



Revista MINERVA

Plataforma digital de la revista: <https://minerva.sic.ues.edu.sv>

Artículo Científico | Scientific Article

Uso del suelo como modulador de comunidades bacterianas: aproximación taxonómica a bioindicadores a nivel de familia en ecosistemas tropicales de El Salvador

Soil use as a modulator of bacterial communities: taxonomic approach to family-level bioindicators in tropical ecosystems of El Salvador

Miguel Moreno^{1,4}, Carlos Rivera², Jonathan Rogel Moreno^{3,5}, Ligia Muñoz Molina^{1,6}, Milagro Dolores Reyes Romero^{1,7}, Roberto Navarro Linares^{1,8}, Leonel Palomo^{1,9}, Mario Francisco Córdova Navas^{1,10}

1 Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad de El Salvador

2 Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales

3 División de Biología Molecular, Diagnostika Capris, El Salvador

4  <https://orcid.org/0000-0002-9220-1015>

5  <https://orcid.org/0000-0003-0367-5727>

6  <https://orcid.org/0000-0002-9773-6289>

7  <https://orcid.org/0009-0001-3241-9047>

8  <https://orcid.org/0009-0003-7196-3365>

9  <https://orcid.org/0009-0003-6683-397X>

10  <https://orcid.org/0009-0004-2663-4279>

RESUMEN

Objetivo: este estudio caracterizó la estructura taxonómica de las comunidades bacterianas del suelo a nivel de familia en diferentes usos de suelo (bosques, manglares, playas y sistemas agrícolas) del Parque Nacional Barra de Santiago, El Salvador, para identificar taxones bioindicadores y su relación con variables fisicoquímicas. **Metodología:** se realizó la secuenciación de la región V4 del gen 16S rRNA y análisis multivariados para vincular la composición bacteriana con las propiedades del suelo. **Resultados clave:** se identificaron taxones diferenciales asociados a cada ambiente. Los bosques, con alta materia orgánica y pH neutro, fueron dominados por *Hyphomicrobiaceae* y *Pirellulaceae*. Los manglares mostraron predominio de *Desulfobacteraceae*, mientras que las playas albergaron comunidades únicas dominadas por *Piscirickettsiaceae*, reflejando presiones ambientales extremas. Los sistemas agrícolas exhibieron homogenización microbiana, vinculada a prácticas intensivas. El uso del suelo fue el modulador clave de las comunidades, con el pH, los metales (Cu) y el fósforo como principales impulsores. **Conclusión:** la identificación de

DOI: <https://doi.org/10.66778/RM.v09ed01.01>

Enviado: 8 de abril de 2025

Aceptado: 2 de febrero 2026

Palabras clave: comunidades bacterianas, bioindicadores, microbioma tropical, diversidad beta, manglares, agricultura.

Keywords: bacterial communities, bioindicators, tropical microbiome, beta diversity, mangroves, agriculture.



Este contenido está protegido bajo la licencia CC BY (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

familias como *Desulfobacteraceae* y *Piscirickettsiaceae* como bioindicadores específicos subraya su potencial para el monitoreo ambiental. Sin embargo, la homogenización en suelos agrícolas alerta sobre riesgos ecológicos, resaltando la necesidad de prácticas sostenibles.

ABSTRACT

Objective: this study characterized the taxonomic structure of soil bacterial communities at the family level across different land uses (forests, mangroves, beaches, and agricultural systems) in Barra de Santiago National Park, El Salvador, to identify bioindicator taxa and their relationship with physicochemical variables. **Methodology:** we used 16S rRNA gene sequencing (V4 region) and multivariate analyses to link bacterial composition with soil properties. **Key Results:** differential taxa associated with each environment were identified. Forests, with high organic matter and neutral pH, were dominated by *Hyphomicrobiaceae* and *Pirellulaceae*. Mangroves showed a predominance of *Desulfobacteraceae*, while beaches harbored unique communities dominated by *Piscirickettsiaceae*, reflecting extreme environmental pressures. Agricultural systems exhibited microbial homogenization linked to intensive practices. Land use was the key modulator of these communities, with pH, metals (Cu), and phosphorus as the primary drivers. **Conclusion:** the identification of families such as *Desulfobacteraceae* and *Piscirickettsiaceae* as specific bioindicators underscores their potential for environmental monitoring. However, the homogenization in agricultural soils signals ecological risks, emphasizing the need for sustainable practices.

INTRODUCCIÓN

Las comunidades microbianas del suelo desempeñan roles fundamentales en el mantenimiento de los ecosistemas terrestres, participando en procesos críticos como la descomposición de materia orgánica, el reciclaje de nutrientes y la regulación de la fertilidad del suelo (Fierer et al., 2012; Lladó et al., 2017). Su composición y diversidad están fuertemente influenciadas por factores abióticos (pH, textura, disponibilidad de nutrientes) y bióticos (vegetación, interacciones microbianas), así como por perturbaciones antrópicas como la agricultura intensiva y la urbanización (Hartmann et al., 2015). Comprender cómo estos factores moldean las comunidades microbianas es esencial para predecir impactos ambientales y diseñar estrategias de manejo sostenible (Tsiafouli et al., 2015), especialmente en regiones tropicales, donde la biodiversidad edáfica enfrenta presiones crecientes debido al cambio de uso de suelo.

El Área de Conservación El Imposible - Barra de Santiago en El Salvador, representa un laboratorio natural ideal para estudiar estas dinámicas. Alberga una diversidad de ecosistemas, incluyendo bosques tropicales, manglares, esteros y playas, junto con sistemas agrícolas tradicionales y silvopastoriles. Esta heterogeneidad ambiental ofrece una oportunidad única para explorar cómo los gradientes fisicoquímicos y las prácticas humanas influyen en la estructura de las comunidades microbianas. Los manglares son fundamentales para el equilibrio ecológico y la protección costera. Estos ecosistemas almacenan carbono, sirven de hábitat para una gran diversidad de aves, mamíferos y peces, actúan como reguladores hidrológicos y funcionan como barreras naturales contra la erosión, protegiendo a las comunidades locales de los huracanes. Además, juegan un papel crucial en la mitigación del cambio climático (Duke et al., 2007), pero se sabe poco sobre cómo sus comunidades microbianas se comparan con las de otros hábitats adyacentes, como playas oligotróficas o suelos agrícolas en El Salvador.

Aunque existen investigaciones sobre microbiomas del suelo en ambientes tropicales, la mayoría se han centrado en filos bacterianos dominantes o en escalas taxonómicas amplias, dejando vacíos en la comprensión de patrones a nivel de familia, cruciales para identificar bioindicadores específicos. Además, pocos estudios integran análisis fisicoquímicos multivariados con perfiles microbianos para desentrañar relaciones complejas entre variables ambientales y estructura comunitaria (Sales Ordoñez et al., 2024; Enríquez-Velázquez et al., 2017). Este trabajo busca llenar estos vacíos mediante tres objetivos principales: (1) caracterizar las comunidades bacterianas a nivel de familia en distintos usos de suelo del Parque Nacional Barra de Santiago, (2) identificar taxones diferenciales asociados a cada ambiente, y (3) evaluar cómo las propiedades fisicoquímicas modulan estos patrones microbianos. Si bien este estudio se centra en el nivel taxonómico de familia, lo que limita la inferencia de roles funcionales precisos, su enfoque integral permite una primera aproximación a la estructura comunitaria en ecosistemas tropicales poco estudiados en El Salvador. La identificación de familias como *Piscirickettsiaceae* y *Desulfobacteraceae* como potenciales bioindicadores subraya su relevancia para el monitoreo ambiental. A pesar de las limitaciones en la resolución de bases de datos para taxones no clasificados, este trabajo sienta las bases para futuras investigaciones multiómicas que exploren mecanismos metabólicos y adaptativos. Su

contribución radica en vincular prácticas de uso de suelo con perfiles microbianos, ofreciendo insumos críticos para políticas de conservación en un contexto de creciente presión antrópica en El Salvador.

METODOLOGÍA

Muestreo y aislamiento de ADN microbiano

Los muestreos se realizaron en bosques tropicales y parcelas agrícolas del Área de Conservación El Imposible-Barra de Santiago. Se colectó un total de 27 muestras compuestas, distribuidas en cuatro categorías de uso de suelo: bosque natural no intervenido (n=9), bosque de manglar (n=11), playa (n=4) y sistemas agrícolas (n=3), que incluyen café, grano básico y un sistema silvopastoril. En cada punto de muestreo, se colectó una muestra biológica consistente en un pool de 10 submuestras separadas por 10 metros, siguiendo los métodos de cinco de oros en terrenos uniformes o zig-zag a 45° en terrenos irregulares, como describe Donaire et al. (2017).

Los muestreos se realizaron en bosques tropicales y parcelas agrícolas del Área de Conservación El Imposible-Barra de Santiago. Para el estudio se determinaron como sujetos de muestreo tres categorías de parcelas agrícolas nueve puntos de muestreo en bosque natural no intervenido, cuatro puntos de muestreo en zona de playa y 11 puntos del bosque de manglar. En cuanto a la recolecta de muestras, esto se realizó según lo descrito por Donaire et al. (2017), donde en cada punto de muestreo, se colectó una muestra biológica para análisis que consistió en 10 submuestras separadas por 10 metros una de la otra mediante los métodos cinco de oros cuando el terreno era uniforme y zig-zag a 45° con ajustes de dirección cuando el terreno presentó irregularidades.

Para la extracción de cada submuestra se eliminó la cobertura vegetal, hojarasca o materia inorgánica de cada punto elegido evitando eliminar la capa superficial de suelo. La extracción de cada submuestra se realizó mediante azada tomando los primeros 15 cm de profundidad. Cada muestra biológica (pool de submuestras), fue tratada en campo para la rotura de los agregados y retiro de las raíces y residuos vegetales. Acto seguido, fue homogeneizada manualmente en recipientes de plástico y tamizado a través de un tamiz de 2mm de diámetro de poro. Los materiales reutilizados en el muestreo fueron esterilizados con una solución de alcohol al 90 % entre cada punto de muestreo, 100 g de cada muestra biológica fue colocada en un tubo plástico cónico estéril y transportada al laboratorio

de biología molecular de la Escuela de Biología de la Facultad de Ciencias Naturales y Matemática de la Universidad de El Salvador en cadena de frío (4°C) donde fueron almacenadas a -20 °C hasta el momento de la extracción de ADN. El resto de la muestra fue colocada en bolsas plásticas estériles y llevadas al laboratorio de suelos del CENTA para el análisis físico químico completo y al laboratorio de suelos de la Facultad de Ciencias Agroquímicas de la Universidad de El Salvador para la medición del carbono total. El resto de la muestra fue colocada en bolsas plásticas estériles y llevadas al laboratorio de suelos del Centro Nacional de Tecnología Agropecuaria y Forestal (CENTA) para el análisis físico químico completo.

El ADN microbiano fue aislado a partir de 250 mg de suelo homogeneizado utilizando el kit DNeasy PowerSoil y la incorporación de algunas modificaciones durante la etapa de lisado de las muestras (adición de 10 mg de CTAB y PVP para una concentración final del 1% de ambos reactivos). La concentración y pureza del ADN obtenido se determinó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1%. Las muestras de ADN fueron almacenadas a -20 °C y posteriormente enviadas al laboratorio BGI Hongkong Tech Solution NGS Lab (China) para la construcción de bibliotecas genómicas y secuenciación de la región hipervariable V4 del gen ARNr 16S utilizando los cebadores 319F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') y 819R (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3').

Procesamiento de datos y análisis genéticos

El control de calidad y la construcción de la tabla de OTUs se realizaron utilizando el algoritmo de eliminación de ruido DADA2 (*Divisive Amplicon Denoising Algorithm*) (Rosen et al., 2012). Los parámetros de recorte se establecieron como: *forward p-trim-left 20, forward p-trunc-len 210, reverse p-trim-left 20 y reverse p-trunc-len 210*. Las lecturas apareadas (*pair-ended*) se agruparon en unidades taxonómicas operacionales (OTUs) utilizando la plataforma EasyMap con ajustes predeterminados (Hung et al., 2021). Las OTUs se asignaron según la base de datos Greengenes (McDonals et al., 2012). Las OTUs clasificadas como mitocondrias y cloroplastos se eliminaron del análisis. La abundancia de OTUs se normalizó mediante rarefacción a la profundidad mínima de secuenciación antes de realizar análisis posteriores.

Determinación de Filos bacterianos más abundantes

La identificación de los filos bacterianos dominantes se realizó en el entorno estadístico R (v4.4.0) (R Core Team, 2025). Los datos taxonómicos se procesaron utilizando principalmente el paquete dplyr, con el cual se calcularon las abundancias relativas de cada filo para cada muestra. Posteriormente, se aplicó un filtro para retener únicamente aquellos filos que representaban una contribución promedio $\geq 1\%$ en al menos uno de los grupos de "Uso de suelo". Para la visualización de los resultados, se empleó el paquete ggplot2 para generar un gráfico de barras apiladas, en el que los filos fueron ordenados por su abundancia global.

Análisis de Componentes Principales (PCA)

Tanto para correlacionar el uso de suelo y los perfiles fisicoquímicos, así como para explorar la variación global entre los perfiles microbianos de los grupos de muestras, se realizaron PCAs con los datos fisicoquímicos y de abundancia taxonómica transformados mediante $\log_{10}(x+1)$ para normalizar distribuciones. Se utilizó la función prcomp() de R con escalado de variables, coloreando las muestras según su grupo y añadiendo elipses de confianza para resaltar agrupamientos.

Análisis de Diversidad Beta

La diversidad beta se evaluó mediante PERMANOVA (análisis de varianza permutacional) con la función adonis2() del paquete vegan, utilizando la distancia de Bray-Curtis para comparar disimilaridad entre grupos. Se realizó un análisis de coordenadas principales (PCA) para determinar los patrones de disimilaridad, y los resultados se visualizaron con un gráfico de abundancia taxonómica a nivel de familia. Para las comparaciones múltiples entre pares de grupos, se ajustaron los p-valores mediante el método de Benjamini-Hochberg (FDR).

Análisis Diferencial de Taxones

El análisis de taxones diferenciales se realizó en el entorno estadístico R. Los datos de abundancia microbiana (plataforma EasyMap) se procesaron utilizando el paquete tidyverse para extraer la información a nivel de familia y filtrar taxones con asignación taxonómica incompleta. Posteriormente, los datos se depuraron eliminando taxones raros (presentes en menos del 10% de las muestras) y se transformaron logarítmicamente ($\log_{10}(x+1)$) para normalizar su distribución. Para identificar las familias con abundancias diferenciales entre los grupos de uso de suelo, se aplicaron pruebas estadísticas paramétricas (t-test o ANOVA, según correspondiera)

utilizando las funciones base del entorno R. Los valores p obtenidos se ajustaron mediante el método de Benjamini-Hochberg para controlar la tasa de falsos descubrimientos (corrección FDR). Aquellos taxones con un valor de FDR < 0.05 se consideraron significativos y su abundancia promedio por grupo se visualizó mediante gráficos de barras generados con el paquete ggplot2.

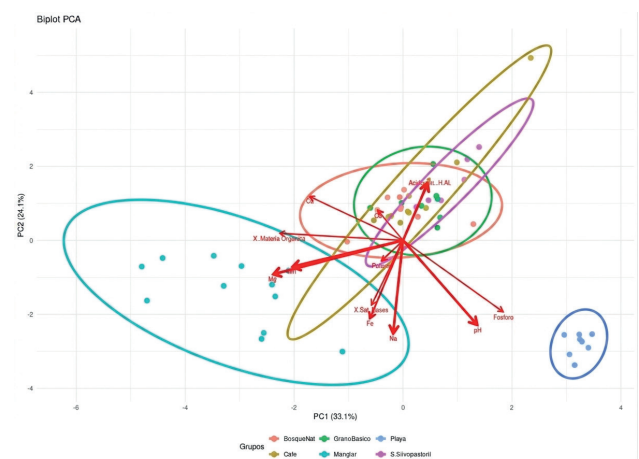
RESULTADOS

Análisis físico químicos

El análisis de componentes principales (figura 1) identificó patrones significativos en la variabilidad fisicoquímica de los ecosistemas evaluados. Los dos primeros componentes capturaron gradientes ambientales clave, asociándose PCA1 a nutrientes, mientras que PCA2 reflejó variaciones en acidez y metales. Los bosques naturales y parcelas agrícolas mostraron correlación positiva con altos niveles de cobre (Cu) y acidez, junto a una menor influencia de sodio (Na) y hierro (Fe), sugiriendo suelos ácidos con limitada exposición a sales o contaminantes metálicos. Los manglares se distinguieron por bajas concentraciones de metales (Fe, Zn, Mn, Mg) y valores bajos en pH y fósforo, atribuible a procesos de neutralización por sales marinas y retención de elementos en sedimentos anóxicos. Las playas presentaron condiciones alcalinas y enriquecimiento en fósforo (P), probablemente vinculados a aportes marinos y actividad humana. La materia orgánica y nutrientes como calcio (Ca) y potasio (K) mostraron una influencia secundaria en los componentes, posiblemente enmascarada por variables dominantes.

Figura 1

Análisis de Componentes Principales (PCA). Relación entre grupos de suelos (BosqueNat, Manglar, Café, GranoBásico, Playa, S. Silvopastoril) y variables fisicoquímicas

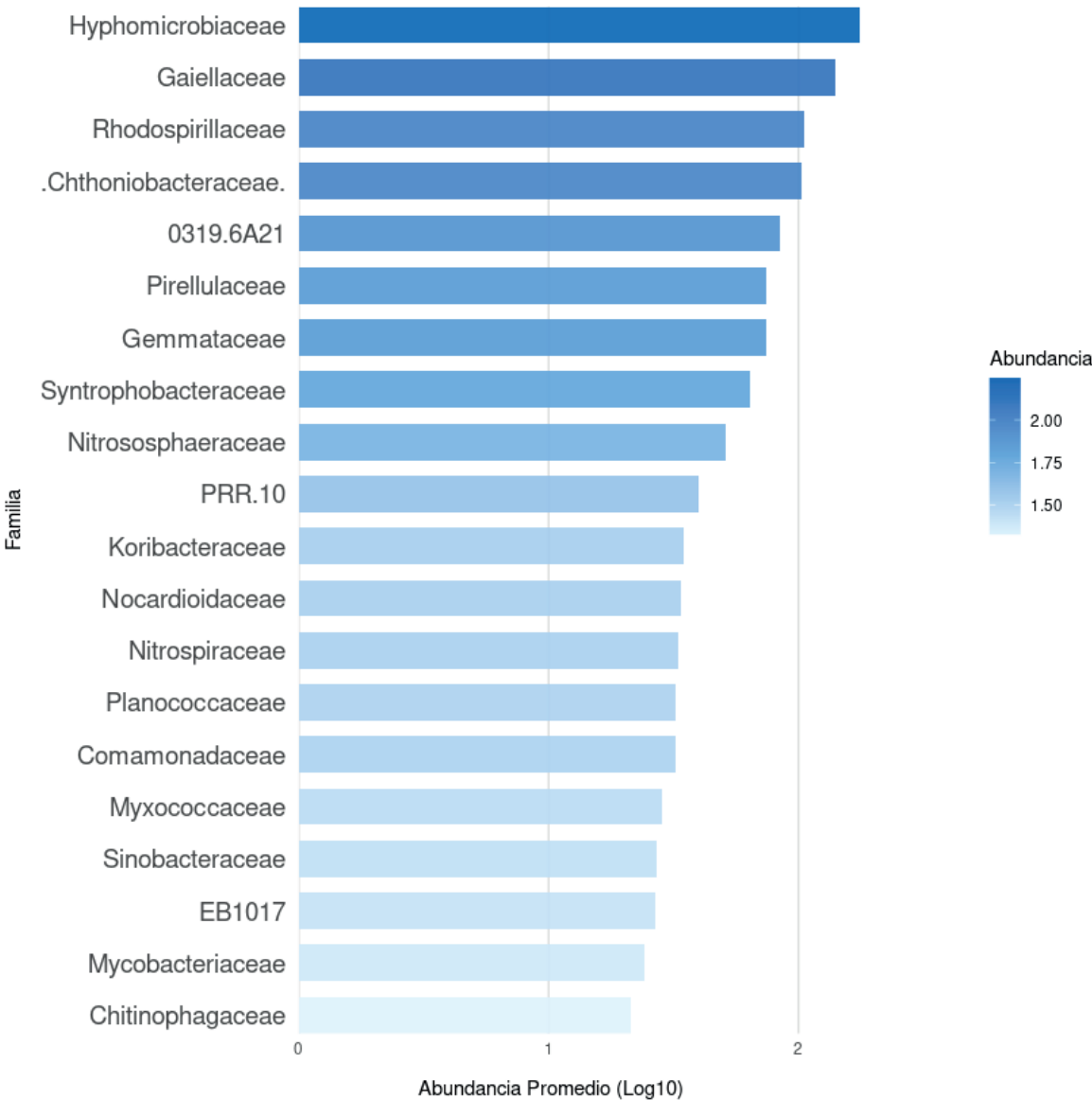


Estructura taxonómica de comunidades bacterianas

El análisis identificó las 20 familias microbianas más abundantes a nivel global (figura 2), encabezadas por Hyphomicrobiaceae, Gaiellaceae y Rhodospirillaceae, que presentaron los mayores valores de abundancia. Otras familias como Chthoniobacteraceae, Pirellulaceae y Nitrososphaeraceae mostraron una presencia relevante, aunque con abundancias ligeramente inferiores. Algunos taxones menos comunes, como 0319.6A21, sugieren la existencia de diversidad microbiana aún no completamente caracterizada.

El gráfico del PCA (figura 3A) muestra los datos proyectados en los dos primeros componentes principales, PC1 y PC2, que explican el 29.78% y 11.13% de la varianza total, respectivamente, sumando un 40.91% de la variabilidad capturada, que, si bien es un porcentaje bajo de explicación, muestra una atención. En el eje horizontal (PC1), se observa la mayor dispersión de los datos, mientras que el eje vertical (PC2) representa la segunda dirección más importante de variabilidad. Los datos están coloreados por grupos, destacándose patrones claros: el grupo "BosqueNat" (rojo) se encuentra principalmente en la región inferior izquierda, mostrando una

Figura 2
Filos bacterianos más abundantes basado en abundancia promedio



separación notable de otros grupos como "Playa" y "S.Silvopastoril". Por su parte, "Café" (amarillo) y "GranoBásico" (verde) forman un cluster compacto en la región central derecha, lo que sugiere similitudes significativas entre ellos. El grupo "Manglar" (azul claro) presenta una dispersión considerable, con algunos puntos cercanos a "BosqueNat" y otros a "Playa", indicando heterogeneidad interna. El grupo "Playa" (azul oscuro), representado por un solo punto en la región superior izquierda, está claramente aislado de los demás, destacando su perfil único. Finalmente, "S.Silvopastoril" (rosa) se ubica cerca de "Café" y "GranoBásico", aunque con una ligera separación, sugiriendo diferencias sutiles. En general, los grupos "Café", "GranoBásico" y "S. Silvopastoril" muestran alta proximidad, mientras que "BosqueNat" y "Playa" son distintivos. La dispersión de "Manglar" resalta su variabilidad interna. Estos resultados ofrecen una visión inicial sobre las relaciones entre los grupos y podrían orientar futuros análisis para explorar las características únicas y compartidas de cada categoría en el contexto del estudio.

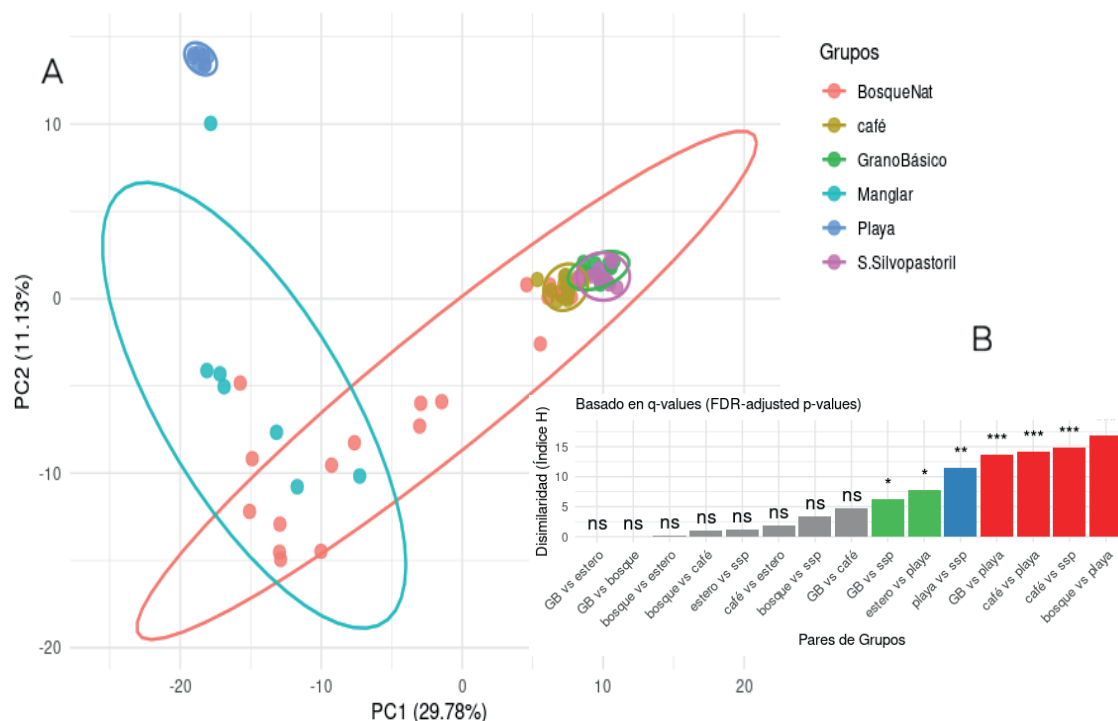
La figura 3B presenta una comparación de la diversidad beta entre pares de grupos mediante el índice H, que mide la disimilitud en la composición. En el eje horizontal se muestran los pares de grupos

analizados, mientras que el eje vertical representa los valores del índice H basada en q-values ajustados (valores p -valor corregidos). Los resultados revelan que los pares que incluyen al grupo "playa", como "estero vs playa", "playa vs ssp", "GB vs playa", "café vs playa" y "bosque vs playa", presentan los valores más altos de disimilitud, superando en muchos casos un índice H de 10, y son estadísticamente significativos.

Por otro lado, las comparaciones entre grupos más similares, como "GB vs bosque", "bosque vs estero" y "estero vs café", muestran índices H cercanos a cero y no son significativas (ns), sugiriendo pocas diferencias en su composición. Algunos pares intermedios, como "GB vs café", tienen un índice H moderado y son significativos con un asterisco (*). En general, los resultados destacan que el grupo "playa" tiene una composición única y claramente diferenciada de los demás grupos, mientras que los grupos relacionados con hábitats más similares, como "GB", "bosque", "estero" y "café", comparten composiciones más homogéneas. Estos hallazgos resaltan patrones clave de similitud y diferencia entre los grupos, proporcionando una base importante para futuras interpretaciones sobre las características biológicas o ambientales que subyacen a estas relaciones.

Figura 3

A) Análisis de Componentes Principales entre los perfiles microbianos de los distintos grupos. B) Comparación de Diversidad Beta (índice H), basado en q-values (FDR-adjusted p-values). Significancia: * $P < 0.05$, ** $P < 0.001$, *** $P < 0.0001$. ns: No Significativo



Análisis diferencial

El análisis reveló patrones distintivos en la distribución de las familias microbianas dominantes entre los diferentes usos de suelo evaluados (figura 4). En los suelos GB destacó Gaiellaceae como la familia más abundante ($\log_{10}=3.00$), seguida de Chthoniobacteraceae (2.74) e Hyphomicrobiaceae (2.66), mostrando una comunidad microbiana particularmente diversa. Los bosques presentaron su propio conjunto de familias dominantes, con Hyphomicrobiaceae (2.43) y Pirellulaceae (2.05) como principales componentes, aunque con abundancias relativamente menores que en GB. Los cafetales mostraron una firma microbiana única, donde Chthoniobacteraceae alcanzó la mayor abundancia (2.90), seguida de cerca por Gaiellaceae (2.87) y la cepa 0319.6A21 (2.78). Los esteros estuvieron dominados por Pirellulaceae (2.34) y Desulfobacteraceae (2.31), reflejando condiciones probablemente asociadas a mayor humedad. Las playas presentaron las abundancias más elevadas, particularmente Piscirickettsiaceae (3.06) y kol13 (2.98), sugiriendo adaptaciones a condiciones ambientales específicas. Los suelos SSP mostraron un perfil intermedio, con Koribacteraceae (2.80) y Gemmataceae (2.76) como familias más representativas. Varias familias como Gaiellaceae y Chthoniobacteraceae aparecieron en múltiples tipos de suelo, pero con abundancias diferenciales, indicando posibles estrategias ecológicas versátiles. En contraste, familias como Piscirickettsiaceae en playas y Desulfobacteraceae en esteros mostraron distribuciones más restringidas, sugiriendo su potencial como bioindicadores específicos. La presencia de taxones como 0319.6A21 en tres de los seis sistemas (GB, café y SSP) plantea interesantes preguntas sobre su plasticidad ecológica. Las diferencias en abundancia entre familias similares en distintos ambientes (ej. Hyphomicrobiaceae con 2.66 en GB vs 2.43 en bosque) podrían reflejar adaptaciones a condiciones edáficas particulares.

Tabla 1

Abundancia promedio (Log10) de las familias bacterianas más representativas y con diferencias significativas entre los distintos usos de suelo evaluados. Los valores representan la media de la abundancia transformada logarítmicamente ($\log_{10}(x+1)$)

Familia	BosqueNat	Manglar	Playa	GranoBásico (GB)	Café	S.Silvopastoril (SSP)
Piscirickettsiaceae	0.00	1.85	3.06	0.00	0.00	0.00
Gaiellaceae	2.15	0.00	0.00	3.00	2.87	2.21
Chthoniobacteraceae	2.18	0.00	0.00	2.74	2.90	2.50
Hyphomicrobiaceae	2.43	1.95	0.00	2.66	2.65	2.51
Pirellulaceae	2.05	2.34	1.10	1.80	1.75	1.90
Desulfobacteraceae	0.00	2.31	0.00	0.00	0.00	0.00
Koribacteraceae	1.90	0.00	0.00	2.30	2.10	2.80
0319.6A21	1.85	0.00	0.00	2.40	2.78	2.60

Este patrón de distribución sugiere que cada uso de suelo selecciona comunidades microbianas particulares, aunque algunas familias cosmopolitas mantienen presencia transversal con variaciones en su dominancia relativa.

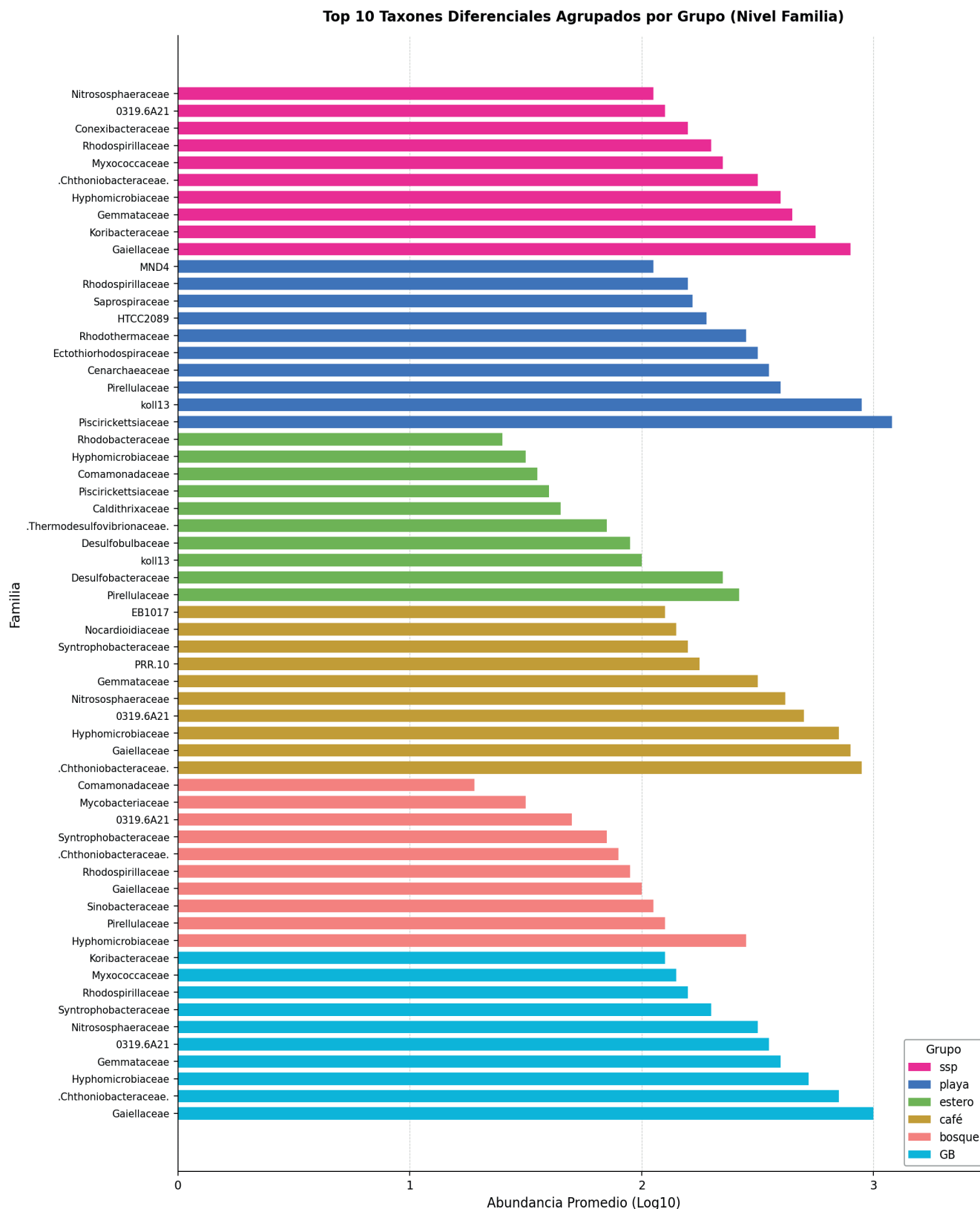
DISCUSIÓN

Los análisis de Componentes Principales (PCA) de variables fisicoquímicas y microbianas revelan interacciones clave entre las propiedades del suelo, el uso de la tierra y la estructura de las comunidades microbianas a nivel de familia. El PCA fisicoquímico mostró una clara segregación de los grupos, un patrón consistente con la literatura científica de otras regiones tropicales. Los bosques naturales (BosqueNat) y las parcelas agrícolas se asociaron con suelos ácidos, lo cual es característico de los suelos tropicales altamente meteorizados donde las bases catiónicas son lixiviadas por las altas precipitaciones (Lal, 2023). La acumulación de cobre (Cu), por su parte, ha sido documentada en sistemas agrícolas como los cafetales, donde el uso histórico de fungicidas a base de este metal conduce a su enriquecimiento en el suelo (Senkondo et al., 2014 2020).

En marcado contraste, los manglares se distinguieron por bajas concentraciones de metales biodisponibles (Fe, Zn, Mn, Mg) y limitación de fósforo (P), un perfil geoquímico distintivo de los humedales costeros a nivel global. En estos ambientes, las condiciones anóxicas y la alta disponibilidad de sulfatos promueven la reducción microbiana de sulfato a sulfuro, el cual inmoviliza eficazmente metales divalentes en forma de sulfuros metálicos insolubles (ej. pirita), secuestrándolos en el sedimento (Teske et al., 1998). Asimismo, la limitación de fósforo es un rasgo común en estos ecosistemas, donde el P es fuertemente adsorbido por minerales de hierro y carbonatos, controlando la productividad primaria y, por ende, la estructura de las comunidades microbianas que dependen de estos recursos (Alongi, 2010).

Figura 4

Taxones diferenciales más representativos por grupo de Uso de suelo. Ssp: Sistema Silvopastoril, GB: Grano Básico



Las playas presentaron condiciones alcalinas y enriquecimiento en fósforo, tradicionalmente atribuido a procesos naturales, ahora se reconoce como un fenómeno impulsado por actividades humanas (ej. fertilizantes, aguas residuales, etc.) y dinámicas costeras (Laughinghouse et al., 2022). Esto redefine su perfil trófico, ya que el fósforo (antes subestimado en ambientes marinos) emerge como un nutriente clave en la eutrofización de playas, incluso en condiciones alcalinas (de la Lanza-Espino et al., 2004). La singularidad microbiana de las playas, dominadas por *Piscirickettsiaceae* ($\log_{10}=3.06$) y *koll13* (2.98), subraya el papel de condiciones extremas como filtros ambientales rigurosos. Estas familias, ausentes en otros sistemas, podrían emplear estrategias especializadas, como la utilización de fosfatasas de alta afinidad o relaciones simbióticas con vegetación halófila, mecanismos reportados en ambientes costeros (Beltrán, 2014). Lo descrito anteriormente resuena con estudios en playas tropicales, donde la limitación de nutrientes selecciona comunidades microbianas con eficiencia metabólica extrema (Thompson et al., 2017). Además, la alta disimilaridad beta en playas (índice $H > 10$) sugiere que estos ambientes albergan taxas únicas, posiblemente críticos para funciones ecosistémicas como la estabilización de suelos y la protección contra la erosión costera, y subraya el papel del P como filtro ambiental, seleccionando comunidades con eficiencia metabólica para aprovechar este recurso (Okamoto et al., 2022).

Estos gradientes ambientales coinciden con los patrones microbianos observados: *Hyphomicrobiaceae* y *Gaiellaceae*, familias vinculadas a la descomposición de materia orgánica en suelos ácidos, dominaron en bosque natural, destacando su participación activa en el ciclo del carbono mediante procesos como la fijación de nitrógeno y la descomposición de compuestos orgánicos en suelos forestales ácidos (Lladó et al., 2017), donde la presencia de Cu podría modular su actividad enzimática; sin embargo, su menor abundancia en manglares (2.43 vs. 2.66 en cafetales) podría reflejar limitaciones nutricionales (bajo fósforo) o competencia con taxa anaerobias. La baja influencia de Na en manglares (Figura 1), contrario a lo esperado, se refleja en la ausencia de taxa halófilos extremos; en su lugar, *Desulfobacteraceae* prevaleció, adaptada a ambientes anóxicos y no necesariamente a alta salinidad (Kuever, 2014a).

Los sistemas agrícolas (café, grano básico) muestran una homogenización microbiana, con predominio de familias como *Syntrophobacteraceae* y

Gemmataceae. Este patrón podría explicarse por prácticas como el uso de agroquímicos y la labranza, que reducen la diversidad funcional y favorecen taxa copiotróficos adaptados a recursos lábiles (Hartmann et al., 2015). Por ejemplo, *Syntrophobacteraceae*, asociada a la degradación de ácidos orgánicos en condiciones anaerobias, podría prosperar en suelos compactados por maquinaria, donde la aireación es limitada (Kuever, 2014b). Esta homogenización implica riesgos ecológicos, como la pérdida de funciones clave (fijación de nitrógeno) y menor resiliencia ante perturbaciones, un desafío crítico para la sostenibilidad agrícola en regiones tropicales (Altieri et al., 2012).

La homogenización microbiana observada en los sistemas agrícolas es consistente con hallazgos en otras regiones tropicales, como la Amazonía, donde la conversión de bosques a pastizales y cultivos intensivos también conduce a una menor diversidad beta y a la pérdida de taxones especializados (Rodríguez et al., 2013). De manera similar, el predominio de *Desulfobacteraceae* en los manglares de Barra de Santiago es coherente con estudios en humedales costeros de Brasil y el sudeste asiático, donde estas bacterias sulfo-reductoras son clave en el ciclo del azufre en sedimentos anóxicos (Dos Santos et al., 2011). En contraste, la alta abundancia de *Hyphomicrobiaceae* y *Gaiellaceae* en los bosques se alinea con perfiles de suelos forestales ácidos a nivel global, donde su rol en la descomposición de materia orgánica compleja es fundamental.

El análisis a nivel de familia, aunque útil para identificar patrones estructurales, limita la inferencia de roles funcionales. Por ejemplo, *Rhodospirillaceae* engloba tanto fotótrofos anoxigénicos como quimiolitótrofos oxidadores de hierro, grupos con impactos opuestos en los ciclos biogeoquímicos (Baldani et al., 2014). Esta ambigüedad taxonómica resalta la necesidad de integrar enfoques multiómicos para desentrañar las dinámicas funcionales subyacentes. Además, la detección de taxones no clasificados (ej.: O319.6A21) en tres sistemas sugiere lagunas en las bases de datos para microbiomas tropicales, un sesgo que podría subestimar la diversidad real y su potencial biotecnológico.

Finalmente, la coexistencia de familias halófilas (*Desulfobacteraceae*) y descomponedoras (*Pirellulaceae*) en manglares sugiere interacciones funcionales complejas, posiblemente mediadas por gradientes de salinidad y oxigenación. Estas comunidades podrían modular procesos clave como la descomposición de materia orgánica en

condiciones ambientales fluctuantes, un servicio ecosistémico crítico en humedales costeros. Estudios en otros sistemas acuáticos, como lagos hipersalinos, respaldan el papel determinante de la salinidad y la disponibilidad de oxígeno en la estructuración de comunidades microbianas y sus funciones metabólicas (Vavourakis et al., 2016). Futuros estudios que monitoreen estas dinámicas en microhábitats específicos (ej.: rizósfera vs. suelo bulk) podrían revelar mecanismos de adaptación a escalas finas, esenciales para diseñar estrategias de conservación en ecosistemas vulnerables al cambio climático.

CONCLUSIONES

Este trabajo demuestra que el uso del suelo configura comunidades microbianas en el Parque Nacional Barra de Santiago, con factores como acidez, metales (Cu) y fósforo como drivers clave. La reclasificación de playas como sistemas enriquecidos en P redefine su perfil ecológico, mientras la baja influencia de Na en manglares cuestiona su estereotipo como ambientes salinos extremos. La homogenización en sistemas agrícolas, ligada a Cu y prácticas intensivas, alerta sobre riesgos ecológicos. Aunque este análisis taxonómico proporciona una sólida aproximación estructural, para descifrar las funciones ecológicas detrás de estos patrones serán esenciales enfoques multiómicos más específicos. Futuras investigaciones deberían emplear metagenómica de tipo shotgun para identificar el potencial funcional completo de las comunidades, como los genes de resistencia a metales o de solubilización de fosfatos en las familias bioindicadoras; así mismo permitiría aproximarse a caracterizar los taxones no clasificados y abundantes como O319.6A21. Estos avances no solo enriquecerán nuestro entendimiento de los microbiomas tropicales, sino que también guiarán el diseño de estrategias de conservación y manejo sostenible basadas en funciones ecosistémicas críticas en un contexto de cambio global.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos profundamente a los Guardaparques del Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales (MARN) por su invaluable apoyo logístico durante las campañas de muestreo, así como por su compromiso con la conservación de los ecosistemas estudiados. Su conocimiento del terreno y asistencia fueron fundamentales para el éxito de este trabajo. De igual manera, extendemos nuestro reconocimiento al Fondo de la Iniciativa para las Américas (FIAES) por el financiamiento otorgado, el cual permitió llevar a cabo las investigaciones en campo y laboratorio.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

REFERENCIAS

- Altieri, M. A., Koohafkan, P., y Holt-Giménez, E. (2012). Agricultura verde: Fundamentos agroecológicos para diseñar sistemas agrícolas biodiversos, resilientes y productivos. *Agroecología*, 7, 7-18. <https://archive.foodfirst.org/wp-content/uploads/2016/01/agricultura-verde-Altieri.pdf>
- Baldani, J. I., Videira, S. S., Teixeira, K. R. S., Reis, V. M., Oliveira, A. L. M., Schwab, S., Souza, E. M., Pedraza, R. O., Baldani, V. L. D., & Hartmann, A. (2014). The family *Rhodospirillaceae*. In E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, & F. Thompson (Eds.), *The prokaryotes: Alphaproteobacteria and betaproteobacteria* (pp. 534-601). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-30197-1_300
- Beltrán Pineda, M. E. (2014). La solubilización de fosfatos como estrategia microbiana para promover el crecimiento vegetal. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 15(1), 101-113. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-87062014000100009
- Bryant, D. A., Costas, A. M. G., Maresca, J. A., Chew, A. G. M., Klatt, C. G., Bateson, M. M., & Ward, D. M. (2007). Candidatus *Chloracidobacterium thermophilum*: An aerobic phototrophic Acidobacterium. *Science*, 317(5837), 523-526. <https://doi.org/10.1126/science.1143236>
- De la Lanza-Espino, G., Penié-Rodríguez, I., y Hernández-Pulido, S. (2004). Variación espaciotemporal del fósforo y el efecto de las corrientes locales en su distribución en la Bahía de Petacalco, Guerrero, México. *Ciencias Marinas*, 30(2), 311-322. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=48030204>
- Donaire Figueroa, K., Pérez Duval, A., Romero Calle, D. X., Cárdenas Alegría, O., y Álvarez Aliaga, M. T. (2017). Establecimiento y evaluación de dos métodos de pretratamiento de muestras de suelo para la extracción de ADN para el estudio de la diversidad bacteriana. *Revista CON-CIENCIA*, 5(1), 27-38. http://www.scielo.org.bo/pdf/rcfb/v5n1/v5n1_a02.pdf

- Duke, N. C., Meynecke, J. O., Dittmann, S., Ellison, A. M., Anger, K., Berger, U., & Dahdouh-Guebas, F. (2007). A world without mangroves? *Science*, 317(5834), 41–42. <https://doi.org/10.1126/science.317.5834.41b>
- Enríquez-Velázquez, O., Aguilar-Aguilar, R., Valencia-Cantero, E., & Velázquez-Becerra, C. (2017). Perfil fisicoquímico y microbiológico de tres distintos suelos forestales y su efecto en el crecimiento de *Pinus devoniana* Lindl. *Polibotánica*, 44, 109–118. <https://doi.org/10.18387/polibotanica.44.8>
- Fierer, N., Lauber, C. L., Ramirez, K. S., Zaneveld, J., Bradford, M. A., & Knight, R. (2012). Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients. *The ISME Journal*, 6(5), 1007–1017. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.159>
- Hartmann, M., Frey, B., Mayer, J., Mäder, P., & Widmer, F. (2015). Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *The ISME Journal*, 9(5), 1177–1194. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.210>
- Hung, Y. M., Lu, T. P., Tsai, M. H., Lai, L. C., & Chuang, E. Y. (2021). EasyMAP: A user-friendly online platform for analyzing 16S ribosomal DNA sequencing data. *New Biotechnology*, 63, 37–44. <https://doi.org/10.1016/j.nbt.2021.03.001>
- Kuever, J. (2014a). The family *Desulfobacteraceae*. In E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, & F. Thompson (Eds.), *The prokaryotes* (pp. 45–73). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-39044-9_266
- Kuever, J. (2014b). The family *Syntrophobacteraceae*. In E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, & F. Thompson (Eds.), *The prokaryotes*. Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-39044-9_268
- Laughinghouse IV, H. D., Smyth, A., Havens, K., & Frazer, T. (2022). Repensando el papel del nitrógeno y fósforo en la eutrofización de los ecosistemas acuáticos. *UF/IFAS Extension* (SGEF190s). <https://doi.org/10.32473/edis-SG191-2022>
- Lladó, S., López-Mondéjar, R., & Baldrian, P. (2017). Forest soil bacteria: Diversity, involvement in ecosystem processes, and response to global change. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 81(2), e00063-16. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00063-16>
- McDonald, D., Price, M. N., Goodrich, J., Nawrocki, E. P., DeSantis, T. Z., Probst, A., & Hugenholtz, P. (2012). An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea. *The ISME Journal*, 6(3), 610–618. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.139>
- Okamoto, N., Keeling, P. J., Leander, B. S., & Tai, V. (2022). Microbial communities in sandy beaches from the three domains of life differ by microhabitat and intertidal location. *Molecular Ecology*, 31(11), 3210–3227. <https://doi.org/10.1111/mec.16453>
- Pester, M., Knorr, K. H., Friedrich, M. W., Wagner, M., & Loy, A. (2012). Sulfate-reducing microorganisms in wetlands—Fameless actors in carbon cycling and climate change. *Frontiers in Microbiology*, 3, 72. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2012.00072>
- R Core Team. (2025). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>
- Rosen, M. J., Callahan, B. J., Fisher, D. S., & Holmes, S. P. (2012). Denoising PCR-amplified metagenome data. *BMC Bioinformatics*, 13, 283. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-283>
- Sales Ordoñez, G., Aguirre Escalante, C., Cerna Cueva, A. F., Ortega-Silva, D. S., Pérez Hernández, V. E., Aguilar Carazas, N. W., y Reategui-Inga, M. E. (2024). Análisis de microorganismos funcionales y su relación con parámetros fisicoquímicos del suelo en un bosque reservado. *Manglar*, 21(1), 19–28. <https://doi.org/10.57188/manglar.2024.002>
- Thompson, L. R., Sanders, J. G., McDonald, D., Amir, A., Ladau, J., Locey, K. J., & Eisen, J. A. (2017). A communal catalogue reveals Earth's multiscale microbial diversity. *Nature*, 551(7681), 457–463. <https://doi.org/10.1038/nature24621>

- Tsiafouli, M. A., Thébault, E., Sgardelis, S. P., de Ruiter, P. C., van der Putten, W. H., Birkhofer, K., & Uteseny, K. (2015). Intensive agriculture reduces soil biodiversity across Europe. *Global Change Biology*, 21(2), 973–985. <https://doi.org/10.1111/gcb.12752>
- Vavourakis, C. D., Ghai, R., Rodriguez-Valera, F., Sorokin, D. Y., Tringe, S. G., Hugenholtz, P., & Muyzer, G. (2016). Metagenomic insights into the uncultured diversity and physiology of microbes in four hypersaline soda lake brines. *Frontiers in Microbiology*, 7, 211. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00211>