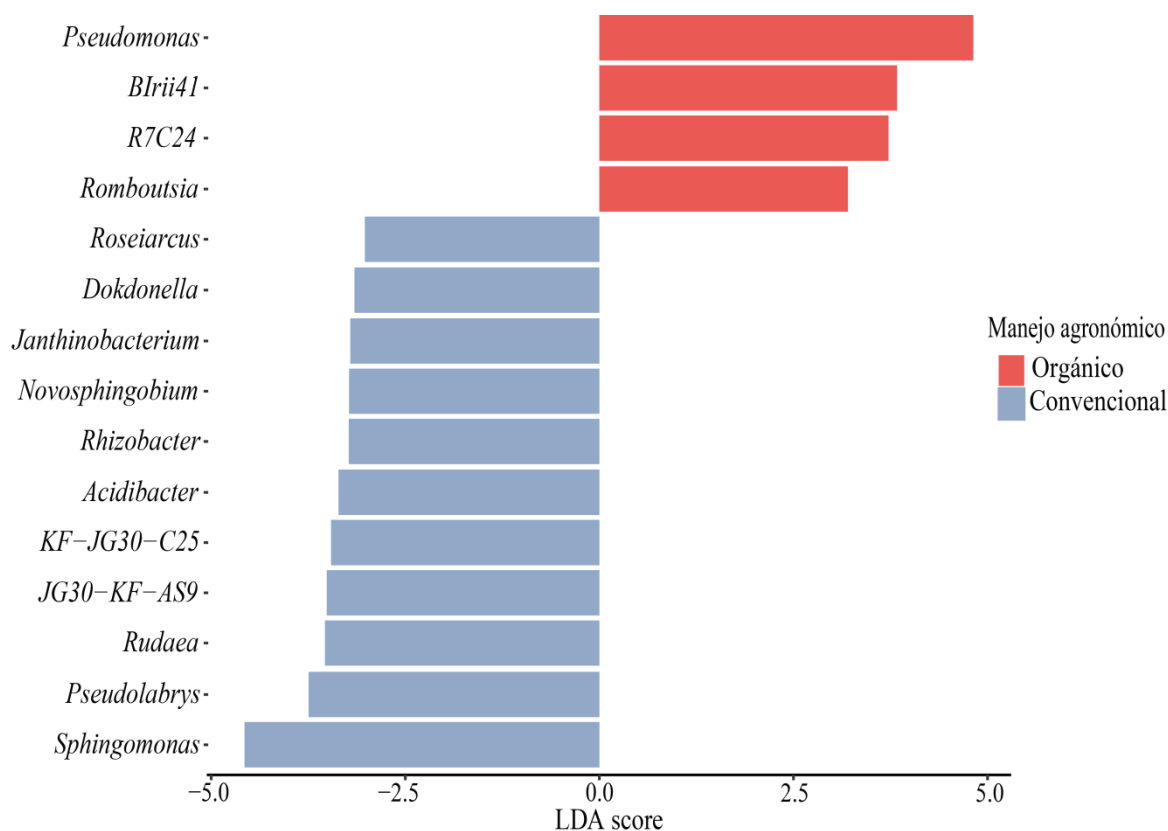
Para determinar taxones bacterianos específicos asociados a diferente manejo agronómico, se realizó una comparación de la composición de la microbiota del suelo bajo manejo orgánico y convencional de la papa nativa Cacho de Toro. Este análisis se realizó mediante el método de tamaño del efecto del análisis discriminante lineal (LEfSe). La diferenciación más significativa entre los géneros bacterianos, se determinó mediante una puntuación LDA (Figura 5).

En el manejo orgánico se registró la presencia de géneros bacterianos como *Pseudomonas*, *Blrii41*, *R7C24* y *Romboutsia*. En contraste, en el manejo orgánico se

identificó una mayor variedad de géneros, entre ellos *Roseiarcus*, *Dokdonella*, *Janthinobacterium*, *Novosphingobium*, *Rhizobacter*, *Acidibacter*, *KF-JG30-C25*, *JG30-KF-AS9*, *Rudaea*, *Pseudolabrys* y *Sphingomonas*.

Figura 5.

Análisis del tamaño del efecto discriminante lineal (LEfSe) que muestra los géneros bacterianos más significativos que se diferencian entre las muestras pertenecientes a manejo orgánico y manejo convencional de la papa nativa Cacho de Toro. La longitud de las barras indica el tamaño del efecto de cada taxón.



4.3 Parámetros fisicoquímicos del suelo y su relación con la diversidad microbiana

Se evaluaron los parámetros fisicoquímicos del suelo bajo manejo orgánico y convencional (Figura 6, 7 y 8). Se encontraron diferencias significativas en varios componentes edáficos. El pH fue significativamente mayor en los suelos con manejo orgánico, mientras que no se observaron diferencias estadísticas en la conductividad eléctrica (CE), carbono total (CT), nitrógeno total (NT), carbono orgánico (CO) ni materia orgánica (MO). En cuanto a los nutrientes disponibles, el fósforo disponible (Pd) presentó valores significativamente más altos en el manejo convencional, mientras que el potasio disponible (Kd) fue mayor en el manejo orgánico. No se detectaron diferencias significativas en la capacidad de intercambio catiónico (CIC), sodio (Na), cobalto (Co) ni potasio total (K) (Figura 6).

Respecto a macro y micronutrientes, los suelos convencionales mostraron concentraciones significativamente más altas de calcio (Ca), cobre (Cu) y zinc (Zn), mientras que los suelos orgánicos presentaron mayores niveles de hierro (Fe), molibdeno (Mo) y aluminio (Al). Elementos como bario (Ba), berilio (Be), plomo (Pb), plata (Ag), magnesio (Mg) y manganeso (Mn) no presentaron diferencias significativas entre tratamientos, aunque se observaron variaciones en sus rangos de concentración (Figura 7).

Finalmente, el análisis de elementos traza evidenció que el manejo convencional acumuló concentraciones significativamente mayores de cadmio (Cd), antimonio (Sb), cromo (Cr), níquel (Ni), estroncio (Sr) y talio (Tl), todos elementos con potencial toxicidad. En contraste, el arsénico (As) fue significativamente más alto en los suelos bajo manejo orgánico. Variables como selenio (Se), vanadio (V), acidez (Acl), sodio intercambiable (Nai),

calcio intercambiable (Cai) y magnesio intercambiable (Mgi) no mostraron diferencias estadísticas entre los tipos de manejo (Figura 8).

Figura 6.

Comparación de parámetros fisicoquímicos del suelo en sistemas de manejo orgánico y convencional. Se evaluaron variables como pH, conductividad eléctrica (CE), carbono total (CT), nitrógeno total (NT), carbono orgánico (CO), materia orgánica (MO), fósforo disponible (Pd), potasio disponible (Kd), capacidad de intercambio catiónico (CIC), sodio (Na), cobalto (Co) y potasio (K). Las comparaciones se realizaron mediante análisis de varianza (ANOVA), y las letras distintas sobre las cajas indican diferencias estadísticamente significativas entre tratamientos ($p < 0.05$).

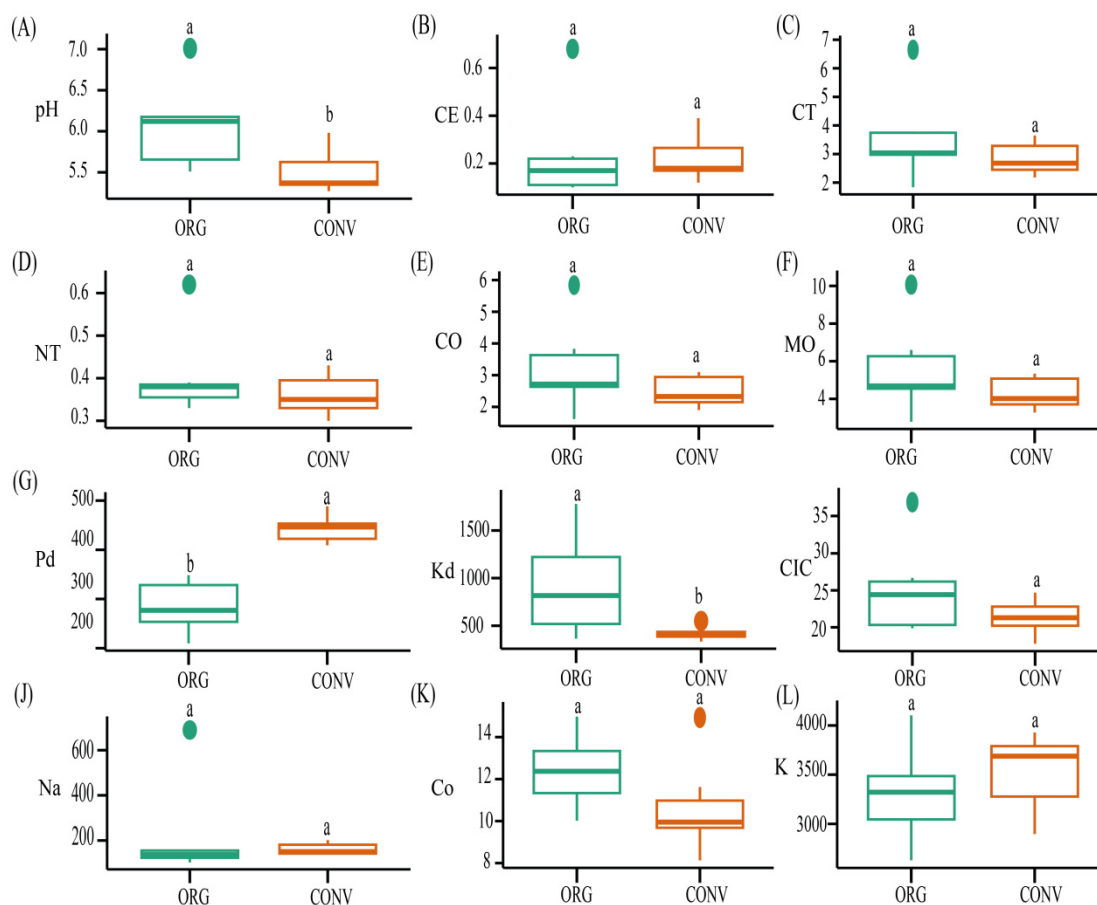


Figura 7.

Comparación de parámetros fisicoquímicos del suelo en sistemas de manejo orgánico y convencional. Se evaluaron concentraciones de elementos como bario (Ba), calcio (Ca), hierro (Fe), cobre (Cu), berilio (Be), zinc (Zn), plata (Ag), plomo (Pb), magnesio (Mg), molibdeno (Mo), aluminio (Al) y manganeso (Mn). Las comparaciones se realizaron mediante análisis de varianza (ANOVA), y las letras distintas sobre las cajas indican diferencias estadísticamente significativas entre tratamientos ($p < 0.05$).

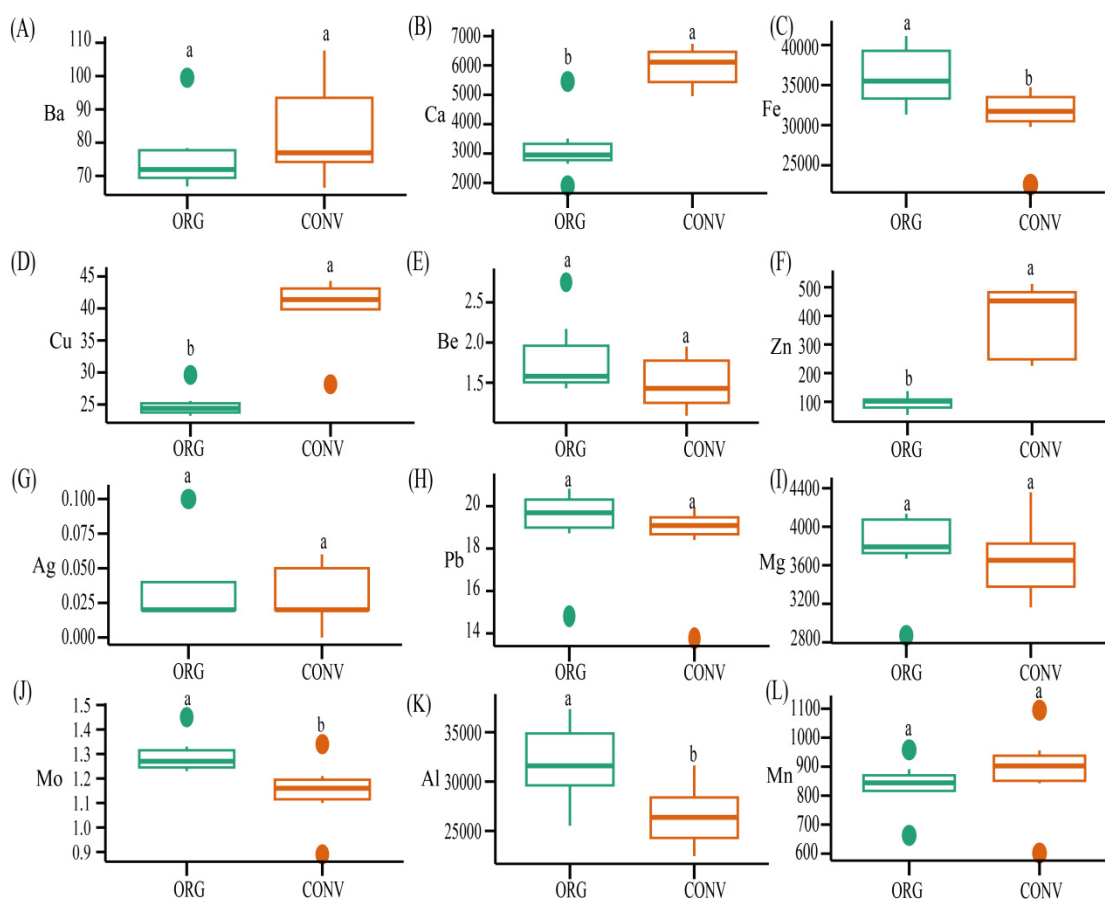
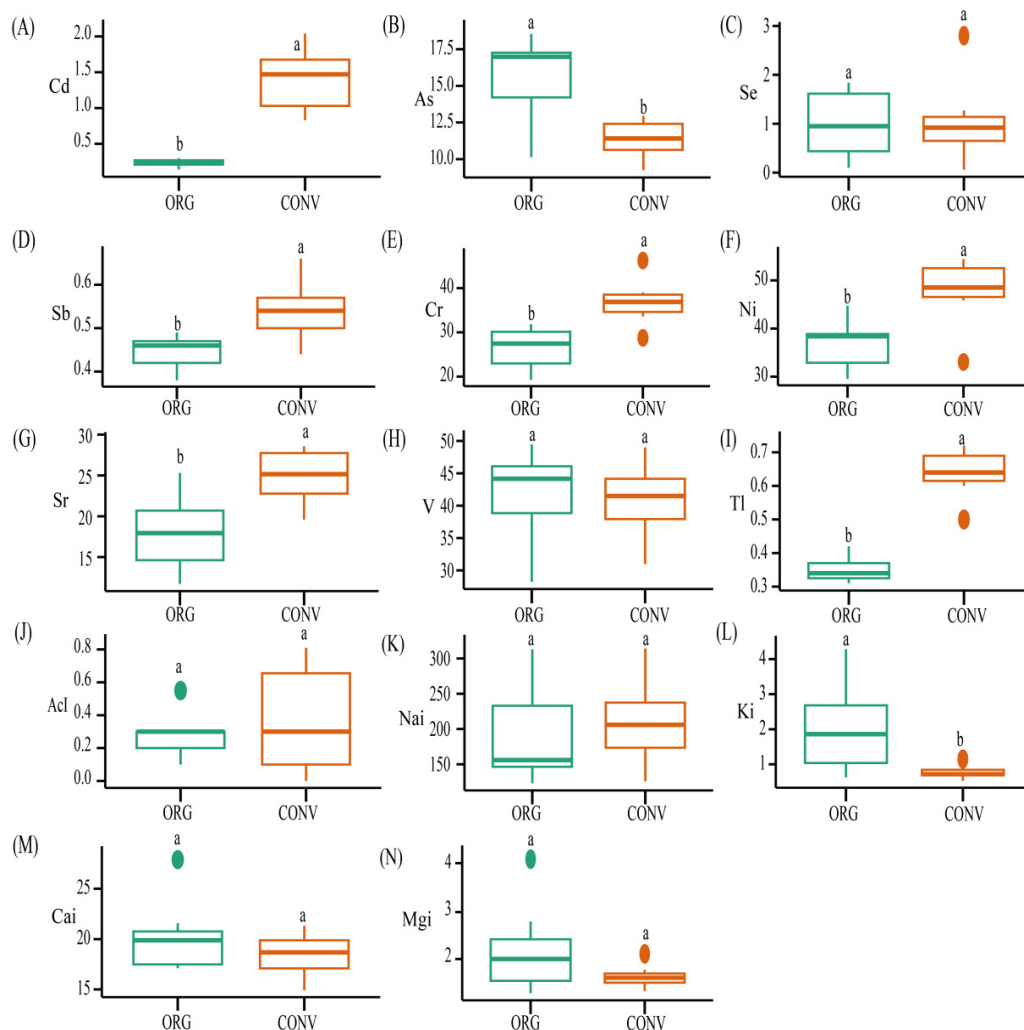


Figura 8.

Comparación de parámetros fisicoquímicos del suelo en sistemas de manejo orgánico y convencional. Se evaluaron concentraciones de diversos elementos y variables, incluyendo cadmio (Cd), arsénico (As), selenio (Se), antimonio (Sb), cromo (Cr), níquel (Ni), estroncio (Sr), vanadio (V), talio (Tl), acidez (Acl), sodio intercambiable (Nai), potasio intercambiable (Ki), calcio intercambiable (Cai) y magnesio intercambiable (Mgi). Las comparaciones se realizaron mediante análisis de varianza (ANOVA), y las letras distintas sobre las cajas indican diferencias estadísticamente significativas entre tratamientos ($p < 0.05$).



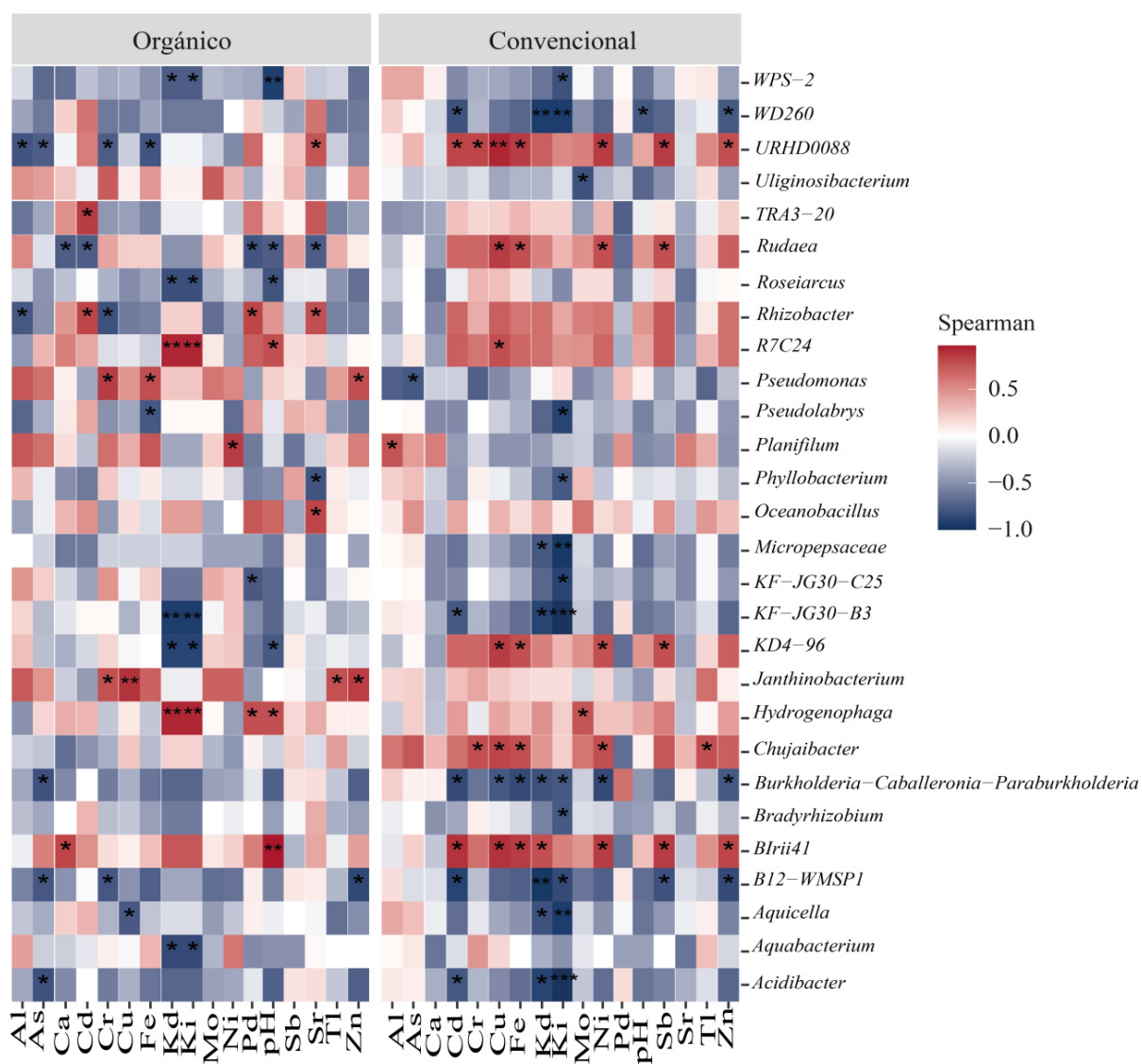
Se realizó un análisis de correlación de Spearman entre los géneros bacterianos identificados y las variables fisicoquímicas del suelo que resultaron significativamente diferentes según el análisis de varianza (ANOVA), diferenciado entre los sistemas de manejo orgánico y tradicional (Figura 9).

En el manejo orgánico, se identificaron correlaciones significativas entre diversos géneros y variables edáficas. El género *WPS-2* presentó correlaciones negativas con el potasio disponible (Kd), potasio intercambiable (Ki) y el pH. *URHD0088* se asoció negativamente con aluminio (Al), arsénico (As), cromo (Cr) y hierro (Fe), y positivamente con estroncio (Sr). *TRA3-20* mostró una correlación positiva con cadmio (Cd), mientras que *Rudaea* se correlacionó negativamente con calcio (Ca), Cd, fósforo disponible (Pd), pH y Sr. *Roseiarcus* se relacionó negativamente con Kd, Ki y pH. *Rhizobacter* presentó correlaciones negativas con Al y Cr, y positivas con Cd, Pd y Sr. Por otro lado, *R7C24* mostró correlaciones positivas con Kd, Ki y pH, al igual que *Hydrogenophaga*, que también se correlacionó positivamente con Pd. *Pseudomonas* se asoció positivamente con Cr, Fe y Zn, mientras que *Pseudolabrys* se correlacionó negativamente con Fe. *Planifilum* mostró una correlación positiva con níquel (Ni), y *Phyllobacterium* una negativa con Sr. *Oceanobacillus* se relacionó positivamente con Sr, y *KF-JG30-C25* negativamente con Pd. Tanto *KF-JG30-B3* como *KD4-96* se correlacionaron negativamente con Kd, Ki y pH. *Janthinobacterium* presentó asociaciones positivas con Cr, cobre (Cu), talio (Tl) y Zn. *Burkholderia–Caballeronia–Paraburkholderia* mostró una correlación negativa con As. *Blrii41* se relacionó positivamente con Ca y pH, mientras que *B12-WMSPI* lo hizo negativamente con As, Cr y Zn. *Aquicella* mostró una correlación negativa con Cu, y *Aquabacterium* y *Acidibacter* con Kd y Ki; este último también con As.

En el manejo tradicional, también se observaron correlaciones significativas distintivas. *WPS-2* mostró una correlación negativa con Ki, y *WD260* se asoció negativamente con Cd, Kd, Ki, pH y Zn. En contraste, *URHD0088* presentó correlaciones positivas con Ca, Cd, Cr, Cu, Ni y Zn. *Uliginosibacterium* se correlacionó negativamente con molibdeno (Mo), mientras que *Rudaea* se relacionó positivamente con Cu, Fe, Ni y antimonio (Sb). *R7C24* mostró una correlación positiva con Cu, y *Pseudolabrys*, así como *Phyllobacterium*, con Ki en sentido negativo. *Micropepsaceae*, *KF-JG30-C25* y *KF-JG30-B3* también presentaron correlaciones negativas con Kd y Ki, y este último adicionalmente con Cd. *KD4-96* se asoció positivamente con Cu, Fe, Ni y Sb. *Hydrogenophaga* mostró una correlación positiva con Mo, mientras que *Chujaibacter* lo hizo con Cr, Cu, Fe, Ni y Tl. *Burkholderia*–*Caballeronia*–*Paraburkholderia* presentó correlaciones negativas con Cd, Cu, Fe, Kd, Ki, Ni y Zn. *Bradyrhizobium* se correlacionó negativamente con Ki. Por otro lado, *Blrii41* mostró correlaciones positivas con Cd, Cu, Fe, Kd, Ni, Sb y Zn, mientras que *B12-WMSP1* se relacionó negativamente con Cd, Kd, Ki, Sb y Zn. Finalmente, *Aquicella* y *Acidibacter* mostraron correlaciones negativas con Kd y Ki, y *Acidibacter* también con Cd.

Figura 9.

*Análisis de correlación de Spearman entre géneros bacterianos y variables físicoquímicas del suelo que resultaron significativamente diferentes según ANOVA, evaluadas por separado en suelos con manejo orgánico y tradicional. * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$.*



V. DISCUSIÓN

La microbiota del suelo constituye una red compleja e interactiva que desempeña un papel clave en procesos ecosistémicos como el ciclado de nutrientes, la estructuración del suelo y la promoción del crecimiento vegetal (Hartmann & Six, 2023). Su composición y funcionalidad están influenciadas por múltiples factores, entre ellos el tipo de manejo agrícola, la disponibilidad de materia orgánica y las condiciones edáficas locales (Francaviglia et al., 2023). En este estudio, se evaluó la diversidad microbiana de suelos cultivados con papa bajo sistemas de manejo orgánico y convencional en la región andina, con especial atención a la composición bacteriana y su relación con parámetros fisicoquímicos. Los resultados revelaron que los suelos bajo manejo orgánico presentaron una riqueza microbiana significativamente mayor, junto con diferencias claras en la estructura comunitaria respecto a los suelos convencionales.

Se observó que los suelos bajo manejo orgánico presentaron una mayor riqueza microbiana en comparación con los manejos convencionales, como lo evidencian los valores significativamente más altos en los estimadores de diversidad alfa (ACE, Chao1 y Observed). Este patrón ha sido ampliamente documentado en cultivos andinos, especialmente en papa, donde prácticas de baja intervención como el barbecho o el uso de abonos orgánicos favorecen una mayor heterogeneidad microbiana. García-Serquén et al. (2024) reportaron que la papa cultivada en suelos con labranza mínima en la sierra peruana presentó mayores índices de Shannon y Simpson, indicando una comunidad más equilibrada en términos de dominancia y equidad, a pesar de que la riqueza de especies no varió significativamente. De manera similar, Zhang et al. (2023) demostraron que el uso de enmiendas orgánicas en yuca aumentó significativamente la diversidad bacteriana y fúngica, según los índices Chao1,

ACE y Shannon. Además, estudios como el de Raimi et al. (2023) resaltan que la fertilización orgánica promueve comunidades más diversas y funcionalmente resilientes en la rizósfera de cultivos hortícolas, tendencia también observable en tubérculos como la papa. Aunque algunos trabajos, como el de Cruz et al. (2021) en Ecuador, no hallaron diferencias significativas en riqueza cuando ambos sistemas usaban estiércol, la mayoría de evidencias apuntan a que los sistemas orgánicos, especialmente aquellos sin insumos sintéticos ni monocultivos prolongados, favorecen la diversidad microbiana.

El análisis de diversidad beta mostró una clara diferenciación en la composición de las comunidades microbianas del suelo entre los manejos orgánico y convencional, lo cual se refleja en la separación de las muestras en los ejes principales del PCoA con distintas métricas de disimilitud. Este patrón es coherente con hallazgos previos que señalan que el tipo de manejo agrícola influye de forma directa sobre la estructura de las comunidades microbianas del suelo. Raimi et al. (2023) observaron que en cultivos hortícolas, los suelos con manejo orgánico presentaban microbiomas con composiciones distintas a los convencionales, destacando géneros asociados a funciones benéficas para el suelo. De igual manera, Krause et al. (2023) demostraron que, tras varios años de cultivo continuo, las comunidades bacterianas del suelo bajo agricultura orgánica se diferenciaron de manera evidente en su estructura respecto a las convencionales. Aunque algunos sistemas tradicionales, como los evaluados por García-Serquén et al. (2024) en papa andina, no siempre reflejan cambios marcados en la composición microbiana, la mayoría de estudios coincide en que los manejos que priorizan el uso de materia orgánica, reducen la perturbación del suelo y limitan los insumos sintéticos generan comunidades microbianas con estructuras distintas y potencialmente más estables.

La composición taxonómica de las comunidades bacterianas del suelo revela diferencias claras en los perfiles de filos entre manejos orgánico y convencional. En este estudio, Proteobacteria fue el filo dominante en ambos sistemas, con una mayor proporción en el manejo orgánico, lo cual concuerda con lo reportado en distintos cultivos, donde Proteobacteria suele representar la base estructural de los microbiomas del suelo agrícola (García-Serquén et al., 2024; Rugeles-Silva et al., 2023). Estas diferencias en proporción reflejan cambios en la disponibilidad de nutrientes y materia orgánica, ya que suelos manejados orgánicamente suelen favorecer bacterias copiotróficas como las Proteobacteria, mientras que las condiciones de mayor estrés o baja complejidad orgánica en sistemas convencionales tienden a favorecer filos más resistentes como Actinobacteriota o Chloroflexi (Durrer et al., 2021; Fernandez et al., 2020). Firmicutes, filo generalmente asociado a suelos tratados con fertilización mineral, fue más abundante en el manejo convencional, lo que también ha sido observado en cultivos como maíz o vegetales bajo agricultura intensiva (Durrer et al., 2021). Asimismo, la presencia de filos menos dominantes como Myxococcota o Bdellovibrionota, aunque en bajas proporciones, puede estar relacionada con el nivel de complejidad trófica del suelo, siendo más comunes en sistemas con mayor biomasa microbiana y diversidad funcional, como ocurre en suelos orgánicos (Ha et al., 2021).

En este estudio, *Pseudomonas* fue identificada como biomarcador en suelos bajo manejo orgánico, lo cual concuerda con diversos estudios que resaltan su rol como bacteria promotora del crecimiento vegetal y agente supresor de enfermedades. Su incremento en estos sistemas podría explicarse por su capacidad para formar biopelículas sinérgicas con otras bacterias benéficas y producir metabolitos antifúngicos, lo que favorece la colonización radicular y la supresión de patógenos en la rizosfera (Tao et al., 2020). Además, se ha

reportado que *Pseudomonas* activa nutrientes minerales como nitrógeno, fósforo, potasio y hierro mediante la liberación de ácidos orgánicos y sideróforos, regula el equilibrio hormonal vegetal y promueve la simbiosis con rizobios, contribuyendo así al desarrollo fisiológico del cultivo y a la eficiencia nutricional del suelo en contextos de menor uso de fertilizantes sintéticos (Wang et al., 2025). *Blrii41* fue identificado como biomarcador en suelos con manejo orgánico, lo que concuerda con estudios que lo asocian a suelos ricos en materia orgánica. Su presencia sugiere un rol en la descomposición de compuestos complejos y en el ciclo del nitrógeno, funciones clave para mejorar la fertilidad en sistemas agrícolas sostenibles (Wei et al., 2024).

Se identificó a *Roseiarcus* como biomarcador en el manejo agronómico convencional, el cual presenta un carácter ácido. Este hallazgo respalda la hipótesis de que este microorganismo posee mecanismos metabólicos que lo hacen capaz de enfrentar compuestos tóxicos y de descomponer contaminantes complejos, lo que le permite adaptarse y prosperar en ambientes sometidos a estrés químico, como los generados por el uso intensivo de agroquímicos el cual le convierte en un candidato prometedor para ser investigado como bioindicador en ambientes contaminados (Hu & Yang, 2025; Visca et al., 2025; X. Zhang et al., 2024). Por otro lado, es relevante destacar que la función ecológica de *Roseiarcus* aún no se comprende completamente (Chaudhari et al., 2020), lo que enfatiza la necesidad de profundizar su estudio para esclarecer su rol en la dinámica del microbioma del suelo.

La detección de *Dokdonella* como biomarcador en suelos bajo sistemas agrícolas convencionales se encuentra respaldada por estudios que reportan su enriquecimiento en condiciones de monocultivo continuo con alta fertilización nitrogenada. Este género bacteriano participa en la reducción aeróbica de nitrato, un proceso clave en la

denitrificación, y su presencia sugiere una adaptación a ambientes con exceso de nitrógeno inorgánico (Sarula et al., 2022). En este contexto, *Dokdonella* podría reflejar una mayor actividad de denitrificación en suelos convencionales, lo cual tiene implicancias tanto en la pérdida de nitrógeno disponible para las plantas como en la emisión de óxidos de nitrógeno, contribuyendo a la contaminación ambiental y reduciendo la eficiencia del uso del fertilizante (Poshvina et al., 2024).

La presencia de *Novosphingobium* como biomarcador en suelos bajo manejo convencional podría estar relacionada con su capacidad para tolerar y degradar compuestos químicos complejos, como hidrocarburos aromáticos policíclicos (PAHs), frecuentemente acumulados en suelos con uso prolongado de agroquímicos (Segura et al., 2021). Aunque ha sido reportado con mayor abundancia en sistemas orgánicos (Zhang et al., 2019), su detección en suelos convencionales sugiere una adaptación a ambientes con estrés químico, donde podría desempeñar funciones de biorremediación y resiliencia microbiana.

El hallazgo de *Sphingomonas* como biomarcador en suelos bajo manejo agronómico convencional podría explicarse por su reconocida capacidad para prosperar en ambientes con baja disponibilidad de nutrientes y elevada carga de compuestos xenobióticos, incluyendo agroquímicos (Li et al., 2018). Diversas especies del género han demostrado metabolizar una amplia variedad de fuentes de carbono, incluidos contaminantes tóxicos, lo que sugiere una alta plasticidad metabólica. Asimismo, algunas cepas presentan funciones asociadas a la promoción del crecimiento vegetal (PGPR), como la producción de fitohormonas, sideróforos y la inducción de resistencia sistémica (Mazoyon et al., 2023; Tang et al., 2023). Estas características podrían conferirle una ventaja adaptativa en sistemas convencionales intensivos, donde la aplicación continua de fertilizantes y pesticidas altera la estructura

microbiana del suelo, favoreciendo microorganismos tolerantes y funcionalmente activos como *Sphingomonas*.

El pH fue significativamente mayor en los suelos bajo manejo orgánico en comparación con los de manejo convencional. Este hallazgo concuerda parcialmente con reporte previo, donde, aunque las diferencias en pH entre sistemas orgánicos y convencionales suelen ser pequeñas, en algunos casos se ha observado un pH ligeramente más alto en suelos manejados orgánicamente (Bai et al., 2018). Además, se ha demostrado que las prácticas intensivas de fertilización pueden inducir una disminución del pH del suelo debido a la acumulación de nitratos (NO_3^-) y la acidificación asociada, mientras que el reposo del suelo contribuye a la recuperación del pH hacia niveles similares a los de suelos no manejados (Zheng et al., 2022). El fósforo disponible fue significativamente mayor en los suelos bajo manejo convencional en comparación con los de manejo orgánico. Esta diferencia puede explicarse porque en sistemas convencionales la labranza profunda y la incorporación de fertilizantes minerales favorecen una mayor redistribución y disponibilidad de fósforo en el perfil del suelo, en contraste con el manejo orgánico donde la liberación de fósforo es más lenta y localizada en la superficie (Jat et al., 2018).

Aunque algunos estudios reportan depleción de potasio en sistemas orgánicos debido a la alta demanda de cultivos y la limitada liberación de K por enmiendas orgánicas (Munro et al., 2002; Sánchez de Cima et al., 2015), en este estudio se observó un incremento significativo, posiblemente asociado a una mayor mineralización o acumulación diferencial bajo manejo orgánico. Los mayores niveles de calcio, cobre y zinc observados en suelos de manejo convencional pueden explicarse por prácticas típicas de este sistema, como la corrección rutinaria del pH mediante encalado (que aporta calcio y mejora la disponibilidad

de micronutrientes como Cu y Zn) y la aplicación correctiva de zinc cuando se detecta deficiencia. Asimismo, el mejor estado de fertilidad general del suelo en estos sistemas contribuye a una mayor disponibilidad de estos elementos esenciales (Fernández & Hoefft, 2009). En este estudio, se encontró que el hierro disponible fue significativamente mayor en el manejo orgánico en comparación con el convencional, lo cual puede explicarse por el mayor contenido de materia orgánica y sustancias húmicas en estos suelos. La materia orgánica facilita la formación de complejos Fe (III)-orgánicos, incrementando la solubilidad y disponibilidad del hierro para las plantas, como ha sido descrito en estudios previos (Gerke, 2022; Zanin et al., 2019). En este estudio, se encontró que el aluminio fue significativamente mayor en el manejo orgánico en comparación con el convencional, lo cual puede atribuirse al mayor contenido de materia orgánica que favorece la retención de Al^{3+} en los sitios de intercambio catiónico. Este resultado concuerda con investigaciones previas que señalan que la materia orgánica, a través de grupos carboxilo y fenólico, estabiliza el aluminio en el suelo y contribuye a su menor lixiviación (Gruba & Mulder, 2015; Jiang et al., 2018).

En el presente estudio, se observó que el contenido de molibdeno (Mo) fue significativamente mayor en suelos bajo manejo orgánico en comparación con el manejo convencional, resultado que concuerda con evidencias previas donde la materia orgánica incrementa la disponibilidad de este micronutriente (Rana et al., 2020). Esta asociación sugiere que prácticas orgánicas podrían mejorar la dinámica del Mo en el suelo, contribuyendo a una mayor eficiencia en la nutrición vegetal (Wen et al., 2018).

Mientras Schweizer et al. (2018) reportaron mayor acumulación de cadmio (Cd) en sistemas orgánicos debido al uso de materia orgánica contaminada, en este estudio se observó el patrón opuesto, con niveles significativamente superiores en suelos convencionales,

atribuible al uso de fertilizantes fosfatados con trazas de Cd y a la baja retención en suelos con limitada materia orgánica. Esta diferencia clave evidencia que la biodisponibilidad del Cd podría depender críticamente del origen del metal (fertilizantes vs. enmiendas contaminadas) y de la capacidad de los materiales orgánicos no contaminados para inmovilizarlo mediante mecanismos de complejación y absorción (Azhar et al., 2019). La mayor acumulación de antimonio (Sb) en suelos convencionales podría atribuirse a la baja retención de metales en suelos con escasa materia orgánica y a la presencia de impurezas en insumos sintéticos (Li et al., 2018). Asimismo, el envejecimiento del Sb y su estabilización mediante óxidos metálicos y materia orgánica ocurre independientemente del manejo, aunque prácticas convencionales como la labranza podrían favorecer su remobilización (Diquattro et al., 2021).

Aunque se ha reportado que la aplicación de materia orgánica puede disminuir la movilidad y acumulación de arsénico en suelos agrícolas, en el presente estudio se observó un efecto opuesto, con mayores concentraciones de arsénico en suelos bajo manejo orgánico respecto al manejo convencional. Esta discrepancia podría explicarse por la capacidad de ciertos compuestos orgánicos para complejar arsénico y mantenerlo en formas solubles, aumentando su disponibilidad en el suelo (Bhattacharyya et al., 2021). Además, se ha reportado que un mayor contenido de materia orgánica puede estimular la disolución de óxidos de Fe y Mn y la competencia por sitios de absorción, lo que incrementa la movilidad del arsénico bajo condiciones reductoras (Verbeeck et al., 2020).

En manejo orgánico, se observó una correlación significativa negativa entre *Rudaea* y el fósforo disponible. Este resultado es contrario con He et al. (2023), quienes reportaron una disminución de *Rudaea* junto con el fósforo disponible tras adición de nitrógeno en

bosques subtropicales. De igual manera, Li et al. (2021), documentó asociaciones positivas entre *Rudaea* y *Ralstonia* en suelos con alto fósforo disponible.

En coherencia con estudios previos que identifican a *Roseiarcus* como un taxón acidófilo moderado (Hui-Ying et al., 2024), en el presente estudio se observó una correlación negativa entre *Roseiarcus* y el pH del suelo bajo manejo orgánico, lo que sugiere que esta bacteria podría beneficiarse de condiciones ligeramente acidificadas típicas de este sistema agrícola, posiblemente debido a una mayor acumulación de ácidos orgánicos derivados de la actividad microbiana y de las exudaciones radicales.

En este estudio, *Rhizobacter* mostró correlaciones negativas significativas con Al únicamente en el sistema de manejo orgánico, lo que sugiere una posible participación en mecanismos de atenuación de toxicidad por aluminio mediados por la rizósfera. Este resultado es coherente con lo reportado por Rudrappa et al. (2008) y Lakshmanan et al. (2012), quienes destacaron que ciertas rizobacterias benéficas pueden ser reclutadas por exudados como el malato, promoviendo tolerancia al Al y modulación de la comunidad microbiana. La correlación positiva entre *Pseudomonas* y zinc en suelos orgánicos podría deberse a la capacidad de cepas como *P. oleovorans* para tolerar altas concentraciones de zinc y solubilizar formas insolubles como ZnO (Rehman et al., 2021), posiblemente mediante la producción de ácidos orgánicos (Fortunato et al., 2021).

En este estudio, *Phyllobacterium* mostró una correlación negativa con el potasio intercambiable bajo manejo convencional, lo que contrasta con lo reportado por Shang et al. 2016 en suelos controlados con minerales como illita y feldespato. Esta diferencia podría deberse a la mayor complejidad microbiana y disponibilidad previa de K en sistemas

convencionales. Ello sugiere que el contexto de manejo agrícola modula la actividad funcional de *Phyllobacterium*.

En el presente estudio, *Bradyrhizobium* mostró una correlación negativa con el potasio intercambiable (Ki), pero únicamente bajo condiciones de manejo convencional. Este hallazgo sugiere que la interacción entre *Bradyrhizobium* y el potasio está modulada por el contexto de manejo agrícola. En contraste, estudios realizados en soja cultivada bajo estrés salino, en suelos de textura franco arcillosa, han reportado efectos positivos cuando se aplicó potasio y se inoculó con *Bradyrhizobium japonicum*, ya sea de forma individual o combinada. Estos tratamientos mejoraron el crecimiento vegetal, el estado hídrico y la actividad microbiana del suelo. En conjunto, la evidencia sugiere que la relación entre el potasio y *Bradyrhizobium* es altamente dependiente del contexto, influida por factores como el tipo de manejo agronómico y las condiciones de estrés ambiental (Sarioğlu, 2025).

VI. CONCLUSIONES

- Los suelos bajo manejo orgánico presentaron una mayor riqueza y diversidad microbiana en comparación con los suelos convencionales, acompañada de una estructura comunitaria diferenciada según los análisis de alfa y beta diversidad, lo que evidencia el efecto positivo de las prácticas agroecológicas sobre la salud del microbioma edáfico.
- La composición taxonómica mostró a Proteobacteria como filo dominante en ambos sistemas, con mayor proporción en orgánico, y permitió identificar biomarcadores diferenciales: *Pseudomonas* y *Blrii41* en suelos orgánicos, asociados a funciones benéficas de solubilización de nutrientes y supresión de patógenos, frente a *Roseiarcus*, *Dokdonella*, *Novosphingobium* y *Sphingomonas* en convencionales, relacionados con estrés químico y fertilización intensiva.
- Los suelos convencionales presentaron mayores concentraciones de fósforo disponible, calcio, zinc, cobre y cadmio, reflejo del uso de fertilizantes minerales y enmiendas correctivas, mientras que los suelos orgánicos mostraron niveles más altos de potasio, hierro, molibdeno y aluminio, probablemente vinculados a la acumulación y complejación por materia orgánica.
- Se observaron correlaciones significativas entre ciertos géneros bacterianos y variables edáficas específicas, como la relación negativa entre *Bradyrhizobium* y el potasio intercambiable en suelos convencionales, aunque este hallazgo no es dependiente del manejo agronómico en condiciones de estrés ambiental. La correlación positiva entre *Pseudomonas* y zinc en suelos orgánicos, lo que sugiere una mayor capacidad de tolerar y movilizar micronutrientes metálicos.

VII. RECOMENDACIONES

- Se recomienda incorporar en futuros estudios la evaluación comparativa de parámetros agronómicos —como la cantidad de cosecha generada, biomasa aérea y subterránea, altura de planta, número de tubérculos y diámetro promedio— entre los sistemas de manejo orgánico y convencional, a fin de correlacionar la estructura microbiana del suelo con el rendimiento y desarrollo fenológico del cultivo de papa.
- Para una comprensión más integral de la funcionalidad edáfica, se sugiere complementar el análisis de diversidad microbiana con enfoques metabólico no dirigida y metatranscriptómico, que permitan evaluar la expresión génica activa de las comunidades microbianas en distintos sistemas de manejo. Esta aproximación deberá considerar además el efecto de variables temporales como la estación de cultivo y el tiempo transcurrido desde la siembra, permitiendo así una interpretación más dinámica de la actividad microbiana en función de la fenología del cultivo y las condiciones edafoclimáticas.

VIII. REFERENCIAS

- Abdallah, A. M., Jat, H. S., Choudhary, M., Abdelaty, E. F., Sharma, P. C., & Jat, M. L. (2021). Conservation Agriculture Effects on Soil Water Holding Capacity and Water-Saving Varied with Management Practices and Agroecological Conditions: A Review. *Agronomy*, 11(9), Article 9. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091681>
- Abellan-Schneyder, I., Matchado, M. S., Reitmeier, S., Sommer, A., Sewald, Z., Baumbach, J., List, M., & Neuhaus, K. (2021). Primer, Pipelines, Parameters: Issues in 16S rRNA Gene Sequencing. *mSphere*, 6(1), 10.1128/msphere.01202-20. <https://doi.org/10.1128/msphere.01202-20>
- Agromercado – Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego. (2020, mayo 12). *Productores de la Región Junín venden 35 toneladas de papa para abastecer al mercado nacional*. Gobierno del Perú. <https://www.gob.pe/institucion/agromercado/noticias/317979-productores-de-la-region-junin-venden-35-toneladas-de-papa-para-abastecer-al-mercado-nacional>
- Agromercado – Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego. (2025, febrero 7). *Midagri: Organización de productores de Junín coloca 600 toneladas de papa nativa en conocida industria de snacks*. Gobierno del Perú. <https://www.gob.pe/institucion/agromercado/noticias/1104937-midagri-organizacion-de-productores-de-junin-coloca-600-toneladas-de-papa-nativa-en-conocida-industria-de-snacks>
- Azarbad, H. (2022). Conventional vs. Organic Agriculture—Which One Promotes Better Yields and Microbial Resilience in Rapidly Changing Climates? *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.903500>

- Azhar, M., Zia Ur Rehman, M., Ali, S., Qayyum, M. F., Naeem, A., Ayub, M. A., Anwar Ul Haq, M., Iqbal, A., & Rizwan, M. (2019). Comparative effectiveness of different biochars and conventional organic materials on growth, photosynthesis and cadmium accumulation in cereals. *Chemosphere*, 227, 72-81. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2019.04.041>
- Bai, Z., Caspari, T., Gonzalez, M. R., Batjes, N. H., Mäder, P., Bünemann, E. K., De Goede, R., Brussaard, L., Xu, M., Ferreira, C. S. S., Reintam, E., Fan, H., Mihelič, R., Glavan, M., & Tóth, Z. (2018). Effects of agricultural management practices on soil quality: A review of long-term experiments for Europe and China. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 265, 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2018.05.028>
- Bak, G.-R., Lee, K. K., Clark, I. M., Mauchline, T. H., Kavamura, V. N., Lund, G., Jee, S., Lee, J.-T., Kim, H., & Lee, Y.-H. (2024). The potato rhizosphere microbiota correlated to the yield of three different regions in Korea. *Scientific Reports*, 14(1), 4536. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-55263-7>
- Bargaz, A., Lyamlouli, K., Chtouki, M., Zeroual, Y., & Dhiba, D. (2018). Soil Microbial Resources for Improving Fertilizers Efficiency in an Integrated Plant Nutrient Management System. *Frontiers in Microbiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01606>
- Barrera, V. H., Delgado, J. A., & Alwang, J. R. (2021). Conservation agriculture can help the South American Andean region achieve food security. *Agronomy Journal*, 113(6), 4494-4509. <https://doi.org/10.1002/agj2.20879>
- Benaissa, A. (2024). Rhizosphere: Role of bacteria to manage plant diseases and sustainable agriculture—A review. *Journal of Basic Microbiology*, 64(3), 2300361.

<https://doi.org/10.1002/jobm.202300361>

- Bhattacharyya, K., Sengupta, S., Pari, A., Halder, S., Bhattacharya, P., Pandian, B. J., & Chinchmalatpure, A. R. (2021). Characterization and risk assessment of arsenic contamination in soil–plant (vegetable) system and its mitigation through water harvesting and organic amendment. *Environmental Geochemistry and Health*, 43(8), 2819-2834. <https://doi.org/10.1007/s10653-020-00796-9>
- Brush, S. (2000). *Ethnoecology, Biodiversity, and Modernization* (Vol. 12). University of Oklahoma Press.
- Buchholz, F., Junker, R., Samad, A., Antonielli, L., Sarić, N., Kostić, T., Sessitsch, A., & Mitter, B. (2021). 16S rRNA gene-based microbiome analysis identifies candidate bacterial strains that increase the storage time of potato tubers. *Scientific Reports*, 11(1), 3146. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82181-9>
- Cai, F., Pang, G., Li, R.-X., Li, R., Gu, X.-L., Shen, Q.-R., & Chen, W. (2017). Bioorganic fertilizer maintains a more stable soil microbiome than chemical fertilizer for monocropping. *Biology and Fertility of Soils*, 53(8), 861-872. <https://doi.org/10.1007/s00374-017-1216-y>
- Chaudhari, D., Rangappa, K., Das, A., Layek, J., Basavaraj, S., Kandpal, B. K., Shouche, Y., & Rahi, P. (2020). Pea (*Pisum sativum* L.) Plant Shapes Its Rhizosphere Microbiome for Nutrient Uptake and Stress Amelioration in Acidic Soils of the North-East Region of India. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00968>
- Chen, G., Wu, C., Wang, F., Lyu, H., Lu, Y., Yan, C., Chen, J., Deng, Y., & Ge, T. (2022). Microbial community changes in different underground compartments of potato affected yield and quality. *3 Biotech*, 12(5), 106. <https://doi.org/10.1007/s13205-022->

03167-6

- Cruz, D., Cisneros, R., Benítez, Á., Zúñiga-Sarango, W., Peña, J., Fernández, H., & Jaramillo, A. (2021). Gram-Negative Bacteria from Organic and Conventional Agriculture in the Hydrographic Basin of Loja: Quality or Pathogen Reservoir? *Agronomy*, 11(11), Article 11. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112362>
- Dastogeer, K. M. G., Tumpa, F. H., Sultana, A., Akter, M. A., & Chakraborty, A. (2020). Plant microbiome—an account of the factors that shape community composition and diversity. *Current Plant Biology*, 23, 100161. <https://doi.org/10.1016/j.cpb.2020.100161>
- de Haan, S., & Rodriguez, F. (2016). Potato Origin and Production. En *Advances in Potato Chemistry and Technology* (pp. 1-32). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800002-1.00001-7>
- de Valença, A. W., Vanek, S. J., Meza, K., Ccanto, R., Olivera, E., Scurrah, M., Lantinga, E. A., & Fonte, S. J. (2017). Land use as a driver of soil fertility and biodiversity across an agricultural landscape in the Central Peruvian Andes. *Ecological Applications*, 27(4), 1138-1154. <https://doi.org/10.1002/eap.1508>
- Delmont, T. O., Robe, P., Clark, I., Simonet, P., & Vogel, T. M. (2011). Metagenomic comparison of direct and indirect soil DNA extraction approaches. *Journal of Microbiological Methods*, 86(3), 397-400. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2011.06.013>
- Diquattro, S., Castaldi, P., Ritch, S., Juhasz, A. L., Brunetti, G., Scheckel, K. G., Garau, G., & Lombi, E. (2021). Insights into the fate of antimony (Sb) in contaminated soils: Ageing influence on Sb mobility, bioavailability, bioaccessibility and speciation.

- Science of The Total Environment*, 770, 145354.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.145354>
- Durrer, A., Gumiere, T., Zagatto, M. R. G., Feiler, H. P., Silva, A. M. M., Longaresi, R. H., Homma, S. K., & Cardoso, E. J. B. N. (2021). Organic farming practices change the soil bacteria community, improving soil quality and maize crop yields. *PeerJ*, 9, e11985. <https://doi.org/10.7717/peerj.11985>
- Fasusi, O. A., Cruz, C., & Babalola, O. O. (2021). Agricultural Sustainability: Microbial Biofertilizers in Rhizosphere Management. *Agriculture*, 11(2), Article 2. <https://doi.org/10.3390/agriculture11020163>
- Fernandez, A. L., Sheaffer, C. C., Wyse, D. L., & Sadowsky, M. J. (2020). Bacterial community composition in agricultural soils under long-term organic and conventional management. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 3(1), e20063. <https://doi.org/10.1002/agg2.20063>
- Fernández, F., & Hoefft, R. (2009). Managing soil pH and crop nutrients. *Illinois Agronomy Handbook*, 91-112.
- Fess, T. L., & Benedito, V. A. (2018). Organic versus Conventional Cropping Sustainability: A Comparative System Analysis. *Sustainability*, 10(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/su10010272>
- Fortunato, G., Vaz-Moreira, I., Nunes, O. C., & Manaia, C. M. (2021). Effect of copper and zinc as sulfate or nitrate salts on soil microbiome dynamics and bla-positive *Pseudomonas aeruginosa* survival. *Journal of Hazardous Materials*, 415, 125631. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2021.125631>
- Francaviglia, R., Almagro, M., & Vicente-Vicente, J. L. (2023). Conservation Agriculture

- and Soil Organic Carbon: Principles, Processes, Practices and Policy Options. *Soil Systems*, 7(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/soilsystems7010017>
- Francioli, D., Lentendu, G., Lewin, S., & Kolb, S. (2021). DNA Metabarcoding for the Characterization of Terrestrial Microbiota—Pitfalls and Solutions. *Microorganisms*, 9(2), Article 2. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9020361>
- Gao, Z., Han, M., Hu, Y., Li, Z., Liu, C., Wang, X., Tian, Q., Jiao, W., Hu, J., Liu, L., Guan, Z., & Ma, Z. (2019). Effects of Continuous Cropping of Sweet Potato on the Fungal Community Structure in Rhizospheric Soil. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02269>
- García-Serquén, A. L., Chumbe-Nolasco, L. D., Navarrete, A. A., Girón-Aguilar, R. C., & Gutiérrez-Reynoso, D. L. (2024). Traditional potato tillage systems in the Peruvian Andes impact bacterial diversity, evenness, community composition, and functions in soil microbiomes. *Scientific Reports*, 14(1), 3963. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-54652-2>
- Gerke, J. (2022). The Central Role of Soil Organic Matter in Soil Fertility and Carbon Storage. *Soil Systems*, 6(2), Article 2. <https://doi.org/10.3390/soilsystems6020033>
- Gomiero, T. (2018). Food quality assessment in organic vs. conventional agricultural produce: Findings and issues. *Applied Soil Ecology*, 123, 714-728. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2017.10.014>
- Gruba, P., & Mulder, J. (2015). Tree species affect cation exchange capacity (CEC) and cation binding properties of organic matter in acid forest soils. *Science of The Total Environment*, 511, 655-662. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.01.013>
- Gutierrez, R. R., Escusa, F., Rosas, M. A., & Guevara, M. (2023). Agricultural Land

- Degradation in Peru and Bolivia. En P. Pereira, M. Muñoz-Rojas, I. Bogunovic, & W. Zhao (Eds.), *Impact of Agriculture on Soil Degradation I: Perspectives from Africa, Asia, America and Oceania* (pp. 69-95). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/698_2022_926
- Ha, J., Gao, Y., Zhang, R., Li, K., Zhang, Y., Niu, X., Chen, X., Luo, K., & Chen, Y. (2021). Diversity of the Bacterial Microbiome Associated With the Endosphere and Rhizosphere of Different Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) Genotypes. *Frontiers in Microbiology*, 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.729022>
- Hartmann, M., & Six, J. (2023). Soil structure and microbiome functions in agroecosystems. *Nature Reviews Earth & Environment*, 4(1), 4-18. <https://doi.org/10.1038/s43017-022-00366-w>
- He, M., Zhong, X., Xia, Y., Xu, L., Zeng, Q., Yang, L., & Fan, Y. (2023). Long-Term Nitrogen Addition Exerts Minor Effects on Microbial Community but Alters Sensitive Microbial Species in a Subtropical Natural Forest. *Forests*, 14(5), Article 5. <https://doi.org/10.3390/f14050928>
- Hong, B.-Y., Driscoll, M., Gratalo, D., Jarvie, T., & Weinstock, G. M. (2024). Improved DNA Extraction and Amplification Strategy for 16S rRNA Gene Amplicon-Based Microbiome Studies. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(5), Article 5. <https://doi.org/10.3390/ijms25052966>
- Hou, Q., Wang, W., Yang, Y., Hu, J., Bian, C., Jin, L., Li, G., & Xiong, X. (2020). Rhizosphere microbial diversity and community dynamics during potato cultivation. *European Journal of Soil Biology*, 98, 103176. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2020.103176>

- Hu, P., & Yang, Q. (2025). Geographic Distribution Patterns of Soil Microbial Community Assembly Process in Mangrove Constructed Wetlands, Southeast China. *Diversity*, 17(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/d17010021>
- Hui-Ying, C., Ya-Tao, L., Hu, L., Guang, Y., & Long, S. (2024). Changes of fine root functional traits and rhizosphere bacterial community of *Betula platyphylla* after fire. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 48(7), 828-843. <https://doi.org/10.17521/cjpe.2023.0351>
- Jackson, S. A., & Hanneman, R. E. (1999). Crossability between cultivated and wild tuber- and non-tuber-bearing Solanums. *Euphytica*, 109(1), 51-67. <https://doi.org/10.1023/A:1003710817938>
- Jat, H. S., Datta, A., Sharma, P. C., Kumar, V., Yadav, A. K., Choudhary, M., Choudhary, V., Gathala, M. K., Sharma, D. K., Jat, M. L., Yaduvanshi, N. P. S., Singh, G., & McDonald, A. (2018). Assessing soil properties and nutrient availability under conservation agriculture practices in a reclaimed sodic soil in cereal-based systems of North-West India. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 64(4), 531-545. <https://doi.org/10.1080/03650340.2017.1359415>
- Jiang, J., Wang, Y.-P., Yu, M., Cao, N., & Yan, J. (2018). Soil organic matter is important for acid buffering and reducing aluminum leaching from acidic forest soils. *Chemical Geology*, 501, 86-94. <https://doi.org/10.1016/j.chemgeo.2018.10.009>
- Khan, N., Ali, S., Shahid, M. A., Mustafa, A., Sayyed, R. Z., & Curá, J. A. (2021). Insights into the Interactions among Roots, Rhizosphere, and Rhizobacteria for Improving Plant Growth and Tolerance to Abiotic Stresses: A Review. *Cells*, 10(6), Article 6. <https://doi.org/10.3390/cells10061551>

- Krause, H.-M., Ono-Raphel, J. G., Karanja, E., Matheri, F., Lori, M., Cifuentes, Y., Glaeser, S. P., Gattinger, A., Riar, A., Adamtey, N., & Mäder, P. (2023). Organic and conventional farming systems shape soil bacterial community composition in tropical arable farming. *Applied Soil Ecology*, *191*, 105054. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2023.105054>
- Lakshmanan, V., Kitto, S. L., Caplan, J. L., Hsueh, Y.-H., Kearns, D. B., Wu, Y.-S., & Bais, H. P. (2012). Microbe-Associated Molecular Patterns-Triggered Root Responses Mediate Beneficial Rhizobacterial Recruitment in Arabidopsis. *Plant Physiology*, *160*(3), 1642-1661. <https://doi.org/10.1104/pp.112.200386>
- Li, J., Zheng, B., He, Y., Zhou, Y., Chen, X., Ruan, S., Yang, Y., Dai, C., & Tang, L. (2018). Antimony contamination, consequences and removal techniques: A review. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, *156*, 125-134. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2018.03.024>
- Li, P., Liu, M., Li, G., Liu, K., Liu, T., Wu, M., Saleem, M., & Li, Z. (2021). Phosphorus availability increases pathobiome abundance and invasion of rhizosphere microbial networks by *Ralstonia*. *Environmental Microbiology*, *23*(10), 5992-6003. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15696>
- Li, W., Liu, Q., & Chen, P. (2018). Effect of long-term continuous cropping of strawberry on soil bacterial community structure and diversity. *Journal of Integrative Agriculture*, *17*(11), 2570-2582. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(18\)61944-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(18)61944-6)
- Mazoyon, C., Catterou, M., Alahmad, A., Mongelard, G., Guénin, S., Sarazin, V., Dubois, F., & Duclercq, J. (2023). *Sphingomonas sediminicola* Dae20 Is a Highly Promising Beneficial Bacteria for Crop Biostimulation Due to Its Positive Effects on Plant

- Growth and Development. *Microorganisms*, 11(8), Article 8.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms11082061>
- Montgomery, D. R., & Biklé, A. (2021). Soil Health and Nutrient Density: Beyond Organic vs. Conventional Farming. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 5.
<https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.699147>
- Munro, T. L., Cook, H. F., & Lee, H. C. (2002). Sustainability Indicators Used to Compare Properties of Organic and Conventionally Managed Topsoils. *Biological Agriculture & Horticulture*, 20(3), 201-214. <https://doi.org/10.1080/01448765.2002.9754965>
- Organización de las Naciones Unidas. (2015). Objetivos y metas de desarrollo sostenible. *Desarrollo Sostenible*. <https://www.un.org/sustainabledevelopment/es/objetivos-de-desarrollo-sostenible/>
- Pfeiffer, S., Mitter, B., Oswald, A., Schlöter-Hai, B., Schlöter, M., Declerck, S., & Sessitsch, A. (2017). Rhizosphere microbiomes of potato cultivated in the High Andes show stable and dynamic core microbiomes with different responses to plant development. *FEMS Microbiology Ecology*, 93(2), fiw242. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw242>
- Poshvina, D. V., Balkin, A. S., Teslya, A. V., Dilbaryan, D. S., Stepanov, A. A., Kravchenko, S. V., & Vasilchenko, A. S. (2024). Structural and Functional Differences in the Bacterial Community of Chernozem Soil Under Conventional and Organic Farming Conditions. *Agriculture*, 14(12), Article 12.
<https://doi.org/10.3390/agriculture14122127>
- Prashar, P., Kapoor, N., & Sachdeva, S. (2014). Rhizosphere: Its structure, bacterial diversity and significance. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, 13(1), 63-77. <https://doi.org/10.1007/s11157-013-9317-z>

- Raimi, A. R., Ezeokoli, O. T., & Adeleke, R. A. (2023). Soil nutrient management influences diversity, community association and functional structure of rhizosphere bacteriome under vegetable crop production. *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1229873>
- Rana, M. S., Sun, X., Imran, M., Khan, Z., Moussa, M. G., Abbas, M., Bhandana, P., Syaifudin, M., Din, I. U., Younas, M., Shah, M. A., Afzal, J., & Hu, C. (2020). Mo-Inefficient Wheat Response Toward Molybdenum Supply in Terms of Soil Phosphorus Availability. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 20(3), 1560-1573. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00298-8>
- Rashmi, I., Roy, T., Kartika, K. S., Pal, R., Coumar, V., Kala, S., & Shinoji, K. C. (2020). Organic and Inorganic Fertilizer Contaminants in Agriculture: Impact on Soil and Water Resources. En M. Naeem, A. A. Ansari, & S. S. Gill (Eds.), *Contaminants in Agriculture: Sources, Impacts and Management* (pp. 3-41). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-41552-5_1
- Rasool, S., Rasool, T., & Gani, K. M. (2022). A review of interactions of pesticides within various interfaces of intrinsic and organic residue amended soil environment. *Chemical Engineering Journal Advances*, 11, 100301. <https://doi.org/10.1016/j.ceja.2022.100301>
- Rehman, H. F., Ashraf, A., Muzammil, S., Siddique, M. H., & Ali, T. (2021). Assessment of zinc solubilization potential of zinc-resistant *Pseudomonas oleovorans* strain ZSB13 isolated from contaminated soil. *Brazilian Journal of Biology*, 83, e240015. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.240015>
- Rudrappa, T., Czymmek, K. J., Paré, P. W., & Bais, H. P. (2008). Root-Secreted Malic Acid

- Recruits Beneficial Soil Bacteria. *Plant Physiology*, 148(3), 1547-1556.
<https://doi.org/10.1104/pp.108.127613>
- Rugeles-Silva, P. A., Londoño, J. A., Sánchez de Prager, M., Muñoz Flórez, J. E., & López-Álvarez, D. (2023). Soil Bacterial Communities from Three Agricultural Production Systems in Rural Landscapes of Palmira, Colombia. *Biology*, 12(5), Article 5.
<https://doi.org/10.3390/biology12050701>
- Sahu, P. K., Singh, D. P., Prabha, R., Meena, K. K., & Abhilash, P. C. (2019). Connecting microbial capabilities with the soil and plant health: Options for agricultural sustainability. *Ecological Indicators*, 105, 601-612.
<https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.05.084>
- Sánchez de Cima, D., Reintam, E., Tein, B., Eremeev, V., & Luik, A. (2015). Soil Nutrient Evolution during the First Rotation in Organic and Conventional Farming Systems. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 46(21), 2675-2687.
<https://doi.org/10.1080/00103624.2015.1089268>
- Sarioğlu, A. (2025). Growth of soybean plants under saline conditions: The role of potassium and Bradyrhizobium japonicum inoculation. *BMC Plant Biology*, 25(1), 473.
<https://doi.org/10.1186/s12870-025-06477-y>
- Sarula, Yang, H., Zhang, R., Li, Y., Meng, F., & Ma, J. (2022). Impact of Drip Irrigation and Nitrogen Fertilization on Soil Microbial Diversity of Spring Maize. *Plants*, 11(23), Article 23. <https://doi.org/10.3390/plants11233206>
- Schrama, M., De Haan, J. J., Kroonen, M., Verstegen, H., & Van Der Putten, W. H. (2018). Crop yield gap and stability in organic and conventional farming systems. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 256, 123-130.

<https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.12.023>

- Schweizer, S. A., Seitz, B., Van Der Heijden, M. G. A., Schulin, R., & Tandy, S. (2018). Impact of organic and conventional farming systems on wheat grain uptake and soil bioavailability of zinc and cadmium. *Science of The Total Environment*, 639, 608-616. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.05.187>
- Segura, A., Udaondo, Z., & Molina, L. (2021). PahT regulates carbon fluxes in *Novosphingobium* sp. HR1a and influences its survival in soil and rhizospheres. *Environmental Microbiology*, 23(6), 2969-2991. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15509>
- Shang, H., Bi, Y., Peng, S., & Xie, W. (2016). Synergistic effect of releasing potassium bacteria and clay minerals improving maize growth and soil nutrients availability. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 32(12), 129-135.
- Sindhu, S. S., Sehrawat, A., Phour, M., & Kumar, R. (2022). Nutrient Acquisition and Soil Fertility: Contribution of Rhizosphere Microbiomes in Sustainable Agriculture. En N. K. Arora & B. Bouizgarne (Eds.), *Microbial BioTechnology for Sustainable Agriculture Volume 1* (pp. 1-41). Springer Nature. https://doi.org/10.1007/978-981-16-4843-4_1
- Spooner, D. M., Ghislain, M., Simon, R., Jansky, S. H., & Gavrilenko, T. (2014). Systematics, Diversity, Genetics, and Evolution of Wild and Cultivated Potatoes. *The Botanical Review*, 80(4), 283-383. <https://doi.org/10.1007/s12229-014-9146-y>
- Tang, J., Su, L., Fang, Y., Wang, C., Meng, L., Wang, J., Zhang, J., & Xu, W. (2023). Moderate Nitrogen Reduction Increases Nitrogen Use Efficiency and Positively Affects Microbial Communities in Agricultural Soils. *Agriculture*, 13(4), Article 4.

<https://doi.org/10.3390/agriculture13040796>

- Tao, C., Li, R., Xiong, W., Shen, Z., Liu, S., Wang, B., Ruan, Y., Geisen, S., Shen, Q., & Kowalchuk, G. A. (2020). Bio-organic fertilizers stimulate indigenous soil *Pseudomonas* populations to enhance plant disease suppression. *Microbiome*, 8(1), 137. <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00892-z>
- Tartaglia, M., Bastida, F., Sciarrillo, R., & Guarino, C. (2020). Soil Metaproteomics for the Study of the Relationships Between Microorganisms and Plants: A Review of Extraction Protocols and Ecological Insights. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(22), Article 22. <https://doi.org/10.3390/ijms21228455>
- Tekpinar, A. D., & Kalmer, A. (2019). Utility of various molecular markers in fungal identification and phylogeny. *Nova Hedwigia*, 109(1-2), 187-224. https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2019/0528
- Upadhayay, V. K., Singh, A. V., & Pareek, N. (2018). An insight in decoding the multifarious and splendid role of microorganisms in crop biofortification. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(06), 2407-2418. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.706.286>
- Verbeeck, M., Thiry, Y., & Smolders, E. (2020). Soil organic matter affects arsenic and antimony sorption in anaerobic soils. *Environmental Pollution*, 257, 113566. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2019.113566>
- Visca, A., Di Gregorio, L., Costanzo, M., Clagnan, E., Nolfi, L., Bernini, R., Orgiazzi, A., Jones, A., Vitali, F., Mocali, S., & Bevivino, A. (2025). Microbial Bioindicators for Monitoring the Impact of Emerging Contaminants on Soil Health in the European Framework. *Sustainability*, 17(3), Article 3. <https://doi.org/10.3390/su17031093>

- Visser, A. M., Vanek, S., Huaraca, J., Mendoza, J., Ccanto, R., Meza, K., Olivera, E., Scurrah, M., Wellstein, C., Bonari, G., Zerbe, S., & Fonte, S. J. (2024). Traditional soil fertility management ameliorates climate change impacts on traditional Andean crops within smallholder farming systems. *Science of The Total Environment*, 912, 168725. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.168725>
- Wang, Q., Chai, Q., Dou, X., Zhao, C., Yin, W., Li, H., & Wei, J. (2024). Soil Microorganisms in Agricultural Fields and Agronomic Regulation Pathways. *Agronomy*, 14(4), Article 4. <https://doi.org/10.3390/agronomy14040669>
- Wang, T., Wang, K., Wang, N., Cui, D., Li, S., Lu, Q., & Zuo, Y. (2025). From intercropping to monocropping: The effects of *Pseudomonas* strain to facilitate nutrient efficiency in peanut and soil. *Plant Physiology and Biochemistry*, 219, 109378. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.109378>
- Wei, L., Li, J., Qu, K., Chen, H., Wang, M., Xia, S., Cai, H., Long, X.-E., Miao, Y., & Liu, D. (2024). Organic fertilizer application promotes the soil nitrogen cycle and plant starch and sucrose metabolism to improve the yield of *Pinellia ternata*. *Scientific Reports*, 14(1), 12722. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63564-0>
- Wen, X., Hu, C., Sun, X., Zhao, X., Tan, Q., Liu, P., Xin, J., Qin, S., & Wang, P. (2018). Characterization of vegetable nitrogen uptake and soil nitrogen transformation in response to continuous molybdenum application. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 181(4), 516-527. <https://doi.org/10.1002/jpln.201700556>
- Wydro, U. (2022). Soil Microbiome Study Based on DNA Extraction: A Review. *Water*, 14(24), Article 24. <https://doi.org/10.3390/w14243999>
- Xia, Y., & Sun, J. (2023). *Bioinformatic and Statistical Analysis of Microbiome Data: From*

Raw Sequences to Advanced Modeling with QIIME 2 and R. Springer Nature.

- Yadav, R., Singh, A., Kumar, M., & Yadav, S. (2016). Phytochemical analysis and plant growth promoting properties of endophytic fungi isolated from tulsi and aloe vera. *International Journal of Agricultural and Statistical Sciences*, 12(1), 239-248.
- Zanin, L., Tomasi, N., Cesco, S., Varanini, Z., & Pinton, R. (2019). Humic Substances Contribute to Plant Iron Nutrition Acting as Chelators and Biostimulants. *Frontiers in Plant Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00675>
- Zhang, H., Zheng, X., Bai, N., Li, S., Zhang, J., & Lv, W. (2019). Responses of Soil Bacterial and Fungal Communities to Organic and Conventional Farming Systems in East China. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 29(3), 441-453. <https://doi.org/10.4014/jmb.1809.09007>
- Zhang, X., Li, X., Chen, F., Cao, X., Wang, C., Jiao, L., Yue, L., & Wang, Z. (2024). Selenium Nanomaterials Enhance the Nutrients and Functional Components of Fuding Dabai Tea. *Nanomaterials*, 14(8), Article 8. <https://doi.org/10.3390/nano14080681>
- Zhang, Y., Feng, Y., Gao, Y., Wu, J., Tan, L., Wang, H., Wang, R., Niu, X., & Chen, Y. (2023). Effects of an Organic Amendment on Cassava Growth and Rhizosphere Microbial Diversity. *Agriculture*, 13(9), Article 9. <https://doi.org/10.3390/agriculture13091830>
- Zhang, Y., Shen, H., He, X., Thomas, B. W., Lupwayi, N. Z., Hao, X., Thomas, M. C., & Shi, X. (2017). Fertilization Shapes Bacterial Community Structure by Alteration of Soil pH. *Frontiers in Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01325>
- Zheng, Y., Liu, X., Cai, Y., Shao, Q., Zhu, W., & Lin, X. (2022). Combined intensive

management of fertilization, tillage, and organic material mulching regulate soil bacterial communities and functional capacities by altering soil potassium and pH in a Moso bamboo forest. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.944874>

Zimmerer, K. S., de Haan, S., Jones, A. D., Creed-Kanashiro, H., Tello, M., Amaya, F. P., Carrasco, M., Meza, K., Tubbeh, R. M., Nguyen, K. T., & Hultquist, C. (2020). Indigenous Smallholder Struggles in Peru: Nutrition Security, Agrobiodiversity, and Food Sovereignty amid Transforming Global Systems and Climate Change. *Journal of Latin American Geography*, 19(3), 74-111.

Zu, J., Zhang, Y., Huang, K., Liu, Y., Chen, N., & Cong, N. (2018). Biological and climate factors co-regulated spatial-temporal dynamics of vegetation autumn phenology on the Tibetan Plateau. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 69, 198-205. <https://doi.org/10.1016/j.jag.2018.03.006>

IX. ANEXOS

Anexo A.

Autorización del uso de datos por Instituto Nacional de Innovación Agraria.



Ministerio
de Desarrollo Agrario
y Riego

Instituto Nacional
de Innovación Agraria

Dirección de Desarrollo Tecnológico
Agrario



"Decenio de la igualdad de Oportunidades para Mujeres y Hombres"
"Año de la recuperación y consolidación de la economía peruana"

CONSTANCIA

El Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), a través de la Dirección de Desarrollo Tecnológico Agrario (DDTA), hace constar que:

La Srta. Yolanda Madelein Romero Avila, identificada con DNI N.º 76235087, ha sido autorizada para el uso de 14 conjuntos de datos correspondientes a secuencias del gen 16S rRNA, obtenidos de muestras de papa nativa provenientes de la región Huancayo.

Dicha autorización se otorga exclusivamente para su utilización en el desarrollo de su tesis de licenciatura, enmarcada dentro de fines académicos y científicos, garantizando:

- La adecuada citación de la fuente de los datos.
- El respeto a las normas éticas de investigación establecidas.

La presente constancia se emite a solicitud de la interesada para los fines que estime conveniente.

Lima, 24 de marzo de 2025



Firmado digitalmente por:
CASANOVA NUÑEZ MELGAR
David Pavel FAU 20131365984
soft
Motive: Soy el autor del
documento
Fecha: 24/03/2025 17:29:30-0500

