



UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA

**Diversidad de hongos y bacterias
presentes en suelos de bosques
tropicales de la Cordillera
Occidental-Valle del Cauca en
respuesta a un gradiente altitudinal.**

Wendy Lorena Reyes Ardila

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias Agrarias

Palmira, Colombia

2023

Diversidad de hongos y bacterias presentes en suelos de bosques tropicales de la Cordillera Occidental- Valle del Cauca en respuesta a un gradiente altitudinal.

Wendy Lorena Reyes Ardila

Trabajo de investigación presentado como requisito parcial para optar al título de:
Magister en Ciencias Biológicas

Directora:

PhD. Diana Carolina López Álvarez

Línea de Investigación:

Biotecnología Vegetal

Grupo de Investigación:

Grupo de Investigación en Diversidad Biológica

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias Agrarias

Palmira, Colombia

2023

Dedicatoria

*A mi abuela, Rosa Valenzuela. Ella es el motor
de mi vida.*

*En memoria de mi tía Marleny Ardila
"Tupananchiskama".*

Declaración de obra original

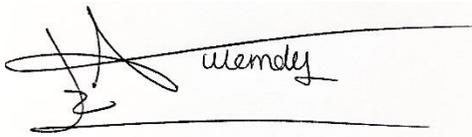
Yo declaro lo siguiente:

He leído el Acuerdo 035 de 2003 del Consejo Académico de la Universidad Nacional. «Reglamento sobre propiedad intelectual» y la Normatividad Nacional relacionada al respeto de los derechos de autor. Esta disertación representa mi trabajo original, excepto donde he reconocido las ideas, las palabras, o materiales de otros autores.

Cuando se han presentado ideas o palabras de otros autores en esta disertación, he realizado su respectivo reconocimiento aplicando correctamente los esquemas de citas y referencias bibliográficas en el estilo requerido.

He obtenido el permiso del autor o editor para incluir cualquier material con derechos de autor (por ejemplo, tablas, figuras, instrumentos de encuesta o grandes porciones de texto).

Por último, he sometido esta disertación a la herramienta de integridad académica, definida por la universidad.

A handwritten signature in black ink on a light-colored background. The signature is stylized and appears to read 'wendy'. There are horizontal lines above and below the signature.

WENDY LORENA REYES ARDILA

CC: 1097666319 de La Belleza, Santander.

Fecha 01/02/2022

Agradecimientos

Agradezco a Dios por guiarme en mi camino y por permitirme concluir con mi objetivo.

A mi abuela Rosa Valenzuela, por siempre creer en mí, quien es mi motor y mayor inspiración, que, a través de su amor, paciencia, buenos valores, ayudaron a trazar mi camino.

A mis tutores Diana Carolina Álvarez y Jaime Eduardo Muñoz por su confianza y guía durante este proceso.

Al equipo de trabajo del grupo de Investigación en Diversidad Biológica de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, Alexander Vélez Martínez, Paula Andrea Rugeles y Juan Diego Duque, por su apoyo y mano amiga.

A mis amigas Karla Manrique, Yecika Mora y Camila Pedreros, por sus palabras de aliento, fuerza y apoyo incondicional.

Finalmente, pero no menos importante, al “Patrimonio Autónomo Fondo Nacional de Financiamiento para la Ciencia, la Tecnología y la Innovación Francisco José de Caldas.” Por la inclusión y financiamiento dentro del marco del programa: “Relaciones multiescalares de la biodiversidad en gradientes altitudinales del bosque tropical”, Código: 1106- 852-70306, del que hace parte este trabajo de grado

.

Resumen

Diversidad de hongos y bacterias presentes en suelos de bosques tropicales de la Cordillera Occidental-Valle del Cauca en respuesta a un gradiente altitudinal.

Se realizó una caracterización taxonómica bacteriana (16S) y fúngica (ITS) utilizando metabarcoding en un gradiente altitudinal de la cordillera occidental del Valle del Cauca, Colombia, incluyó ecosistemas de Bosques Andino, Seco Tropical y Páramo en las localidades: Laguna de Sonso (LS) (900 msnm), Yotoco (Yt) (1800 msnm), Bosque del Duende (BD) (2400 msnm) y páramo del Duende (PDU) (3200 msnm). Los análisis fisicoquímicos mostraron suelos con materia orgánica alta (>10%), sin problemas de compactación, pHs extremadamente ácidos (4,4) para zonas con mayor altitud, ligera y fuertemente ácidos en zonas bajas (5,5-6,1). Se identificaron 59 familias de plantas en las zonas de muestreo, siendo las más abundantes Araceae, Lauraceae y Fabaceae. Las asignaciones taxonómicas bacterianas fueron dominadas por los phyla Acidobacteriota (33,1%) y Proteobacteria (23,9%), para hongos dominaron Ascomycota (38,6%) y Basidiomycota (11,3%). Los análisis diversidad alfa mostraron alta diversidad, riqueza y baja dominancia, demostrando que las comunidades son altamente diversas, mientras la diversidad beta reflejó las diferencias de la composición en las localidades y la heterogeneidad de estas. Las predicciones funcionales reflejaron que la abundancia absoluta más alta para bacterias presentó actividad quimioheterotrofa y se relaciona con diferentes componentes del ciclo del nitrógeno mientras en hongos se clasifica por gremios ecológicos, donde los relacionados con actividad patogénica tanto en animales como en plantas, endofitismo, saprofitismo y epífitos fueron más representativos. Los resultados encontrados demuestran una variabilidad genética ecológica de los microorganismos entre las zonas de muestreo, además, respondieron a los cambios fisicoquímicos y de vegetación propios del gradiente altitudinal.

Palabras clave: gradiente altitudinal, suelo, bacteria, hongo, potencial funcional, taxonomía.

Abstract

Diversity of fungi and bacteria present in tropical forest soils of the western range - Valle del Cauca in response to an altitudinal gradient.

A bacterial (16S) and fungal (ITS) taxonomic characterization was carried out using metabarcoding over an altitudinal gradient in the western mountain range of Valle del Cauca, Colombia, which included ecosystems of Andean, Tropical Dry and Paramo Forests in the localities of Laguna de Sonso (LS) (900 masl), Yotoco (Yt) (1800 masl), Bosque del Duende (BD) (2400 masl) and paramo of Duende (PDU) (3200 masl). The physicochemical analyses showed soils with high organic matter (>10%), no compaction problems, extremely acidic pHs (4.4) for higher altitude zones, and slightly and strongly acidic in lower zones (5.5-6.1). Fifty-nine plant families were identified in the sampling areas, the most abundant being Araceae, Lauraceae, and Fabaceae. Bacterial taxonomic assignments were dominated by the phyla Acidobacteriota (33.1%) and Proteobacteria (23.9%), for fungi Ascomycota (38.6%) and Basidiomycota (11.3%). In general, alpha diversity analyses showed high diversity, richness, and low dominance, demonstrating that the communities are highly diverse. In contrast, beta diversity reflected the differences in the composition of the localities and their heterogeneity. Functional predictions reflected that the highest absolute abundance for bacteria presented chemoheterotrophic activity and was related to different components of the nitrogen cycle. At the same time, fungi were classified by ecological guilds, where those related to pathogenic activity in animals and plants, endophytes, saprophytes, and epiphytes were more representative. The results show an ecological genetic variability of the microorganisms among the sampling zones, in addition, they responded to the physicochemical and vegetation changes characteristic of the altitudinal gradient.

Keywords: altitudinal gradient, soil, bacteria, fungi, functional potential, taxonomy.

Contenido

	Pág.
Resumen	VI
Abstract	VII
Lista de figuras	X
Lista de tablas	XIII
Introducción	1
1. Definición del problema	5
2. Justificación	8
3. Objetivos	11
3.1 General.....	11
3.2 Específicos	11
4. Estado del arte	12
4.1 Suelo	12
4.2 Bosque Tropical.....	13
4.2.1 Bosque Seco Tropical	14
4.2.2 Bosque Andino.....	15
4.2.3 Páramo	16
4.3 Gradiente altitudinal	16
4.4 Microorganismos del suelo	17
4.4.1 Bacterias	18
4.4.2 Hongos.....	19
4.5 Cuantificación de la biodiversidad de bacterias y hongos	20
4.5.1. Diversidad Alfa	21
4.5.1. Diversidad Beta.....	21
4.6 Metabarcoding.....	22
5. Metodología	24
5.1 Área de estudio.....	24
5.2 Identificación de la composición florística	24
5.3 Toma de muestras de suelo para extracción de ADN	25
5.4 Muestreo y análisis fisicoquímico.....	25
5.5 Extracción de y secuenciación ADN.....	26
5.6 Análisis bioinformático	26
6. Resultados	28
6.1 Análisis fisicoquímico de suelos.....	28
6.1.1 Laguna de Sonso (LS) (900 m.s.n.m).....	28
6.1.2 Bosque de Yotoco (Yt) (1800 m.s.n.m).....	28
6.1.3 Bosque del Duende (BD) (2400 m.s.n.m).....	29
6.1.4 Páramo del Duende (PDU) (3200 m.s.n.m).....	29

6.1.5	Prueba de normalidad.....	30
6.2	Composición florística	31
6.3	Composición bacteriana	33
6.4	Análisis de abundancia diferencial de microorganismos bacterianos.....	39
6.5	Diversidad bacteriana.....	44
6.5.1	Diversidad Alfa	44
6.5.2	Diversidad Beta	45
6.5.2.1	Análisis de disimilitud.....	46
6.5.2.2	Análisis de Coordenadas Principales (PCoA)	47
6.6	Análisis Factorial Múltiple (MFA)	49
6.7	Análisis del potencial funcional bacteriano	51
6.8	Análisis de composición fúngica.....	53
6.9	Análisis de abundancia diferencial de hongos	57
6.10	Diversidad fúngica.....	62
6.10.1	Diversidad Alfa	62
6.10.2	Diversidad Beta	63
6.10.2.1	Análisis de disimilitud.....	63
6.10.2.2	Análisis de Coordenadas Principales (PCoA)	65
6.11	Análisis Factorial Múltiple (MFA)	67
6.12	Análisis del potencial funcional fúngico	69
7.	Discusión.....	73
7.1	Composición bacteriana	73
7.2	Composición de hongos.....	77
7.3	Diversidad de bacterias y hongos.....	79
7.4	Potencial funcional de bacterias y hongos.....	81
8.	Conclusiones.....	83
Anexos	85
Anexo A:	Permisos otorgados para la toma de muestras ambientales.....	86
Anexo B:	Análisis de estadística descriptiva para todos los resultados fisicoquímicos.....	91
Anexo C:	Resultado del proceso de control y calidad realizado para bacterias y hongos a través de DADA2 y qiime2	92
Anexo D:	Curvas de rarefacción. A) Bacterias. C) Hongos	94
Anexo F:	Información taxonómica de bacterias.....	95
Anexo G:	Información taxonómica de hongos.....	95
Anexo H:	Siglas multifactoriales bacterias y hongos	95
Anexo I:	Asignación funcional de bacterias con FAPROTAX	96
Anexo J:	Asignación funcional de hongos con FUNGuild.....	96
	Bibliografía.....	97

Lista de figuras

Pág.

Figura 1. Ubicación geográfica de las zonas de muestreo. (A) Laguna de Sonso (900 m.s.n.m), (B) Bosque de Yotoco (1.800 m.s.n.m), (C) Bosque del Duende (2.400 m.s.n.m), (D) Páramo del Duende (3.200 m.s.n.m).	25
Figura 2. Distribución de la composición florística a nivel de familia obtenida de las cuatro localidades muestreadas: LS (zona de restauración); Yt (Reserva Nacional Forestal Bosque de Yotoco); BD (Parque Natural Regional Páramo del Duende); PDU (Parque Natural Regional Páramo del Duende).	32
Figura 3. Composición taxonómica a nivel de phyla de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).	34
Figura 4. Composición taxonómica a nivel de clase de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).	35
Figura 5. Composición taxonómica a nivel de orden de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).	36
Figura 6. Composición taxonómica a nivel de familia de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).	37
Figura 7. Composición taxonómica bacteriana A: Genero. B: Especie. con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU).	38
Figura 8. Proporción transformada Log10 de abundancia relativa entre las comunidades bacterianas los contrastes entre las localidades: (A) Laguna de Sonso y Páramo del Duende. (B) Bosque de Yotoco y Páramo del Duende estimadas por DESeq2.	41
Figura 9. Proporción transformada Log10 de abundancia relativa entre las comunidades bacterianas de los contrastes entre las localidades: (C) Bosque del Duende y Páramo del Duende. (D) Laguna de Sonso y Bosque del Duende estimadas por DESeq2.	42
Figura 10. Proporción transformada Log10 de abundancia relativa entre las comunidades bacterianas de los contrastes entre las localidades: (E) Laguna de Sonso y Bosque de Yotoco estimadas por DESeq2.	43
Figura 11. Evaluación de los índices de diversidad Alfa. A. Diversidad (Índice de Shannon). B. Dominancia (Índice de Berger Parker). (C) Uniformidad (Índice de Pielou). D. Rareza (Por abundancia). (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).	45
Figura 12. Representación esquemática de los componentes de la diversidad beta con diagramas de Venn en los que se incluyen los números de taxones exclusivos a cada sitio y los que se comparten entre sitios, en los diferentes niveles taxonómicos evaluados.	47
Figura 13. Análisis de coordenadas principales (PCoA) de 27 muestras de suelos pertenecientes a las cuatro localidades objeto de este estudio, teniendo en cuenta la disimilitud de Bray-Curtis.	48

Figura 14. Comparación de la divergencia entre las localidades muestreadas (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).	49
Figura 15. Análisis multifactorial de la relación entre las observaciones de las variables análisis físico de suelos (AFS), análisis químico de suelos (AQS), géneros de bacterias diferentes y/o únicas (GBD), géneros de bacterias más abundantes (GBMA), plantas diferentes y/o únicas (PDA) y plantas más abundantes en cada localidad (PMA) en todas las zonas de muestreo. (Ver siglas completas Anexo H).	50
Figura 16. Mapa de calor del potencial funcional de bacterias. Los datos basados en la ocurrencia de ASV (número de ASV capaces para cada función) y sus respectivas abundancias absolutas, obtenidas de las muestras de suelo de cada localidad.	52
Figura 17. Análisis de componentes principales (PCA) de los ocho grupos asociados con el potencial funcional encontrado es las 27 muestras de suelos analizadas metagenómicamente.	53
Figura 18. Composición taxonómica de hongos a nivel de Phylum con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.	54
Figura 19. Composición taxonómica de hongos a nivel de Clase con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.	55
Figura 20. Composición taxonómica de hongos a nivel de Orden con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.	56
Figura 21. Composición taxonómica de hongos a nivel de Familia con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.	56
Figura 22. Composición taxonómica de hongos a los niveles de A: Género; B: Especie, con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU): Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.	57
Figura 23. Proporción transformada Log2 de abundancia relativa entre las comunidades fúngicas de los contrastes entre las localidades: (A) Laguna de Sonso y Páramo del Duende. (B) Bosque de Yotoco y Páramo estimadas por DESeq2.	59
Figura 24. Proporción transformada Log2 de abundancia relativa entre las comunidades fúngicas de los contrastes entre las localidades: (C) Laguna de Sonso y Bosque de Yotoco. (D) Bosque del Duende y Páramo del duende. estimadas por DESeq2.	60
Figura 25. Proporción transformada Log2 de abundancia relativa entre las comunidades fúngicas de los contrastes entre las localidades: (E) Bosque de Yotoco y Bosque del Duende. (F) Laguna de Sonso y Bosque del Duende.	61
Figura 26. Evaluación de los índices de diversidad Alfa. A. Diversidad (Índice de Shannon). B. Dominancia (Índice de Berger Parker). (C) Uniformidad (Índice de Pielou). D. Rareza (Por abundancia). (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).	63
Figura 27. Representación esquemática de los componentes de la diversidad beta con diagramas de Venn en los que se incluyen los números de taxones de hongos exclusivos a cada sitio y los que se comparten entre sitios, en los diferentes niveles taxonómicos evaluados.	65

Figura 28. Análisis de coordenadas principales (PCoA) de 34 muestras de suelos pertenecientes al análisis taxonómico de hongos en cuatro localidades estudiadas, teniendo en cuenta la disimilitud de Bray-Curtis. _____ 66

Figura 29. Comparación de la divergencia entre las localidades muestreadas. (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$). _____ 67

Figura 30. Análisis multifactorial de la relación entre las observaciones de las variables AFS, AQS, GHMA, GHD, PMA y PDA en todas las zonas de muestreo (Ver siglas completas en Anexo H). 69

Figura 31. Asignación de gremios funcionales para las 4 localidades evaluadas utilizando FunGuild. (A). Análisis de las predicciones funcionales con base a la asignación taxonómica neta obtenida. (B) Análisis de las predicciones funcionales con base al phylum Ascomycota. (C) Análisis de las predicciones funcionales con base al phylum Basidiomycota. _____ 72

Lista de tablas

	Pág.
Tabla 1. Análisis no paramétrico a través de la prueba de Kruskal-Wallis entre las cuatro localidades, para todos los análisis fisicoquímicos.	30
Tabla 2. Resultados de la caracterización florística	31

Introducción

Los efectos antropogénicos sobre el ambiente han conllevado a la modificación progresiva del comportamiento climático en el planeta tierra y con ello, a la pérdida desmedida de la diversidad biológica o biodiversidad, la cual comprende la variabilidad de organismos vivos de cualquier fuente, incluidos los ecosistemas terrestres, marinos, otros ecosistemas acuáticos y los complejos ecológicos de los que forman parte; comprendiendo la diversidad dentro, entre las especies y los ecosistemas (Naciones Unidas, 1992).

Según el Centro Mundial de Vigilancia de la Conservación el 70% de la biodiversidad del planeta reposa en 17 países de los 193 reconocidos por la ONU, siendo Australia el primero de estos al igual que países latinoamericanos como Brasil, Colombia, México y Perú (WWF, 2022; Álvarez Malvido et al., 2021). América Latina y el Caribe es vista como una región vulnerable a las amenazas del cambio climático por los gases de efecto invernadero (GEI), esto, entre otras razones, por la gran riqueza biodiversa y por los seres vivos endémicos que conserva (Şekercioğlu et al., 2012), el cual ha generado que muchas especies se hallan extinguido localmente y otras por completo (Campillo Meseguer, 2022)

Lo anterior tendría repercusiones directas sobre los organismos individuales, poblaciones y los ecosistemas, ya que los cambios en los patrones climáticos de temperatura y precipitación, podrían afectar la fisiología y comportamientos durante las fases de crecimiento, reproducción y migración de los individuos y afectar la distribución, tamaño, estructura y abundancia de las poblaciones de algunas especies (González Sánchez et al., 2013; Schaefer et al., 2008)

Es por ello, que el estudio de diversidad biológica se ha convertido en una herramienta importante para comprender las dinámicas ambientales, y este, se conforma por tres niveles principales: 1. Genético, que busca la diversidad de genes entre especies e individuos de la misma especie. 2. Taxonómico, estudia e identifica la diversidad de especies, géneros, entre otros. 3. Ecológico, investiga la variedad a nivel superior como lo

son los ecosistemas (Badii et al., 2015), de igual manera se recurre a diferentes disciplinas como la sistemática, la filogenia, bioinformática, entre otras, con el fin de identificar y clasificar los organismos de forma correcta.

No obstante, los estudios enfocados en la identificación de la variabilidad biológica se han inclinado en su mayoría, a la identificación, clasificación y mejoramiento de plantas, animales y algunos artrópodos, dejando a un lado la riqueza biodiversa existente en el suelo que incluye la vida microbiana, esto, en gran medida a causa del desarrollo de las metodologías y tecnologías que permitieran llegar a obtener información confiable (Soria, 2016).

Es hasta mediados del siglo XIX que contemporánea a la microbiología moderna nace la microbiología del suelo en términos de diversidad, y es hasta los inicios de los años 70 que los métodos empezaron avanzar progresivamente (Soria, 2016), permitiendo el desarrollo de la medición e identificación de microorganismos y el estudio de sus funciones en el suelo.

Es así como en siglo XXI aparece la tecnología de secuenciación de nueva generación (NGS) para estudios de diversidad microbiana que permitió la obtención de grandes cantidades de secuencias de ADN de manera rápida y a bajo costo, lo que abrió la puerta para el desarrollo del metabarcoding como técnica de identificación de especies por primera vez en 2009 (Hajibabaei et al., 2006; Yu et al., 2012). Desde entonces, se ha utilizado en una amplia variedad de estudios de diversidad microbiana en distintos tipos de muestras, como agua, sedimentos, aire, alimentos y suelos.

Por su parte, el suelo es un recurso natural limitado no renovable, el cual presta importantes servicios ecosistémicos y/o ambientales, entre los cuales, se encuentra su relación con los ciclos biogeoquímicos, que incluye elementos clave para la vida como lo es el carbono, nitrógeno, fósforo, entre otros (Orjuela, 2016); es por ello que la FAO en el 2015, declara al suelo como un albergue de la cuarta parte de la biodiversidad del planeta.

Encontrándose especialmente en bosques tropicales que conservan alrededor del 50% de la biodiversidad global (González Sánchez et al., 2013), donde yace la diversidad biológica forestal que comprende más allá de los árboles, incluyendo la multitud de plantas, animales y microorganismos que habitan en las zonas forestales y la diversidad genética asociada

a estos (FAO & PNUMA, 2020) que incluye ecosistemas estratégicos como los bosques seco tropical y bosques andinos además de las zonas y páramos para Colombia.

Los bosques seco tropical y andino se han visto fuertemente alterados por los efectos de la intervención acelerada del hombre, ya que, para el 2020 el mundo perdió 420 millones de hectáreas de bosque desde 1990 (FAO, 2020), y para nuestro país, conforme a lo reportado por el Minambiente (2023), en las últimas dos décadas se han perdido más de 3 millones de hectáreas (Ha), y es dentro de estos espacios que se encuentran ecosistemas estratégicos ricos en biodiversidad como los Bosques Secos Tropicales (BsT) y los Bosques Andinos, presentes en diferentes departamentos del país en especial en el Valle del Cauca.

Además se encuentran las zonas de páramos, las cuales han sido poco estudiadas respecto a la interacción y funciones de su ecosistema, están estrechamente relacionados con los bosques tropicales, ya que forman parte del mismo sistema montañoso de los Andes y se encuentran interconectados ecológicamente, siendo propuestos como uno de los puntos claves globales (hot-spot) (Myers et al., 2000).

Los páramos se han visto fuertemente afectadas, y son de gran importancia e impacto global, ya que el país cuenta con cerca del 50% de los existentes, constituidos en 37 islas del cielo, localizadas en las tres cordilleras y en la Sierra Nevada de Santa Marta (Cabrera & Ramírez, 2014; Morales-Betancourt & Estévez-Varón, 2006) sin embargo, han sido víctimas de la transformación en el uso del suelo, lo que genera presión sobre ellos, afectando directamente la diversidad biológica presente; por lo que el Valle del Cauca no es ajeno a las problemáticas ambientales que deterioran los territorios de reserva de las diferentes formas de vida, entre ellas, aquellas que habitan el suelo, como los hongos y las bacterias.

Es por ello, que es necesario estudiar la diversidad microbiológica presente en el suelo a través de NGS como el metabarcoding, esta técnica molecular se basa en la amplificación de una región específica del ADN de los microorganismos presentes en la muestra de suelo, por ejemplo, para la identificación de bacterias, se suele utilizar el gen 16S rRNA, y para hongos el gen ITS. Una vez que se ha amplificado la región de interés, se utiliza la secuenciación para obtener secuencias de ADN de las especies presentes en la muestra. Posteriormente, se realiza un análisis bioinformático para identificar dichas secuencias y

realizar la asignación taxonómica y análisis de diversidad (Liu et al., 2020; Young et al., 2017).

En Colombia esta técnica molecular está empezando a ser usada en trabajos de investigación, arrojando información de interés sobre la evaluación de la diversidad y composición de las comunidades bacterianas asociadas a los procesos de restauración de bosque seco tropical (Castillo-Bautista et al., 2022), además de estudios realizados en suelos de la región del Chocó (Arias-Peñaloza, 2021).

Es por lo cual que el objetivo principal de este trabajo de grado es desarrollar uno de los primeros estudios en el Valle del Cauca que permita generar nuevos conocimientos a través de la identificación de la diversidad, composición fúngica y bacteriana de los suelos de la Cordillera Occidental en este departamento a partir de un gradiente altitudinal haciendo uso de la técnica de metabarcoding.

.

1. Definición del problema

La pérdida de la biodiversidad es uno de los mayores desafíos ambientales que enfrentamos en la actualidad, esta comprende la variedad de vida en el planeta tierra y su pérdida puede tener consecuencias negativas que impacten a los ecosistemas y la vida humana. Dentro de la diversidad de vida encontramos la microbiana, la cual es fundamental para el funcionamiento de los ecosistemas ya que los microorganismos desempeñan funciones importantes en los procesos de descomposición, ciclado de nutrientes y la regulación del clima, llegando a ser posibles indicadores de la salud de los ecosistemas y por ende de los suelos.

Sin embargo, históricamente, el estudio entorno a la microbiología del suelo ha sido escasa, esto debido a que los avances fueron lentos, dado a diversos factores como, la dificultad de obtener cultivos puros de la gran mayoría de los microorganismos que habitan el suelo, el grado de dificultad de los procesos en los que participan y a su vez la misma complejidad estructural del suelo (Soria, 2016). Esto conlleva, que hoy en día se desconoce la carga microbiana, las especies presentes en el suelo y las funciones que cumplen en los diversos ecosistemas del planeta.

Dado que el suelo es un recurso no renovable que representa una fuente de vida imprescindible para la subsistencia de los seres vivos, dado que es el origen de los alimentos y sustrato de las plantas, además que en este importante recurso, habitan seres en una red de funciones que permiten la producción de los sustratos necesarios para que una planta pueda vivir y cumplir su ciclo, entre los cuales se encuentran los microorganismos, como los hongos y las bacterias, estos participan en procesos formativos y de degradación del suelo y en todos los ciclos elementales, que son fundamentales, como el ciclo del carbono, nitrógeno, fósforo, azufre y hierro (M. S. D. Sánchez de Prager, 2018).

Es así que la FAO (2015) , realizó una apreciación respecto a que el suelo alberga un cuarto de la biodiversidad del planeta; en Sur América, se han reportado estudios moleculares que demostraron gran riqueza, entre lo cual han identificado diversidad de hongos y diferentes grupos taxonómicos, no descritos previamente (Eduardo et al., 2018); sin embargo otros estudios evidenciaron que los microorganismos presentan sensibilidad a disturbios antropogénicos (Vallejo-Quintero, 2013), siendo así que los impactos por las acciones humanas conllevan a la pérdida constante de ecosistemas estratégicos a nivel mundial, y por ende de su riqueza biodiversa.

En Colombia durante el 2020 conforme a las cifras dadas por el Minambiente, hubo una pérdida de más de 64.000 hectáreas y para el 2022 aumentaron hasta un 12% (Minambiente, 2023), afectando directamente a departamentos como el Valle del Cauca que se caracteriza por sus altos niveles de biodiversidad debido a su ubicación geográfica, la presencia de diferentes ecosistemas y su clima variado (CVC & Humboldt, 2008).

Es por ello la importancia de Colombia al ser un país megadiverso que conserva ecosistemas tropicales estratégicos, algunos resguardados en las tres (3) cordilleras que recorren el país: 1) La Cordillera Central, 2) La Cordillera Oriental, 3) La Cordillera Occidental, esta última es una cadena montañosa en el suroeste de Colombia con elevaciones de hasta 4.200 m.s.n.m que se ramifica en las Serranías de Abibe, San Jerónimo y Ayapel en su extremo septentrional (Álvarez, 1983), en su geografía incluye parte de los suelos del departamento del Valle del Cauca (Schoch et al., 2009) los cuales han sido poco estudiados en composición taxonómica de microorganismos, convirtiéndolos en zonas de interés para estos estudios.

Por lo cual el conocimiento de cómo varía la diversidad microbiana en los suelos de la Cordillera Occidental a medida que aumenta la altitud es escaso, algunos autores han demostrado que la diversidad microbiana disminuye con la altitud en algunos ecosistemas (Liu et al., 2018; Shen et al., 2013) lo cual podría suceder en los tropicales, aun así, otros estudios encontraron comportamientos que difieren del mencionado, como el realizado por Fierer et al (2011) y Kerfahi et al (2021), donde coincidieron que los microorganismos encontrados no muestran una influencia clara del gradiente altitudinal.

Es así como nos planteamos la siguiente pregunta de investigación: ¿Cuál es la diversidad genética de hongos y bacterias presentes en los suelos de la Laguna de Sonso, Bosque

de Yotoco, Bosque del Duende, Páramo del Duende, sobre la cordillera Occidental del Valle del Cauca, Colombia?.

2. Justificación

Como seres humanos, la toma de conciencia entorno a la degradación progresiva del medio ambiente, nos ha incitado a intensificar el cuidado por este, ya que es fundamental para la conservación de los ecosistemas, y dentro de estos la biodiversidad tiene un papel fundamental y cómo esta se desarrolla en el suelo.

Sin embargo, según el informe IPBES de 2019 se estima que un millón de especies de plantas y animales están en peligro de extinción, lo que representa aproximadamente el 25% de todas las especies terrestres, esto causado por factores como la deforestación, contaminación y el cambio climático; aun así, existe un sesgo en la información dado que los estudios de biodiversidad en a nivel global y en el país se han enfocado principalmente en plantas, aves y algunos artrópodos, dejando a un lado un elemento de gran importancia como el suelo; este, es una de las principales reservas de diversidad biológica del planeta y es un hábitat formado por organismos vivos, minerales, materia orgánica, aire y agua, que realiza numerosos servicios ambientales, sociales y económicos, que son fundamentales para la vida (Insolia, 2020).

El suelo es un recurso natural finito, no renovable, que presta servicios ecosistémicos o ambientales, entre ellos, el relacionado con su participación en los ciclos biogeoquímicos de elementos clave para la vida como carbono, nitrógeno, fósforo, entre otros (Orjuela, 2016), y es a través del tiempo que se denota cómo el suelo ha sido parte fundamental de la vida en la tierra, pero aun así, cuando se habla de recursos naturales, se mantiene olvidado, sin embargo, eso ha empezado a cambiar, ya que desde diferentes entidades han iniciado a promover el uso adecuado del suelo, como estrategia para incrementar la producción de alimentos, materia prima y sobre todo para preservar los servicios ecosistémicos.

En este contexto, los microorganismos como los hongos y bacterias participan en roles importantes, interactúan entre sí en el ecosistema, desempeñando un papel fundamental

en el mantenimiento de la salud del suelo, las funciones del ecosistema y la producción, ya que estos microorganismos transforman la materia orgánica en humus, que es el carbono más estable a través del ciclo del carbono (Valdés Ramírez, 2019), además, que se encuentran directamente involucrados con otros ciclos importantes como el del nitrógeno y del fósforo.

Siendo así que la biodiversidad y los suelos tienen una estrecha relación, debido a que el mal uso del suelo podría resultar en la pérdida de diversidad biológica, fertilidad del suelo, pobreza para la gente y erosión (Terefe, 2021), este último afecta a 1.900 millones de hectáreas en todo el mundo, lo que representa aproximadamente el 65 % de los recursos edáficos del planeta, siendo responsable de la pérdida de aproximadamente 24 mil millones de toneladas de suelo fértil cada año (IAEA & FAO, 2018), incluyendo ecosistemas estratégicos.

En Colombia se encuentran Bosques Secos Tropicales (BsT) (Alvarado-Solano & Otero Ospina, 2015), Bosques Andinos (Kattan et al., s. f.) y zonas de páramos (Minambiente, 2022), los cuales son hogar de gran biodiversidad, sin embargo, la expansión de la frontera agrícola a partir de la deforestación e invasión de selvas vírgenes entre otros ecosistemas estratégicos en el país, con el fin de aumentarlos monocultivos y producciones ganaderas, causan impactos desfavorables al suelo.

Además de pérdida de la diversidad genética, gestión del agua, salud del suelo, paisajes, aumento de emisiones GEI, deterioro de salud humana, salud animal y la seguridad alimentaria, conjuntamente con factores limitantes como la sobreexplotación, la contaminación, el uso excesivo de agroquímicos, introducción de especies exóticas y cambios en el uso de la tierra y el agua, todo esto, ha disminuido el área biodiversa en dichos zonas estratégicas de gran importancia (Abera et al., 2020; Dirzo & Raven, 2003).

Teniendo en cuenta la gran importancia de los bosques y páramos, los cuales cubren una tercera parte del sistema terrestre y, por lo tanto, el carbono que se almacena en estos suelos representa una tercera parte del total de carbono del suelo (Zambrano et al., 2004) y que para estos son fundamentales los microorganismos, abre la posibilidad de iniciar procesos de investigación que permitan comprender mejor el efecto mediador de los componentes biológicos sobre los procesos biogeoquímicos, como una estrategia para combatir el cambio climático.

Sin embargo, para lograr investigaciones de tal magnitud, es necesario conocer la diversidad que habitan los suelos, como un primer acercamiento, buscamos a través de esta investigación identificar taxonómicamente los hongos y bacterias presentes en suelos de la Cordillera Occidental del Valle del Cauca, en ambientes de Bosque Seco Tropical, Bosque Andino y zona de páramo, a diferentes alturas sobre el nivel del mar sobre un gradiente altitudinal, en los municipios de: Sur Guadalupe de Buga en la zona restaurada de la Laguna de Sonso (900 msnm), Yotoco la Reserva Nacional Forestal Bosque de Yotoco (1800 msnm), en Riofrío en el Parque Regional Páramo del Duende a sus alrededores (2400 msnm) y zona de páramo (subpáramo) (3200 msnm).

Esto empleando la técnica de metabarcoding, que utiliza la secuenciación de alto rendimiento y la bioinformática para identificar una amplia variedad de especies a partir de muestras mixtas, donde se busca traducir los millones de secuencias resultantes en una lista de unidades taxonómicas agrupadas y comparadas a través de bases de datos de referencia, que permita diferenciar los bacterias y hongos (regiones ARNr 16S e ITS) presentes en el suelo y su potencial funcional, como una de las primeras aproximación del conocimiento hacía la diversidad taxonómica microbiana presente en los suelos de Colombia

3. Objetivos

3.1 General

Identificar la diversidad y composición fúngica y bacteriana del suelo de la Cordillera Occidental colombiana en el Valle del Cauca a partir de un gradiente altitudinal por medio de metabarcoding.

3.2 Específicos

- Evaluar la diversidad de hongos y bacterias del suelo en un gradiente altitudinal.
- Establecer las relaciones entre la diversidad genética fúngica y bacteriana del suelo y las características fisicoquímicas del mismo.
- Identificar el potencial funcional de los microbiomas del suelo en un gradiente altitudinal.
- Determinar y asociar la especie vegetal dominante en los puntos de muestreos con los resultados de diversidad genética de los microorganismos

4.Estado del arte

4.1 Suelo

El suelo es un cuerpo natural tridimensional que aparece como resultado de la interacción del relieve, el clima y los organismos vivos sobre un material parental durante un tiempo determinado además de la interacción constante de los factores formadores, como los físicos, químicos, biológicos, orgánicos e inorgánicos, que lo hace un sistema abierto en continua interacción con el ambiente que lo rodea y que evoluciona hasta alcanzar el equilibrio con los diversos componentes ambientales (Castro et al., 2009; M. Sánchez de Prager, 2018).

Conllevando a comprender un conjunto de horizontes (perfiles) que varían en profundidad, textura, estructura, color, contenido de materia orgánica, capacidad de retener agua y nutrientes, entre otras características físicas, químicas y biológicas (FAO, 2015), que poseen una importancia ecológica relevante, ya que el suelo es un actor importante en la producción primaria, es decir, la producción de alimentos y materia prima, además de su papel fundamental en la regulación de los ciclos biogeoquímicos, como el del carbono, nitrógeno y fósforo (Lal, 2015).

Por lo que dentro de las interacciones del suelo están las acciones metabólicas donde se genera un conjunto de reacciones químicas a nivel celular que forma y degrada moléculas dentro de un organismo, conformada por dos procesos esenciales que se denominan anabolismo y catabolismo; estas redes metabólicas dinámicas aseguran la disponibilidad de nutrientes para los macro y microorganismos que habitan el suelo (M. Sánchez de Prager, 2018), realizando en su proceso acumulación de biomasa, la cual permite que se genere la rizosfera, una región de interacción del material parental, raíces, micro y macronutrientes.

Por ello, dicha red de interacción juega un papel importante dado que las plantas dentro de sus procesos procuran llevar parte de los fotosintatos a las raíces para la acumulación de microorganismos, lo que le permite asimilar mejor los nutrientes disponibles en el suelo para su supervivencia y a su vez, influye directamente en las características del suelo, como las propiedades físicas, químicas y en mayor proporción las biológicas, las cuales están directamente relacionadas con la disponibilidad de nutrientes, niveles de acidez y contenido de moléculas presentes en el suelo (Capra, 2006; M. S. D. Sánchez de Prager, 2018)..

Sin embargo, a pesar de la gran importancia que tiene el suelo y ser parte fundamental en la formación de vida, es altamente sensible por las acciones antropogénicas que conllevan al mal uso y/o uso excesivo, generando degradación, por actividades como la expansión descontrolada de la frontera agrícola para producción agropecuaria, afectando las zonas de bosque que conservan alta riqueza biodiversa, desplazándola y hasta extinguiéndola (Esperanza et al., 2022; P. G. Molina, 2019).

4.2 Bosque Tropical

Los bosques son parte esencial del planeta y se encuentra entre regiones frías y templadas hasta regiones tropicales y subtropicales, y desempeñan un papel importante en la regulación del clima, la conservación de la biodiversidad, la producción de recursos naturales y la prestación de servicios ecosistémicos (Victorino, 2011), incluyen los bosques tropicales que se encuentran ubicados entre el Trópico de Capricornio y el Trópico de Cáncer, muy cerca de la línea Ecuatorial, en países de Sur América, África y el sudoeste de Asia (WWT, 2020).

Los bosques tropicales, son ecosistemas terrestres altamente biodiversos y fértiles, los cuales dependen del microclima y la altitud, variando desde bosques de hoja perenne y semi-perenne con alta vegetación, como los bosques tropicales del Amazonas o los bosques andinos, hasta bosques de pantanos de turba como los de Borneo y Malasia, hasta semi-caducifolios y bosques caducifolios como en la región del Cerrado de Brasil, y bosques tropicales secos que se encuentran en el centro de África (Groombridge, 2002).

Ya que los bosques son reservorios para los suelos, se estima que la superficie que cubren en el planeta, teniendo en cuenta los bosques plantados, estaría alrededor de los 4

millones de Ha, que equivalen al 31% de la superficie terrestre. En el continente americano, la zona de América Latina y el Caribe, alberga aproximadamente 860 millones de Ha, representando el 22% de los bosques del planeta, el 97% de estos reposa en América del Sur, y el restante en América Central y el Caribe (FAO, 2009), resaltando la importancia biodiversa que atesoran los países sur americanos.

Colombia se encuentra entre los 17 países megadiversos del planeta (Cordero, 2017), y dentro del territorio se estima que el 52,6% del territorio se encuentra cubierto por zonas forestales, donde se encuentran distintos tipos de bosques como los bosques húmedo tropical, seco, andino, de galería y de manglar, estos ecosistemas estratégicos habitan en pocas áreas ubicadas entre las latitudes 22,5° Norte y 22,5° Sur, se estima que ocupan el 10% de la superficie terrestre, siendo los ecosistemas terrestres con mayor diversidad biológica y complejidad ecológica, que se caracterizan por poseer diversos estratos y características (Victorino, 2011).

La gran diversidad colombiana, que se resume a la biota andina es el resultado de la complejidad geomorfológica, topográfica y la existencia de tres cordilleras y los grandes valles del Cauca y el Magdalena, además de otros menores, como los del Dagua y el Patía, con historias geológicas y evolutivas distintas que generan diferencias en las biotas regionales (Salazar-Ramírez et al., 2002).

Los bosques tropicales vallecaucanos, presentan precipitaciones superiores a 10,000 mm en algunos años y lugares, las condiciones climáticas y geográficas dan lugar a una vegetación extraordinariamente diversa; la temperatura y la humedad próxima al punto de saturación, permiten una alta actividad de los microorganismos que, al descomponer la materia orgánica, devuelven los nutrientes al suelo (CVC, 2006). Es por ello que en el marco de este proyecto, se van a evaluar dos tipos de bosque presentes en el departamento del Valle del Cauca, El Bosque Seco Tropical y el Bosque Andino, además de la inclusión de la zona del páramo del Duende.

4.2.1 Bosque Seco Tropical

El bosque tropical, comprende desde las áreas de bosques de niebla montanos hasta las zonas de desiertos en tierras bajas, incluyendo al BsT, que se encuentra en zonas de tierras bajas y muy calurosas, con estacionalidad de lluvias, se caracteriza por tener

temporadas largas de sequía (de 4 a 6 meses al año), suelos fértiles, y gran diversidad de fauna y flora (Banda-R et al., 2015), es considerado como uno de los más importantes, debido a su poca extensión en Colombia, su alta cantidad de organismos endémicos que posee y a los servicios ecosistémicos que ofrece (Mena et al., 2021).

En el país, de estos bosques se han registrado aproximadamente 1813 especies de plantas (Pizano et al., 2014), específicamente, en el departamento del Valle del Cauca se han encontrado 1357 especies (Mena et al., 2021), dejando el campo de la diversidad microbiana descubierta y falta de información referente a los hongos y bacterias que habitan el suelo en este tipo de bosques de gran importancia biodiversa.

4.2.2 Bosque Andino

Los bosques Andinos son reservorios de biodiversidad y de endemismos, constituyen una región terrestre prioritaria, a nivel mundial, se encuentran enmarcados entre los 2.400 m.s.n.m. y 3.500 m.s.n.m. (Cortés et al., 2020), son de gran importancia dado los servicios ecosistémicos que desarrollan, como lo son la conservación y abastecimiento de agua, mantenimiento de la fertilidad de los suelos, captura de carbono, entre otros, sin embargo, los bosque Andinos son sensibles y se reducen rápidamente a causa de las consecuencias del cambio climático, la deforestación y la degradación por acciones antropogénicas (Hoyos et al., 2017).

Gran parte de los bosques andinos, se encuentran en mosaicos aislados, asociados a usos de suelo para la explotación agrícola y ganadera, con dinámicas de regeneración natural, que responden a procesos ecológicos estrechamente relacionados con la respuesta a cambios en variables ambientales y de intervención antrópica (Cortés et al., 2020), ya que este tipo de bosque están impactados a mayor medida por los procesos de degradación por sobreutilización y conversión en sistemas agrícolas y campos de pastoreo.

Al igual que el bosque seco tropical, los estudios enfocados al conocimiento de los microorganismos presentes son escasos en el país, desconociéndose el potencial y uso que estos pudieran tener para la mitigación de los daños ecosistémicos.

4.2.3 Páramo

El páramo es un ecosistema, un bioma, un paisaje, un área geográfica, una zona de vida, caracterizado por ser una zona húmeda tropical, localizados principalmente entre Colombia, Ecuador, Venezuela y Perú (Maldonado Oré et al., 2022), y aunque no hace parte propiamente de los bosques tropicales, están relacionados directamente ya que forman parte del mismo sistema montañoso, que incluye las zonas de páramo ya que la zona de árboles en los Andes se encuentra entre altitudes que van desde 3.000 a los 4.000 m.s.n.m (Körner, 2003).

Las zonas de páramo, se caracteriza por poseer una flora dominada por vegetación herbácea y arbustiva, y ubicada predominantemente a partir del límite superior del bosque (Cuatrecasas Arumí, 2017), por lo cual Cuatrecasas en el año 1934 realiza la clasificación del páramo, hasta hoy vigente, la cual consta de tres zonas: subpáramos o zona ubicado en alturas entre 3000 a 3600 m.s.n.m, dominado por matorrales y vegetación arbustiva, seguido por la zona de páramo en alturas de 3600 a 4200 m.s.n.m con vegetación predominante de pastizales abiertos de plantas heliófilas y finalmente el superpáramo entre 4200 y +/- 4800 m.s.n.m y una escasa vegetación.

En Colombia, se cuenta con 37 páramos, que representan el 50% de los existentes en el mundo, caracterizados por las condiciones climáticas, geológicas y edáficas, que dan cuenta de una diversidad única, alto endemismo y una amplia gama de servicios ecosistémicos (Alzate-Guarín et al., 2022), siendo un hotspot de biodiversidad críticamente amenazado, por lo cual es importante abordar un tema que al igual que en los bosques no se ha abordado ampliamente en términos del estudio de la diversidad genética de hongos y bacterias presentes en los suelos de estos ecosistemas y sus contribuciones en el equilibrio ecosistémico.

4.3 Gradiente altitudinal

Los gradientes altitudinales, como las montañas, funcionan a manera de una herramienta heurística y un experimento natural para probar patrones en la naturaleza, por ejemplo, la relación entre la diversidad de especies y el clima, o la variación de la vegetación con la altitud (Murga-Orrillo et al., 2021; Williams & Toledo-Garibaldi, 2021) , para efectos de este

estudio, el objetivo es analizar la relación que existe entre la diversidad de hongos y bacterias presentes en los suelos en diferentes alturas sobre el nivel del mar.

La vegetación y la fauna se diferencia en cinturones altitudinales y su diversidad disminuye gradualmente con la elevación, en el Valle del Cauca, las laderas comienzan a los 1000 m.s.n.m y los piedemontes tienden a ser secos, donde se considera que se presenta un aumento de la diversidad a partir de los 1500 m.s.n.m (Salazar-Ramirez et al., 2002) y se creería que dicho comportamiento, aplicaría para los microorganismos del suelo. Sin embargo, existen diferentes factores abióticos como el clima, la latitud, entre muchos otros, que afectan la composición, diversidad, y distribución espacial de la biota en los suelos (Marín, 2018).

Algunos estudios han demostrado que los microorganismos no responden al gradiente de elevación en la diversidad de plantas y animales como se sugería, tal como lo demostró Fierer et al (2011) quienes desarrollaron un estudio de bacterias a través de un gradiente altitudinal en el este de Perú y los resultados obtenidos mostraron que no hubo una influencia del gradiente de elevación significativo en la diversidad ($r^2 < 0.17$, $P > 0.1$ en todos los casos), resultados similares se encontraron en Hawai en elevaciones de 50-100 m.s.n.m, donde las respuestas al gradiente se volvieron cada vez más variables a escalas taxonómicas más finas y dentro de cada grupo taxonómico, lo que les permitió concluir que las respuestas microbianas a los gradientes climáticos son variadas y heterogéneas, debido a la complejidad de los cambios medioambientales y a la diversidad ecológica de los taxones microbianos (Peay et al., 2017).

De estos resultados se puede concluir que los modelos biogeográficos de microorganismos difieren de los de plantas y animales. Esto resalta la importancia de investigar más el comportamiento de los microorganismos y su relación con los componentes ambientales y así desarrollar métodos y conceptos más apropiados para comprender dicha interacción.

4.4 Microorganismos del suelo

En el suelo, los microorganismos son los componentes más importantes, ya que son parte viva y son los responsables de la dinámica de transformación y desarrollo, y es la rama de la microbiología del suelo dentro de la ciencia del suelo, la que se encarga del estudio de los microorganismos que lo habitan.

En los suelos la fertilidad, la estructura, la eliminación de la contaminación y la protección de las plantas contra enfermedades y plagas están a cargo de los microorganismos (Orgiazzi et al., 2016). Además juegan un papel importante en la regulación de la producción de gases de efecto invernadero como el dióxido de carbono, el metano y el óxido nitroso, lo que tiene implicaciones importantes para el cambio climático (Bardgett & van der Putten, 2014).

La microbiología del suelo es interdisciplinaria y está estrechamente vinculada a la bioquímica del suelo y la ecología, requiere una comprensión de los principios de la ciencia del suelo, la microbiología, la química y física de los sistemas biológicos. Todas las formas de vida se pueden dividir en 3 dominios: Bacterias, Archaea y Eukarya. Las bacterias y las arqueas son organismos procariotas unicelulares. Los Eukarya son organismos unicelulares o multicelulares más complejos con núcleo celular.

La microbiología del suelo incluye el estudio de las bacterias, hongos, algas, protozoos y los virus (Gupta & Feng, 2008), ya que según Torsvik et al (1990) se estima que en una cucharada de suelo podrían haber más de 10 mil millones de microorganismos de al menos 5,000 especies diferentes, aun así, el estudio de los microorganismos del suelo son escasos, lo que llevaría a pensar que la biodiversidad microbiana del suelo puede ser mayor de lo que se conoce actualmente. Es por ello que en aras de la aproximación del conocimiento en el contexto de esta investigación, se tendrán en cuenta las bacterias y hongos presentes en el suelo.

4.4.1 Bacterias

Las bacterias son los organismos celulares más pequeños y numerosos del suelo, se considera que en un gramo de suelo se puede encontrar entre 1 a 100 millones (Osorio-Vega, 2009) y la mayoría de ellas (> 99%) no se han cultivado o no se pueden cultivar bajo condiciones de laboratorio, sin embargo, se ha logrado identificar géneros bacterianos comunes aislados del suelo como: *Bacillus* sp, *Arthrobacter* sp, *Pseudomonas* sp, *Agrobacterium* sp, *Alcaligenes* sp, *Clostridium* sp, *Flavobacterium* sp, *Corynebacterium* sp, *Micrococcus* sp, *Xanthomonas* sp y *Mycobacterium* sp (Gupta & Feng, 2008), siendo las bacterias las que tienen la mayor diversidad metabólica.

Los microorganismos pueden utilizar nutrientes de dos maneras diferentes: para obtener energía y para realizar síntesis de componentes (anabolismo). En el primer caso, pueden ser litótrofos si utilizan sustancias inorgánicas simples, o organótrofos si requieren sustancias orgánicas. En el segundo caso, pueden ser autótrofos si realizan la síntesis a partir de sustancias inorgánicas simples como el CO₂, o heterótrofos si su fuente de carbono es orgánica, aunque también pueden utilizar otros elementos inorgánicos distintos al carbono (Lozano et al., 2021).

Dentro de los nutrientes que usan estos microorganismos se encuentra el carbono. El elemento más común en la célula bacteriana es el nitrógeno, representando entre el 12% y el 15% del peso seco, siendo un componente principal de las proteínas y los ácidos nucleicos. Muchas bacterias pueden utilizar el amonio como fuente de nitrógeno, mientras que otras pueden utilizar los nitratos. La reducción de nitratos puede lograrse mediante dos vías: la reducción asimiladora, en la cual se reduce a través del nitrito, y la reducción desasimiladora. El fósforo es necesario para la síntesis de ácidos nucleicos y fosfolípidos, y las bacterias también necesitan micronutrientes como el cobalto, el cobre y el manganeso en menor cantidad (Pírez & Mota, 2009).

4.4.2 Hongos

Los hongos del suelo son seres vivos eucariotas, los cuales pueden ser unicelulares o multicelulares y forman uno de los grupos más diversos de organismos, con una estimación de entre 0,8 y 5,1 millones de especies de los cuales se considera que se han descubierto y descrito cerca del 10% (Hawksworth, 2001; Vinnere Pettersson & Schnürer, 2011). Estos microorganismos se reproducen principalmente a través de esporas, que varían en tamaño, forma, color y textura de la superficie, y pueden ser unicelulares o multicelulares. Los hongos pueden reproducirse tanto de manera sexual como asexual (Gupta & Feng, 2008).

Siendo importantes en los diferentes ecosistemas dado su importante papel en los procesos de descomposición de la materia orgánica y el ciclado de nutrientes. Asimismo, algunos hongos tienen la capacidad de establecer relaciones simbióticas con las plantas, permitiendo la formación de micorrizas lo que contribuye con la absorción de nutrientes

(Boddy, 2001; Smith & Read, 2010). También cumplen tres roles ecológicos en los ecosistemas terrestres, que son la descomposición, la simbiosis mutualista y el parasitismo, siendo la descomposición el más importante debido a su contribución al reciclaje de nutrientes (Marín, 2018).

Los factores ambientales, como la latitud, la precipitación, la temperatura y la altitud, tienen una influencia significativa en la diversidad y abundancia de los hongos (Tedersoo et al., 2014). Los hongos se dividen en varios grupos, incluyendo los quitridios, zigomicetos, ascomicetos, basidiomicetos y deuteromicetos. Cada grupo tiene características morfológicas, fisiológicas y genéticas únicas, lo que los hace útiles para estudios taxonómicos y evolutivos (Caridad, 2012). Estos grupos permiten la identificación y el estudio de la evolución de los hongos.

Sin embargo, a pesar de su gran importancia, aún queda mucho por descubrir sobre la diversidad y función de los hongos. Los avances en técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS) están permitiendo una mejor comprensión de la diversidad de los hongos en diferentes hábitats y su papel en los ecosistemas (L. Molina & Pildain, 2022).

4.5 Cuantificación de la biodiversidad de bacterias y hongos

La biodiversidad microbiana del suelo es esencial para mantener la salud y la productividad de los ecosistemas. Los hongos y las bacterias hacen parte de los principales grupos de microorganismos presentes en el componente edáfico, y su diversidad puede variar significativamente entre los diferentes tipos de suelo y condiciones ambientales. Para comprender mejor la biodiversidad de hongos y bacterias, diferentes estudios han implementado distintos tipos de diversidad, incluida la alfa, beta y gamma (Wu et al., 2023; Schall et al., 2018; Montagne et al., 2017, 2017; Yao et al., 2017).

La diversidad alfa hace referencia a la diversidad de especies dentro de un sitio en particular, la diversidad beta a la variación en la composición de especies entre diferentes lugares, y la diversidad gamma a la diversidad total de especies en un área o paisaje (Whittaker, 1972), sin embargo para este estudio se hizo uso de las diversidades:

4.5.1. Diversidad Alfa

La diversidad alfa es importante ya que puede estar relacionada con el funcionamiento del ecosistema y en su capacidad para proporcionar servicios ecosistémicos, permitiendo identificar zonas de importancia ecológica (Alarape et al., 2015; Garcia et al., 2018). Según Tilman et al (2014), los ecosistemas con alta diversidad alfa tienden a ser más productivos y estables, tendiendo a presentar mayor capacidad de resistir perturbaciones y/o cambios ambientales. La gran mayoría de los métodos propuestos para evaluar la diversidad de especies se refieren a la diversidad dentro de las comunidades (alfa) con medidas de riqueza, uniformidad, dominancia (Moreno, 2001).

Dentro del contexto metagenómico se puede medir utilizando una serie de medidas que se basan en la ecología y que permiten caracterizar una comunidad microbiana. Entre las medidas disponibles se encuentran: el número observado de taxones o riqueza, Chao1 (riqueza ajustada por probabilidad de no observar especies), ACE (riqueza que toma en cuenta la abundancia relativa), Shannon (abundancia relativa de taxa), Simpson (1-la probabilidad de que observemos aleatoriamente dos microorganismos en una comunidad y que pertenezcan a diferentes especies), Inverse Simpson (1/Simpson), y Fisher (riqueza tomando en cuenta abundancia) (Castro-Nallar, 2004).

4.5.1 Diversidad Beta

La diversidad beta se refiere a la variación en la composición de una comunidad entre diferentes unidades de muestreo, o a lo largo de gradientes ambientales. Es decir, se trata del grado de cambio en la composición de la comunidad entre diferentes puntos de muestreo o hábitats (Carvalho et al., 2012; Whittaker, 1972). Puede ser evaluada a través de índices o coeficientes de similitud, de disimilitud o de distancia entre las muestras a partir de datos cualitativos o cuantitativos (Moreno, 2001).

En los análisis a realizar a partir de la obtención de datos de técnicas como el metabarcoding y/o metagenómica, se puede calcular similitud global a través de todas las muestras de interés o también cuantificar la divergencia de un grupo y compararla con la divergencia de otro (Castro Nallar, 2004). Estos análisis pueden ayudar a identificar patrones de diversidad en el tiempo o el espacio, para así poder entender mejor los factores que influyen en la composición y estructura de las comunidades microbianas.

4.6 Metabarcoding

El progreso moderno en la biología del suelo está asociado con el uso de nuevos métodos de biología molecular basados en la extracción de ADN ambiental y su posterior análisis. Las dos técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS) principales para el estudio de la biodiversidad microbiana del suelo son el metabarcoding (código de barras) y la metagenómica. Estos dos métodos brindan acceso directo a la enorme diversidad genética de los microorganismos, que en su mayoría corresponden a los no cultivables (Semenov, 2021).

En la última década, los avances en la tecnología de secuenciación han mejorado la eficiencia de la secuenciación aleatoria del genoma completo, permitiendo el estudio de miles de genomas individuales de diferentes organismos en una sola muestra (L. Molina & Pildain, 2022). La metagenómica implementa la secuenciación (shotgun) que implica dividir los genomas en fragmentos pequeños y secuenciarlos para luego ensamblarlos en contigs (Semenov, 2021).

Esta técnica permite el estudio directo de un metagenoma, que es la totalidad de los genomas de una comunidad de organismos. A diferencia de la secuenciación del amplicón del gen 16S rRNA a través del metabarcoding, que se enfoca en un solo gen (Semenov, 2021). Esta puede considerarse una de las de mayor impacto en la salud del suelo, ya que permite explorar la biodiversidad, la estructura de la comunidad y las funciones potenciales de las comunidades microbianas de distintos entornos (Zapata et al., 2023).

Otra de las técnicas de NGS es el metabarcoding o en español código de barras, que consiste en amplificar un fragmento de ADN de una región altamente conservada del genoma, como el gen 16S rRNA para bacterias, ITS para hongos o COI para animales, utilizando cebadores universales (Hernández et al., 2020; Torres Tola et al., 2020). Luego, los amplicones se secuencian masivamente y se comparan con una base de datos de referencia para identificar las especies presentes en la muestra (Cuartero Moñino et al., 2020).

Para los análisis de diversidad microbiana en suelos, los genes más usados a través del metabarcoding son el 16S e ITS, ya que son altamente abundantes en la mayoría de los microorganismos, poseen regiones hipervariables aportando más información útil para estudios de filogenética y taxonomía, además existe más disponibilidad de datos en las

bases. Por lo que la comunidad científica ha establecido que son los más adecuados (Analía, 2007).

Con el uso de esta metodología, se podría dar solución a una de las problemáticas más comunes en el momento de identificar microorganismos del suelo, ya que no requiere realizar cultivos previos, sino que permite a partir de la muestra de suelo iniciar el proceso de extracción de ADN genómico con ayuda de un kit de extracción.

5. Metodología

Este trabajo de grado hace parte del macroproyecto financiado con recursos provenientes del PATRIMONIO AUTÓNOMO FONDO NACIONAL DE FINANCIAMIENTO PARA LA CIENCIA, LA TECNOLOGÍA Y LA INNOVACIÓN FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS.” Título del programa: RELACIONES MULTIESCALARES DE LA BIODIVERSIDAD EN GRADIENTES ALTITUDINALES DEL BOSQUE TROPICAL, con Código: 1106-852-70306. Contrato: No. 491-2020, el cual contó con los permisos para toma de muestras de campo N° 0702-276802021 y N° 0743-167832021 de las entidades ambientales regulatorias (Anexo A).

5.1 Área de estudio

Se realizaron muestreos en suelos forestales, geográficamente ubicados en la cordillera Occidental del departamento del Valle del Cauca, durante los meses de septiembre a diciembre del 2021, en temporada de altas precipitaciones, a menor altura en la zona de restauración de Laguna de Sonso (LS) (900 msnm), seguido de la Reserva Nacional Forestal Bosque de Yotoco (Yt) (1800 msnm) , y finalmente en la zona del Parque Regional Páramo del Duende con 2 localidades: Bosque del Duende (BD) (2400 msnm) y zona de páramo del Duende (PDU) (3200 msnm) (Figura 1).

5.2 Identificación de la composición florística

Se contrató los servicios profesionales de un botánico, que efectuó la identificación de la composición florística que se entiende como la enumeración de las especies de plantas presentes en un lugar (Cano & Stevenson, 2009). Se realizó una caracterización de las zonas de estudio con base al estudio previo desarrollado para el macroproyecto, que apoyó el establecimiento de las parcelas. En campo se efectuó la delimitación de las parcelas las cuales se basaron en la identificación de la flora más común posible en las cuatro localidades y contaron con un área de 100 m² cada una, posteriormente se desarrolló la

identificación y clasificación de las especies, seguido de la evaluación de la distribución espacial y finalmente se obtuvieron los datos que fueron analizados en este trabajo.

5.3 Toma de muestras de suelo para extracción de ADN

En 3 de las 4 localidades evaluadas, se establecieron 3 parcelas de 100 m² respectivamente, de cada una se tomaron 3 cilindros (submuestras) obteniendo 27 muestras, en el PDU, donde por ser una zona agreste se pudo establecer 2 parcelas con 5 submuestras donde finalmente se recolectaron 10 muestras, en total se recolectaron 37 muestras. Las muestras de suelo fueron tomadas de una fracción entre 0 a 25 cm de profundidad del suelo, homogenizadas y almacenadas en tubos Falcon de 25 ml que posteriormente se preservaron a temperatura de -80°C para preservar la integridad y estabilidad del ADN hasta la realización de extracción del mismo. Así mismo, dentro de las zonas se realizó una caracterización de la abundancia de la flora presente en cada una de las parcelas.

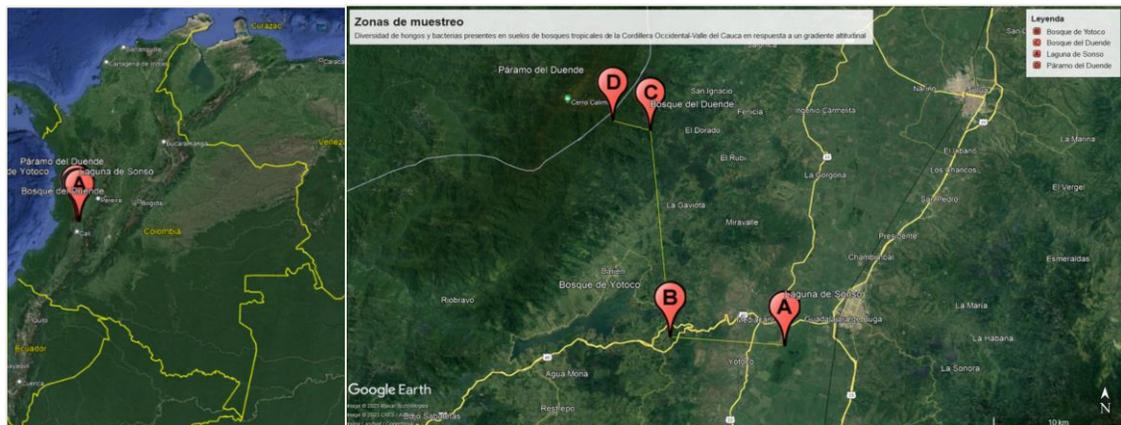


Figura 1. Ubicación geográfica de las zonas de muestreo. (A) Laguna de Sonso (900 m.s.n.m), (B) Bosque de Yotoco (1.800 m.s.n.m), (C) Bosque del Duende (2.400 m.s.n.m), (D) Páramo del Duende (3.200 m.s.n.m).

5.4 Muestreo y análisis fisicoquímico

Dentro del muestreo de suelos realizado, se tuvo en cuenta las muestras propias para analizar el componente fisicoquímicos del suelo, para lo cual se tomó por cada punto de muestreo una muestra aproximada de 1kg de suelo para su posterior envío al laboratorio de AGROSAVIA (Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria), donde se

realizó análisis de fertilidad de química completo, que incluyó: Materia orgánica oxidable (M.O), fósforo disponible (P), pH, calcio intercambiable (Ca), magnesio intercambiable (Mg), potasio intercambiable (K), sodio intercambiable (Na), acidez intercambiable (Al, Al+H), capacidad de intercambio catiónico efectiva (CICE), hierro disponible (Fe), cobre disponible (Cu), manganeso disponible (Mn), zinc disponible (Zn), boro disponible (B), conductividad eléctrica (C.E) y azufre (S). En este mismo sentido, se realizó el análisis de densidad aparente (DA) y textura. Los resultados obtenidos fueron sometidos a análisis de estadística descriptiva, prueba de normalidad de Shapiro-Wilk y finalmente una prueba no paramétrica de Kruskal-Wallis, a través del software subyacente de R, Jamovi 2.2.5 Solid®.

5.5 Extracción de y secuenciación ADN

El ADN metagenómico se extrajo a partir de 0,25 g de suelo de cada muestra, con el kit comercial DNeasy Powersoil Isolate microbial genomic DNA de QIAGEN, Alemania, según protocolo del fabricante. La calidad y cantidad de ADN extraído fueron determinadas mediante electroforesis (buffer de TBE al 0,5X) en gel de agarosa al 0,8% y se cuantificó la relación de absorbancias 260/280 y A260/230, utilizando un nanoespectrofotómetro Colibri Titertek Berthold 84030. Las mejores muestras fueron secuenciadas en la plataforma NovaSeq 6000 System de ILLUMINA® para amplificación del gen 16S rRNA región variable V3-V4 para bacterias con los cebadores 341F 5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3' y 805R 5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3' y ITS región 1 para hongos con los iniciadores ITS5- 1737F 5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3' y ITS2-2043R 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC.

5.6 Análisis bioinformático

Se partió de los datos crudos en formato Fastq obtenidos de la secuenciación para los análisis taxonómicos, a los cuales se les realizó control de calidad con el complemento DADA2 del programa QIIME2 versión 2022.2 (Bolyen et al., 2019). Las secuencias quiméricas se detectaron y eliminaron, a su vez se determinó los ASV (De las siglas en inglés, Amplicón Sequence Variant). Los datos fueron sometidos a proceso de asignación de grupos mediante una función QIIME empleando el clasificador Naive Bayes para determinar cada secuencia a la taxonomía usando la base de datos para bacterias SILVA que incluye secuencias completas con 99% de similitud y para hongos UNITE que está

centrada en la región ITS ribosómica nuclear eucariótica. Los análisis estadísticos se realizaron en el programa R Studio V 4.2.2 haciendo uso de los paquetes QIIME2R y phyloseq (McMurdie & Holmes, 2013). Las gráficas de los 10 taxones más abundantes (filo, clase, orden, familia y género) se generaron usando ggplot2 (Wickham, 2016).

A nivel de diversidad alfa, se calculó el índice de riqueza, uniformidad, dominancia y rareza (Cuartero Moñino et al., 2020) para todas las muestras en las cuatro localidades, donde se tuvo en cuenta los índices de Shannon, Pielou, Berger-Parker e índice de rareza por abundancia, con el paquete Microbiome (Shetty & Lahti, 2019). Para la diversidad Beta, se realizó un análisis de disimilitudes, teniendo en cuenta las agrupaciones a través de diagramas de Venn, divergencia, análisis de componentes principales (PCoA) en dos dimensiones usando las distancias de Bray-Curtis y análisis de abundancia diferencial, esto a través de los paquetes Physeq, Microbiome y ggplot2, previamente mencionados.

Así mismo, se realizó el análisis de abundancia diferencial de microorganismos con el paquete DESeq2 (Love et al., 2014) comúnmente usado en estudios de transcriptómica y análisis de expresión génica. Sin embargo, también es comúnmente usado en análisis de metabarcoding para comparar la abundancia de diferentes especies de microorganismos en distintas muestras, lo que es útil para estudiar la biodiversidad microbiana y la dinámica de las comunidades microbianas.

Además, se aplicó el análisis de múltiples factores o multifactorial (MFA) con el paquete FactoMineR (Lê et al., 2008), finalmente se realizó una aproximación del potencial funcional para bacterias identificadas a través de FAPROTAX, una base de datos que asigna, por ejemplo, géneros o especies a funciones metabólicas establecidas u otras funciones ecológicamente relevantes, utilizando la literatura actual (Louca et al., 2016) y para hongos con FUNGuild, una herramienta basada en Python que se puede utilizar para analizar taxonómicamente los ASV fúngicos por gremio ecológico (Nguyen et al., 2016).

6.Resultados

6.1 Análisis fisicoquímico de suelos

Los resultados obtenidos a partir de los análisis fisicoquímicos (Anexo B) permitió obtener información importante para determinar el comportamiento del suelo, y sus compuestos nutricionales, orgánicos e inorgánicos, para así, poder revisar los criterios de salud del suelo en conjunción con los análisis metataxonómicos. Es por lo que, en este apartado se realizó una descripción por zona, y a su vez, se aplicó análisis estadísticos descriptivos y no paramétricos (Tabla 1; Anexo B).

6.1.1 Laguna de Sonso (LS) (900 m.s.n.m)

Para esta zona el contenido de Ca, Mg y K son altos ($10,1\pm 2,4$, $10,1\pm 0,9$ y $0,208\pm 0,1$); pHs con valores mínimos de 5,51 (fuertemente ácidos) y máximos de 6,98 (neutro). Valores de elementos menores altos (Tabla 1), los contenidos de materia orgánica (% M.O) son altos ($3,29\pm 0,7$). Los porcentajes de N total estuvieron entre 0,13 y 0,9, lo cual indica una alta cantidad de este elemento para esta zona. La desviación estándar (\pm), indica que los elementos con mayor variación son S ($272\pm 73,7$) y Fe ($130\pm 48,2$), este último podría limitar la presencia y disponibilidad de los demás elementos. El componente físico, mostró densidades aparentes (DA) de $0,96\pm 0,1$ con CV bajo de 10,4%, además, la textura de estos suelos fue de arcillosa en relación con la DA, se encontró suelos con bajos problemas de compactación.

6.1.2 Bosque de Yotoco (Yt) (1800 m.s.n.m)

En la localidad de Yt, el contenido de Ca es alto ($10\pm 5,4$), Mg presentó variación entre las muestras, con valores mínimos de 1,06 y máximos de 11,3 ($3,6\pm 3,4$) (rango óptimo para Mg entre 1,5-2,5), K con valores bajos a altos de 0,17 a 0,49 ($0,247\pm 0,1$); pHs con valores mínimos de 4,94 (muy fuertemente ácidos) y máximos de 5,82 (medianamente ácidos).

Los elementos menores: B ($0,2\pm0,1$) y Zn ($1,7\pm1$), tuvieron valores medios, mientras Cu ($2,71\pm4,4$), Mn ($13,8\pm5,2$) e Fe ($81,5\pm25,4$) mayor. % M.O: son altos ($3,47-19,07$) lo que pueden inferir positivamente en la capacidad de almacenamiento de agua en el suelo y en el intercambio de nutrientes. Los % de N total, estuvieron entre 0,17 y 0,95, lo cual indica una alta cantidad de este elemento para esta zona. Así mismo los elementos de P fueron bajos ($7,9\pm6,5$), S ($11,2\pm6,4$) medios, Mg ($3,6\pm3,4$) altos y Cu ($2,71\pm4,4$) altos. Además, se encuentra que en esta localidad los resultados fisicoquímicos de DA estuvieron entre mín.: 0,4 y máx.:0,7 con ($0,496\pm0,1$), con una textura franco-arcillosa.

6.1.3 Bosque del Duende (BD) (2400 m.s.n.m)

El contenido de Ca, Mg y K son bajos ($0,5\pm0,3$, $0,3\pm0,1$ y $0,1\pm0$); pHs con valores mínimos de 4,04 (extremadamente ácidos) y máximos de 4,69 (muy fuertemente ácidos). Los elementos menores son medios (Cu: $1,6\pm0,9$; Mn: $5,6\pm6,8$; Zn: $2,8\pm1,4$) a excepción del B que es bajo ($0,1\pm0,02$), el Fe por contrario presentó valores muy altos entre 96,8 y 735 (269 ± 214), lo que hace que su presencia pueda ser limitante para otros elementos. % M.O: ($7,71-12,52$), son altos $10,1\pm1,5$. Los % de N total, estuvieron entre 0,3 y 0,6, lo cual indica valores medios a altos, además que la DA se presentó con valores mín.:0,5 y máx.:0,8 ($0,7\pm0,1$), la textura al igual que en Yt es franco arcilloso.

6.1.4 Páramo del Duende (PDU) (3200 m.s.n.m)

Contenido de Ca y Mg son bajos ($0,5\pm0,4$, $0,4\pm0,3$), K medios ($0,2\pm0,1$); pHs con valores mínimos de 3,8 (extremadamente ácidos) y máximos de 5,29 (fuertemente ácidos). Valores de pH inferiores a 5,5, podrían llegar a ser limitantes en el desarrollo de microorganismos y disponibilidad de nutrientes. Valores de elementos menores altos para Zn ($6,6\pm3,1$), medios para B ($0,3\pm0,1$) y Cu ($1,1\pm0,2$) y Mn con bajos ($1,7\pm1,4$); el Fe también presentó valores superiores a 100 (805 ± 148) lo que hace que su presencia sea limitante para otros elementos. % M.O: son altos ($23,4\pm17,1$). Los % de N total, estuvieron entre 0,5 y 3,6, lo cual indica una alta cantidad de este elemento para PDU. Las características de DA ($0,7\pm0,1$) y textura respondieron a valores iguales que en BD.

6.1.5 Prueba de normalidad

Dado el comportamiento de los datos, se aplicó una prueba de normalidad de Shapiro-Wilk, donde se encontró valores menores del P-valor de 0,05 (Anexos B), por lo cual, los supuestos del ANOVA no se cumplieron, considerándose que los datos no son normales, en este sentido, se aplicó una prueba no paramétrica de Kruskal-Wallis. Donde entre los elementos nutricionales evaluados, se encontró diferencias significativas entre las cuatro localidades.

Tabla 1. Análisis no paramétrico a través de la prueba de Kruskal-Wallis entre las cuatro localidades, para todos los análisis fisicoquímicos.

	Altura (m.s.n.m)	pH	CE (dS/m)	MO (g/100g)	CO (g/100g)	N (%)	P (mg/kg)
LS	900	6,17±0,5 ^a	2,7±0,6 ^a	3,29±0,7 ^a	0,164±0 ^a	1,91±0,4 ^a	20,2±4,1 ^a
Yt	1.800	5,47±0,5 ^b	1,34±0,9 ^b	13,3±5,9 ^{bc}	0,7±0,3 ^{bc}	7,71±3,4 ^{bc}	7,9±6,5 ^b
BD	2.400	4,4±0,2 ^c	0,7±0,3 ^b	10,1±1,5 ^b	0,5±0,1 ^b	5,9±0,9 ^b	2,9±1,2 ^c
PDU	3.200	4,5±0,4 ^b	0,3±0,1 ^c	23,4±17,1 ^c	1,2±0,9 ^c	13,6±9,9 ^c	6±2,9 ^b
X ²		25,8	26,9	21,4	20,8	21,4	25,3
P		<,001	<,001	<,001	<,001	<,001	<,001

	Altura (m.s.n.m)	S (mg/kg)	CICE (cmol+/Kg)	B (cmol+/Kg)	Ca (cmol+/Kg)	Mg (cmol+/Kg)	K (cmol+/Kg)
LS	900	272±73,7 ^a	21,6±3,1 ^a	0,3±0,1 ^a	10,1±2,4 ^a	10,1±0,9 ^a	0,208±0,1 ^a
Yt	1.800	11,2±6,4 ^{bcd}	14,7±7,4 ^{ac}	0,2±0,1 ^{ab}	10±5,4 ^a	3,6±3,4 ^b	0,247±0,1 ^a
BD	2.400	8,3±2,4 ^{cd}	4,5±1,4 ^b	0,1±0,02 ^b	0,5±0,3 ^{bc}	0,3±0,1 ^{cd}	0,1±0 ^c
PDU	3.200	11,5±2,7 ^d	9,7±2 ^c	0,3±0,1 ^a	0,5±0,4 ^c	0,4±0,3 ^d	0,2±0,1 ^a
X ²		21,0	26,2	14,1	24,8	27,2	14,1
P		<,001	<,001	0,003	<,001	<,001	0,003

	Altura (m.s.n.m)	Na (mg/kg)	Fe (mg/kg)	Cu (mg/kg)	Mn (mg/kg)	Zn (mg/kg)	DA (g/cm ³)
LS	900	1,24±0,2 ^a	130±48,2 ^a	13,7±1,1 ^a	9,92±2,4 ^a	1,76±0,5 ^a	0,96±0,1 ^a
	1.800			2,71±4,4 ^{bc}			
Yt		0,278±0,4 ^{bcd}	81,5±25,4 ^b	^d	13,8±5,2 ^a	1,7±1 ^a	0,496±0,1 ^b
BD	2.400	0,1±0 ^{cd}	269±214 ^a	1,6±0,9 ^{cd}	5,6±6,8 ^a	2,8±1,4 ^{ab}	0,7±0,1 ^{cd}
PDU	3.200	0,1±0 ^d	805±148 ^a	1,1±0,2 ^d	1,7±1,4 ^b	6,6±3,1 ^b	0,7±0,1 ^d
X ²		24,7	18,5	20,1	18,2	13,7	23,4
P		<,001	<,001	<,001	<,001	0,003	<,001

Letras diferentes sugiere que existe una diferencia significativa entre las variables mencionadas

6.2 Composición florística

Durante los procesos de muestreo en las diferentes localidades se realizó una caracterización florística, donde el profesional botánico identificó 59 familias, siendo la localidad de Yt la que conserva el mayor número de familias asignadas (34), seguido de BD (29), PDU (20) y finalmente LS (9), en este sentido como se observa en la Figura 2, entre las cuatro localidades no se comparte una misma familia, sin embargo las localidades de LS, Yt y BD comparten 3 familias conformadas por diferentes géneros (Tabla 2) como: Fabaceae, Salicaceae y Solanaceae, mientras Yt, BD y PDU coinciden en 6 familias: Clusiaceae, Melastomataceae, Araliaceae, Poaceae, Gesneriaceae y Orchidaceae, así mismo Yt y BD poseen 10 familias comunes (Araceae, Lauraceae, Piperaceae, Arecaceae, Cyatheaceae, Rubiaceae, Moraceae, Cyclanthaceae, Sapindaceae, Phyllanthaceae), además se encontró en este estudio familias exclusivas de su zona, como en LS y las familias Cleomaceae, Cucurbitaceae, Lamiaceae y Malvaceae; Yt posee el mayor número asignado de familias únicas con 12, dentro de las cuales se encuentra Calophyllaceae, Passifloraceae, Sapotaceae, Sabiaceae y Boraginaceae, seguido de PDU con 9 familias (Bromeliaceae, Cunnoniaceae, Pentaphylacaceae, Alstroemeriaceae, Myricaceae...), mientras que BD tuvo 8 (Urticaceae, Pteridaceae, Siparunaceae, Begoniaceae, Zingiberaceae).

Tabla 2. Resultados de la caracterización florística

Familia	Género	L	Familia	Género	L	Familia	Género	L
Alstroemeriaceae	<i>Bomarea</i>	3	Cucurbitaceae	<i>Melothria</i>	1	Myricaceae	<i>Myrica</i>	4
Annonaceae	<i>Guatteria</i>	2		<i>Momordica</i>	1	Myrtaceae	<i>Eugenia</i>	2
Araceae	<i>Anthurium</i>	2;3	Cunnoniaceae	<i>Weinmannia</i>	4		<i>Myrcia</i>	2
	<i>Chlorospatha</i>	3	Cyatheaceae	<i>Cyathea</i>	2;3	Orchidaceae	Indeter	2;3;4
	<i>Monstera</i>	2	Cyclanthaceae	<i>Asplundias</i>	2;3	Passifloraceae	<i>Passiflora</i>	1;2
	<i>Philodendron</i>	2;3	Elaeocarpaceae	<i>Sloanea</i>	3	Pentaphylacaceae	<i>Freziera</i>	4
	<i>Rhodospatha</i>	2;3	Ericaceae	<i>Cavendishia</i>	3; 4	Phyllanthaceae	<i>Hieronyma</i>	2;3
	<i>Xanthosoma</i>	2;3		<i>Vaccinium</i>	4	Piperaceae	<i>Peperomia</i>	2;3
	Araliaceae	<i>Dendropanax</i>	2	Euphorbiaceae	<i>Croton</i>		1; 2	<i>Piper</i>
<i>Oreopanax</i>		2;3	Fabaceae	<i>Inga</i>	2;3	Poaceae	<i>Chusquea</i>	3; 4
<i>Schefflera</i>		3;4		<i>Mucuna</i>	1	Podocarpaceae	<i>Podocarpu</i> <i>s</i>	4
Arecaceae	<i>Aiphanes</i>	3		<i>Pithecellobiu</i> <i>m</i>	1	Primulaceae	<i>Geissanthu</i> <i>s</i>	2
	<i>Chamaedorea</i>	2;3		<i>Samanea</i>	1	Pteridaceae	Indeter	3

	<i>Geonoma</i>	3	Gesneriaceae	<i>Besleria</i>	2;3;4	Rosaceae	Indeter	4
	<i>Prestoea</i>	2		<i>Columnnea</i>	2;3	Rubiaceae	<i>Elaeagia</i>	3
Aspleniaceae	<i>Blechnum</i>	4;2		<i>Gasteranthus</i>	3		<i>Faramea</i>	3
	<i>Thelypteris</i>	2		<i>Glossoloma</i>	3		<i>Ladenbergia</i>	2
Asteraceae	<i>Eclipta</i>	1	Iridaceae	<i>Kohleria</i>	3		<i>Notopleura</i>	2
	<i>Pentacalia</i>	3		Indeter	4	<i>Palicourea</i>	2;3	
	<i>Synedrella</i>	1	Lacistemataceae	<i>Lacistema</i>	2	<i>Psychotria</i>	2;3	
Begoniaceae	<i>Begonia</i>	3	Lamiaceae	<i>Leonotis</i>	1	Rutaceae	<i>Zanthoxylum</i>	3
Boraginaceae	<i>Cordia</i>	2	Lauraceae	<i>Beilschmiedia</i>	2	Sabiaceae	<i>Meliosma</i>	2
Bromeliaceae	<i>Guzmania</i>	4		<i>Licaria</i>	2;3	Salicaceae	<i>Casearia</i>	1;2;3
	<i>Tillandsia</i>	4		<i>Nectandra</i>	2	Sapindaceae	<i>Billia</i>	3
Burseraceae	Indeter	2		<i>Ocotea</i>	2		<i>Paullinia</i>	2
Calophyllaceae	<i>Calophyllum</i>	2	Malvaceae	<i>Malachra</i>	1	Sapotaceae	<i>Pouteria</i>	2
Campanulaceae	<i>Burmeistera</i>	3	Melastomataceae	<i>Miconia</i>	2;3	Siparunaceae	<i>Siparuna</i>	3
Chloranthaceae	<i>Hedyosmum</i>	4	Meliaceae	Indeterminado	2	Solanaceae	<i>Cuatresia</i>	2;3
Cleomaceae	<i>Cleome</i>	1		<i>Clarisia</i>	2		<i>Solanum</i>	1;3
Clethraceae	<i>Clethra</i>	3;4	Moraceae	<i>Ficus</i>	3	Staphyleaceae	<i>Turpinia</i>	2
Clusiaceae	<i>Chrysochlamys</i>	2		<i>Helicostylis</i>	3	Urticaceae	<i>Pilea</i>	3
	<i>Clusia</i>	3;4		<i>Olmedia</i>	2	Zamiaceae	<i>Zamia</i>	2
Commelinaceae	<i>Commelina</i>	1		<i>Poulsenia</i>	2;3	Zingiberaceae	<i>Renealmia</i>	3

Localidad (L): LS=1. Yt=2. BD=3. PDU=4.

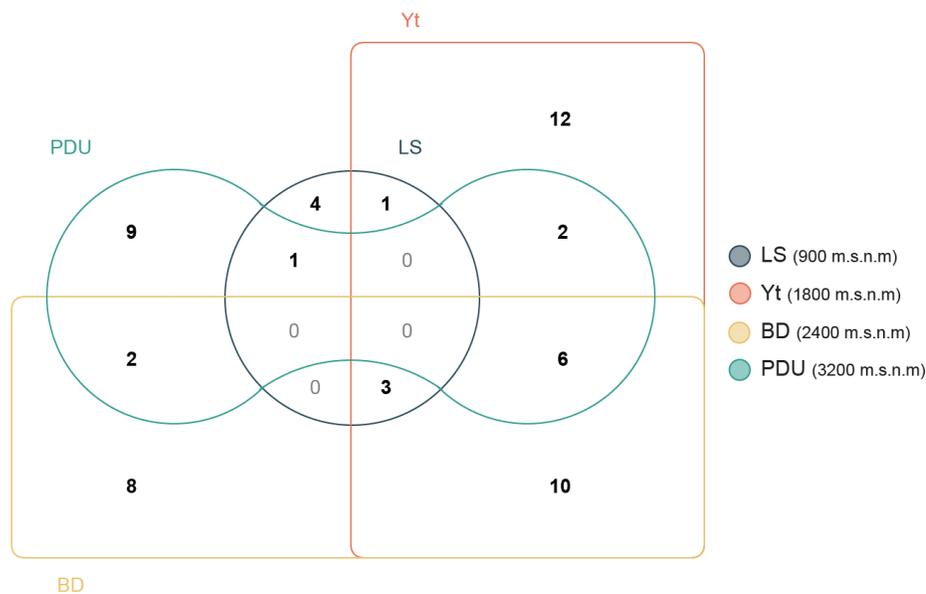


Figura 2. Distribución de la composición florística a nivel de familia obtenida de las cuatro localidades muestreadas: LS (zona de restauración); Yt (Reserva Nacional Forestal

Bosque de Yotoco); BD (Parque Natural Regional Páramo del Duende); PDU (Parque Natural Regional Páramo del Duende).

6.3 Composición bacteriana

En total se obtuvieron 4.956.133 lecturas de Illumina de 34 de las 37 muestras que fueron enviadas para secuenciación, esto debido a que tres muestras (PDU 1.2, PDU 1.3, PDU 1.4) no cumplieron con los estándares de secuenciación y no pudieron ser procesadas. En promedio se obtuvo $150.185,8 \pm 45.316,8$ (máx.: 189.535; mín.: 32.365) de lecturas brutas.

Después de aplicar el proceso de control de calidad y filtrado de lecturas quiméricas el resultado fue de $2.141.322 \pm 20.617,9$ (máx.: 89.035; mín.: 12.123) (Anexo C) lecturas, finalmente se encontraron 1.529.805 lecturas que correspondieron a 34.751 ASVs (o ASV por las siglas en inglés de "Amplicon Variant Sequence") (Anexo F) pertenecientes a bacterias, sin embargo, en el proceso de control de calidad, de las 34 muestras secuenciadas, 7 no cumplieron con los estándares de calidad bioinformático, por lo que fueron eliminadas, 3 para la localidad de BD (1.1, 2.4, 3.1) y 4 para PDU (1.5, 2.1, 2.2, 2.3) (Anexo C).

Los resultados taxonómicos obtenidos de las 27 muestras analizadas en este estudio, a nivel de phylum mostraron una asignación del 99,2% de las lecturas con 35 phyla asignados, sin embargo, del total de las abundancias para las cuatro localidades (LS, Yt, BD, PDU), el 89,2% de la información se contiene en 10 de estos, de los cuales dos conservan 57% de la información Acidobacteriota (33,1%), Proteobacteria (23,9%), seguido en menor proporción por Gemmatimonadota (7,3%), Actinobacteriota (6,6%), Chloroflexi (4,7%), Verrucomicrobiota (4,2%), Firmicutes (3,9%), Myxococcota (3,2%), Methyloirabilota (2,3%) y Bacteroidota (2,2%).

El comportamiento de las abundancias dentro de las localidades (Figura 3) presentó una aparente respuesta al gradiente altitudinal para Acidobacteriota, el cual, aumentó conforme a la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m), por lo cual en LS (900 m.s.n.m) se encontró el 22,4% , seguido de Yt (1800 m.s.n.m) con 28,8%, BD (2400 m.s.n.m) 49,5% y a la mayor altura de muestreo (3200 m.s.n.m) en la localidad de PDU el 67,3%; por otra parte, las Proteobacterias no respondieron de la misma manera, ya que, en la mayoría de las localidades se presentó porcentajes similares, siendo el mayor en BD (28,6%), LS (27,3%),

Yt (26,5%), a diferencia del PDU (18,47%). En los demás phyla no se observó un comportamiento influenciado por la altitud, obteniendo que en Actinobacteriota la mayor abundancia se encontró en Yt (11,5%); Gemmatimonadota (16,7%), Chloroflexi (7,4%) y Myxococcota (4,6%) en LS, Verrucomicrobiota (8,4%) en Yt, Firmicutes (6%) en igual proporción para LS y PDU, Bacteroidota en BD (4,2%) en BD.

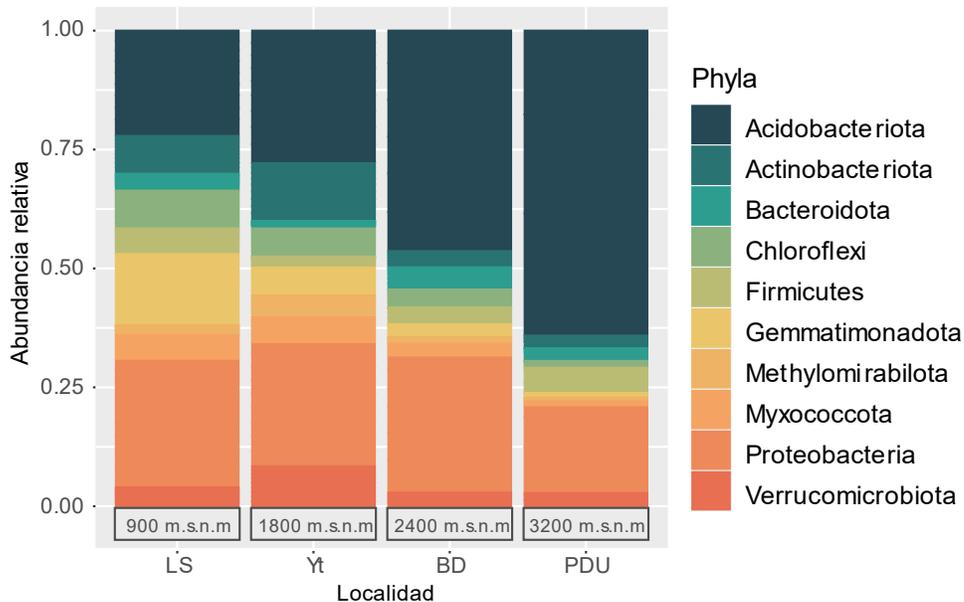


Figura 3. Composición taxonómica a nivel de phyla de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).

A nivel de clase (Figura 4), se clasificó un 95,5% de las lecturas (el 4,5% restante se conformó por microorganismos no cultivables y no asignados), de las cuales el 77% de las abundancias se encuentra en las 10 primeras clases: Acidobacteriae (28,7%), Gammaproteobacteria (13%), Alphaproteobacteria (10,9%) y Gemmatimonadetes (7,1%) que en conjunto representan poco más de la mitad de información, mientras que Verrucomicrobiae, Vicinamibacteria, Actinobacteria, Thermoleophilia, Polyangia y Methyloirabilia, tuvieron valores menos representativos que oscilaron entre 3% y 6%.

Los valores a nivel de localidades demuestran que del 100% de la información contenida en las diez primeras clases, en tres podría existir un comportamiento influenciado por la altitud (Figura 4): Acidobacteriae, Gemmatimonadetes y Polyangia, esta primera, aumentó conforme incrementaban los m.s.n.m (LS: 23,5%; Yt: 25,7%; BD:54%; PDU: 73,6%), caso contrario con las dos siguientes, que obtuvieron la mayor abundancia a menor altura en

LS: 20,9% y 3,4%, respectivamente; sin embargo, Alphaproteobacteria, Verrucomicrobiae, Vicinamibacteria, Actinobacteria, Thermoleophilia y Methyloirabilia, aunque no presentaron el mismo comportamiento, almacenan su mayor porcentaje de abundancia en la localidad de Yt (mín.: 4,9% y máx.: 21,3%), la cual se encuentra a una altura de 1800 m.s.n.m.

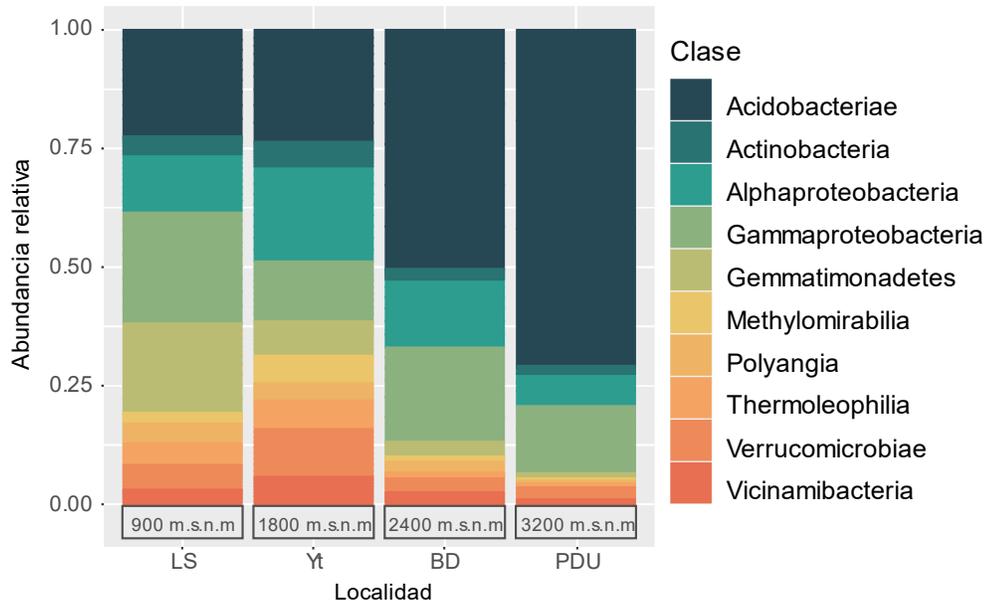


Figura 4. Composición taxonómica a nivel de clase de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).

Por otra parte, a nivel de orden, se encontró que el 87,6% de las secuencias pudieron ser clasificadas, (Figura 5), observándose que el Subgroup_2 representó la mayor abundancia (12,06%), teniendo mayor abundancia en comparación a las otras zonas de muestreo en la localidad de BD (37,1%), en la revisión de las secuencias por medio de Blast se pudo determinar que Subgroup_2 se encuentra directamente relacionado con la clase Acidobacteriae y esta, al orden Acidobacteriales, el cual contiene la mayor información de todas las muestras (11%) en relación con los demás, donde sus valores oscilaron entre el 7% y 2%.

A nivel de localidades, teniendo en cuenta los diez ordenes representativos, Gemmatimonadales y Burkholderiales, los siguientes en orden de mayores abundancias, Gemmatimonadales presenta una presunta respuesta al cambio de altura sobre el nivel del mar, ya que, a menor altura mayor abundancia general, en especial en LS 28,7%, al

igual que Burkholderiales. Por otra parte, Acidobacteriales, se encontró mayormente en las localidades de BD (37,1%), seguido de PDU (48,8%). Además, diferentes ordenes se expresaron más en suelos de zonas específicas como ocurre en las localidades de Yt: Vicinamibacterales y Chthoniobacterales, BD: Solibacterales y Pseudomonadales, y finalmente en la localidad de PDU con Rhizobiales.

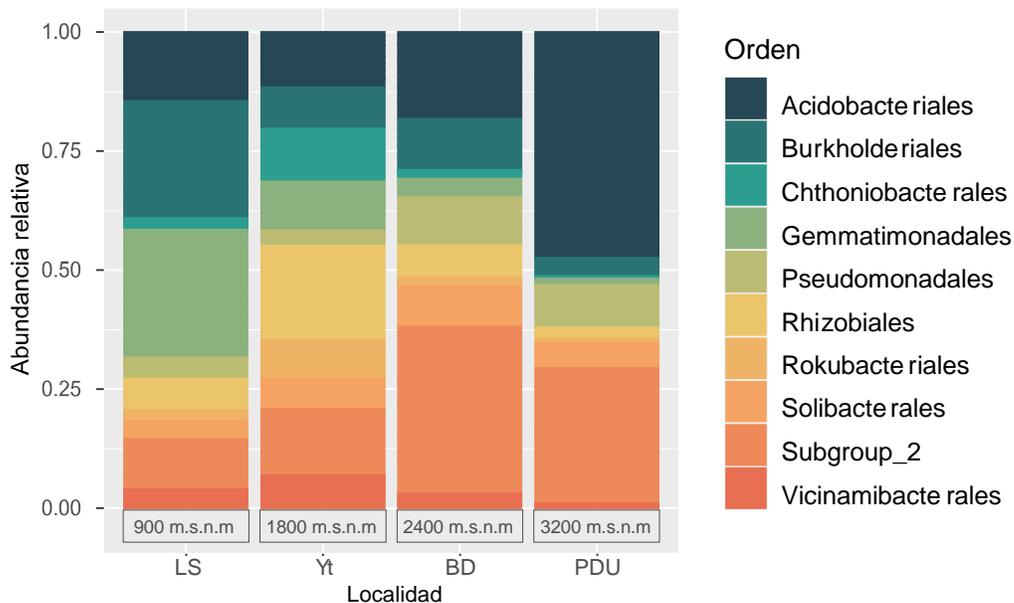


Figura 5. Composición taxonómica a nivel de orden de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).

Para Familia, el porcentaje de asignación disminuyó en comparación a los demás componentes taxonómicos con el 54,2%, siendo las diez más abundantes (Figura 6), la representación del 27,9%. Así que, el comportamiento de las zonas de muestreo en su mayoría no respondió al gradiente altitudinal a excepción de Gemmatimonadaceae la cual para este estudio se encontró más abundante a menor altura (LS: 45,6%), y Bryobacteraceae.

Caso contrario al anterior, se encontró mayormente en los puntos más altos (BD:13,2% - PDU:14,3%). Solibacteraceae, expresó mayor abundancia en la altura de BD: 20,9%. Por otra parte, no se observa un comportamiento homogéneo en las demás familias, ya que Xanthobacteraceae y Chthoniobacteraceae en su conjunto de datos se encontraron en su mayoría en Yt (27,6% y 20,9%), Nitrosomonadaceae se presentó en mayor abundancia en

suelos de menor altura (LS), finalmente, Pseudomonadaceae tuvo mayor presencia en BD y PDU al igual que Moraxellaceae.

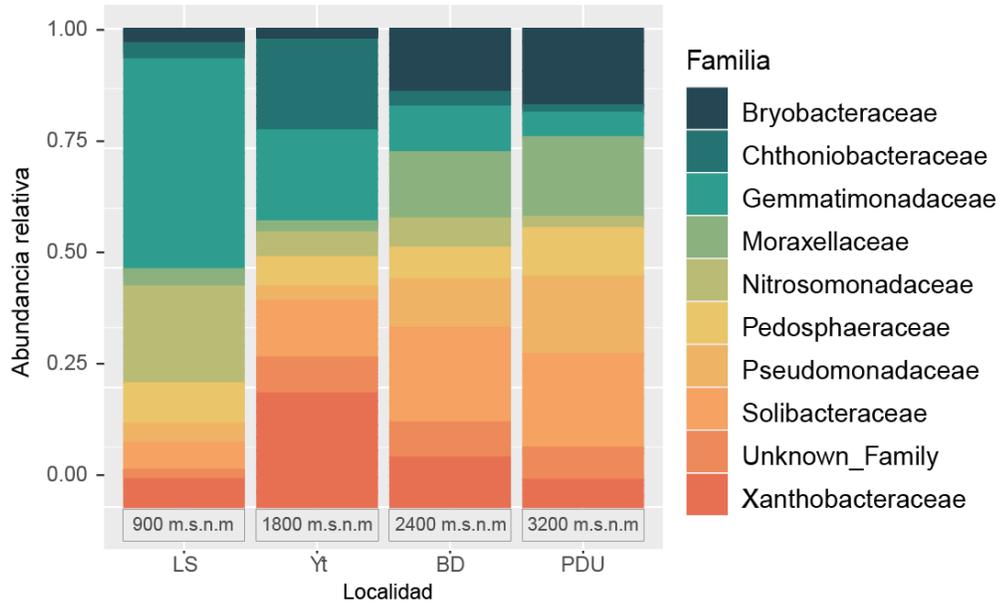


Figura 6. Composición taxonómica a nivel de familia de bacterias con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades (LS, Yt, BD y PDU).

En los subsiguientes niveles taxonómicos de Género y Especie (Figura 7. A-B), se pudo observar ciertas limitaciones a la hora de encontrar información precisa en las bases de datos, en este caso SILVA, ya que los estudios de microbiología de suelos hasta ahora se encuentran en crecimiento, y el uso de las NGS es relativamente reciente, además que el metabarcodig se enfoca en la amplificación de un solo gen a la vez, el 16S en este caso, por lo cual aún existen muchos vacíos de información que no nos permitieron deducir con exactitud a qué género y especie pertenecen los microorganismos hallados en este estudio.

No obstante, a nivel de género, se encontró que el 36% de las lecturas fueron asignadas, sin embargo, al igual que en Familia, aparecen las asignaciones no informativas como las No cultivables y No asignadas, que en total, corresponden al 64% de las lecturas, así que, de la información obtenida en el proceso de secuenciación, a este nivel, contamos con aproximadamente el 36% de la información, de la cual, los diez géneros más abundantes, encontrados representaron el 17,6%, siendo *Candidatus Solibacter*, *Candidatus Udaeobacter*, *Acinetobacter* y *Pseudomonas* (Figura 7A).

Los más abundantes entre todas las zonas de muestreo, dentro de las localidades, la mayoría de los géneros se comportaron de manera diferente, se encontró que aparentemente dos de estos respondieron al gradiente altitudinal, donde *Haliangium* y *Nitrospira* presentaron valores similares en las cuatro localidades, teniendo la mayor abundancia en LS y la menor en PDU. *Candidatus Solibacter* se encontró mayormente en BD seguido de Yt y PDU, *Candidatus Udaeobacter* en la zona de Yt fue más abundante y *Pseudomonas* en PDU. *Candidatus Koribacter*, *Acidibacter* y *MND1* prefirieron los suelos de PDU, Yt y LS respectivamente. Otro comportamiento destacado es *Bryobacter* el cual se encontró tanto en BD y PDU, en iguales proporciones (16,1%). Dichas observaciones permiten inferir que a este nivel taxonómico el gradiente altitudinal no es un factor determinante con relación a las abundancias de los microorganismos presentes en los suelos evaluados.

Finalmente, las especies encontradas corresponden aproximadamente al 3% de las lecturas obtenidas, esto reafirma las limitaciones por falta de información que hay respecto a las bases de datos de asignación taxonómica, aun así, se logró destacar diez especies (Figura 7B) identificadas conforme a su abundancia, *Bacterium Ellin7509*, *Spirochaeta sp.*, *Rhodospirillaceae bacterium*, *Flexibacter sp.*, *Spartobacteria bacterium*, *bacterium Ellin6519*, *Bacterium Ellin515*, *Hypsibius dujardini*, *Streptococcus salivarius*, *Bifidobacterium longum* y *Bacteroides_vulgatus*, las cuales se encuentran presentes en mayor proporción en PDU, seguido de LS, Yt y finalmente BD .

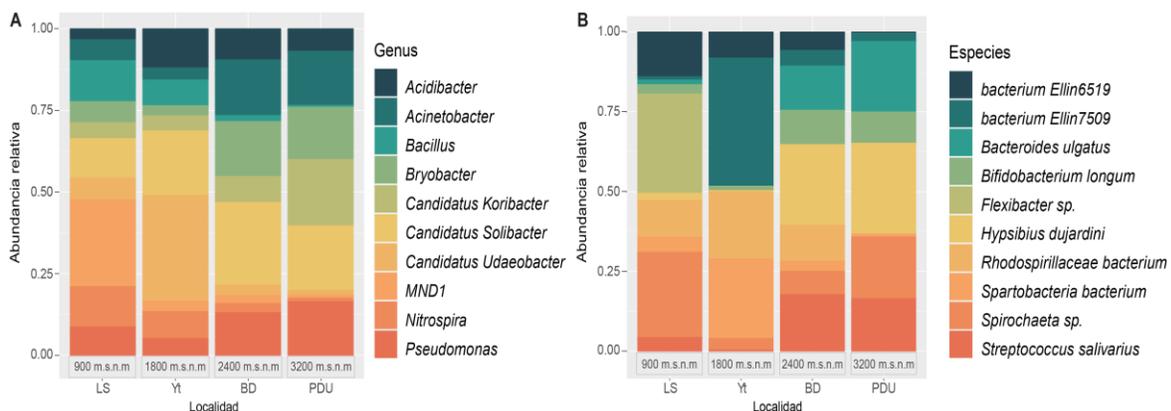


Figura 7. Composición taxonómica bacteriana **A:** Genero. **B:** Especie. con base a la abundancia relativa de 27 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU).

6.4 Análisis de abundancia diferencial de microorganismos bacterianos

Se realizó un análisis de expresión diferencial, para lo cual se determinaron 5 contrastes informativos entre las cuatro localidades evaluadas, que poseían diferencias significativas en sus abundancias entre sí, en una escala de cambio de pliegues \log_2 (Fold Change), teniendo en cuenta la clasificación taxonómica de género como se pueden observar en la Figura 3.

Para el primer contraste entre las localidades de LS y PDU ($p < 0.0001$) (Figura 8A), se observa coincidencias en la presencia de tres géneros para las dos localidades siendo *Candidatus Koribacter* 44 veces más abundantes en LS comparado con PDU, seguido de *Acidibacter* (36 veces) y *Bryobacter* (16 veces), a su vez se observó diferencias significativas en la presencia de aproximadamente 24 géneros que se presentaron únicamente en la localidad de LS, que fueron entre 10 a 20 veces más abundantes a excepción de *Chitinophaga* y *Haliangium*, que fueron más abundantes entre 64 y 55 veces, respectivamente, además, dentro de las 24, se encuentran *Candidatus Solibacter*, *Candidatus Udaeobacter*, *MND1*, *Nitrospira* y *Bacillus*, géneros que mencionamos previamente en los análisis de composición como parte de los 10 más abundantes.

Seguido, se comparó las localidades de Yt y PDU (Figura 8B), donde 24 géneros fueron diferenciales, de los cuales *Bryobacter*, *Bacteroides*, *Roseburia* y *CAG-352* fueron entre 18 y 46 veces más abundantes en la localidad de PDU, seguidos de *Bacillus* con un cambio de 62 más abundante y *Candidatus Koribacter* con 46 para la localidad de Yt, en este mismo sentido, los demás géneros se concentraron diferencialmente en Yt entre valores de 10 y 50 más abundante entre las comparaciones. El comportamiento entre BD y PDU, sólo arrojó géneros diferenciales para la localidad de BD, con valores entre 14 y 54 más abundante, siendo los *Pseudomonas*, *Acinetobacter* y *Sphingobacterium*, las que presentaron mayor ASV con valores de contraste en su abundancia (Figura 9C).

En ese mismo contexto, en lo observado entre LS y BD, se encontró comportamiento diferencial de los géneros *Chitinophaga*, *Bacillus* y *Haliangium* entre 40 y 50 en mayor abundancia para la localidad de LS, así mismo, *Burkholderia Caballeronia*, *Paraburkholderia*, *Acinetobacter* y *Sphingobacterium* estuvieron aproximadamente 50 veces más abundantes en la localidad de BD, en este sentido, *Candidatus Solibacter* y

Candidatus Udaeobacter fueron compartidas en sus valores de ASV diferenciales en sus abundancias para las dos localidades (15 y 16) (Figura 9D). Finalmente, el contraste realizado en LS y Yt, 38 géneros diferenciados, siendo los más altos para LS: *Chitinophaga*, *Bacillus*, *CAG-352*, *Roseburia*, *Dialister*, *Bacteroides* y *Roseisolibacter*, con mayores abundancias de 40 y 60, y para Yt: *SWB02* 14 veces más abundante (Figura 10E).

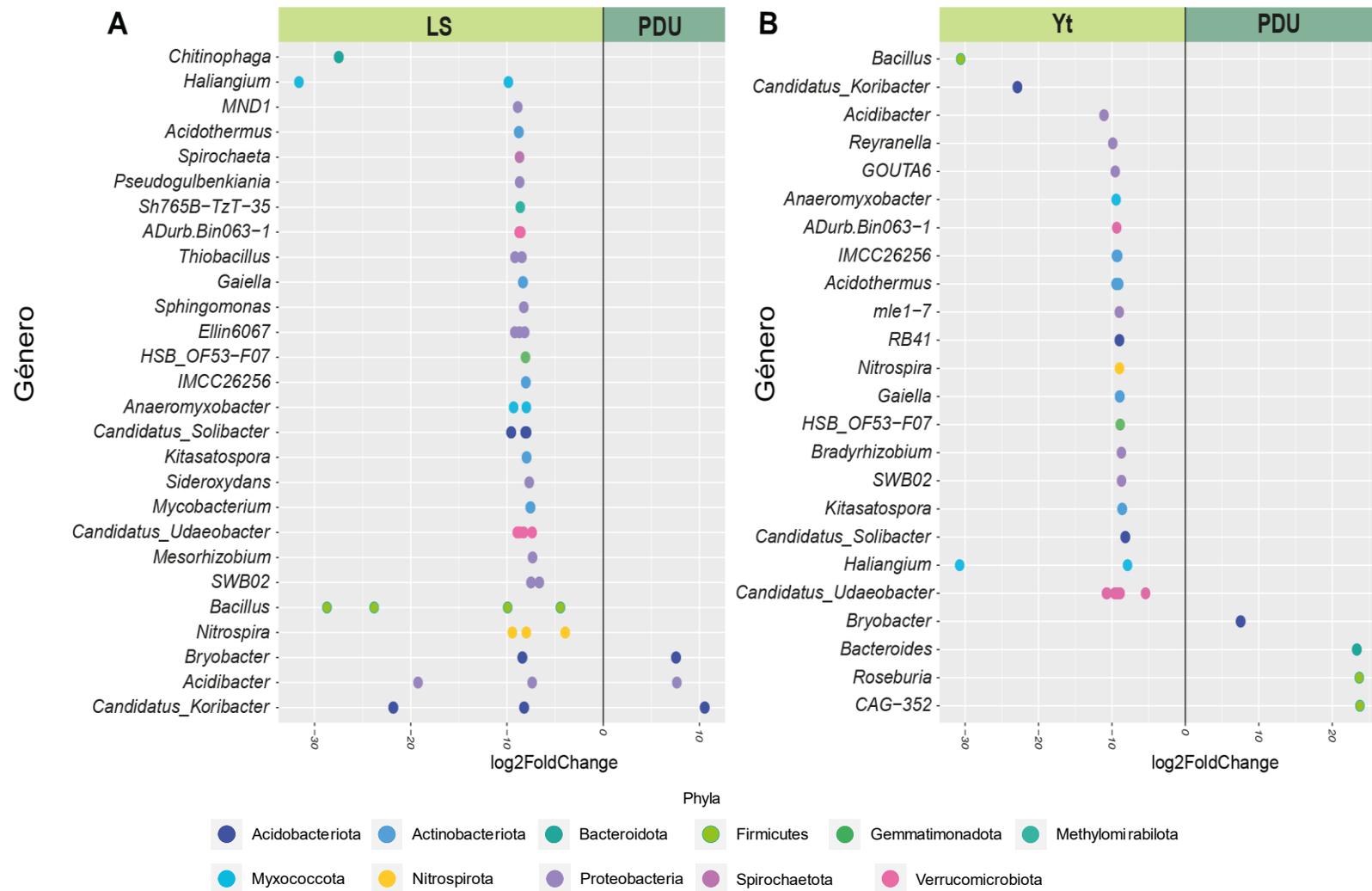


Figura 8. Proporción transformada Log10 de abundancia relativa entre las comunidades bacterianas los contrastes entre las localidades: **(A)** Laguna de Sonso y Páramo del Duende. **(B)** Bosque de Yotoco y Páramo del Duende estimadas por DESeq2.

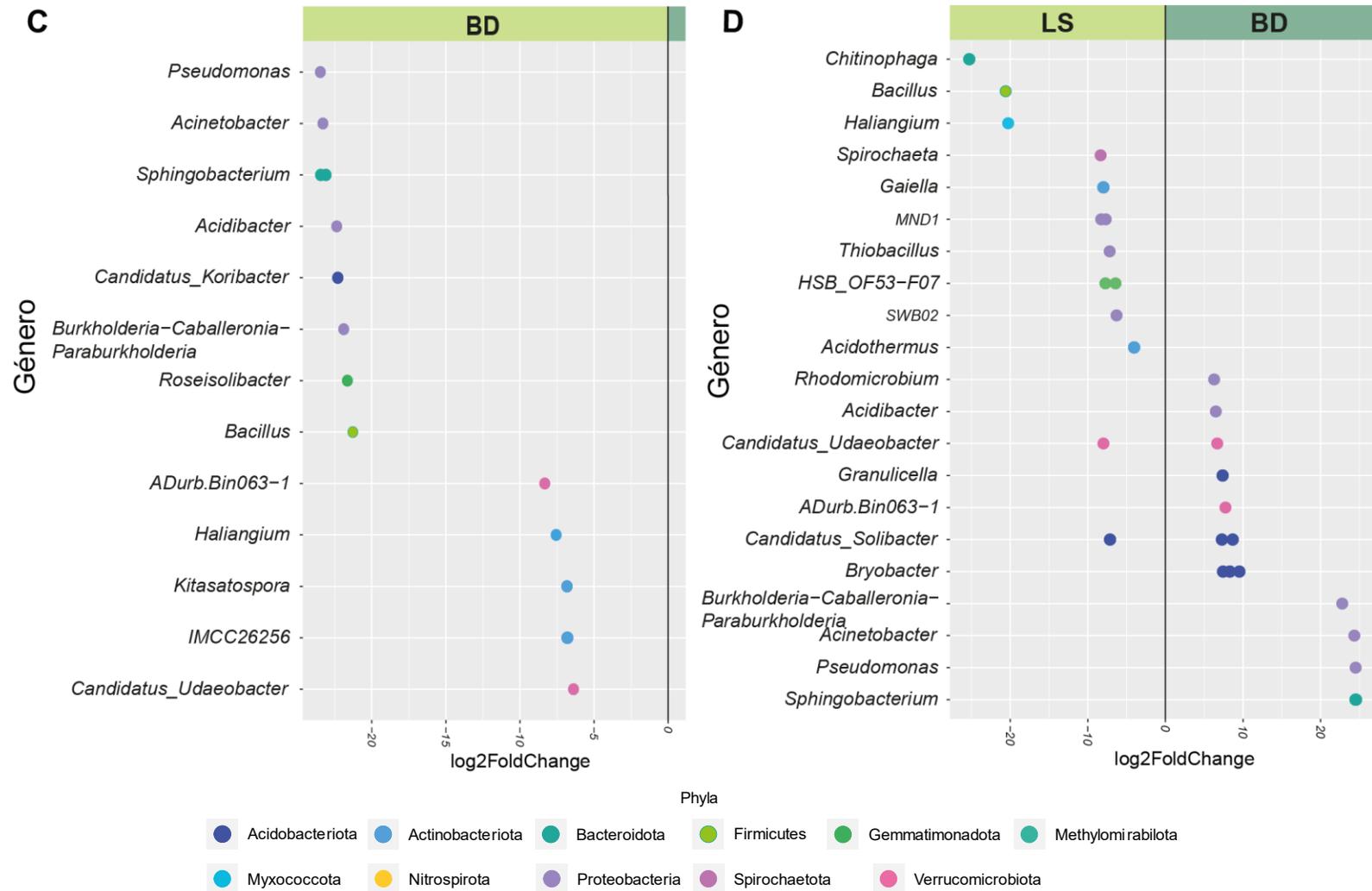


Figura 9. Proporción transformada Log10 de abundancia relativa entre las comunidades bacterianas de los contrastes entre las localidades: **(C)** Bosque del Duende y Páramo del Duende. **(D)** Laguna de Sonso y Bosque del Duende estimadas por DESeq2.

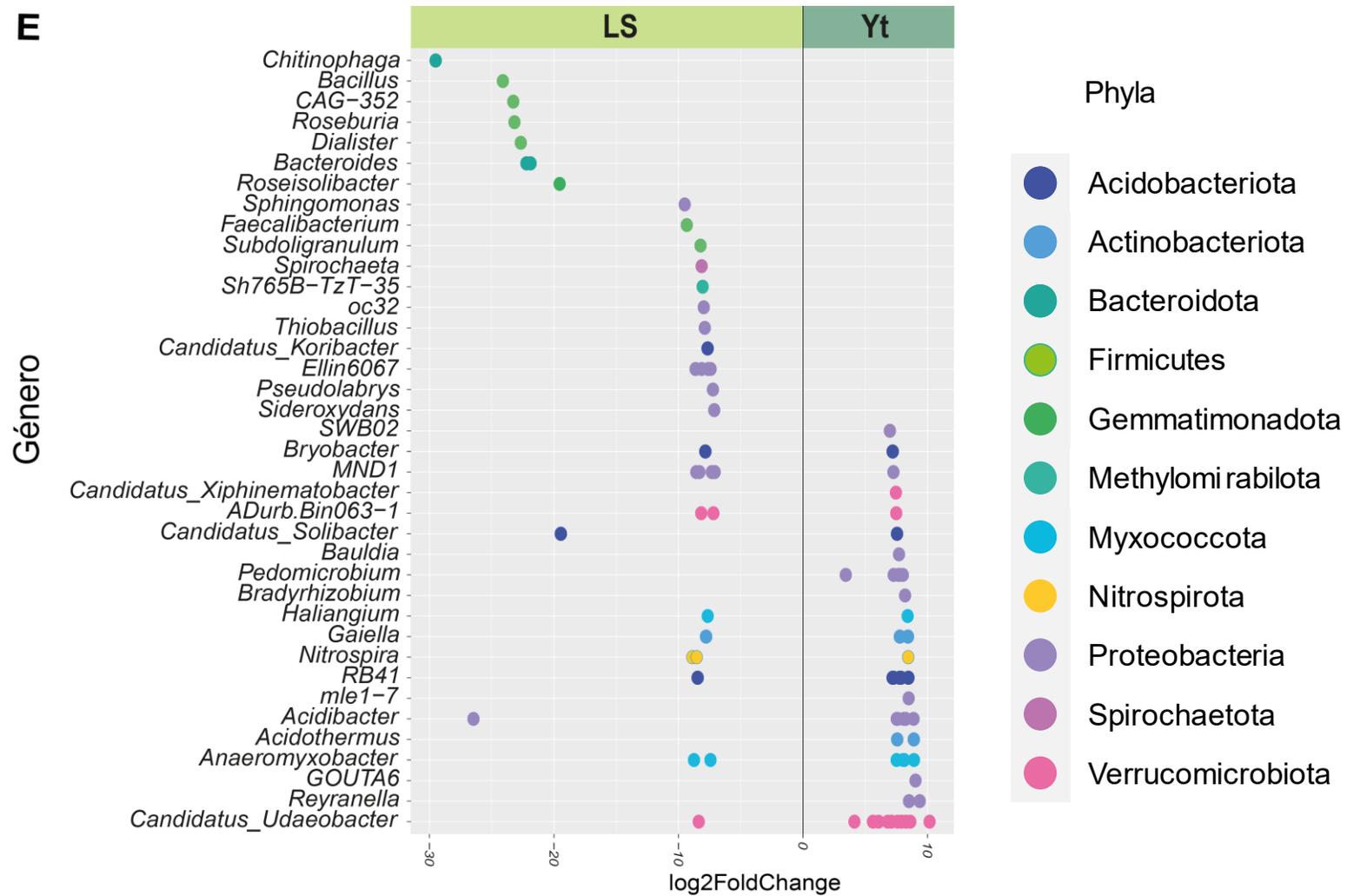


Figura 10. Proporción transformada Log10 de abundancia relativa entre las comunidades bacterianas de los contrastes entre las localidades: **(E)** Laguna de Sonso y Bosque de Yotoco estimadas por DESeq2.

6.5 Diversidad bacteriana

6.5.1 Diversidad Alfa

Para describir la diversidad intrínseca de este estudio se usaron diferentes índices de diversidad (Figura 11). Para el índice de riqueza de Shannon (Figura 11A), teniendo en cuenta que valores superiores a 3 representan una diversidad biológica alta (Baselga & Gómez, 2019), se pudo observar que entre las zonas de muestreo, Yt y LS presentan los valores de media más altos ($7,1\pm 0,16$ y $7\pm 0,13$), seguidos de BD ($6,9\pm 0,2$) y finalmente PDU ($5,7\pm 0,6$), a pesar de que PDU presenta el valor de diversidad más bajo en comparación a las demás localidades, este es superior a 3 demostrando un alto nivel de diversidad; entre las localidades los resultados denotan diferencias significativas de diversidad entre las localidades de LS y PDU ($p<,01$), seguido de las localidades Yt y PDU ($p<,01$) y finalmente BD y PDU ($p<,05$).

Los anteriores resultados se pueden corroborar con la dominancia de Berger Parker, este análisis tiene valores de apreciación entre 0 y 1, lo cual indica que entre más cerca este a 0, menor será la dominancia y mayor la diversidad (Berger y Parker 1970), como se puede apreciar en la Figura 11B, los valores de dominancia se encuentran por debajo de $0,07\pm 0,05$, por lo cual, las comunidades presentes en este estudio son altamente diversas, manteniendo a LS ($0,02\pm 0,006$) y Yt ($0,02\pm 0,008$), como las zonas con mayor diversidad de especies en sus suelos.

Por otra parte, de acuerdo con el índice de Equidad de Pielou, el cual mide la proporción de la diversidad observada con relación a la máxima diversidad esperada, establece valores de 0 a 1, los valores cercanos a 1, suponen situaciones son igualmente abundantes, por ende, las cercanas a 0, expresarían ausencia de uniformidad (Magurran, 1988), en este estudio, los valores de todas las localidades están cercanos a 1 ($0,8\pm 0,02$ - $0,9\pm 0,04$), lo cual indica que las especies presentes en las zonas de muestreo son igualmente abundantes, sin embargo la localidad de PDU, presenta diferencias significativas ($p<,01$) respecto a las demás localidades (Figura 11C), a su vez, la relevancia del comportamiento de las localidades respecto a la abundancia de especies diferentes y/o únicas encontradas en este estudio, muestra diferencias significativas entre LS y Yt ($p<,01$) y Yt respecto a BD ($p<,05$) (Figura 11D).

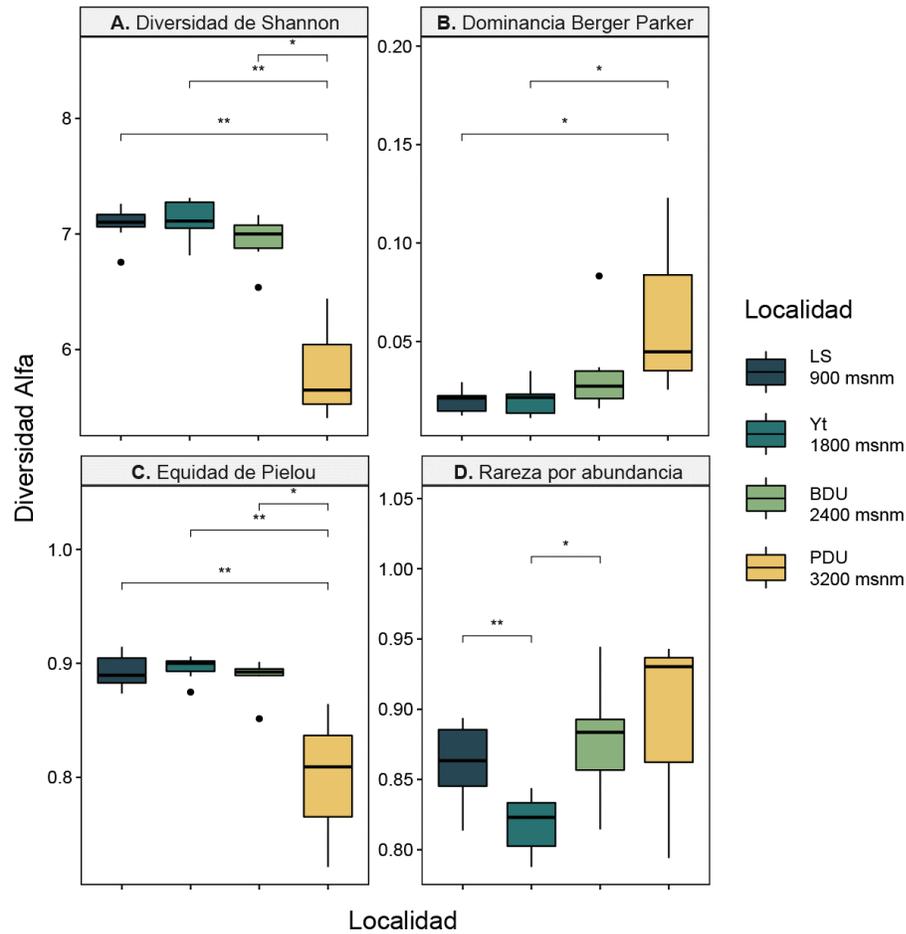


Figura 11. Evaluación de los índices de diversidad Alfa. A. Diversidad (Índice de Shannon). B. Dominancia (Índice de Berger Parker). (C) Uniformidad (Índice de Pielou). D. Rareza (Por abundancia). (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).

6.5.2 Diversidad Beta

La diversidad beta es uno de los componentes de la diversidad de especies en una región definido por Whittaker entre los años 1956 y 1960 (Calderón-Patrón et al., 2012), este concepto ha evolucionado a través del tiempo, hoy en día, es entendida como el cambio en la composición de especies entre sitios, se suele evaluar con índices de disimilitud basados en el número de especies compartidas y los números de especies exclusivas a cada sitio (Calderón-Patrón & Moreno, 2019).

6.5.2.1 Análisis de disimilitud

Para representar la diversidad Beta, se realizó diagramas de Venn (Figura 12), señalando el número de taxones exclusivos de cada sitio y compartidos entre sitios, siendo LS la que presenta mayor cantidad (2.454) de especies únicas y/o diferentes conforme a los ASVs obtenidos (Figura 12A) en comparación a las demás localidades, seguido de Yt. A nivel jerárquico, como se observó en lo expuesto en la composición taxonómica, se encontraron 35 phyla (Figura 12B), de los cuales 27 son compartidos entre las cuatro localidades, los demás, se puede observar que LS conserva cuatro de forma exclusiva (Sva0485, Deferrisomatota, Fibrobacterota, Campilobacterota), además de que LS y BD comparten a Zixibacteria y Armatimonadota, y LS, BD, PDU a FCPU426.

En clase (Figura 12C), 43/82 (14,6%) se encuentran compartidos por las diferentes localidades, en este contexto se observa que se da continuidad al comportamiento de LS a nivel de phyla, y se encuentran 14 clases únicas y/o diferentes para esta localidad, dentro las cuales se encontró a Syntrophia, Defferrisomatia, Desulfobaccia, Dojkabacteria y Chitinivibrionia. Por otra parte, como se observa en la Figura 12D, 74/166 (45,8%) órdenes se compartieron entre todas las localidades, además, en este nivel jerárquico, se puede apreciar, que empiezan aparecen bacterias asociadas exclusivamente para ciertas localidades, sin embargo, LS sigue conservando la mayor cantidad de estas con 27, donde se encuentra el estatus de "Candidatus", como: Candidatus Beckwithbacteria, Candidatus Liptonbacteria, Candidatus Magasanikbacteria, Candidatus Moranbacteria, Candidatus Woesebacteria y Candidatus Wolfbacteria, entre otros ordenes, mientras las otras localidades cada una conserva 4; Yt (Actinomarinales, Paracaedibacterales, Phycisphaerales, Rubrobacterales), BD (Entomoplasmatales, Candidatus_Kaiserbacteria, Elev-1554, SAR202_clade) y PDU (Chlamydiales, Staphylococcales, Mycoplasmatales, Rhodobacterales).

A nivel de familia (Figura 12E), el porcentaje de asignación, mostró un aumento de organismos únicos y/o diferentes por localidad, que al igual que en los anteriores niveles jerárquicos, LS presentó el mayor número de familias (29/212), seguido de PDU (15/212), BD (7/212) y Yt (5/212), sin embargo, teniendo en cuenta la abundancia relativa de las composiciones, estas familias únicas, poseen porcentajes de contribución en el total de las familias entre el 0,1-0,001 %, ya que la mayoría se concentró en las 10 más abundantes, las cuales se ubican dentro 82 compartidas por todas las localidades.

Para continuar esta descripción del comportamiento de los datos, debemos recordar que la asignación taxonómica disminuyó conforme a la especificidad de las categorías, y aunque se muestra el comportamiento de los géneros y especies, ésta última, no fue significativa en comparación al tamaño de las lecturas obtenidas, como se mencionó previamente en los resultados de composición taxonómica.

Finalmente, se obtuvo 70 géneros compartidos por todas las localidades (Figura 12F), además, la única localidad que presentó géneros únicos fue PDU con 36 géneros identificados, en esa misma línea, LS, BD, y PDU, compartieron 20 géneros. Entre tanto, a nivel de especies, se logró identificar que 10 están presentes en todas las zonas de muestreo, y 17 se encuentran de forma exclusiva en el PDU (Figura 12G).

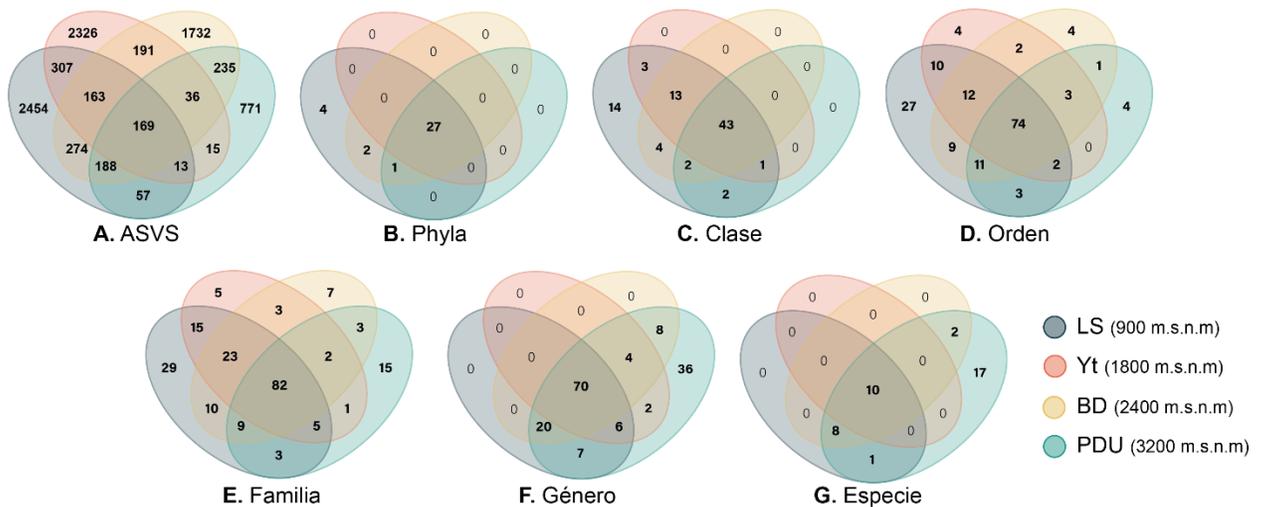


Figura 12. Representación esquemática de los componentes de la diversidad beta con diagramas de Venn en los que se incluyen los números de taxones exclusivos a cada sitio y los que se comparten entre sitios, en los diferentes niveles taxonómicos evaluados.

6.5.2.2 Análisis de Coordenadas Principales (PCoA)

Se realizó un análisis de escalamiento multidimensional (Figura 13), donde se presentan los resultados obtenidos de un PCoA aplicado a datos de las comunidades bacterianas presentes en los suelos de las zonas de muestreo de LS, Yt, BD y PDU, teniendo en cuenta la distancia de Bray-Curtis, donde, los dos primeros ejes contribuyen al 45,8% de las variaciones en la matriz de distancias, donde el componente 1 explicó 27,3% de la variación total, mientras que el componente 2 explicó el 18,5%. Este análisis mostró

tendencias de agrupar individuos del mismo sitio de muestreo, a excepción de las localidades de BD y PDU, que se agruparon en conjunto, esto presuntamente a la cercanía de los ecosistemas, a pesar de las diferencias en altura.

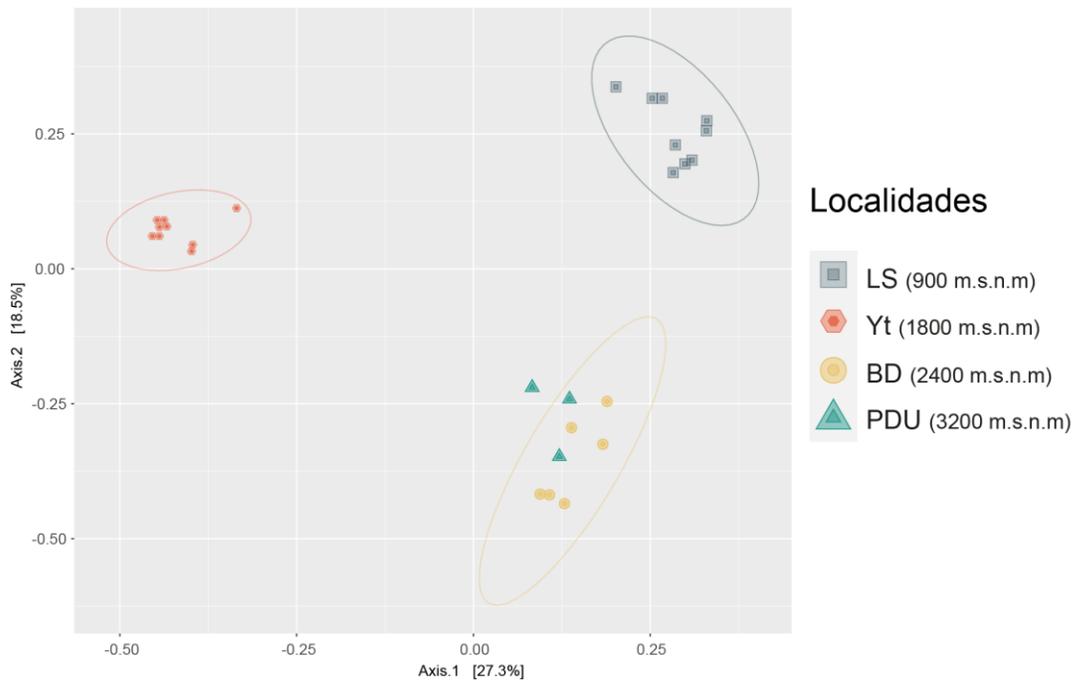


Figura 13. Análisis de coordenadas principales (PCoA) de 27 muestras de suelos pertenecientes a las cuatro localidades objeto de este estudio, teniendo en cuenta la disimilitud de Bray-Curtis.

Además, se tuvo en cuenta la divergencia contenida en la Figura 14, como una medida asimétrica complementaria, donde se evaluó la heterogeneidad de las abundancias respecto a su diferenciación por zona de muestreo, como se observa en la Figura 13, la localidad de PDU se encuentra más cerca de 1, indicando una alta heterogeneidad, las localidades de LS y BD, se encuentran en un punto medio, por lo cual este conjunto de datos son medianamente diferenciables entre sí, finalmente la localidad de Yt presenta los valores de divergencia más bajo en comparación a las demás localidades, estando más cerca de 0, lo que se interpreta como alta homogeneidad en sus abundancias, por tanto no muestra diferencias dentro de estas, además se encontró que hay diferencias significativas ($p < ,0001$) entre las localidades de LS y Yt, seguido de la localidad de PDU que difiere con las localidades de Yt, y LS ($p < ,001$) seguida de BD ($p < ,05$).

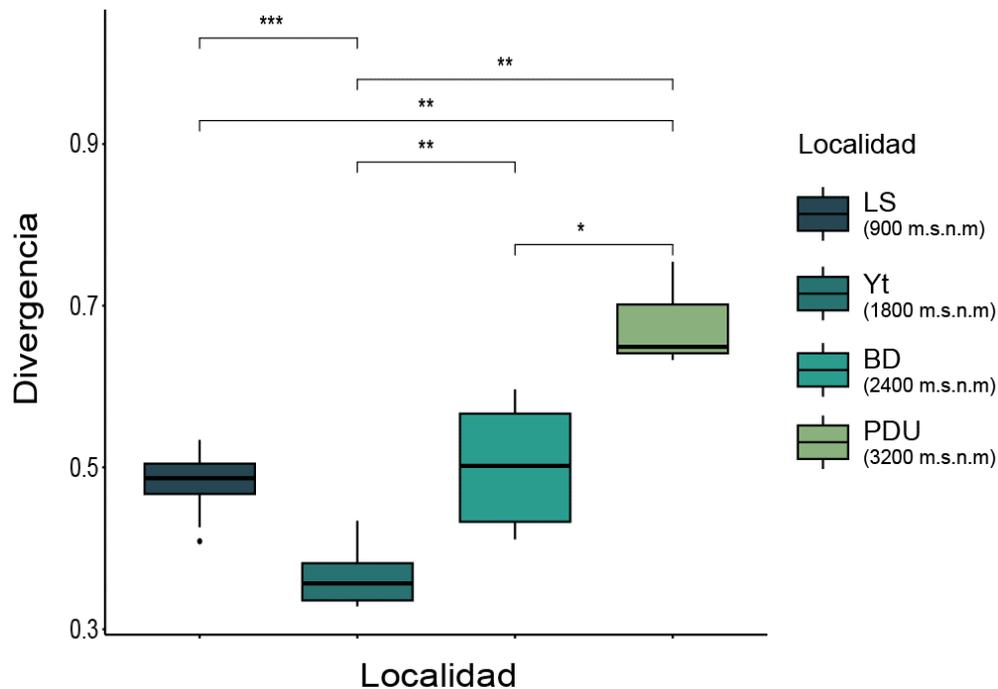


Figura 14. Comparación de la divergencia entre las localidades muestreadas (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).

6.6 Análisis Factorial Múltiple (MFA)

El Análisis Factorial Múltiple o Multifactorial, es una herramienta estadística de gran relevancia en la observación de la relación de dos o más variables en un plano gráfico, esto permite estudiar la relación entre las observaciones, es por ello que en este estudio, se relacionan seis grupos de datos, conformados por: análisis físico de suelos (AFS), análisis químico de suelos (AQS), géneros de bacterias diferentes y/o únicas (GBD), géneros de bacterias más abundantes (GBMA), plantas diferentes y/o únicas (PDA) y plantas más abundantes en cada localidad (PMA).

Para lo cual se encontró en la Figura 15, que de los datos analizados, la mayor contribución la hace la dimensión 1 (34,9%) y la dimensión 2 (24%), en este mismo sentido, los datos observados arrojan que las cuatro localidades se agruparon independientemente a excepción del BD y PDU que se encuentran más cercanas en comparación a LS y Yt, en este sentido, como se muestra en la imagen a continuación, se halló que en el primer cuadrante LS está relacionada con los elementos químicos Mg, P, S, N y Cu, al tiempo con la capacidad del suelo para conducir corriente eléctrica (CE), en este mismo sentido, se



PMA: *Pilea* (P2) y la familia Pteridaceae (P5), PDA: *Blechnum* (P14), *Besleria* (P15), *Chusquea* P18, *Clusia* (P22) y *Faramea* (P26), finalmente con género de bacterias GBMA: *Bryobacter* (G3), *Candidatus Koribacter* (G4), *Candidatus Solibacter* (G5) y GBD: *Haliangium* (G20), *Rhodomicrobium* (G31) y *Roseisolibacter* (G33).

Seguido, la agrupación de las muestras presentes en el cuadrante cuatro, pertenecen a la localidad de Yt, las cuales no se relacionan con ningún elemento químico y/o característica física del suelo, pero se encontró contrastado con tres PMA: *Rhodospatha* (P1), *Beilschmiedia* (P3) y *Ocotea* (P10), y cinco PDA: *Calophyllum* (P17), *Piper* (P19), *Prestoea* (P24) y *Nectandra* (P20), seguido de una GBMA: *Candidatus Udaeobacter* (G6), además de las GBD: *Candidatus Xiphinematobacter* (G16), *mle1-7* (G23) y *Pedomicrobium* (G27).

A nivel general, se puede observar una interacción constante entre las variables ecológicas evaluadas, demostrando una interacción entre planta, suelo y microorganismos.

6.7 Análisis del potencial funcional bacteriano

A través de FAPROTAX, una herramienta para predecir funciones ecológicas relevantes de taxones bacterianos derivados de la secuenciación de amplicones de ARNr 16S (Sansupa, Fareed, et al., 2021), se tuvo como resultado que la capacidad de asignación con base a los ASVs (34.751) del potencial funcional de los suelos de las cuatro localidades representaron 22,8% y el número de asignaciones a dicho conjunto de datos fue de 25 potenciales usos (Figura 16).

Las funciones predominantes en todas las muestras fueron la quimioheterotrofia, y quimioheterotrofia aeróbica, a su vez, se pudo asociar las funciones con procesos biogeoquímicos y otros (asociado animales y/o humanos), en 8 grupos en el PCA de la Figura 17, siendo la quimioheterotrofia y lo relacionado con el ciclo del nitrógeno las más abundantes dentro de cada localidad, esta primera representó en la localidad de PDU el 50,7%, seguido de BD con 38,9%, LS el 31,2% y finalmente Yt un 22%, en el caso de lo asociado al ciclo del nitrógeno, la mayor abundancia relativa asignada se mostró en Yt (54,3%) seguido de LS (44,5%).

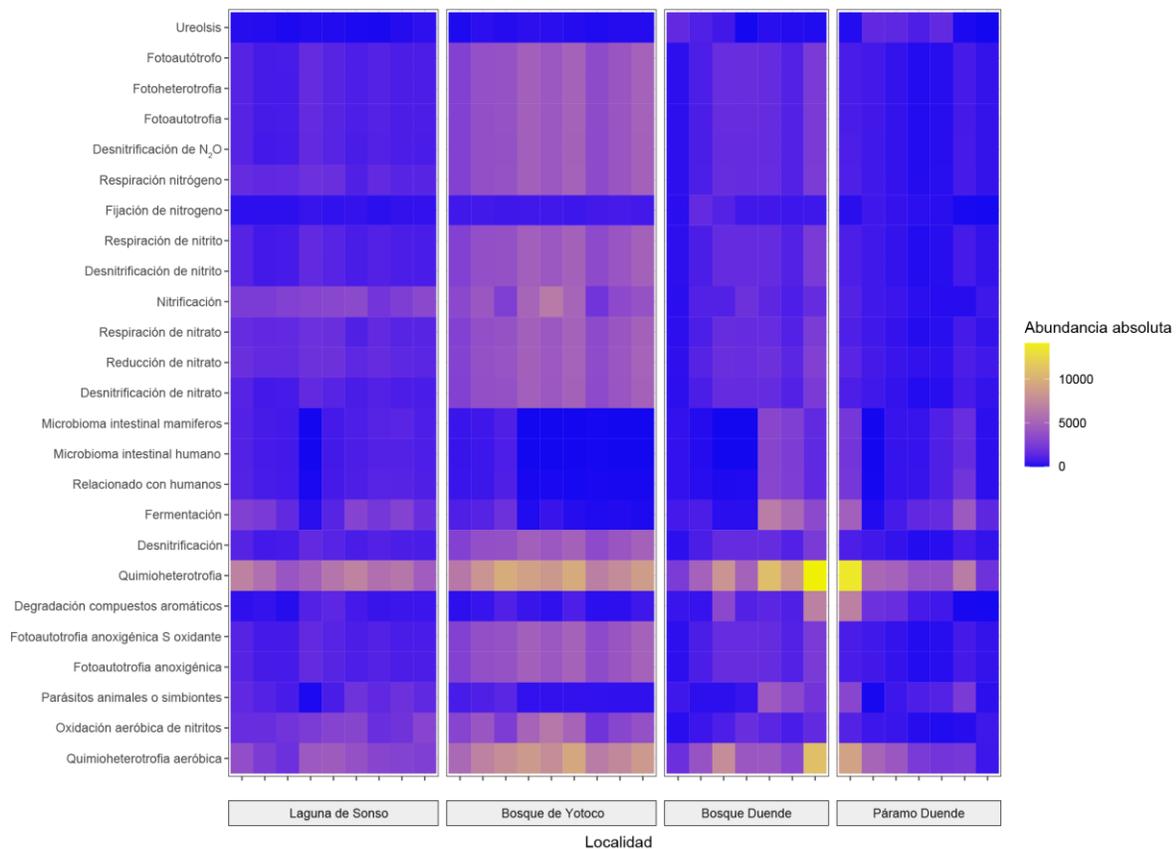


Figura 16. Mapa de calor del potencial funcional de bacterias. Los datos basados en la ocurrencia de ASV (número de ASV capaces para cada función) y sus respectivas abundancias absolutas, obtenidas de las muestras de suelo de cada localidad.

En este contexto, como se observa en la Figura 17 a continuación de componentes principales, la relación del comportamiento de las funciones respecto a las zonas de muestreo, el componente 1 explicó el 50,1% del porcentaje acumulativo de varianza, seguido del componente 2 con 35,6%. Los ocho grupos de funciones conformados se asocian con algunas localidades, como la fotoautótrofia anoxigénica, fotoheterotrofia y lo relacionado con el ciclo de nitrógeno con las muestras de suelo obtenidas en la localidad de Yt, por otra parte las funciones agrupadas con los contenidos intestinales de humanos, mamíferos y lo asociados con humanos, se agruparon entre sí y a su vez se asociaron con muestras de la localidad BD, además, la degradación de urea, se encontró fuertemente asociada con las muestras de las localidades de PDU y BD, finalmente, una de los potenciales usos más representativos como la quimioheterotrofia no se ve adjunto a ninguna localidad.

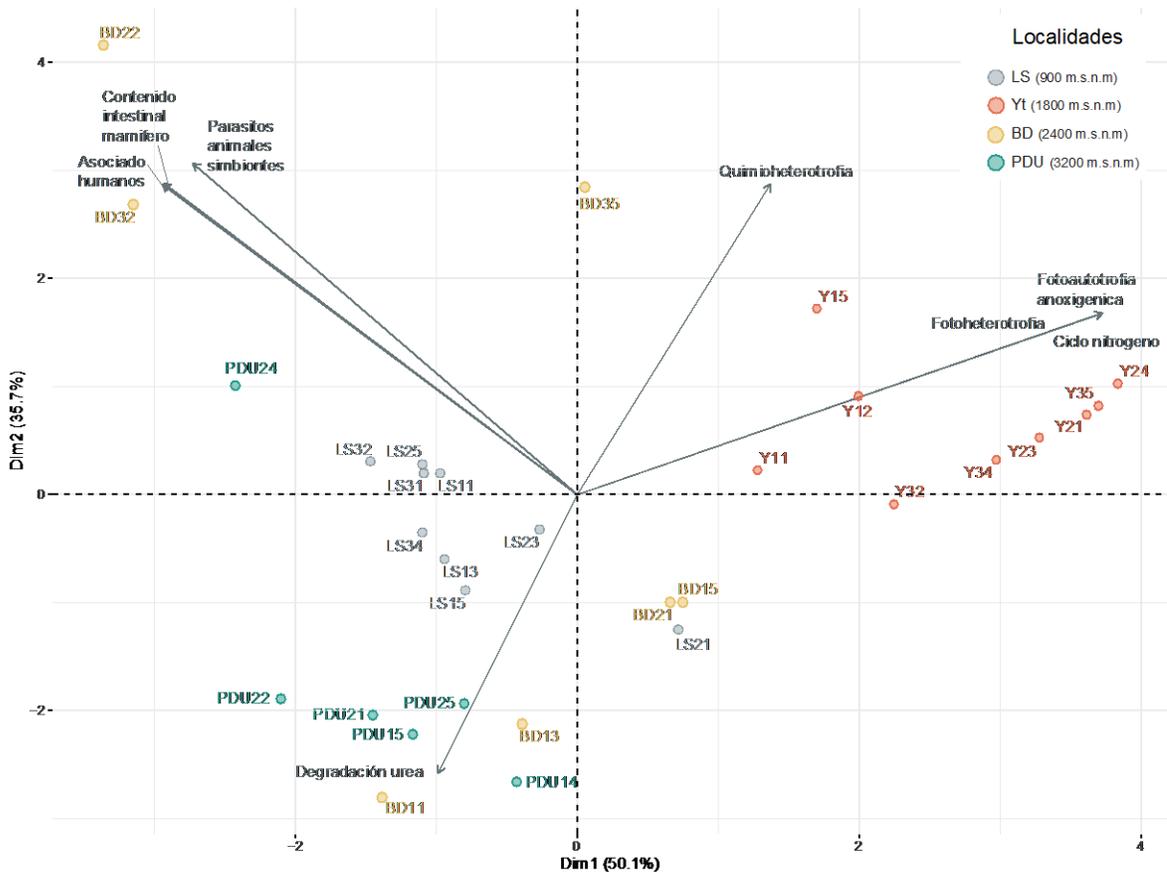


Figura 17. Análisis de componentes principales (PCA) de los ocho grupos asociados con el potencial funcional encontrado es las 27 muestras de suelos analizadas metagenómicamente.

6.8 Análisis de composición fúngica

En total se obtuvieron 5.769.380 lecturas de Illumina en 34 de 37 muestras enviadas para secuenciación, los 3 restantes no cumplieron con los estándares de calidad para el proceso. En promedio se obtuvo $169.687,6 \pm 11.849,8$ (máx.: 188.283; mín.: 150.190) de lecturas brutas.

Después de aplicar el proceso de control de calidad y filtrado de lecturas quiméricas el resultado fue de $3.858.914 \pm 18.728,7$ (máx.: 147.694; mín.: 61.961) lecturas, finalmente se analizaron 1.974.045 lecturas que correspondieron a 17.677 ASVs pertenecientes a hongos. Sin embargo, dentro de cada componente de la caracterización taxonómica, se encuentran secuencias que según la base de datos UNITE, no están identificadas aún, por

ello, los porcentajes de asignación fueron disminuyendo según el componente taxonómico, teniendo como resultado lo siguiente: Phyla: 55,7%, Clase: 51,9%, Orden: 44,6%, Familia: 37,1%, Genero: 35,7% (n=297), y finalmente, Especie: 7,1% (Anexo C, D, E).

De este modo, conforme al porcentaje de asignación, se tomó dentro de cada categoría por localidad, los más abundantes, es por eso, que se hallaron 7 phyla (Figura 18), de los cuales, tres representan 54,6% de la información: Ascomycota 38,6%, Basidiomycota 11,3%, Mortierellomycota 4,4%; estos phyla respondieron presuntamente al cambio de gradiente altitudinal, ya que, Ascomycota fue altamente abundante en el PDU (95,7%), en comparación con las otras localidades, sin embargo, Basidiomycota, presentó un comportamiento diferente, ya que se presentó en mayor abundancia en la localidad de de Yt en comparación con las otras localidades (Figura 18).

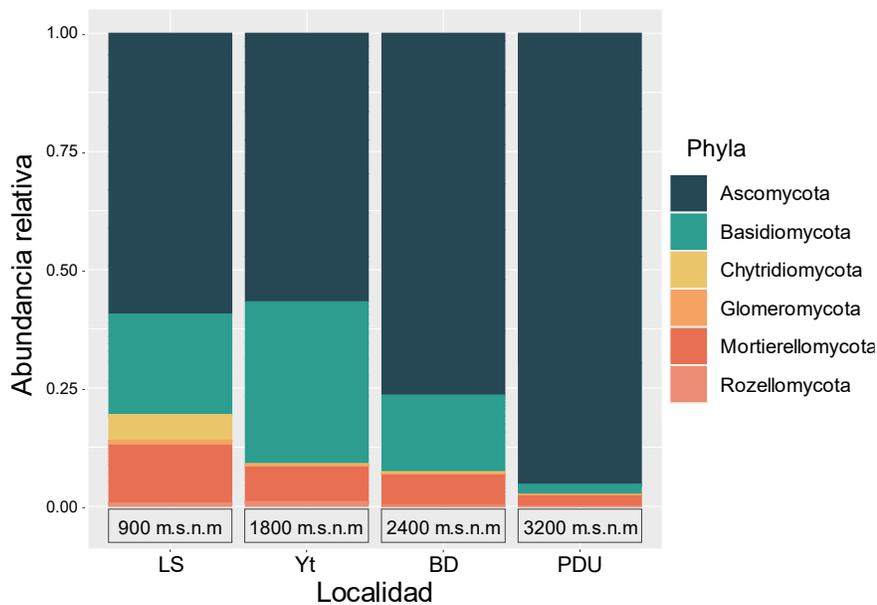


Figura 18. Composición taxonómica de hongos a nivel de Phylum con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.

Por otra parte, de las 32 clases asignadas, se pudo determinar que la mayoría de las abundancias se concentraron en 5 de ellas (Figura 19), donde Archaeorhizomycetes se encontró mayormente dentro de las localidades de PDU (87,1%) y el BDU (72,1%), mientras Sordariomycetes, Agaricomycetes, y Mortierellomycetes se hallaron en mayor

abundancia en LS, seguido de Leotiomyces en suelos de las localidades de Yt y BD (Figura 19).

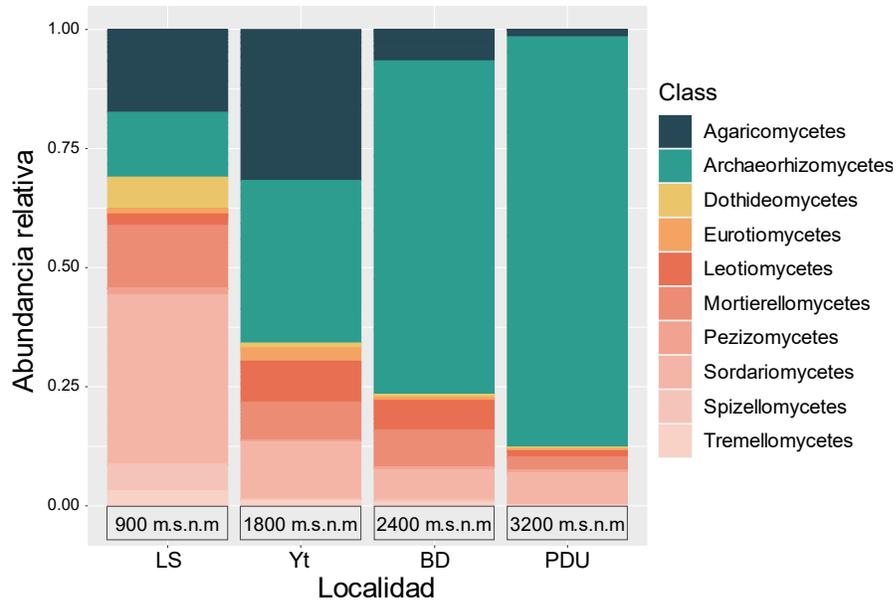


Figura 19. Composición taxonómica de hongos a nivel de Clase con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.

Por consiguiente, a nivel de orden, en cada localidad Archaeorhizomycetales fue la más abundante, en especial en BD (78,5%) y PDU (89,1%), seguida de Mortierellales, Hypocreales, Agaricales y Branch06 que contrario a la primera, se encuentran en mayor proporción en la localidad de LS como se observa en la Figura 20. Ahora bien, a nivel de familia, del total de las asignaciones identificadas, la mayoría de las abundancias se encuentran en Archaeorhizomycetaceae que fue la más representativa en todas las localidades, en especial en PDU (90,7%), mientras que Mortierellaceae y Nectriaceae, fueron más abundantes en los suelos de LS (Figura 21).

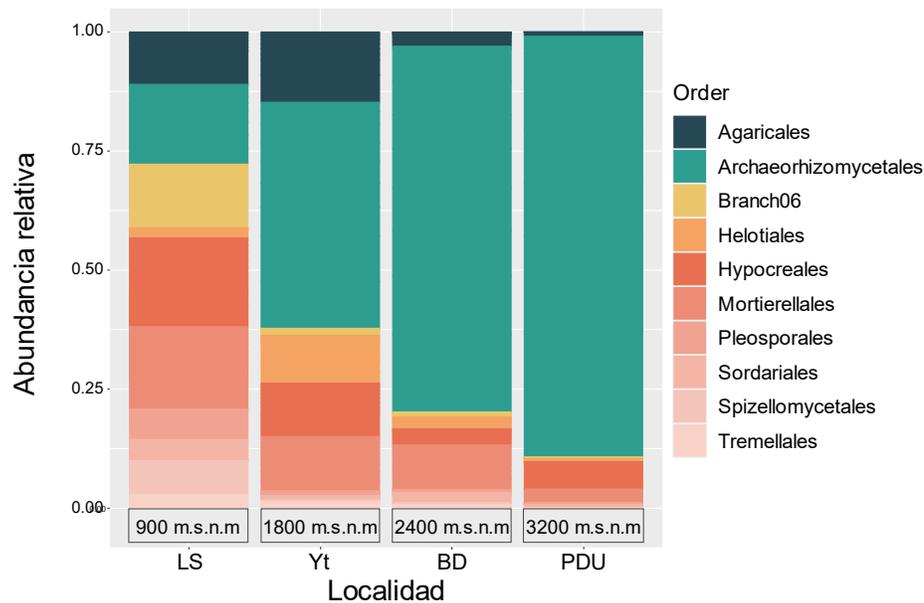


Figura 20. Composición taxonómica de hongos a nivel de Orden con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.

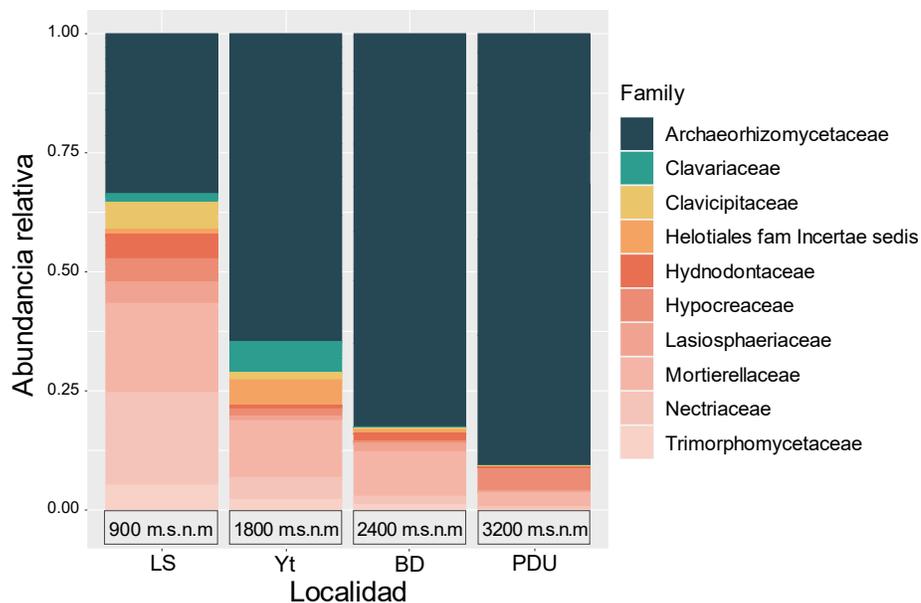


Figura 21. Composición taxonómica de hongos a nivel de Familia con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU). Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.

Seguido, a nivel de género, se logró identificar 3 representativos, *Archaeorhizomyces*, el más abundante en todas las localidades (LS: 37,9%, Yt:73,2%, BD:84,6%, PDU:91,4%), *Mortierella* y *Fusarium* los cuales en común fueron los más abundantes en LS (Figura 22A). Finalmente, aunque en un nivel de asignación taxonómica baja (6,8%), se pudo asociar aproximadamente poco más de 300 especies presentes en las muestras de suelos forestales, siendo *Mortierella gemmifera* la más abundante en comparación a las demás en todas las localidades, seguida de *Fusarium solani*, *Torula deospora* y *Volutella ciliata* (Figura 22B).

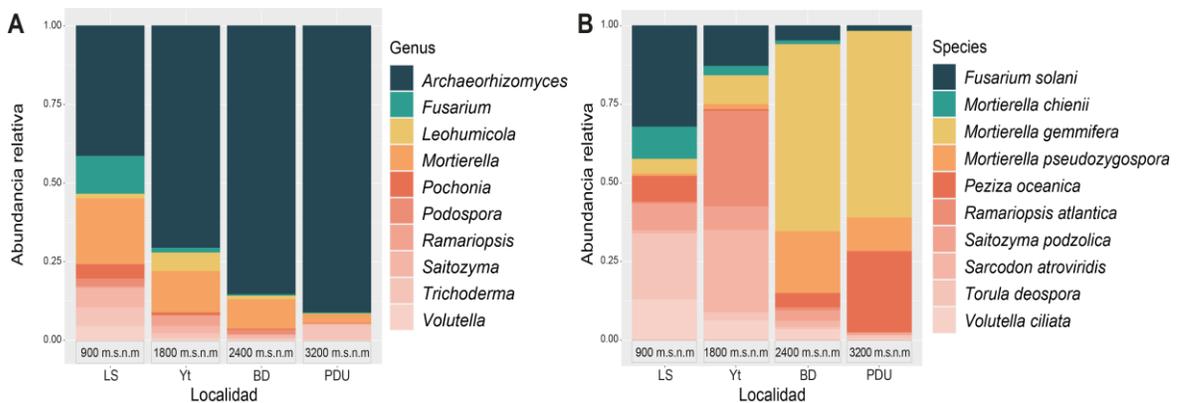


Figura 22. Composición taxonómica de hongos a los niveles de **A:** Género; **B:** Especie, con base a la abundancia relativa de 34 muestras de suelos de cuatro localidades diferentes (LS, Yt, BD y PDU): Los cuadros bajo cada muestra representan la altura sobre el nivel del mar (m.s.n.m) en la que se ubicó cada localidad.

6.9 Análisis de abundancia diferencial de hongos

Con el fin de determinar qué hongos a nivel de género son más representativos en las localidades evaluadas se realizó 6 contrastes ($p < 0,05$) donde se compararon las localidades teniendo en cuenta las abundancias transformadas en una escala de cambio de pliegues \log_2 (Fold Changue), de a pares: 1) LS y PDU, 2) Yt y PDU, 3) LS y Yt, 4) BD y PDU, 5) Yt y BD, 6) LS y BD, como se puede observar en las figuras 23, 24 y 25.

En el primer contraste entre las localidades de LS y PDU (Figura 23A) se observa 15 géneros, de los cuales 14 fueron los más abundantes y representativos para la localidad de LS, siendo *Trichoderma* (48), *Mortierella* (45), *Glutimycetes* (44), *Leohumicola* (42) y *Clavulinopsis* (41) los que presentaron mayor abundancia, en el PDU se encontró

únicamente *Archaeorhizomyces* que fue 54 veces más abundante que en LS. Para la segunda comparación entre las localidades Yt y PDU (Figura 23B), se encontraron 10 géneros, de los cuales al igual que en el primer contraste *Archaeorhizomyces* fue más abundante (54) en PDU, por otra parte, Yt tuvo los 9 géneros restantes, con abundancias entre 42 a 50, en donde se encontró a *Sarcodon*, *Pochonia*, *Clavulinopsis*, *Glutinomyces* y *Trichoderma*. En un tercer cotejo entre Ls y Yt (Figura 24C), arrojó que sólo *Archaeorhizomyces* estuvo presente 50 veces más abundante en Yt y *Trichoderma*, *Clavulinopsis*, *Glutinomyces*, *Leohumicola* y *Mortierella* fueron más abundantes en LS (40 a 44).

Por último, el contraste entre BD y PDU (Figura 24D), al igual que en los demás contrastes (Figura 25E y 25F) PDU presentó únicamente un género con mayor abundancia *Archaeorhizomyces* (50), los 5 restantes *Trichoderma*, *Clavulinopsis*, *Glutinomyces*, *Leohumicola* y *Mortierella* tuvieron mayores abundancias (14 a 50) en el BD. Seguido, el contraste entre Yt y BD, no mostró géneros diferenciados del BD respecto a Yt, pero sí de Yt respecto a BD, donde *Mortierella* y *Glutinomyces* presentaron abundancias de 54 y 59 respectivamente. Finalmente, las localidades de LS y BD, compartieron el género *Trichoderma* con abundancias entre 45 y 48 en cada localidad, en este mismo sentido, *Leohumicola* estuvo 36 veces más abundante en BD.

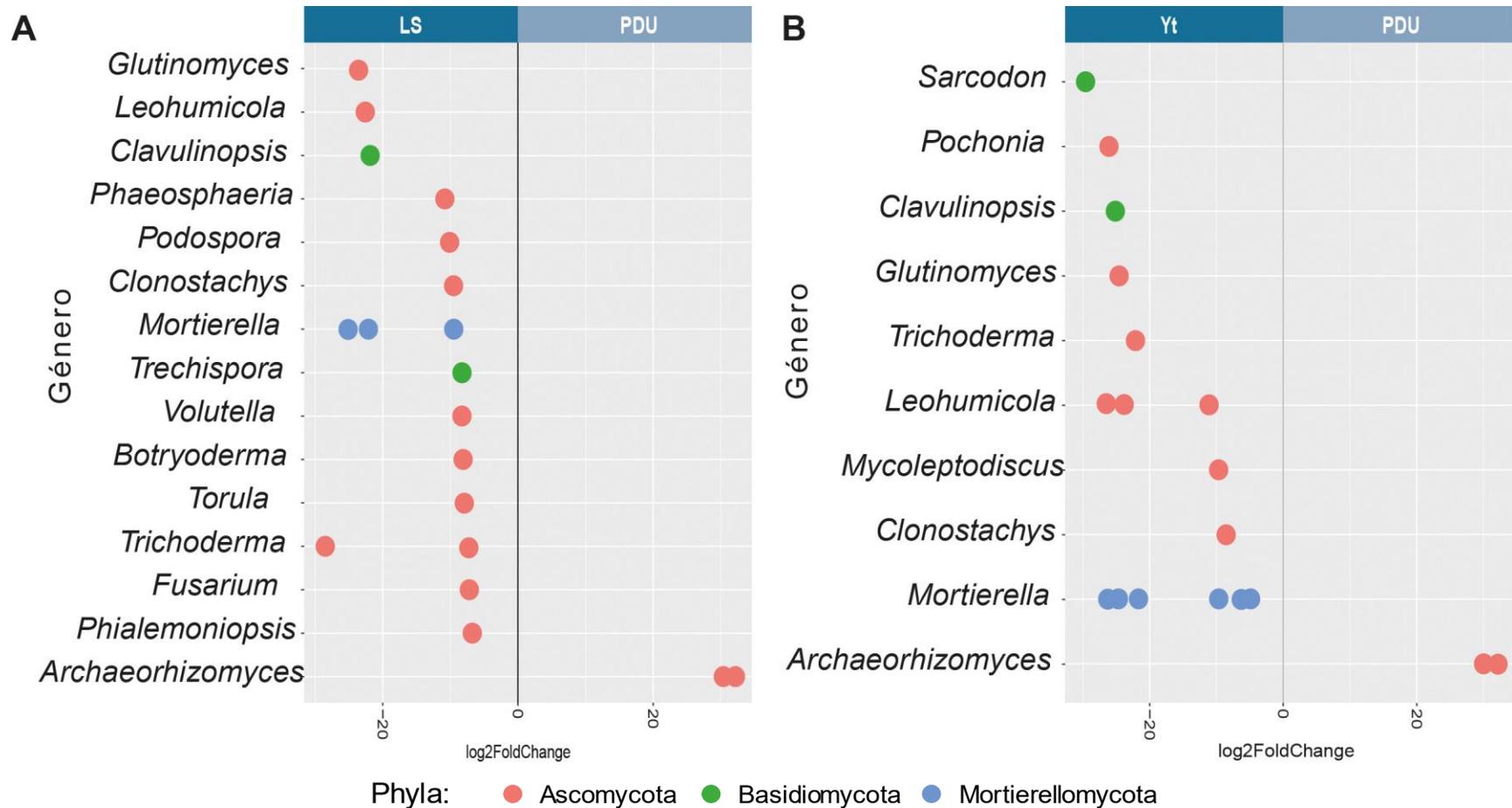


Figura 23. Proporción transformada Log2 de abundancia relativa entre las comunidades fúngicas de los contrastes entre las localidades: **(A)** Laguna de Sonso y Páramo del Duende. **(B)** Bosque de Yotoco y Páramo estimadas por DESeq2.

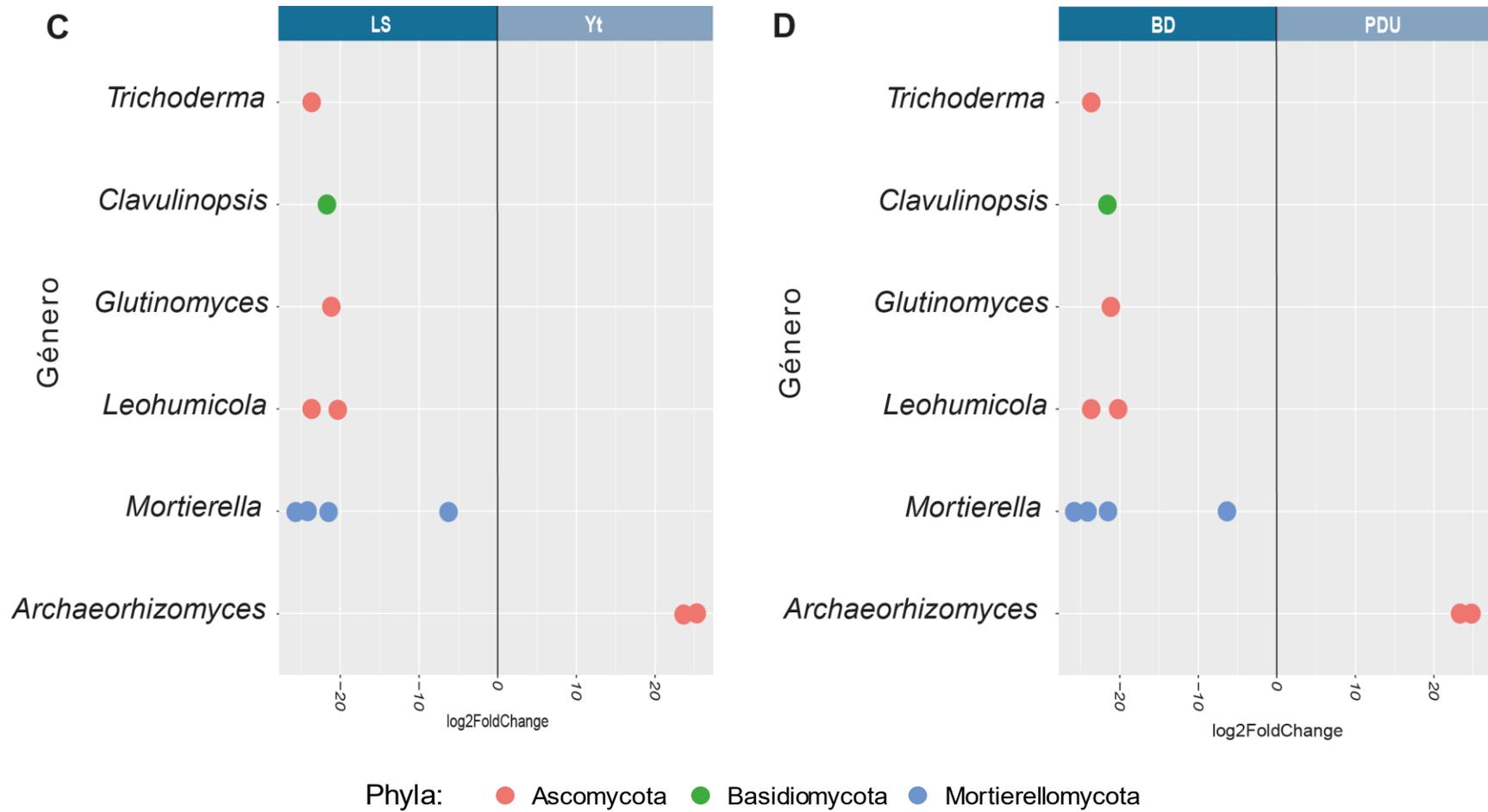


Figura 24. Proporción transformada Log2 de abundancia relativa entre las comunidades fúngicas de los contrastes entre las localidades: **(C)** Laguna de Sonso y Bosque de Yotoco. **(D)** Bosque del Duende y Páramo del duende. estimadas por DESeq2.

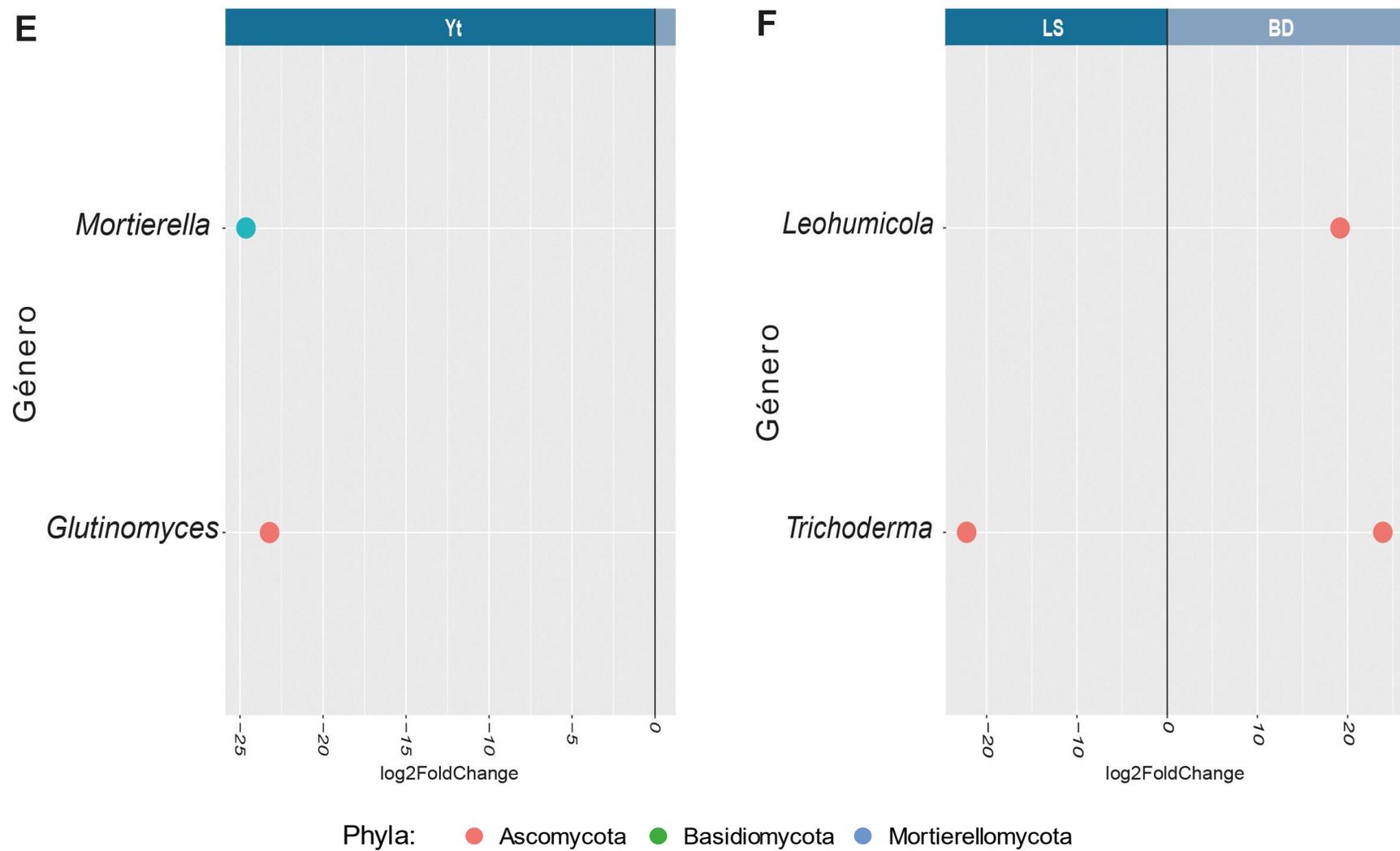


Figura 25. Proporción transformada Log2 de abundancia relativa entre las comunidades fúngicas de los contrastes entre las localidades: **(E)** Bosque de Yotoco y Bosque del Duende. **(F)** Laguna de Sonso y Bosque del Duende.

6.10 Diversidad fúngica

6.10.1 Diversidad Alfa

En la Figura 26 se puede observar los diferentes índices aplicados para la medición de la diversidad alfa. Para el índice de riqueza de Shannon (Figura 26A), se observa que, entre las zonas de muestreo, las localidades son altamente diversas con valores superiores a 3; sin embargo, PDU presenta el valor de diversidad más bajo en comparación a las demás localidades, además, entre las localidades se observa diferencias significativas entre la localidad de PDU respecto a LS ($p < 0,01$) y Yt ($p < 0,05$), seguido de BD con la localidad de LS ($p < 0,05$), en este contexto, la dominancia evaluada a través del índice de Berger Parker (Figura 26B) no mostró diferencias significativas entre las localidades con valores por debajo de $0,3 \pm 0,14$, éstos son bajos, por lo cual rectifica la alta diversidad presente en este estudio para todas las muestras.

Por otra parte, el índice de Equidad de Pielou, presentó valores que se encuentran más cercanos a 1, por lo cual las especies presentes en las muestras de suelo son igualmente abundantes, sin embargo, la localidad de PDU presenta diferencias significativas respecto a LS ($p < 0,05$) (Figura 26C), finalmente la abundancia de especies diferentes y/o únicas muestra diferencias entre PDU respecto a las localidades de BD ($p < 0,001$), Yt ($p < 0,01$) y LS ($p < 0,001$), por otra parte, las localidades de LS y BD también presentaron diferencias ($p < 0,01$) (Figura 26D).

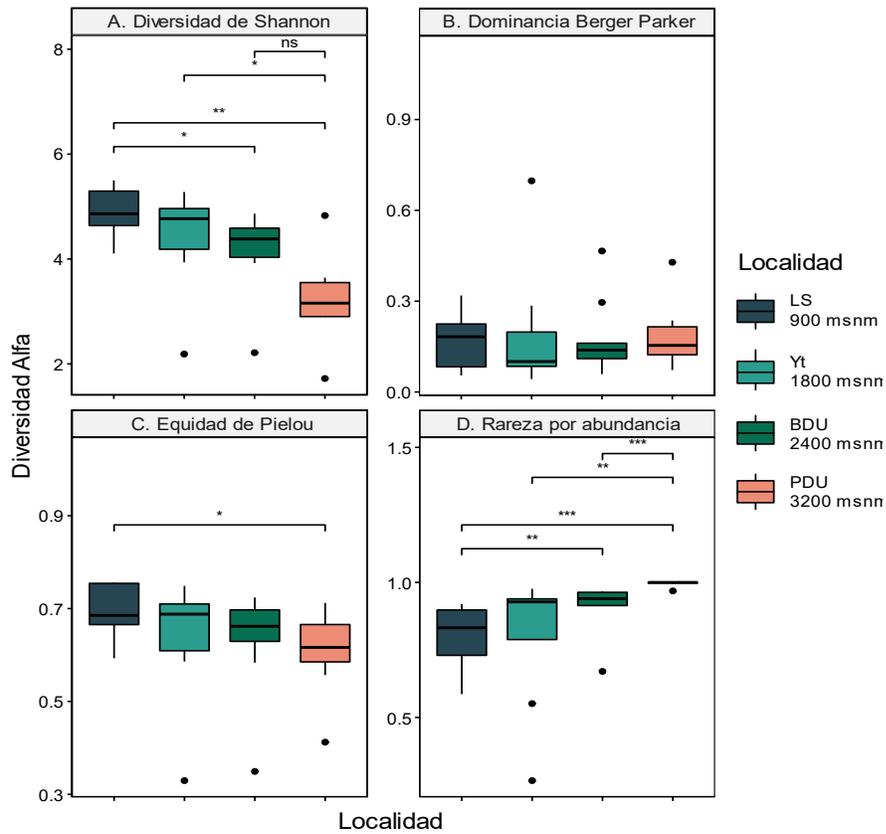


Figura 26. Evaluación de los índices de diversidad Alfa. A. Diversidad (Índice de Shannon). B. Dominancia (Índice de Berger Parker). (C) Uniformidad (Índice de Pielou). D. Rareza (Por abundancia). (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).

6.10.2 Diversidad Beta

6.10.2.1 Análisis de disimilitud

Para realizar el análisis de disimilitud se tomó la información taxonómica con base a los ASVs asignados, para obtener en qué nivel taxonómico se comparten o son exclusivos y/o diferentes los hongos de cada zona muestreo (Figura 27). Se encontró que la LS posee la mayor cantidad de ASVs únicos seguida de Yt, BD y PDU, este comportamiento indica una disminución conforme al aumento del gradiente altitudinal, sin embargo, como se expresó en el análisis de composición, para este estudio contamos con 7 Phyla (Figura 27B), los cuales son compartidos por todas las localidades, comportamiento que se replica en las 21 Clases encontradas (Figura 27C).

En orden, se hallan compartidos 47 de 93 entre las 4 localidades, de los cuales 33 de 93 están presentes entre LS, Yt y 2Yt, BD y PDU, a su vez se encuentran asignaciones exclusivas para la LS (11): Rhizophlyctidales, Conioscyphales, Helicobasidiales, GS04, Exobasidiales, Golubeviales, Sporidiobolales, Dothideomycetes ord Incertae sedis, Mytilinidales, Savoryellales, y Synchytriales. A nivel de familia, se hallan asignaciones exclusivas para localidades diferentes a LS, sin embargo, esta conserva 16 familias únicas en las que se encuentran Rhizophlyctidaceae, Helicobasidiaceae, Brachybasidiaceae, Metschnikowiaceae, Saccharomycetaceae, entre otras, seguido, la localidad de Yt con 18 (como Dictyosporiaceae, Stereaceae, Melanconidaceae, Rhamphoriaceae, Acaulosporaceae, entre otras), y 7 para BD (Mrakiaceae, Ophiostomataceae, Russulaceae, Physalacriaceae, Taphrinaceae, Tricladiaceae, Typhulaceae), mientras que 74 de 230 están compartidas por todas las localidades (Figura 27E) y en éstas se ubican las 5 familias más abundantes expuestas en el apartado de composición fúngica (Figura 27D).

Por otro lado, al igual que como se presentó en bacterias, los niveles taxonómicos disminuyeron conforme a la categoría de asignación, y aunque se expone el comportamiento de género y especie, ésta última no fue significativa con base al porcentaje de asignación; es así que en género (Figura 27F), se identificaron 97 de 487 comunes en todas las zonas de muestreo, pero estas a este nivel jerárquico presentan asignaciones exclusivas, donde la más alta es en Yt con 59 seguida de LS (55), BD (35) y PDU (3), en este contexto es claro que a la mayor altura sobre el nivel del mar menor fueron los géneros exclusivos encontrados, además, también se observa que entre las localidades de LS, Yt y BD se comparten 112/487 familias seguido del conjunto formado por LS y YT con 61. Finalmente, se estima una asignación a nivel de especie de poco más de 400, de las cuales se comparten 68 entre las localidades, 111 compartidas entre LS, Yt y BD, 80 entre LS y Yt, y 38 de LS y BD, en este mismo sentido, se encontró que, de las especies asignadas, sólo hubo únicas en la localidad de LS (116) (Figura 27G).

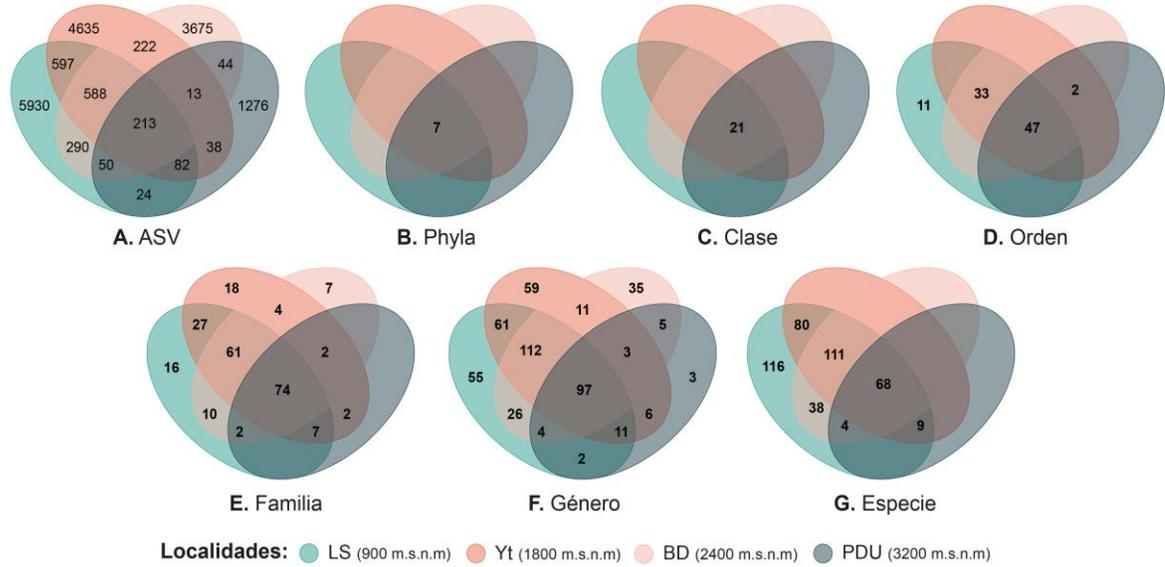


Figura 27. Representación esquemática de los componentes de la diversidad beta con diagramas de Venn en los que se incluyen los números de taxones de hongos exclusivos a cada sitio y los que se comparten entre sitios, en los diferentes niveles taxonómicos evaluados.

6.10.2.2 Análisis de Coordenadas Principales (PCoA)

El análisis de PCoA (Figura 28) realizado con base a las abundancias absolutas de los datos obtenidos de las comunidades fúngicas en las 4 zonas de muestreo (LS, Yt, BD, PDU), a partir de matrices de distancia de Bray-Curtis, mostró la contribución de los dos primeros componentes de los 33 arrojados por el análisis, que en conjunto representan el 12,9% de la variación total, donde el componente 1 explicó 7,3%, en tanto, el componente 2 explicó el 5,6%. Este análisis al igual que en bacterias, mostró una clara tendencia de agrupación por las zonas muestreo, a excepción de las localidades de BD y PDU, que se agruparon en conjunto, esto presuntamente a la cercanía de los ecosistemas, a pesar de las diferencias en altura.

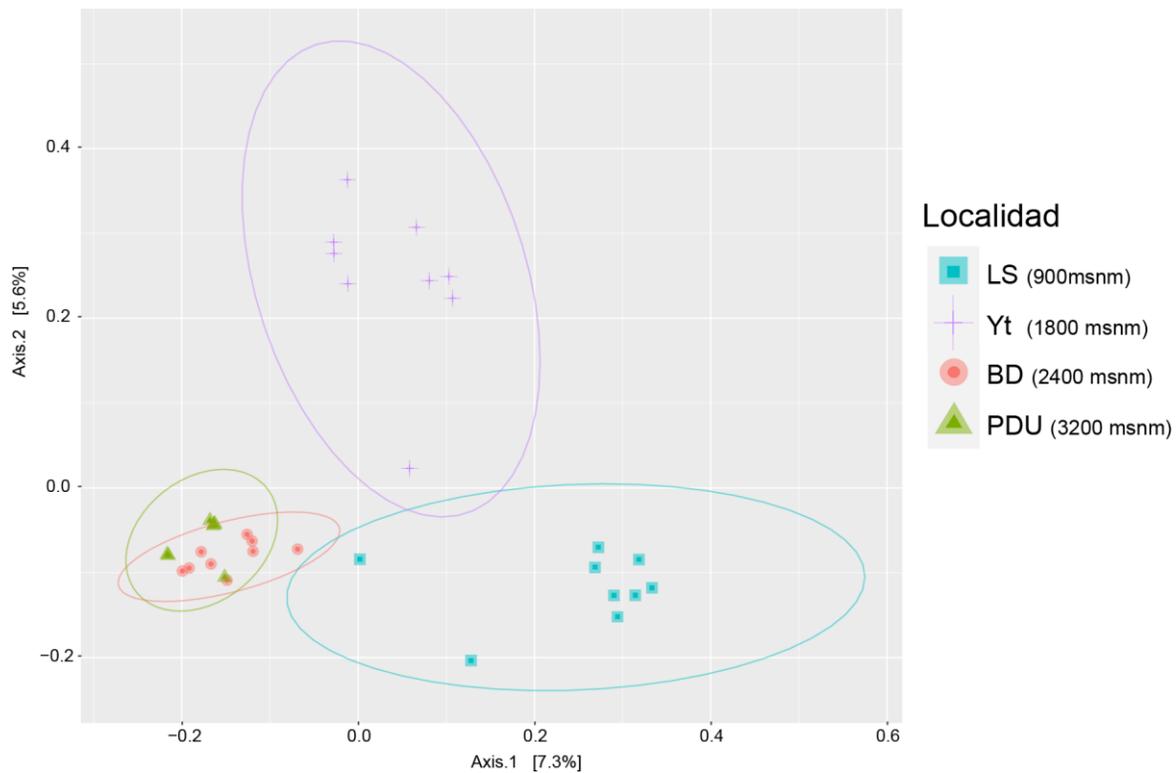


Figura 28. Análisis de coordenadas principales (PCoA) de 34 muestras de suelos pertenecientes al análisis taxonómico de hongos en cuatro localidades estudiadas, teniendo en cuenta la disimilitud de Bray-Curtis.

Además, se realizó una evaluación de la heterogeneidad a través de evaluación de la divergencia de los datos en cada localidad (Figura 29), como una medida complementaria al análisis de escalamiento multidimensional, con el fin de comparar el comportamiento de las abundancias respecto a su semejanza por zona, donde se encontró que los valores de las 4 localidades están cerca de 1, lo que indica una baja homogeneidad, otro indicio de que estas son ricas en diversidad biológicas, y que entre ellas existen diferencias significativas como en la localidad de LS respecto a Yt ($p < 0,01$), BD ($p < 0,01$) y PDU ($p < 0,001$), seguido de Yt respecto a BD ($p < 0,001$) y PDU ($p < 0,001$), finalmente entre BD y PDU ($p < 0,001$), es por ello que se puede asumir que estas diferencias dentro de las localidades responderían a las agrupaciones observadas en el PCoA.

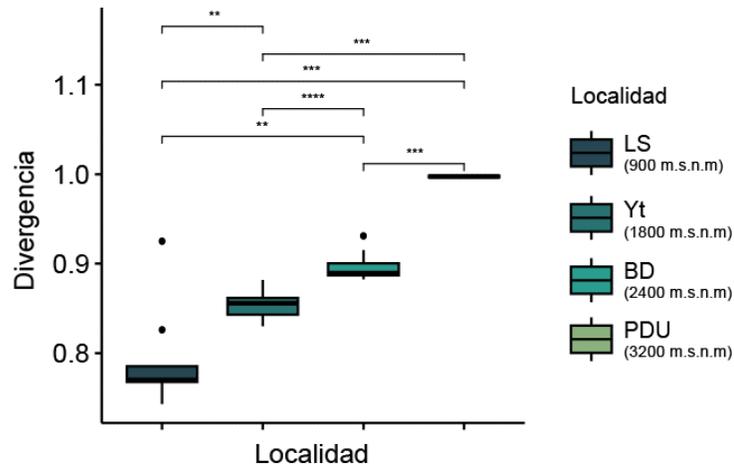


Figura 29. Comparación de la divergencia entre las localidades muestreadas. (*: $p < 0,05$, **: $p < 0,01$, ***: $p < 0,001$).

6.11 Análisis Factorial Múltiple (MFA)

Para la aplicación del análisis multifactorial se generaron 6 agrupaciones para su posterior relación, teniendo en cuenta las zonas de muestreo (LS, Yt, BD, PDU), los grupos contienen información de análisis físico de suelos (AFS), análisis químico de suelos (AQS), géneros de hongos más abundantes (GHMA), géneros de hongos diferentes y/o únicos (GHD), plantas más abundantes en cada localidad (PMA) y plantas diferentes y/o únicas (PDA).

Es así que como se observa en la Figura 30, el total de la variación fue de 47,7% de las dimensiones 1 (30,2%) y 2 (17,5%), en este contexto, el comportamiento de las agrupaciones muestran que las zonas de muestreo se agruparon de forma independiente por localidad, a excepción de BD y PDU, conducta que también se presentó en el análisis aplicado para bacterias, seguido, para el primer cuadrante, los vectores que representan los elementos químicos Mg, P, S, Cu y Na y las mediciones de pH, CICE y CE, se encuentran relacionados directamente con 6 muestras de suelos de LS, al igual que con 3 PMA: *Pithecellobium* (P6), *Casearia* (P8), *Synedrella* (P9), 5 GHMA: *Fusarium* (G2), *Rhodotorula* (G6), *Saitozyma* (G7), *Trechispora* (G8), *Volutella* (G10), además de los identificados como GHD que incluyó a *Botryoderma* (G11), *Clonostachys* (G13), *Phialemoniopsis* (G17), *Pochonia* (G18) y *Torula* (G21); en este contexto, los elementos K, Mn y Ca se relacionaron con los géneros de hongos *Mortierella* (G4) y *Paraphaeosphaeria*

(G16). Por otra parte, en el cuadrante 2, existe presencia de 3 muestras de suelos de la localidad de LS relacionadas con B, DA, una planta *Solanum* (P25) y los hongos *Podospora* (G5), *Trichoderma* (G9).

En el cuadrante 3, las localidades de BD y PDU se agruparon conforme a su localidad, lo que muestra la cercanía de los resultados de los análisis contenidos en las 6 agrupaciones, sin embargo, BD se encuentra más asociado con los vectores que representan los elementos de MO, CO y N, y algunas plantas del grupo PMA (*Pilea* (P2) y la familia Pteridaceae (P5)), mientras que PDU con Zn e Fe, y las PDA de los géneros *Guzmania* (P11), *Chusquea* (P18) y *Clusia* (P22). Finalmente, Yt se ubicó en el cuadrante 4, esta localidad coincidió especialmente con uno de los géneros más abundantes de este estudio *Leohumicola* (G3) a su vez con 5 GHD: *Clavulinopsis* (G12), *Glutinomyces* (G14), *Mycoleptodiscus* (G15), *Ramariopsis* (G19) y *Sarcodon* (G20), quienes a su vez se asociaron con 3 géneros de plantas, las cuales hacen parte de las más abundantes identificadas: *Rhodospatha* (P1), *Beilschmiedia* (P3) y *Ocotea* (P10).

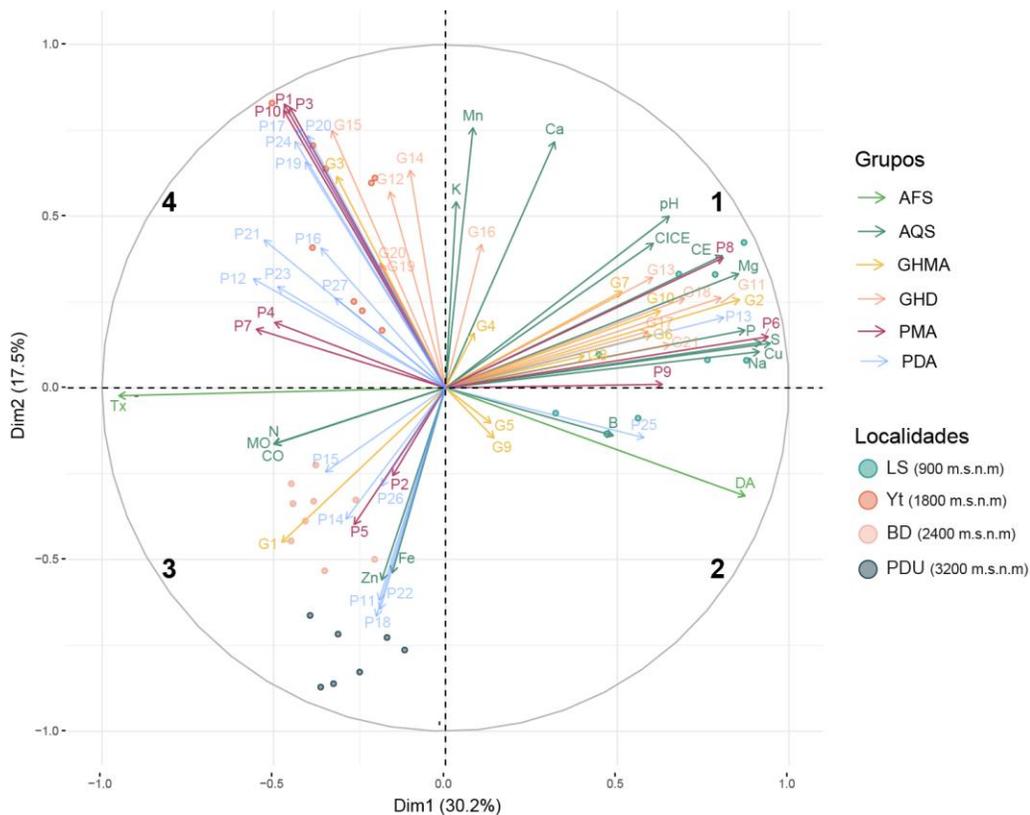


Figura 30. Análisis multifactorial de la relación entre las observaciones de las variables AFS, AQS, GHMA, GHD, PMA y PDA en todas las zonas de muestreo (Ver siglas completas en Anexo H).

6.12 Análisis del potencial funcional fúngico

A través de la herramienta FUNGuild se analizó los resultados de asignación taxonómica con el fin de encontrar predicciones funcionales por gremio ecológico relacionadas con hongos. Del total de la información, el grupo no asignado dominó con 63,5% de las abundancias, restando una asignación de 36,5%; cuando se eliminó los no asignados, se encontraron 97 gremios funcionales, de los cuales 18 representaron el 85,5% de la información (Figura 31A) presentes en todas las zonas de muestreo, de estos, el gremio más grande fue Endófito-Saprotrofo de hojarasca-Saprotrofo de suelo-Saprotrofo indefinido (23,1%), donde su conjunto de datos fue más abundante en las localidades de LS y BD, éste se encontró asociado directamente con el género *Mortierella*, uno de los más abundantes en este estudio. El segundo grupo representativo de los gremios fue Patógeno animal-Endófito-parásito fúngico-Parásito de líquen-Patógeno vegetal-Saprotrofo de madera (12,3%) presente en mayor abundancia en LS, que incluye 27 géneros de hongos, entre los cuales los más representativos dentro de sus abundancias son *Fusarium*, *Volutella*, *Ilyonectria*, *Calonectria* y *Cylindrocladium*. Seguido, los Saprotrofos indefinidos (9,7%) fueron abundantes en las 4 localidades, siendo LS y Yt los que presentaron la mayor abundancia, aunque igualmente en su conjunto de datos, esta predicción funcional se encuentra relacionado con 70 géneros fúngicos, de los cuales lo más abundantes son *Leohumicola*, *Podospora* y *Geastrum*.

Patógeno animal-Endófito-Epífito-Parásito fúngico-Patógeno vegetal-Saprotrofo de madera, fue otro de los gremios representativos (5,8%), relacionado de forma exclusiva con *Trichoderma* presente en las zonas de muestreo. Finalmente, dentro del uso potencial se ubican gremios relacionados con la actividad ectomicorrízica, importante en los procesos de intercambio nutricionales suelo-planta, la cual en contraste con los géneros asignados se encuentra involucrado con 45 de estos, sin embargo, a nivel general, los valores de abundancias obtenidos para esto son bajos ($\approx 0,01-0,2\%$), siendo para esta función *Peziza*, *Sarcodon*, *Entoloma*, *Clitopilus* y *Mycena* los más abundantes.

Dicho esto, después de revisar la información a nivel global de las asignaciones taxonómicas obtenidas para este estudio y su relación con el potencial funcional, se buscó analizar el comportamiento de la asignación funcional, con relación a los resultados obtenidos en la descripción del análisis de composición fúngica a nivel phyla teniendo en cuenta 2 de estos, los cuales poseen el mayor porcentaje de asignación Ascomycota y Basidiomycota.

Como se observa en la figura 31B, hay 18 gremios funcionales para el phylum Ascomycota que representan el 93,7% de las abundancias de los 56 gremios asignados, siendo más representativo los 5 primeros (62,1%), en primera instancia el gremio Patógeno animal-Endófito-Parásito fúngico-Parásito de liquen-Patógeno vegetal-Saprotrofo de madera (21,7%), en segunda posición Saprotrofo indefinido (17%), seguido de Patógeno animal-Endófito-Epífito-Parásito fúngico-Patógeno vegetal-Saprotrofo de madera (10%), previamente mencionados en el análisis general, como 2°, 3° y 4° más abundantes.

De igual importancia, Saprotrofo de planta-Saprotrofo de madera (7,1%) fue representativo respecto a sus abundancias, relacionándose directamente con 15 géneros entre los cuales se encuentran *Glutinomyces*, *Pseudeurotium*, *Thozetella* y *Chloridium*, los cuales dentro del análisis de composición se encontró que sus abundancias relativas son bajas ($\approx 0-0,2\%$), por otra parte, Endófito-Epífito-Parásito fúngico-Parásito de insectos (6%) se encuentra en función de 8 géneros identificados (*Pochonia*, *Metarhizium*, *Metapochonia*, *Paecilomyces*).

De otro modo, el comportamiento obtenido del análisis respecto a phylum Basidiomycota, arrojó mayor cantidad de potenciales funciones (34) en comparación a Ascomycota, sin embargo sólo 15 de ellas fueron representativas con un 98,1% de asignación, de las cuales 4 gremios fueron compartidas con Ascomycota: 1) Saprotrofo de madera, 2) Saprotrofo indeterminado, 3) Saprotrofo de la Planta-Saprotrofo de la Madera y 4) Patógeno animal, los 2 primeros representaron para este análisis el 3° (20%) y 4° (15%) más abundantes, mientras que el 3 y 4 la 7° (4,1)% y 12° (0,9%) posición respecto a la abundancia relativa (Figura 31C), sin embargo a pesar que se compartan sus funciones, estas se encuentran asociadas a otros géneros pertenecientes al phylum Basidiomycota como *Geastrum*, *Leucoagaricus*, *Agaricus* y *Basidioidendron* para 3°, en 4° se encuentra *Entoloma* y *Clitopilus*, seguidamente de 7° (*Lindtneria*, *Boletinus*) y 12° (*Malassezia*, *Cutaneotrichosporon*, *Hannaella*, *Trichosporon*). Vista las comunes, los 11 restantes son

Resultados

exclusivas de este phylum, siendo la más abundante Liquealizado-Saprotrofo indefinido (22,7%), asociado con los géneros *Clavulinopsis*, *Clavaria*, *Camarophylloopsis*, *Hodophilus*, *Hyphodontiella* y *Ramariopsis*, además, se denota que la función relacionada con la actividad ectomicorrízica mencionada en el análisis general es exclusiva de este phylum.

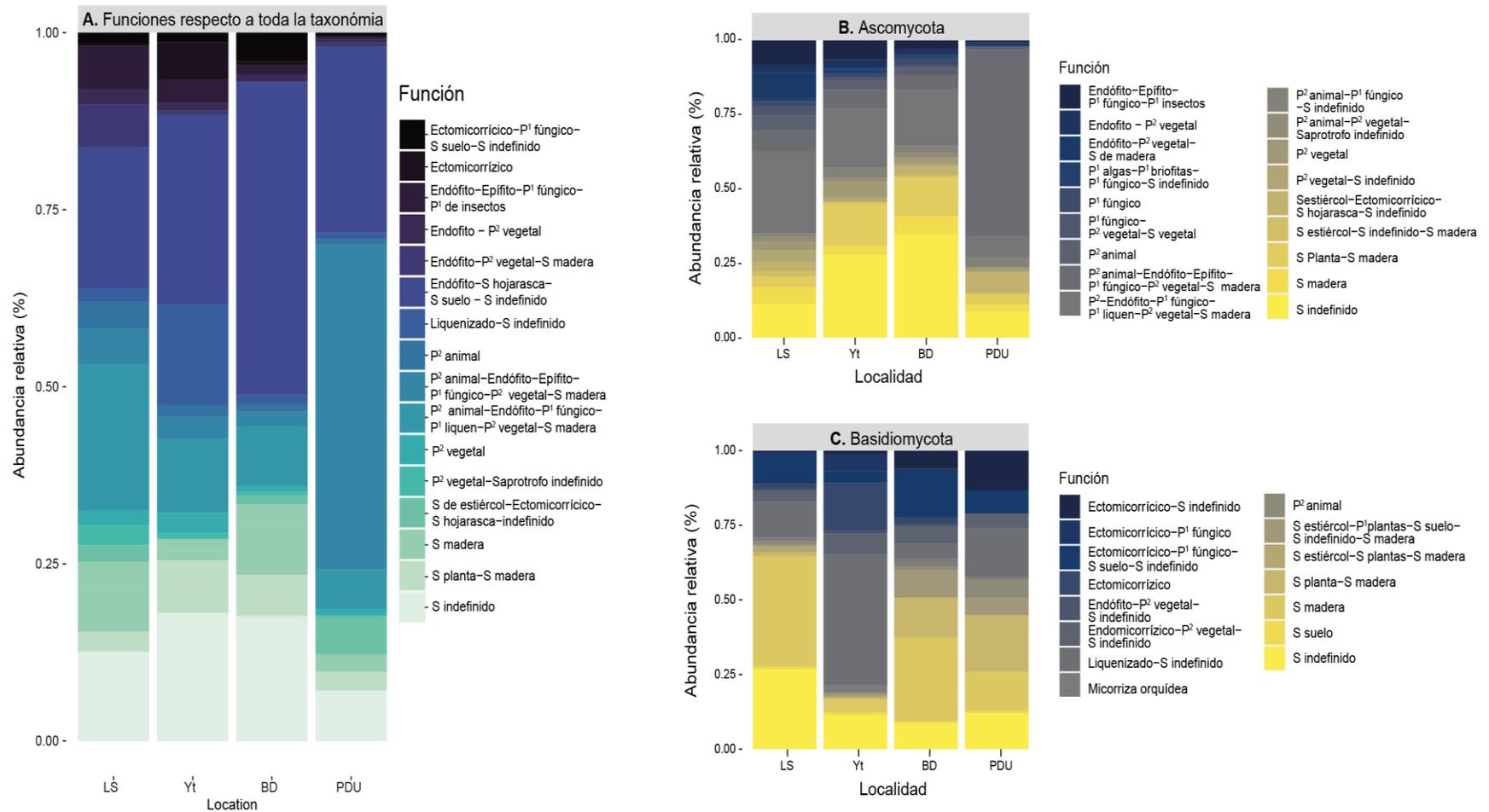


Figura 31. Asignación de gremios funcionales para las 4 localidades evaluadas utilizando FunGuild. (A). Análisis de las predicciones funcionales con base a la asignación taxonómica neta obtenida. (B) Análisis de las predicciones funcionales con base al phylum Ascomycota. (C) Análisis de las predicciones funcionales con base al phylum Basidiomycota.

7. Discusión

7.1 Composición bacteriana

Los microorganismos se encuentran en una constante interacción con todo su entorno (suelo-planta-ambiente) generando redes simbióticas que permiten el desarrollo de las funciones dentro de un ecosistema. En este estudio se tuvo en consideración diferentes variables ecológicas como la salud del suelo a través de los análisis fisicoquímicos, la presencia de flora, la composición taxonómica de hongos y bacterias, el potencial funcional y el gradiente altitudinal, este último incluyó 4 alturas sobre el nivel del mar: 900 (LS), 1800 (Yt), 2400 (BD) y 3200 (PDU), en la cordillera Occidental del departamento del Valle del Cauca; que incluyó ecosistemas de Bosque Seco Tropical, Bosque Andino y zona de Páramo.

En este contexto, para el dominio de bacterias se encontraron 35 phyla asignados, de los cuales los más representativos por la abundancia relativa de los ASVs (Figura 3) son Acidobacteriota (33,1%), Proteobacteria (23,9%), Gemmatimonadota (7,3%), Actinobacteriota (6,6%) y Chloroflexi (4,7%). En Acidobacteriota se encontró un orden importante, Vicinamibacterales, el cual estudios recientes desarrollados en la Antártida y Egipto lo asocian como bacterias potenciales para la fijación de carbono (Korkar et al., 2022; Waschulin et al., 2021), además, en este phyla, se hallan géneros importantes que son abundantes como: *Candidatus Koribacter*, *Candidatus Solibacter*, *Bryobacter* y *Acidotherrmus* que difirieron en su conjunto de datos entre localidades conforme a lo observado en el análisis de abundancias diferencial, mismo que, arrojó taxas de géneros diferentes como *Mycobacterium* que es más abundante en LS respecto a PDU, *Kitasatospora* más abundante en LS en relación con PDU, esta misma en Yt en contraste con PDU, estos géneros desempeñan funciones importantes en los entornos del suelo, son conocidos por su capacidad para degradar compuestos orgánicos complejos, ciclos de nutrientes y biorremediación (Barka et al., 2016; Streletskii et al., 2022).

Así que, Acidobacteriota está presente en gran parte de los suelos en el mundo, sin embargo, se ignora muchas características básicas de su biología y roles funcionales en el suelo

(Challacombe et al., 2011). Aun así, se les conoce al igual que las Proteobacterias, generalmente como heterótrofos aeróbicos que utilizan varios carbohidratos, incluidos polisacáridos como la quitina y/o celulosa (Flieder et al., 2021), estos compuestos son los más abundantes en el planeta y forman parte de la estructura celular de bacterias, hongos, insectos, entre otros (de Lima Batista et al., 2021; Gomes et al., 2008), así mismo, estudios recientes los relacionan directa o indirectamente con el control de las emisiones de efecto invernadero, los ciclos de C y N (Ding et al., 2023) y potenciales para la fijación de carbono (Waschulin et al., 2021).

Lo anterior presuntamente contrasta con los resultados fisicoquímicos obtenidos, ya que el conjunto de datos pertenecientes a los elementos de CO ($0,164 \pm 0$ a $1,2 \pm 0,9$), N ($1,91 \pm 0,4$ a $13,6 \pm 9,9$) y MO ($3,29 \pm 0,7$ a $23,4 \pm 17,1$) fueron altos para todas las localidades en especial para la localidad a mayor altitud (PDU), ya que a medida que incrementa la altitud favorecen la acumulación de carbono de acuerdo con la disponibilidad de materia orgánica (Huamán-Carrión et al., 2021), en este mismo sentido, el Fe presentó valores extremadamente altos (805 ± 148) para la misma localidad, lo cual puede ser atribuido a los pH fuertemente ácidos ($4,5 \pm 0,4$) lo que influye en beneficio de la solubilización del hierro sumado a la acción de las acidobacterias, las cuales son particularmente abundantes en zonas de páramos (Rangel-Ibañez et al., 2022) y cuentan con capacidades metabólicas que involucran la degradación de compuestos orgánicos complejos y solubilización de Fe, en general, la combinación de suelos ácidos, bajos niveles de oxígeno, meteorización de las rocas, gran altitud, poca perturbación humana y presencia de acidobacterias hacen de los páramos un entorno ideal para la acumulación de Fe y MO en el suelo.

Por otra parte, se encuentra el phyla Proteobacteria, conformado por las clases Alphaproteobacterias, Betaproteobacterias, Gammaproteobacterias y Deltaproteobacterias, de las cuales Alfa y Gamma se encontraron dentro de este estudio, siendo Alfa la más abundante. En los suelos conservados, se ha descubierto que las proteobacterias desempeñan una variedad de funciones, que incluyen: descomposición (degradación de compuestos orgánicos incluidos azúcares simples, aminoácidos y polisacáridos complejos) (Hallez et al., 2004), esto es importante para los procesos de descomposición del material vegetal y liberar nutrientes en el suelo, donde también se incluyen procesos de fijación de N y desnitrificación.

Este primero involucra al género *Rhizobium* capaces de fijar N atmosférico y ser aprovechado por las plantas formando asociaciones mutualistas (Ferraz Helene et al., 2022), sin embargo en los resultados de composición taxonómica los géneros más abundantes correspondieron a

Acidibacter, MND1, *Pseudomonas* y *Candidatus Udaeobacter*, que tienen en común su importancia por la degradación de la materia orgánica y la formación del suelo a través de la misma, además de que contribuyen a la liberación de nutrientes esenciales para el crecimiento de las plantas y contribuyen al ciclo del C.

Esto estaría relacionado con los resultados obtenidos para el contenido de MO, ya que estos microorganismos se encuentran distribuidos de forma aleatoria en todas las zonas de muestreo, por lo cual en ellas los valores fueron altos; además se encontraron abundancias diferenciales para géneros que no fueron parte de los más abundantes expuestos en composición taxonómica, que a partir de los contraste se encontró a *Pedomicrobium* y *Pseudolabrys* que marcan diferencias significativas para LS en relación a Yt, caso contrario en *Reyranella*, donde presenta abundancias diferenciales para Yt, *Rhodomicrobium* y *Thiobacillus* en BD comparado con LS, y *Candidatus Xiphinematobacter* que fue significativamente más abundante Yt respecto a LS.

Además, el tercer phylum más abundante es Gemmatimonadota, se encuentra distribuido en muchos hábitats naturales, identificado como uno de los filos principales presentes en los suelos, constituyendo aproximadamente el 2% de las comunidades bacterianas (DeBruyn et al., 2011), es asociado con ambientes límnicos y sedimentos (Zeng et al., 2016) además de su relación frecuente con plantas y su rizosfera. Características que se encuentran en la LS, donde fue el más abundante.

Estos resultados pueden estar asociados con las características edafoclimáticas de la LS, cuya mayor área se encuentra, en la margen derecho del río Cauca, con una amplia extensión de zona lagunar (Bustamante Roldán et al., 2014), siendo parte del complejo de humedales de la cuenca del río Cauca (Tobasura, 2006), la cual es influenciada por la escorrentía del riego de caña de azúcar (que trae consigo residuos agrícolas), actividad humana, calidad del agua, sedimentos, poca circulación del agua y el aporte del río Cauca en épocas de crecientes (Salamanca et al., 2012), por lo cual este ecosistema es acuático, con saturación de Na y pH ligeramente ácido (Bustamante Roldán et al., 2014).

Esto influyó en los resultados obtenidos en este estudio donde el Na presentó valores superiores a 1 ($1,24 \pm 0,2$) y el pH $5,47 \pm 0,5$, estas condiciones se reportan como factores influyentes en la abundancia de Gemmatimonadota (DeBruyn et al., 2011; Mendes et al., 2017) ya que es acidófilo, además también atribuyen funciones de fotosíntesis anoxigénica (Mujakić et al., 2022),

aun así, el papel de Gemmatimonadota en los ambientes del suelo no se comprende del todo, pero se los considera un grupo clave en muchos ecosistemas.

Mientras tanto, Actinobacteriota, un grupo diverso de bacterias que desempeña distintas funciones en los suelos se encontró en este estudio 2 de las clases más abundantes del mismo, Actinobacteria y Thermoleophilia, los cuales tienen diferentes roles ecológicos y se adaptan a una diversidad de condiciones ambientales. Las Actinobacteria son conocidas por su papel en el ciclo de nutrientes y la descomposición de la materia orgánica, mientras que las Thermoleophilia son poco conocidas y se les distingue por su capacidad en la degradación de compuestos orgánicos complejos en entornos agrestes de temperatura.

Estos componentes jerárquicos se encontraron en mayor abundancia en suelos de Yt, ricos en N, Ca, Mg, Na, Fe, Cu, Mn; MO y CO, elementos relacionados con procesos biogeoquímicos, en donde las Actinobacteria juegan un papel importante en especial en el ciclo del carbono por su capacidad de solubilización de las paredes celulares en plantas y hongos (Chater et al., 2016), por lo que se relacionan taxones con la degradación de polímeros como la quitina y el quitosano (Lacombe-Harvey et al., 2018).

Por otra parte, lo reportado por Hug y colaboradores (2013) indica que los miembros del phylo bacteriano Chloroflexi son comunes en los sedimentos donde se relacionan con la renovación de carbono orgánico, degradación de compuestos orgánicos y la calidad del agua, es así, que la mayor abundancia relativa se encontró en LS, una zona de muestreo inundable, donde los valores de P al igual que en las demás localidades fue bajo y de N alto, por lo cual una de las funciones atribuidas a este phylo en la reducción de las concentraciones de P y N, no fueron evidentes en este estudio lo cual se puede atribuir a requieren de presiones selectivas adicionales para fomentar el crecimiento y regulación de poblaciones bacterianas que asegure la eliminación del exceso y/o normalización de N y P (Speirs et al., 2019).

Seguido, las Actinobacterias son un grupo importante de microorganismos que juegan un papel clave en el funcionamiento de los ecosistemas del suelo, su capacidad para degradar compuestos orgánicos complejos, el ciclo de nutrientes, la producción y compuestos sideróforos son solo algunas de las formas en que contribuyen a la salud y vida microbiana de los suelos.

Además, la presencia y abundancia de las bacterias en relación al gradiente altitudinal, no marca un comportamiento característico, que permita asegurar, que este influye sobre ellas, resultados similares fueron encontrados en estudios desarrollados por Fierer et al (2011), donde exponen

que a través de un gradiente de elevación montano en el este de Perú, evaluaron bacterias en tres hábitats distintos (suelo orgánico, suelo mineral y superficies de hojas) y no presentaron influencia del gradiente de elevación significativo en la diversidad ($r^2 < 0.17$, $P > 0.1$ en todos los casos), en contraste directo con los cambios significativos de diversidad observados para los taxones de plantas y animales en el mismo gradiente montano ($r^2 > 0.75$, $P < 0.001$ en todos los casos).

En el 2017, Peay y colaboradores examinaron los cambios en la riqueza y composición de hongos, bacterias y arqueas en el suelo a lo largo de una elevación de 50-1000 m.s.n.m en Hawái, donde encontraron que las respuestas al gradiente se volvieron cada vez más variables a escalas taxonómicas más finas y dentro de cada grupo taxonómico, la mayoría de los OTU individuales ocurrieron en rangos estrechos de elevación climática, lo que les permitió ver que las respuestas microbianas a los gradientes climáticos son heterogéneas debido a la complejidad de los cambios ambientales y la variedad ecológica de los taxones microbianos.

7.2 Composición de hongos

En cuanto al comportamiento de la composición taxonómica en hongos, estos son importantes para la salud de los ecosistemas terrestres debido a su papel como formadores de suelos a través de la descomposición de la materia orgánica y la formación de nutrientes en el suelo contribuyendo a la formación de la estructura del suelo, la retención de agua y en la simbiosis con las plantas.

En este contexto, fueron 3 los phyla más abundantes, el primero Ascomycota (38,6%), el más grande dentro de los hongos, un grupo diverso de organismos relacionado con variedad de funciones en el ecosistema, entre ellas las relacionadas con el ciclo de carbono (Green et al., 2008), descomposición de sustratos orgánicos, actúan como mutualistas, parásitos y patógenos de animales, plantas y otros hongos (Schoch et al., 2009) además se encuentra ampliamente distribuido en ambientes como desiertos, zonas árticas, montañas, suelos geotérmicos, zonas volcánicas, suelos ácidos y alcalinos (Wijayawardene et al., 2021).

En este estudio este se encuentra asociado con géneros representativos según sus abundancias relativas como **Archaeorhizomyces** correspondiente a la clase Archaeorhizomycetes, asociado a la rizosfera con una relación simbiótica con las raíces de las plantas denominada simbiosis micorrícica, compartiendo un nicho ecológico característico con hongos ectomicorrícicos, sin

embargo, no se ha evidenciado que formen estructuras ectomicorrícicas (Menkis et al., 2014; Pinto-Figueroa et al., 2019), proporcionando nutrientes esenciales a la planta y ayudando a mejorar la estructura del suelo.

Respecto a las zonas de muestreo fue altamente abundante en todas las localidades, pero especialmente en BD y PDU a 2.400 y 3.200 m.s.n.m, lo que sugiere que prefieren condiciones ambientales que se encuentran asociadas con bosques andinos y la cercanía de estos bosques a la zona de páramo, caracterizados por poseer contenidos de MO altos y pHs extrema y muy fuertemente ácidos, además que se evidencia altos contenidos de Fe disponible en estas localidades, que se puede asociar al rol simbiote micorrícico ya que los Archaeorhizomyces al igual que las acidobacterias puede degradar hierro insoluble y solubilizarlo dejándolo disponible en el suelo.

Por otra parte, *Trichoderma* son una rica fuente de metabolitos secundarios reportado como importantes agentes microbianos, agentes de biocontrol, promotores del crecimiento vegetal y descomponedores (Bai et al., 2022; Contreras-Cornejo et al., 2014) junto con *Fusarium*, un género común en el suelo y reconocido porque casi todas las especies pueden producir micotoxinas, sin embargo, también se ha demostrado que producen metabolitos secundarios relacionados con la degradación de materia orgánica (Bai et al., 2022; Thrane, 2014), se encuentran en mayor abundancia en LS, en algunos casos *Trichoderma* se comporta como antagonista para *Fusarium*, sin embargo, en este estudio, las abundancias no reflejan inhibición, lo que podría responder a una relación simbiótica coexistente entre estos géneros.

En otras palabras, en los phyla más abundantes, los géneros relacionados pueden interactuar para producir diferentes nutrientes a través de la formación de metabolitos secundarios, la descomposición de la materia orgánica, que puede contribuir positivamente a las propiedades del suelo, como la capacidad de retener nutrientes y agua; por ende a la salud de este.

Seguido, se encontró el phyla Basidiomycota (11,3%), un grupo monofilético, que comprende aproximadamente un tercio de todos los hongos, contribuyendo de manera importante al funcionamiento de los ecosistemas, siendo de los principales degradadores de diferentes componentes de la madera, incluida la lignina (Taylor et al., 2015), en cual encontramos a los géneros *Saitozyma* y *Trechispora*, representativos para este estudio se encontraron sólo en LS, suelos sedimentarios e inundables.

Finalmente, dentro de la composición fúngica, se encuentra el phylum Mortierellomycota, con un único género altamente abundante, *Mortierella*, el cual fue el segundo más abundante para este trabajo, encontrándose principalmente en mayor abundancia en las localidades de LS y Yt, estos suelos se caracterizan por estar en las alturas más bajas (900 y 1.800 m.s.n.m respectivamente), poseen altos contenidos de MO, de altos a medios elementos menores y primarios. Este género es relacionado con procesos de descomposición de materia orgánica, uso de nutrimentos como el N, P, K para su liberación y posterior uso por parte de las plantas.

Además estos phyla, aparentemente respondieron al gradiente altitudinal, Archaeorhizomyces presentó mayor abundancia en las localidades de BD y PDU, comportamiento contrario a Basidiomycota y Mortierellomycota que aumentaron respecto a las localidades LS y Yt, sin embargo estudios realizados en este contexto difieren de lo expuesto por (Pinto-Figueroa et al., 2019) donde utilizaron un conjunto de datos de secuenciación de ADN que contenía secuencias de Archaeorhizomycetes y variables ambientales de los Alpes suizos occidentales a lo largo de un amplio gradiente de elevación (> 2.500 m.s.n.m), encontrando que los microorganismos forman una curva de joroba así que las abundancias no se distribuyen uniformemente a lo largo del gradiente de elevación

Esto es contrariado a lo hallado en un prado alpino en el oeste de China entre alturas de 1.300 a 4.200 m.s.n.m, en el cual las abundancias relativas como la riqueza de hongos aumentaron indirectamente a lo largo del gradiente altitudinal (Zhang et al., 2021), por lo cual es posible concluir que el gradiente altitudinal puede tener algún tipo de impacto en la abundancia de hongos en los suelos, ya que los factores ambientales varían significativamente con la altitud, en especial respecto a las condiciones de Colombia con los otros países donde se han desarrollado este tipo de estudios, lo que sugiere que es importante aumentar y especializar las investigación en el país en temas de ecología microbiana y su función en los ecosistemas.

7.3 Diversidad de bacterias y hongos

Estos datos de composición fueron analizados a partir de la cuantificación de la biodiversidad de los microorganismos a través de los índices de Shannon (diversidad), Berger Parker (dominancia), Pielou (uniformidad) y rareza por abundancias.

Tanto en bacterias como para hongos la diversidad fue alta con valores superiores a 3, sin embargo, la localidad PDU presentó valores más bajos en comparación a las demás localidades,

aun así dicha diversidad sigue siendo considerada como alta, resultados similares fueron reportados para bacterias por (Sun et al., 2022), que sugirieron la presencia de una diversidad muy alta de comunidades bacterianas del suelo en el ecosistema forestal de la cordillera Qinling en Asia Central en alturas que estuvieron entre los 1.446 a 2.277 m.s.n.m.

Sin embargo uno de los estudios más grandes realizados en el planeta desarrollado por Earth Microbiome Project, sustentan que los suelos forestales fueron menos diversos en comparación con los suelos agrícolas (Sun et al., 2022), por lo cual es importante llevar este tipo de estudios a otras regiones e incluir más ecosistemas y agroecosistemas.

Seguido los valores de equidad fueron tendentes a cero por lo cual las comunidades presentes en este estudio son altamente diversas, por otra parte, la abundancia de especies diferentes cambia el comportamiento entre localidades respecto a su asignación taxonómica, para bacterias se encontró diferencias entre las localidades de Yt respecto a LS y BD a diferencia de hongos, donde todas las localidades presentaron diferencias significativas respecto a PDU.

En este sentido la evaluación del cambio en la composición de especies entre sitios se realizó con la diversidad Beta, para lo cual se encontró que el número de taxones exclusivos tanto para bacterias como para hongos conforme a los ASVs se encuentran presentes en LS y este disminuyó conforme aumentaba el gradiente altitudinal, sin embargo al aumentar los componentes taxonómicos, se aprecia que bacterias tiene más asignaciones a todos los niveles, siendo LS predominante en el contenido de taxones exclusivos.

En hongos, las observaciones exclusivas se evidencian a partir de orden, en el cual LS es el predominante, sin embargo, en los subsiguientes grupos, Yt presenta la mayor cantidad de taxones diferentes, seguido de LS, lo que permite inferir que los resultados reafirman que la composición de microorganismos difiere conforme a las zonas de muestreo (Sun et al., 2022), concordante con los resultados de PCoA teniendo en cuenta las distancias de Bray Curtis, para los dos asignación taxonómicas de mayor nivel, donde diferencia las muestras por localidad, a excepción de BD y PDU, que comparten el mismo cuadrante sin embargo las muestras individuales se agrupan conforme a la localidad.

En general, se ha observado que la diversidad alfa y beta están positivamente relacionadas, es decir, a medida que aumenta la diversidad alfa, también aumenta la diversidad beta entre las diferentes localidades. Esto se debe a que los microorganismos con roles ecológicos diferentes

tienden a coexistir en una zona, y estas especies pueden ser encontradas en diferentes proporciones en diferentes localidades, como se pudo apreciar en el análisis multivariado.

7.4 Potencial funcional de bacterias y hongos

Se analizó las posibles funciones que cumplen los microorganismos hallados en este estudio, en bacterias la quimioheterotrofia y lo relacionado con el ciclo del nitrógeno son las predicciones funcionales más abundantes, esta primera se encontró en mayor abundancia en la zona de muestreo con mayor altitud (PDU) y se encuentra relacionada con los phyla más representativo Acidobacteriota y sus géneros *Edaphobacter*, *Acidicapsa*, *Candidatus Koribacter* y *Granulicella*, en este mismo sentido *Rhodoplanes*, *Acinetobacter*, *Pedomicrobium*, *Burkholderia*, *Pseudomonas* y *Reyranella* con Proteobacteria, el cual también fue relacionado directamente con los procesos del ciclo biogeoquímico del nitrógeno.

Resultados similares fueron reportados por (Sansupa et al., 2021), donde evaluaron bacterias presentes en sistemas acuáticos, suelos agrícolas y de bosque a través de secuenciación Illumina del gen 16S y encontraron que las funciones predominantes en todas las muestras pertenecían a la quimioheterotrofia seguida de la quimioheterotrofia aeróbica, y también asociadas a la fijación de nitrógeno, como también se presentó en un estudio realizado en bosques de la amazonia brasileña (Merloti et al., 2019).

Además, existe una relación entre la quimioheterotrofia y el ciclo del nitrógeno a través del proceso de nitrificación llevado a cabo por dos géneros de bacterias: *Nitrosomonas* y *Nitrobacter* que se encuentran presentes en este estudio en abundancia bajas, también se puede presentar que las bacterias nitrificantes son quimioheterotróficas y utilizan compuestos orgánicos como fuente de carbono y energía.

Así mismo, los hongos poseen potenciales funciones relacionadas con gremios ecológicos, donde se asoció los dos phyla más abundantes, para entender cuáles son sus aportes funcionales a los ecosistemas, Ascomycota presentó predicciones con altas abundancias relacionadas actividad patogénica tanto en animales como en plantas, otros son endófitos, lo que significa que viven dentro de las plantas sin causar daño aparente.

Los ascomicetos también pueden ser saprofitos, obteniendo nutrientes de materiales orgánicos en descomposición, y algunos son epífitos, que crecen sobre la superficie de otros organismos vivos. siendo un grupo diverso con diferentes relaciones ecológicas y funciones en los

ecosistemas, mismas que se presentaron en Basidiomycota a diferencia que en este se cuenta con funciones de liqenización y actividad ectomicorrízica.

Estudios desarrollados en suelos forestales, relacionan estas funciones directamente con hongos que se encuentran en constante interacción con las raíces de los árboles de los bosques subtropicales chinos (Chen et al., 2019) lo que se asocia con la degradación y transformación de minerales a través de la producción de ácidos orgánicos y enzimas hidrolíticas (M. Molina et al., 2005), y actividades simbióticas con las raíces de las plantas (Sánchez de Prager, 2018); así mismo se asoció las asignaciones las muestras de suelos obtenidas para las localidades de LS y Yt, ya que estas contaron con mayores abundancias en relación a las demás, permitiendo inferir que sus condiciones ambientales favorecen los procesos, como por ejemplo lo exponen Ni y colaboradores (2018), en un estudio aplicado a comunidades fúngicas a lo largo de un gradiente de elevación que los hongos que se encuentran en altitudes más bajas podrían tener un mayor potencial para la liqenización debido a las condiciones más húmedas y cálidas, mientras que los que se encuentran en altitudes más altas pueden tender a un mayor potencial para la actividad ectomicorrízica debido a la menor competencia y la mayor disponibilidad de nutrientes.

A pesar de poseer dicha información, los datos en términos de asignación funcional son bajos, como sucede en este estudio, donde se logró la asignación de poco más del 20% de la información resultante del proceso de secuenciación para bacterias y del 35% para hongos, a causa de que la técnica de metabarcoding se caracteriza por amplificar un solo gen, ya sea para este caso 16S o ITS, por lo cual es limitante a la hora de determinar con exactitud las anotaciones funcionales de los microorganismos además que las tecnologías de nueva generación son relativamente jóvenes, y las bases de datos se encuentran en constante alimentación de información.

8. Conclusiones

- La comunidad microbiana estuvo conformada por 35 phyla, dominada por los phyla Acidobacteriota predominante en las localidades de BD y PDU, seguido de Proteobacteria que se distribuyó uniformemente en todas las localidades y estos a su vez influyeron en la riqueza de géneros. Mientras los hongos tuvieron 7 phyla, de los cuales los más representativos fueron Ascomycota predominante en PDU, y Basidiomycota más abundante en LS.
- La diversidad alfa demostró alta riqueza de hongos y bacterias en todas las zonas muestreadas, a su vez la diversidad beta corroboró la variabilidad ecosistémica entre las localidades ya que los resultados obtenidos correspondieron con las localidades evaluadas; en este mismo sentido las localidades que albergan la mayor abundancia de microorganismos únicos y/o diferentes son LS y Yt.
- El gradiente altitudinal implicó diferencias significativas en los parámetros de análisis fisicoquímicos que se asocian a la presencia de los microorganismos y su relación con las funciones ecosistémicas, ya que se pudo inferir por ejemplo que los valores elevados de Fe en las localidades más altas (BD y PDU) estuvo influenciado por los suelos fuertemente ácidos, la alta abundancia de Acidobacteriota y Archaeorhizomyces y la elevación. Comportamiento similar se observó en la LS y la saturación de Na, que se atribuyeron a ser una zona inundable en interacción con el phylum Gemmatimonadota.
- El comportamiento de la composición de los microorganismos en este estudio al igual que lo reportado por Fierer et al, en el 2011 en Perú y Kerfahi et al, en el 2021 en Japón, no muestran una influencia clara del gradiente altitudinal sobre la presencia de los hongos y bacterias.

- Los potenciales funcionales más abundantes para bacterias fueron quimioheterotrofia y lo relacionado con el ciclo del nitrógeno mientras para hongos los gremios ecológicos más abundantes fueron los relacionados con actividad patogénica tanto en animales como en plantas, endofitismo, saprofitismo y epifitos, sin embargo, se observó dos predicciones funcionales, liquenización y actividad ectomicorrízica exclusivas en este estudio para Basidiomycota

Anexos

Anexo A: Permisos otorgados para la toma de muestras ambientales

Cordial saludo profesor Jimmy,

Escribo para informar que revisada la solicitud realizada para poder adelantar el proceso de investigación en mención, se observa que es viable. Sin embargo, solicitaría respetuosamente su aclaración en dos aspectos:

1. Observando que se adelantarán métodos de colecta que podrían ser un poco agresivos respecto a la cantidad de animales muertos, tales como las trampas de calda, luz y shannon, se me genera la inquietud respecto a si no se amenazarían con esto, las poblaciones de las especies de artrópodos del parque. Respecto a lo anterior, por lo que tengo entendido, los insectos tienen una tasa de resiliencia muy alta, que hace que el impacto de dichos muestreos respecto a sus poblaciones no sea tan elevado, pero prefiero consultarle al respecto.
2. Quisiera saber si existe la posibilidad de que se cuente al menos con un espécimen de cada especie que sea colectada, para ser incluidos a modo de donación, a las colecciones de referencia científica del Laboratorio de Zoología del INCIVA.

Cordialmente,



Wilber Alfonso Triana Diosa

Profesional universitario

Ingeniero Forestal, Msc Manejo, uso y conservación de bosques

zoologamcn@inciva.gov.co

Cel. 3188158949


Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca

Citar este número al responder:
0702- 276782021

Santiago de Cali, Marzo 26 del 2020

Doctor
JIMMY CABRA GARCÍA
Email: jimmy.cabra@correounivalle.edu.co
Calle 13 #100-00. AA. 25360. – Teléfono: +57 (2) 3212100, ext: 3136
Santiago de Cali, Valle del Cauca.
Universidad del Valle

Cordial saludo,

La Corporación Autónoma regional del Valle del Cauca – CVC, enaltece su interés investigativo por desarrollar nuevas incursiones en ampliar el conocimiento sobre la biodiversidad Vallecaucana, luego de revisar su solicitud se le autoriza el ingreso al centro de educación Buitre de Ciénaga a desarrollar colecta y toma de muestras de los individuos identificados en el permiso marco de recolección de especies silvestres de la diversidad biológica con fines de investigación científica no comercial mediante resolución 1070 del 28 de agosto del 2015, otorgada por el ANLA, para lo cual realizamos las siguientes recomendaciones:

- Es necesario coordinar con la oficina de CVC en el territorio, la Dirección Ambiental Regional Centro Sur, para lo cual por favor comunicarse con la funcionaria RUI NUBIA GONZALES al correo electrónico rui-nubia.gonzales@cvc.gov.co, en éste ejercicio de relacionamiento es importante la socialización del cronograma de colecta, el cual se debe ser socializado con el Centro de Educación Ambiental para el ingreso a campo.
- El cronograma de colecta debe tener en cuenta la limitación de acceso a la zona durante ésta época de lluvias, ya que el acceso desde la vía principal se encuentra obstruido por el agua, dado el comportamiento natural de la laguna.
- Solicitamos que los resultados del proceso de investigación sean socializados con CVC y compartir dos (2) ejemplares de la publicación para registro en nuestro centro de documentación.

Agradecemos su atención,


PEDRO NEL MONTOYA MONTOYA
Director de Gestión Ambiental

Proyectó: Mónica Andrea Rivera Suárez – Profesional Universitario – Dirección de Gestión Ambiental.
Revisó: Deyra Peraza – Coordinadora Grupo Intervención Integral en el Territorio – Dirección de Gestión Ambiental.
Copio: Luz Mey Martínez – Directora Territorial – DAR Centro Sur.

Carrera 95 No. 11-36
SANTIAGO DE CALI, VALLE DEL CAUCA
PBX: 620 88 00 – 3181700
LÍNEA VERDE: 018000933093
www.cvc.gov.co

Página 1 de 2
CÓD: FT.0710.02

VERSIÓN: 10 – Fecha de aplicación: 2020/10/08


Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca

Citar este número al responder:
0743-167832021

Guadalajara de Buga, 31 de Mayo de 2021

Señor
ANDERSON ARENAS CLAVIJO
Estudiante Doctorado en Ciencias-Biología
UNIVERSIDAD DEL VALLE
anderson.arenas@correounivalle.edu.co
Calle 22B No. 19-120

Asunto: Atención a Radicado 167832021 – Solicitud de acceso de al Parque Natural Regional Paramo del Duende

Cordial Saludo,

A través del presente y con relación al asunto, se brinda respuesta a su solicitud en los siguientes términos.

"Buenos días, mediante la presente radicación queremos solicitar acceso al área protegida en los alrededores del Paramo del Duende, principalmente en la zona de amortiguación que se encuentra en cercanías a la cabaña de la CVC en el municipio de Riofrio. Como electrónico: ..." (Subraya fuera del Original).

En primer lugar, es importante tener en cuenta que conforme a lo dispuesto en la Ley 99 del 22 de diciembre de 1983 "por la cual se crea el Ministerio del Medio Ambiente, se reordena el Sector Público encargado de la gestión y conservación del medio ambiente y los recursos naturales renovables, se organiza el Sistema Nacional Ambiental, SINA, y se dictan otras disposiciones.", las Corporaciones Autónomas Regionales en el marco de sus competencias, tienen a cargo, la reserva, declaración y administración de las distintas figuras de manejo y protección de los recursos naturales regulados por el Código Nacional de los Recursos Naturales Renovables y sus Reglamentos; y los creados por la misma ley.

Que de acuerdo a lo mencionado en el artículo 8 de la Ley 165 del 9 de noviembre de 1994 "Por medio de la cual se aprueba el "Convenio sobre la Diversidad Biológica", hecho en Río de Janeiro el 5 de junio de 1992", dispone:

"ARTÍCULO 8o. CONSERVACIÓN IN SITU. Cada Parte Contratante, en la medida de lo posible y según proceda:

Instituto de Procuraduría
BUGA, VALLE DEL CAUCA
TELÉFONO: 2379510
LÍNEA VERDE: 018000933093
www.cvc.gov.co

Página 1 de 7



Citar este número al responder:
0743-167832021

- a) Establecerá un sistema de áreas protegidas o áreas donde haya que tomar medidas especiales para conservar la diversidad biológica;
- b) Cuando sea necesario, elaborará directrices para la selección, el establecimiento y la ordenación de áreas protegidas o áreas donde haya que tomar medidas especiales para conservar la diversidad biológica;
- c) Reglamentará o administrará los recursos biológicos importantes para la conservación de la diversidad biológica, ya sea dentro o fuera de las áreas protegidas, para garantizar su conservación y utilización sostenible;
- d) Promoverá la protección de ecosistemas y hábitat naturales y el mantenimiento de poblaciones viables de especies en entornos naturales;
- e) Promoverá un desarrollo ambientalmente adecuado y sostenible en zonas adyacentes a áreas protegidas, con miras a aumentar la protección de esas zonas;
- f) Rehabilitará y restaurará ecosistemas degradados y promoverá la recuperación de especies amenazadas, entre otras cosas mediante la elaboración y la aplicación de planes u otras estrategias de ordenación;
- g) Establecerá o mantendrá medios para regular, administrar o controlar los riesgos derivados de la utilización y la liberación de organismos vivos modificados como resultado de la biotecnología que es probable tengan repercusiones ambientales adversas que puedan afectar a la conservación y a la utilización sostenible de la diversidad biológica, teniendo también en cuenta los riesgos para la salud humana;
- h) Impedirá que se introduzcan, controlará o erradicará las especies exóticas que amenacen a ecosistemas, hábitats o especies;
- i) Procurará establecer las condiciones necesarias para armonizar las utilidades actuales con la conservación de la diversidad biológica y la utilización sostenible de sus componentes;
- ...*(Subraya fuera del Original)

Que de acuerdo a lo establecido en el artículo 2.2.2.1.2.4. del Decreto 1076 de 2015 (art.13 del Decreto 2372 del 01 de Julio de 2010) "Por medio del cual se expide el Decreto Único Reglamentario del Sector Ambiente y Desarrollo Sostenible", dispone,

"Artículo 2.2.2.1.2.4. Parque natural regional. Espacio geográfico en el que paisajes y ecosistemas estratégicos en la escala regional, mantienen la estructura, composición y función, así como los procesos ecológicos y evolutivos que los sustentan y cuyos valores naturales y culturales asociados se ponen al alcance de la población humana para destinarlos a su preservación, restauración, conocimiento y disfrute. La reserva, delimitación, alínderación, declaración y

INSTITUTO DE PSICOCULTURA
BOGOTÁ, VALLE DEL CAUCA
TELÉFONO: 2979610
LÍNEA VERDE: 016000933093
WWW.CVC.GOV.CO



Citar este número al responder:
0743-167832021

administración de los Parques Naturales Regionales corresponde a las Corporaciones Autónomas Regionales, a través de sus Consejos Directivos. *(Subraya fuera del Original)

Por lo anterior, es correcto asegurar que es competencia de la Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca – CVC, la delimitación, alínderación, declaración y administración de los Parques Naturales Regionales en el Valle del Cauca; en este sentido, la corporación a través del acuerdo C.D. No. 029 del 9 de agosto de 2005 "por el cual se declara el páramo del Duende como parque natural regional y se adoptan otras determinaciones", realizó la declaración del Parque Natural Regional Páramo del Duende y estableció sus límites, usos, zonificación y además determinó la necesidad de la creación de un comité de Eco-manejo conformado por integrantes de las instituciones, organizaciones y actores sociales de la zona para el acompañamiento en el proceso de administración y manejo del Área protegida.

En consecuencia, la Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca C.V.C. a través de la resolución D.G. 0760 del 29 de diciembre de 2006 "Por medio de la cual se adopta el Plan de Manejo del Parque Natural Regional del Páramo del Duende, ubicado en los municipios de Calima, Riofrío y Trujillo, para el periodo 2007-2016" reconoció al Comité de Eco-manejo del Páramo del Duende, el cual estructuró su reglamento interno, estableciendo en los capítulos 6 y 7, los aspectos relacionados con el ingreso al PNR Páramo del Duende.

"capítulo 6: INGRESO AL PARQUE NATURAL REGIONAL PÁRAMO DEL DUENDE

Artículo 26. QUIÉNES PUEDEN REALIZAR VISITAS AL PARQUE NATURAL REGIONAL PÁRAMO DEL DUENDE Y SUS ECOSISTEMA PÁRAMO Y SUBPÁRAMO. Teniendo en cuenta que desde la formulación del Plan de Acción del Páramo del Duende y ahora con la Formulación del Plan de Manejo, siempre ha sido una voz común de las comunidades, ONG y Organizaciones Gubernamentales que las visitas al Páramo sean lo menos posibles, este Comité decide que podrán realizar visitas al Ecosistema Páramo, Investigadores y su equipo de apoyo, ambos de nacionalidad Colombiana o extranjera, todos ellos acreditados por Universidades o Colecciones y en su defecto respaldos por una entidad de investigación legalmente constituida y reconocidas por la Autoridad Ambiental en el Departamento.

Artículo 29. DEL NUMERO DE VISITAS Y LA ESTADÍA EN EL ECOSISTEMA PARAMO

El comité Interinstitucional en pleno:

- Autoriza al año un máximo de tres (3) salidas, con una durabilidad máxima de quince (15) días cada una y la participación hasta de quince (15) personas por salida y cuyos objetivos sean exclusivamente para investigación en el marco de los objetivos del Plan de Manejo del Parque Natural Regional y su Zona Amortiguadora

INSTITUTO DE PSICOCULTURA
BOGOTÁ, VALLE DEL CAUCA
TELÉFONO: 2979610
LÍNEA VERDE: 016000933093
WWW.CVC.GOV.CO

VERSIÓN: 10 – Fecha de aplicación: 2020/10/08

Página 3 de 7

CÓD: FT.0710.02



Citar este número al responder:
0743-167832021

- En caso de investigaciones que impliquen mayor estadía para el cumplimiento de sus metas y previo consentimiento del Comité Interinstitucional, se podrá ampliar el número de días de permanencia y disminución de las personas que allí permanezcan, siempre y cuando el número de días no supere los quince días por salida a este ecosistema
- Será de carácter obligatorio el regreso de cualquier tipo de desecho, sea o no biodegradable, ocasionado con motivo de cualquier tipo de salida
- Toda salida al paramo, deberá ser solicitada formalmente al Comité Interinstitucional, quien dará aviso a la autoridad Ambiental competente y posteriormente aprobará o negará dicha visita

Artículo 30. QUIENES PUEDAN REALIZAR VISITAS AL ECOSISTEMA BOSQUE ANDINO Y SUB ANDINO.

este comité decide que podrán realizar visitas a los ecosistemas bosque andino y sub andino, investigadores nacionales o extranjeros, que además deben cumplir con los requisitos establecidos en este reglamento interno y su equipo apoyo de nacionalidad Colombiana. Todos Ellos acreditados por universidades o Coleciencias y en su defecto respaldados por una entidad de investigación legalmente constituida y reconocidas por la autoridad ambiental como en el departamento Del Valle del Cauca, siempre y cuando su visita tenga carácter investigativo o de sensibilización ambiental y cuenten con el acompañamiento de uno de los integrantes del comité interinstitucionales

Artículo 31 DEL NÚMERO DE VISITAS Y LA ESTADÍA EN EL ECOSISTEMA BOSQUE ANDINO Y SUB ANDINO, el comité interinstitucional en pleno decide:

- Autorizar al año un máximo de seis (6) salidas, con una durabilidad máxima de 8 días y la participación hasta 15 personas por salida y cuyos objetivos serán exclusivamente para investigación en el marco de los objetivos del Plan de Manejo del Parque Natural Regional del Parque y su Zona con función Amortiguadora.
- En caso de investigaciones que impliquen mayor estadía para el cumplimiento de sus metas y previo consentimiento del Comité Interinstitucional, se podrá aplicar el número de días de permanencia y disminución de las personas que allí permanezcan, siempre y cuando el número de días no supere los quince por salida a este ecosistema.
- Será de carácter obligatorio el regreso de cualquier tipo de desecho, sea o no biodegradable, ocasionado con motivo de cualquier tipo de salida.
- Toda salida a los ecosistemas bosque andino y sub andino, deberá ser solicitada formalmente al comité interinstitucional, quien dará aviso a la autoridad ambiental competente y posteriormente aprobará o negará dicha visita.



Citar este número al responder:
0743-167832021

CAPÍTULO 7: USO DE LA INFRAESTRUCTURA DEL PARQUE NATURAL REGIONAL PARAMO EL DUENDE.

Artículo 32. INFRAESTRUCTURA. Se considera infraestructura en el Parque Natural Regional Paramo del Duende a la cabaña para el ingreso y administración del parque, los senderos oficialmente establecidos y las instalaciones para investigaciones que se establezcan en los diferentes ecosistemas presentes en el Parque.

Artículo 33. QUIENES PUEDEN HACER USO DE LA INFRAESTRUCTURA

Podrán hacer uso de la infraestructura del parque:

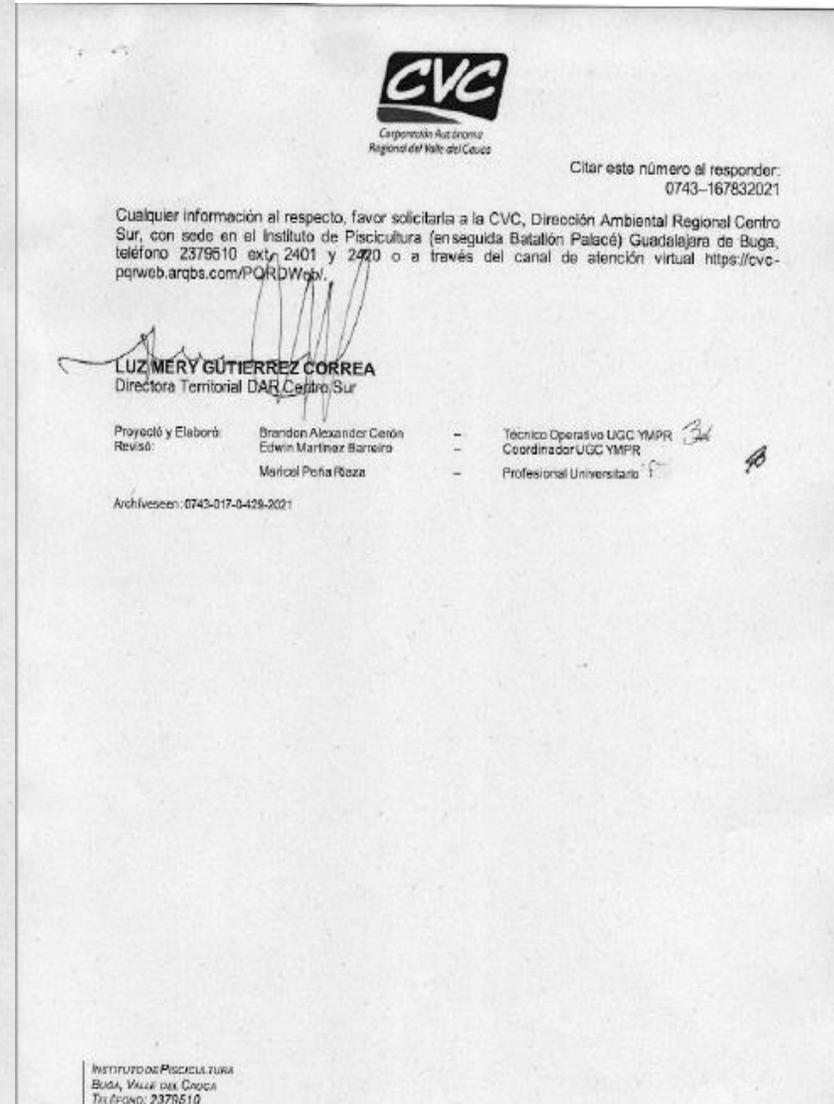
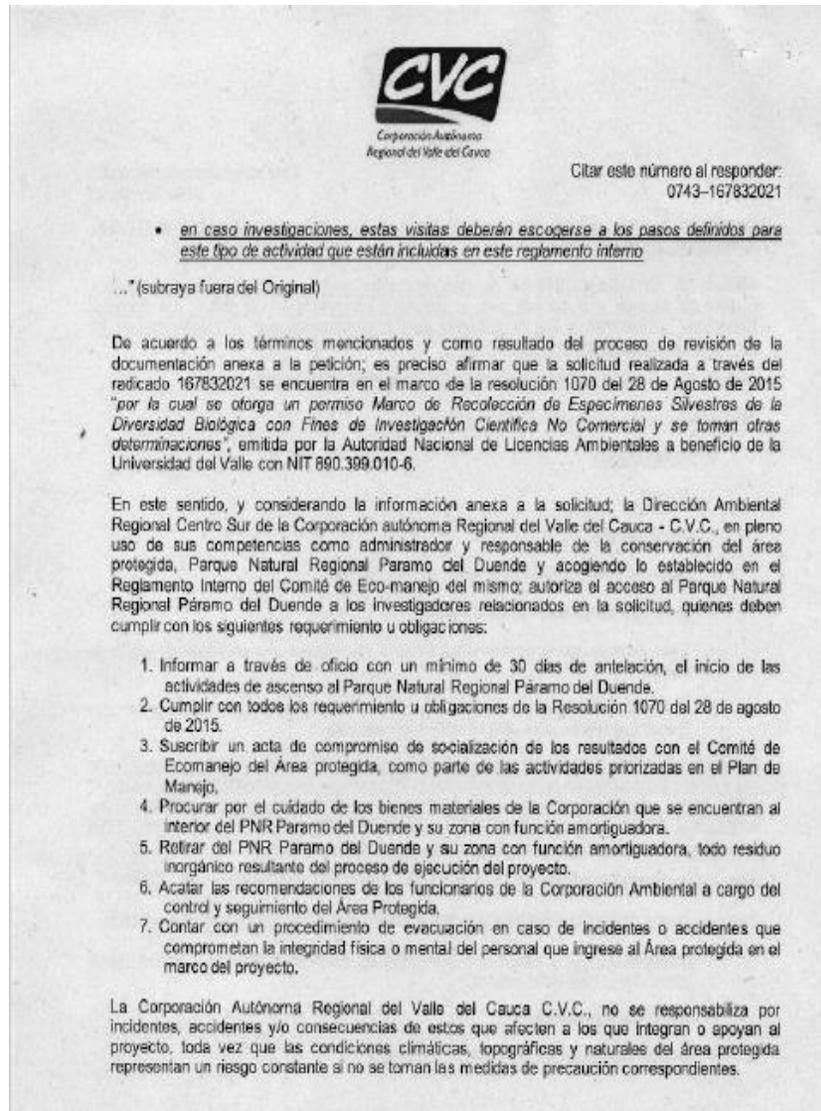
- Investigadores
- Colegio
- Universidades
- Organizaciones no gubernamentales de tipo ambiental
- Municipios con jurisdicción en el parque
- Giras técnicas previa conocimiento de su o sus objetivo y procedencia por parte del comité
- Organizaciones legalmente constituidas y con asiento en la zona amortiguador del Parque que ofrecen giras para interpretación ambiental.

Parágrafo Uno: Para el caso de las instalaciones y equipos ubicado en el Páramo, podrán hacer uso y serán responsables de estos, los investigadores nacionales que adelanta sus estudios con la ayuda de los mismos. En el caso de la Cabaña y los senderos y equipos instalados en los ecosistemas bosque andino y subandino, será los investigadores nacionales y/o extranjero que adelanten estudios con la ayuda de éstos durante el tiempo que dure este.

Artículo 34. PROCEDIMIENTO PARA EL USO DE LA INFRAESTRUCTURA

Para hacer curso de la infraestructura del parque natural regional Páramo del duende se deberá:

- Presentación ante el comité interinstitucional, de la propuesta de visita al parque natural con un mes anticipación a la visita
- estudio de la propuesta
- aprobación o negación y notificación por escrito



Anexo B: Análisis de estadística descriptiva para todos los resultados fisicoquímicos.

	Localidad	pH	CE	MO	N	CO	P	S	CICE	B	Ca	Mg	K	Na	Fe	Cu	Mn	Zn	DA
Media	LS	6,17	2,7	3,29	1,91	0,16	20,2	272	21,6	0,298	10,1	10,1	0,2	1,24	130	13,7	9,92	1,76	0,96
	Yt	5,47	1,34	13,3	7,71	0,66	7,93	11,2	14,7	0,182	10	3,58	0,2	0,278	81,5	2,71	13,8	1,7	0,50
	BD	4,37	0,7	10,1	5,87	0,5	2,86	8,26	4,45	0,137	0,49	0,28	0,1	0,14	269	1,63	5,62	2,8	0,65
	PDU	4,5	0,3	23,4	13,6	1,17	6,03	11,5	9,68	0,27	0,47	0,44	0,2	0,143	805	1,07	1,7	6,57	0,68
Desviación estándar	LS	0,45	0,65	0,67	0,39	0,03	4,09	73,7	3,1	0,135	2,43	0,88	0,07	0,197	48,2	1,14	2,41	0,45	0,10
	Yt	0,48	0,9	5,86	3,4	0,29	6,45	6,4	7,43	0,107	5,43	3,41	0,10	0,413	25,4	4,35	5,2	0,96	0,10
	PDU	0,45	0,11	17,1	9,9	0,85	2,89	2,72	1,97	0,121	0,36	0,28	0,06	0,00756	748	0,22	1,35	3,12	0,09
	BD	0,23	0,29	1,52	0,88	0,07	1,24	2,4	1,35	0,0158	0,26	0,07	0,04	0	214	0,93	6,83	1,37	0,11
Varianza	LS	0,21	0,42	0,45	0,15	0	16,7	5432	9,6	0,0183	5,88	0,77	0,005	0,0389	2326	1,31	5,81	0,21	0,01
	Yt	0,23	0,82	34,4	11,6	0,09	41,6	40,9	55,2	0,0115	29,5	11,6	0,009	0,171	645	18,9	27	0,93	0,01
	BD	0,05	0,08	2,32	0,78	0,01	1,54	5,75	1,83	2,50E-04	0,07	0,01	0,002	0	45742	0,86	46,7	1,87	0,01
	PDU	0,2	0,01	291	98,1	0,73	8,36	7,41	3,88	0,0146	0,13	0,08	0,003	5,71E-05	559574	0,05	1,82	9,75	0,01
Mínimo	LS	5,54	2,15	2,59	1,5	0,13	15,9	205	18,5	0,14	8,17	9,04	0,13	1,01	73,8	11,6	7,35	0,99	0,72
	Yt	4,94	0,72	3,12	1,81	0,16	5,16	6,1	6,85	0,12	3,98	1,06	0,17	0,14	35,6	0,99	7,67	0,99	0,4
	BD	4,04	0,41	7,71	4,47	0,4	1,77	5,46	2,35	0,12	0,22	0,2	0,09	0,14	96,8	0,99	1,26	1,19	0,47
	PDU	3,88	0,2	11,7	6,81	0,59	3,71	9,38	7,88	0,12	0,21	0,23	0,1	0,14	105	0,99	0,03	1,8	0,51
Máximo	LS	6,98	3,71	4,65	2,7	0,23	28,4	434	27,9	0,49	14,8	11,3	0,37	1,64	240	15,3	15,1	2,69	1,07
	Yt	6,51	3,6	19,1	11,1	0,95	25,1	22,6	30,9	0,38	23,1	11,3	0,49	1,38	125	14,3	21,4	3,73	0,72
	BD	4,69	1,22	12,5	7,26	0,6	5,69	12,1	5,99	0,17	0,94	0,46	0,22	0,14	735	3,45	19,9	4,72	0,84
	PDU	5,29	0,46	50,9	29,5	2,54	10,6	16,5	12,6	0,43	1,2	0,87	0,25	0,16	1736	1,57	4,35	9,19	0,75
Shapiro-Wilk W	LS	0,94	0,8	0,9	0,9	0,91	0,88	0,847	0,886	0,857	0,79	0,89	0,9	0,921	0,847	0,91	0,9	0,92	0,80
	Yt	0,89	0,68	0,77	0,76	0,76	0,44	0,776	0,847	0,623	0,78	0,69	0,7	0,39	0,967	0,46	0,9	0,78	0,83
	BD	0,87	0,88	0,9	0,9	0,87	0,83	0,905	0,91	0,795	0,88	0,8	0,8	NaN	0,804	0,75	0,68	0,9	0,99
	PDU	0,96	0,87	0,7	0,7	0,7	0,77	0,764	0,766	0,893	0,76	0,72	0,9	0,453	0,784	0,45	0,89	0,8	0,82
Shapiro-Wilk p	LS	0,59	0,02	0,27	0,28	0,29	0,16	0,069	0,183	0,09	0,02	0,18	0,142	0,399	0,069	0,32	0,23	0,39	0,02
	Yt	0,2	<,001	0,01	0,01	0,01	<,001	0,011	0,068	<,001	0,01	<,001	<,001	<,001	0,865	<,001	0,23	0,01	0,04
	BD	0,12	0,14	0,26	0,27	0,13	0,05	0,285	0,317	0,018	0,17	0,02	0,021	NaN	0,022	0,01	<,001	0,26	1,00
	PDU	0,78	0,20	0,00	0,00	0,00	0,02	0,02	0,02	0,29	0,02	0,01	0,35	<,001	0,03	<,001	0,26	0,04	0,06

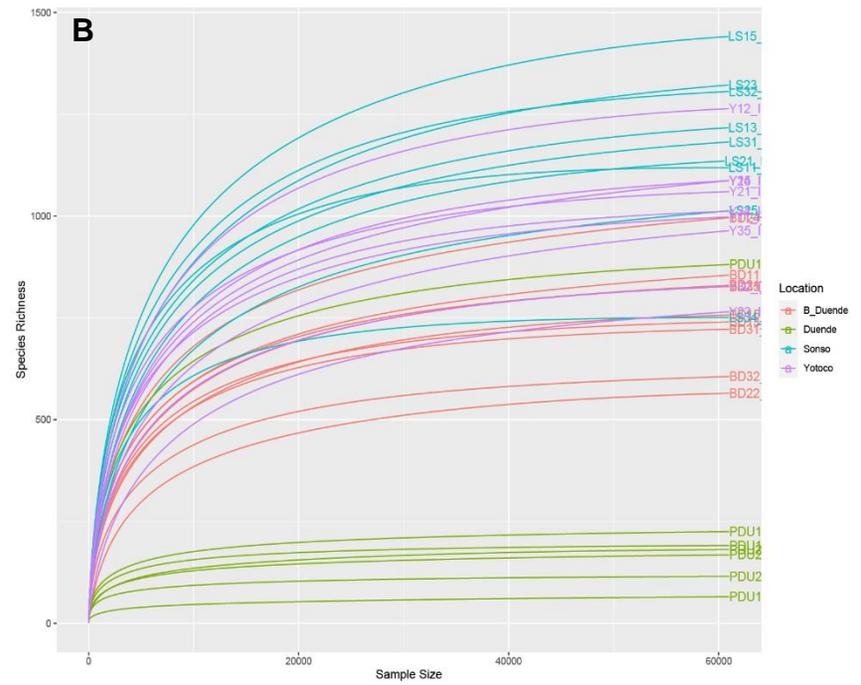
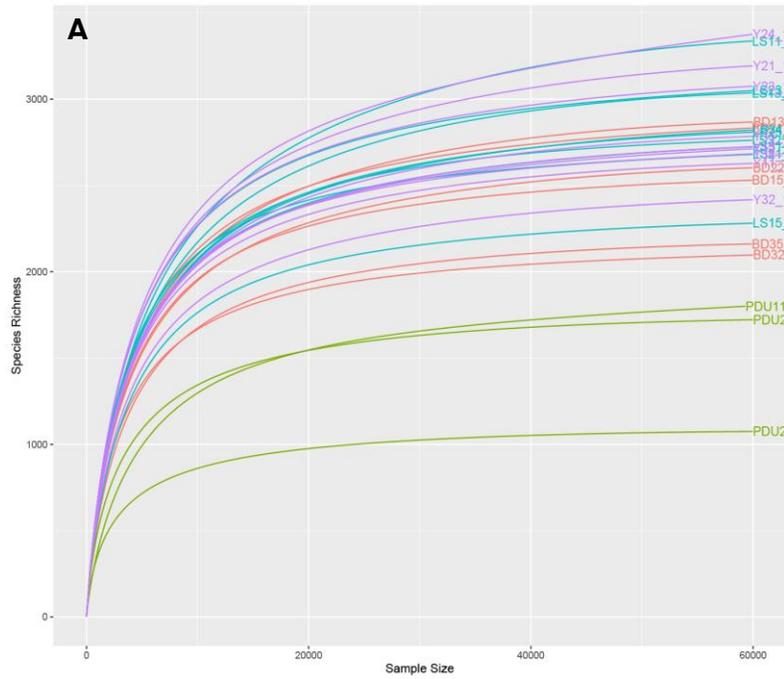
Anexo C: Resultado del proceso de control y calidad realizado para bacterias y hongos a través de DADA2 y qiime2

Locación	Input		Filtered		% of input passed filter		Denoised		Merged		% of input merged		Non-chimeric		% of input non-chimeric	
	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos	Bacterias	Hongos
BD44	32365	188175	27744	143367	85,72	76,19	24740	140391	14014	135788	43,3	72,16	12123	133145	37,46	70,76
BD13	187531	166148	161888	108517	86,33	65,31	153543	105190	96812	99720	51,62	60,02	76858	97498	40,98	58,68
BD15	159610	177440	135446	133048	84,86	74,98	128500	129713	86821	125728	54,4	70,86	74240	122787	46,51	69,2
BD21	186999	172161	159640	128185	85,37	74,46	150691	124588	98873	119707	52,87	69,53	80458	118090	43,03	68,59
BD22	177341	166785	150595	135067	84,92	80,98	142903	132108	86824	128548	48,96	77,07	71677	124250	40,42	74,5
BD24	163806	171668	140184	132184	85,58	77	132857	128248	87912	122816	53,67	71,54	73844	120157	45,08	69,99
BD31	151033	154243	134027	117488	88,74	76,17	124753	114653	84133	111430	55,71	72,24	70099	109096	46,41	70,73
BD32	161047	155780	136942	101073	85,03	64,88	130281	97910	82431	93886	51,18	60,27	66864	91775	41,52	58,91
BD35	160066	170329	136068	120334	85,01	70,65	129456	116849	89850	113027	56,13	66,36	78199	112322	48,85	65,94
LS11	187666	162691	164924	83898	87,88	51,57	152175	78275	95422	71342	50,85	43,85	76688	71022	40,86	43,65
LS13	162039	167362	142482	115781	87,93	69,18	131942	110132	86499	104059	53,38	62,18	71059	103348	43,85	61,75
LS15	150805	179574	131679	136790	87,32	76,17	122439	130942	82736	124883	54,86	69,54	63030	124553	41,8	69,36
LS21	154715	173392	131941	119400	85,28	68,86	121594	114829	73189	107939	47,31	62,25	62281	106851	40,26	61,62
LS23	162400	180314	138351	107243	85,19	59,48	128392	100716	80572	90603	49,61	50,25	67592	90070	41,62	49,95
LS25	179110	175997	152824	130687	85,32	74,26	142970	125858	91149	119757	50,89	68,04	77280	119056	43,15	67,65
LS31	172142	151032	147318	112087	85,58	74,21	137888	106559	88902	100216	51,64	66,35	73224	99510	42,54	65,89
LS32	169220	178812	144977	131324	85,67	73,44	134972	127018	85727	119696	50,66	66,94	71353	116773	42,17	65,3
LS34	172307	180914	146053	75701	84,76	41,84	136441	72982	88196	62710	51,19	34,66	73775	61961	42,82	34,25
PDU11	178873	188283	152633	136795	85,33	72,65	146081	133398	113009	127670	63,18	67,81	89035	125558	49,78	66,69
PDU42	NA	152897	NA	128312	NA	83,92	NA	127712	NA	125815	NA	82,29	NA	120999	NA	79,14
PDU43	NA	178538	NA	153880	NA	86,19	NA	153276	NA	151572	NA	84,9	NA	146074	NA	81,82
PDU14	65921	165409	56655	133422	85,94	80,66	50762	133133	30306	131314	45,97	79,39	25960	130494	39,38	78,89
PDU15	54691	NA	46919	NA	85,79	NA	42082	NA	24925	NA	45,57	NA	21120	NA	38,62	NA
PDU24	42897	NA	36746	NA	85,66	NA	32804	NA	19229	NA	44,83	NA	16616	NA	38,73	NA
PDU22	44040	150190	37959	122828	86,19	81,78	34338	122301	20450	120016	46,44	79,91	17509	111536	39,76	74,26
PDU23	NA	182168	NA	162437	NA	89,17	NA	161957	NA	159195	NA	87,39	NA	147694	NA	81,08
PDU24	156745	172225	142133	152360	90,68	88,47	136691	151818	91266	148817	58,23	86,41	70429	142015	44,93	82,46

Locatio n	Input		Filtered		% of input passed filter		Denoised		Merged		% of input merged		Non-chimeric		% of input non- chimeric	
	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s	Bacteria s	Hongo s
PDU25	176941	NA	159893	NA	90,37	NA	155651	NA	117194	NA	66,23	NA	72477	NA	40,96	NA
Yt11	162524	161240	142915	120063	87,93	74,46	133819	116546	87640	112388	53,92	69,7	71994	111106	44,3	68,91
Yt12	158089	182842	138601	119243	87,67	65,22	129068	115069	80309	108670	50,8	59,43	66206	107932	41,88	59,03
Yt15	162484	182667	142386	141738	87,63	77,59	133481	138299	84082	131103	51,75	71,77	69709	129665	42,9	70,98
Yt21	181139	177072	159301	123720	87,94	69,87	148816	119927	91367	115910	50,44	65,46	74374	115186	41,06	65,05
Yt23	167914	156801	147895	126744	88,08	80,83	138463	122837	91393	118971	54,43	75,87	75373	118473	44,89	75,56
Yt24	189535	154179	166428	116353	87,81	75,47	156457	112315	103881	108028	54,81	70,07	84793	106581	44,74	69,13
Yt32	158216	151054	139606	119600	88,24	79,18	130966	115350	85250	107200	53,88	70,97	69856	104196	44,15	68,98
Yt34	157259	156295	138400	104867	88,01	67,1	129991	100696	85719	94192	54,51	60,27	71045	91845	45,18	58,76
Yt35	159696	184703	140486	142650	87,97	77,23	132115	137867	88438	130752	55,38	70,79	74281	127296	46,51	68,92

Muestras rayadas hace referencia a las que fueron descartadas conforme a los parámetros de calidad

Anexo D: Curvas de rarefacción. A) Bacterias. C) Hongos



Anexo F: Información taxonómica de bacterias

https://drive.google.com/file/d/1zyZ_eHxleSzPOqjMCgeSnAf06Pp7kGPI/view?usp=sharing

Anexo G: Información taxonómica de hongos

<https://drive.google.com/file/d/10C-PsUI1rpsrqPxS711KlfnNSWpS0qIw/view?usp=sharing>

Anexo H: Siglas multifactoriales bacterias y hongos

Sigla	Microorganismos		Sigla	Plantas
	Bacterias	Hongos		
G1	<i>Acidibacter</i>	<i>Archaeorhizomyces</i>	P1	<i>Rhodopatha</i>
G2	<i>Acinetobacter</i>	<i>Fusarium</i>	P2	<i>Pilea</i>
G3	<i>Bryobacter</i>	<i>Leohumicola</i>	P3	<i>Beilschmiedia</i>
G4	<i>Candidatus_Koribacter</i>	<i>Mortierella</i>	P4	<i>Anthurium</i>
G5	<i>Candidatus_Solibacter</i>	<i>Podospora</i>	P5	Indeterminado 6
G6	<i>Candidatus_Udaeobacter</i>	<i>Rhodotorula</i>	P6	<i>Pithecellobium</i>
G7	<i>MND1</i>	<i>Saitozyma</i>	P7	<i>Cyathea</i>
G8	<i>Nitrospira</i>	<i>Trechispora</i>	P8	<i>Casearia</i>
G9	<i>Pseudomonas</i>	<i>Trichoderma</i>	P9	<i>Synedrella</i>
G10	<i>Bacillus</i>	<i>Volutella</i>	P10	<i>Ocotea</i>
G11	<i>Acidothermus</i>	<i>Botryoderma</i>	P11	<i>Guzmania</i>
G12	<i>ADurb.Bin063-1</i>	<i>Clavulinopsis</i>	P12	<i>Inga</i>
G13	<i>Anaeromyxobacter</i>	<i>Clonostachys</i>	P13	<i>Croton</i>
G14	<i>Bradyrhizobium</i>	<i>Glutinomyces</i>	P14	<i>Blechnum</i>
G15	<i>Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia</i>	<i>Mycocleptodiscus</i>	P15	<i>Besleria</i>
G16	<i>Candidatus_Xiphinematobacter</i>	<i>Paraphaeosphaeria</i>	P16	<i>Piper</i>
G17	<i>Ellin6067</i>	<i>Phialemoniopsis</i>	P17	<i>Calophyllum</i>
G18	<i>Gaiella</i>	<i>Pochonia</i>	P18	<i>Chusquea</i>
G19	<i>GOUTA6</i>	<i>Ramariopsis</i>	P19	<i>Monstera</i>
G20	<i>Haliangium</i>	<i>Sarcodon</i>	P20	<i>Nectandra</i>
G21	<i>HSB_OF53-F07</i>	<i>Torula</i>	P21	<i>Asplundias</i>
G22	<i>Kitasatospora</i>		P22	<i>Clusia</i>
G23	<i>mle1-7</i>		P23	<i>Palicourea</i>
G24	<i>Mycobacterium</i>		P24	<i>Prestoea</i>
G25	<i>oc32</i>		P25	<i>Solanum</i>
G26	<i>Parabacteroides</i>		P26	<i>Faramea</i>
G27	<i>Pedomicrobium</i>		P27	<i>Miconia</i>
G28	<i>Pseudolabrys</i>			
G29	<i>RB41</i>			
G30	<i>Reyranella</i>			
G31	<i>Rhodomicrobium</i>			
G32	<i>Roseburia</i>			
G33	<i>Roseisolibacter</i>			
G34	<i>Sh765B-TzT-35</i>			
G35	<i>Sphingomonas</i>			
G36	<i>Spirochaeta</i>			
G37	<i>Subdoligranulum</i>			
G38	<i>SWB02</i>			
G39	<i>Thiobacillus</i>			

Anexo I: Asignación funcional de bacterias con FAPROTAX

https://drive.google.com/file/d/1sIF7ukq4h3zgyOPWINH1wAJuKcVXT_ft/view?usp=sharing

Anexo J: Asignación funcional de hongos con FUNGuild

<https://drive.google.com/file/d/1bd3vJEa4sCukxGNTA8djaDYwXkbd8xJG/view?usp=sharing>

Bibliografía

- Abera, W., Assen, M., & Budds, J. (2020). Determinants of agricultural land management practices among smallholder farmers in the Wanka watershed, northwestern highlands of Ethiopia. *Land Use Policy*, 99. <https://doi.org/10.1016/J.LANDUSEPOL.2020.104841>
- Alarape, A. A., Omifolaji, J. K., & Mwansat, G. S. (2015). Butterfly Species Diversity and Abundance in University of Ibadan Botanical Garden, Nigeria. *Open Journal of Ecology*, 05(08), 352-360. <https://doi.org/10.4236/oje.2015.58029>
- Álvarez, A. J. (1983). Geología de la cordillera Central y el occidente colombiano y petroquímica de los intrusivos granitoides mesocenoicos. *Boletín Geológico*, 26(2), Article 2. <https://doi.org/10.32685/0120-1425/bolgeol26.2.1983.53>
- Álvarez Malvido, M., Lázaro, C., De Lamo, X., Juffe-Bignoli, D., Cao, R., Bueno, P., Sofrony, C., Maretti, C., & Guerra, F. (2021, abril 29). *Informe Planeta Protegido 2020: Latinoamérica y el Caribe*. IUCN. <https://www.iucn.org/es/news/areas-protegidas/202104/informe-planeta-protegido-2020-latinoamerica-y-el-caribe>
- Alzate-Guarín, F., Cano, D., & Ortiz, R. D. C. (2022). Conservation status of the angiosperm species of the Antioquia paramos. *Acta Biologica Colombiana*, 27(2), 177-185. <https://doi.org/10.15446/ABC.V27N2.89521>
- Analía, A. (2007). *Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología*. 66, 15-25.
- Arias Peñaloza, M. I. (2021). *Descripción de la diversidad microbiológica y entomológica de suelos asociados con árboles de los géneros Theobroma y Herrania en la región del Chocó colombiano*. <https://repositorio.uniandes.edu.co/handle/1992/53936>
- Badii, M., Guillen, A., Rodríguez, C., Lugo, O., Aguilar, J., & Acuña, M. (2015). Pérdida de Biodiversidad: Causas y Efectos Biodiversity Loss: Causes and Factors. *Daena: International Journal of Good Conscience*, 10(2), 156-174.
- Bai, B., Liu, C., Zhang, C., He, X., Wang, H., Peng, W., & Zheng, C. (2022). Trichoderma species from plant and soil: An excellent resource for biosynthesis of terpenoids with versatile bioactivities. *Journal of Advanced Research*. <https://doi.org/10.1016/J.JARE.2022.09.010>
- Banda-R, K., Weintritt, J., & Gómez, M. J. (2015). Bosque Seco Tropical. *Libro de colección ecológica del banco de occidente*, 1-28. <http://www.imeditores.com/banocc/seco/creditos.htm>
- Bardgett, R. D., & van der Putten, W. H. (2014). Belowground biodiversity and ecosystem functioning. *Nature*, 515(7528), Article 7528. <https://doi.org/10.1038/nature13855>
- Barka, E. A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Klenk, H.-P., Clément, C., Ouhdouch, Y., & van Wezel, G. P. (2016). Taxonomy, Physiology, and Natural Products of Actinobacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 80(1), 1-43. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00019-15/ASSET/489F91EB-7EED-4702-991C-C4D956638BDE/ASSETS/GRAPHIC/ZMR0041524040006.JPEG>
- Boddy, L. (2001). Fungal Community Ecology and Wood Decomposition Processes in Angiosperms: From Standing Tree to Complete Decay of Coarse Woody Debris. *Ecological Bulletins*, 49, 43-56. <https://www.jstor.org/stable/20113263>
- Bustamante Roldán, J., Carlos Villegas Echeverri, L., Gilberto Murillo, L., Iragorri Valencia, A., Moncayo Jiménez, É., Antonio Nieto Escalante Director General, J., Patricia Ríos García, D., Darío Álvarez Lucero Subdirector de Agrología Fernando León Rivera, G., Melissa Olaya Álvarez, A., Patricia Camacho Hernández, M., Abella Palacios Jefe Oficina Asesora Jurídica Mauricio Ramírez, M., Darío Álvarez Lucero Subdirector de Agrología Napoleón Ordóñez

- Delgado, G., & Manuel Santos Calderón, J. (2014). *Levantamiento de los suelos de las cuencas priorizadas por la CVC*.
- Cabrera, M., & Ramírez, W. (2014, septiembre 25). *Restauración ecológica de los páramos de Colombia: Transformación y herramientas para su conservación*. <http://www.humboldt.org.co/es/estado-de-los-recursos-naturales/item/562-restauracion-paramos>
- Campillo Meseguer, A. (2022). Las fronteras del aire: Cambio climático, migraciones y justicia global. *Daimon*, 87, 65-81. <https://doi.org/10.6018/daimon.524321>
- Cano, A., & Stevenson, P. R. (2009). DIVERSIDAD Y COMPOSICIÓN FLORÍSTICA DE TRES TIPOS DE BOSQUE EN LA ESTACIÓN BIOLÓGICA CAPARÚ, VAUPÉS. *Colombia forestal*, 12(1), Article 1. <https://doi.org/10.14483/udistrital.jour.colomb.for.2009.1.a06>
- Capra, F. (2006). *La trama de la vida*. Editorial Anagrama.
- Caridad, C. D. G., María. (2012). *Biología de hongos*. Ediciones Uniandes-Universidad de los Andes.
- Carvalho, J. C., Cardoso, P., & Gomes, P. (2012). Determining the relative roles of species replacement and species richness differences in generating beta-diversity patterns. *Global Ecology and Biogeography*, 21(7), 760-771. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2011.00694.x>
- Castillo Bautista, M. P., Armbrrecht, I., & Rugeles Silva, P. A. (2022). *Inoculación con microorganismos rizosféricos para restauración de bosque seco tropical: Metabarcoding y diversidad*. <https://bibliotecadigital.univalle.edu.co/handle/10893/22250>
- Castro, H. E., Cely, G., & Vásquez, S. (2009). *Criterios técnicos para un manejo eficiente del riego en cebolla de bulbo* (Vol. 68, Número 2).
- Castro Nallar, E. (2004). *Introducción al análisis de diversidad | Diseño experimental y análisis de datos*. http://www.castrolab.org/teaching/data_analysis/intro-analisis-diversidad.html#medidas-de-riqueza-uniformidad-dominancia-diversidad-filogen%C3%A9tica-diversidad-alfa
- Challacombe, J. F., Eichorst, S. A., Hauser, L., Land, M., Xie, G., & Kuske, C. R. (2011). Biological consequences of ancient gene acquisition and duplication in the large genome of candidatus *Solibacter usitatus* Ellin6076. *PLoS ONE*, 6(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024882>
- Chater, K. F., Loria, R., Flardh, K., & Wohlleben, W. (2016). Recent advances in understanding *Streptomyces*. *F1000Research* 2016 5:2795, 5, 2795. <https://doi.org/10.12688/f1000research.9534.1>
- Chen, L., Xiang, W., Wu, H., Ouyang, S., Zhou, B., Zeng, Y., Chen, Y., & Kuzyakov, Y. (2019). Tree species identity surpasses richness in affecting soil microbial richness and community composition in subtropical forests. *Soil Biology and Biochemistry*, 130, 113-121. <https://doi.org/10.1016/J.SOILBIO.2018.12.008>
- Contreras-Cornejo, H. A., Macías-Rodríguez, L., Alfaro-Cuevas, R., & López-Bucio, J. (2014). *Trichoderma spp. Improve Growth of Arabidopsis Seedlings Under Salt Stress Through Enhanced Root Development, Osmolite Production, and Na+ Elimination Through Root Exudates*. <https://doi.org/10.1094/MPMI-09-13-0265-R>, 27(6), 503-514. <https://doi.org/10.1094/MPMI-09-13-0265-R>
- Cortés, L. A., Camacho-Ballesteros, S., & Matoma-Cardona, M. (2020). Estudio de la composición y estructura del bosque andino localizado en Potrero Grande, Chipaque (Colombia). *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 23(1), 1-10. <https://doi.org/10.31910/rudca.v23.n1.2020.1483>

- Cuartero Moñino, J., Ros, M., Pascual, J. A., & Vivo Molina, J. M. (2020). *Estudio de la microbiota del suelo mediante técnicas “ómicas” y su análisis bioinformático y bioestadístico en muestras de diversificación de cultivos hortícolas*. <http://hdl.handle.net/10317/11179>
- Cuatrecasas Arumí, J. (2017). Aspectos de la vegetación natural de Colombia. Parte I. *Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 41(Suplemento), 100. <https://doi.org/10.18257/raccefyn.570>
- CVC, & Humboldt. (2008). *Estrategia para la Conservación de la Biodiversidad en la Cuenca Media del Río Nima- Implementación De Herramientas De Manejo De Paisaje—HMP Fase II y III | Ecopedia la enciclopedia ambiental del Valle del Cauca*. <https://www.cvc.gov.co/ecopedia/biodiversidad/areas-protegidas/estrategia-para-la-conservacion-de-la-biodiversidad-en-la-cuenca>
- de Lima Batista, A. C., de Souza Paiva, W., & de Souza Neto, F. E. (2021). Chitosan. En *Polysaccharides of Microbial Origin* (pp. 1-18). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-35734-4_14-1
- DeBruyn, J. M., Nixon, L. T., Fawaz, M. N., Johnson, A. M., & Radosevich, M. (2011). Global Biogeography and Quantitative Seasonal Dynamics of Gemmatimonadetes in Soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(17), 6295. <https://doi.org/10.1128/AEM.05005-11>
- Ding, Y., Li, C., Li, Z., Liu, S., Zou, Y., Gao, X., Cai, Y., Siddique, K. H. M., Wu, P., & Zhao, X. (2023). Greenhouse gas emission responses to different soil amendments on the Loess Plateau, China. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 342, 108233. <https://doi.org/10.1016/J.AGEE.2022.108233>
- Dirzo, R., & Raven, P. H. (2003). Global State of Biodiversity and Loss. <https://doi.org/10.1146/annurev.energy.28.050302.105532>, 28, 137-167. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV.ENERGY.28.050302.105532>
- Eduardo, N., Florencia, S., Nicolás, P., & József, G. (2018). Richness, species composition and functional groups in Agaricomycetes communities along a vegetation and elevational gradient in the Andean Yungas of Argentina. *Biodiversity and Conservation*, 27(8), 1849-1871. <https://doi.org/10.1007/s10531-018-1512-3>
- Enrique Javier Peña Salamanca; Jaime Ricardo Cantera Kintz; Elizabeth Muñoz. (2012). *Evaluación de la contaminación en ecosistemas acuáticos un estudio de caso en la laguna de Sonso, cuenca alta del Río Cauca*.
- Esperanza, A. F., Sonia, Virgilio, P. G., Nelson, & Teobaldis, M. F. (2022). *Suelo y cambio climático: Incluye estudio de casos*. Editorial Unimagdalena.
- FAO. (2015). Estado Mundial del Recurso Suelo. 2015.
- FAO. (2020). *Evaluación de los recursos forestales mundiales 2020*. [Www.Fao.Org. http://www.fao.org/forest-resources-assessment/2020/es](http://www.fao.org/forest-resources-assessment/2020/es)
- FAO, & PNUMA. (2020). *El estado de los bosques del mundo 2020. Los bosques, la biodiversidad y las personas*. FAO and UNEP. <https://doi.org/10.4060/ca8642es>
- Ferraz Helene, L. C., Klepa, M. S., & Hungria, M. (2022). New Insights into the Taxonomy of Bacteria in the Genomic Era and a Case Study with Rhizobia. *International Journal of Microbiology*, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/4623713>
- Fierer, N., McCain, C. M., Meir, P., Zimmermann, M., Rapp, J. M., Silman, M. R., & Knight, R. (2011). Microbes do not follow the elevational diversity patterns of plants and animals. *Ecology*, 92(4), 797-804. <https://doi.org/10.1890/10-1170.1>
- Flieder, M., Buongiorno, J., Herbold, C. W., Hausmann, B., Rattei, T., Lloyd, K. G., Loy, A., & Wasmund, K. (2021). Novel taxa of Acidobacteriota implicated in seafloor sulfur cycling. *ISME Journal*, 15(11), 3159-3180. <https://doi.org/10.1038/s41396-021-00992-0>

- García, M. P. C., Paz-Alberto, A. M., Abella, T. A., Sace, C. F., Claudio, E. G., & Gabriel, A. G. (2018). Assessment of the Diversity of Macro Aquatic Species in Amburayan River in Kapangan, Benguet in the Philippines. *Open Journal of Marine Science*, 08(03), 323-354. <https://doi.org/10.4236/ojms.2018.83018>
- Gomes, R. C., Soares, R. M. A., Nakamura, C. V., Souto-Pradrón, T., De Souza, R. F., De Azevedo Soares Semêdo, L. T., Alviano, C. S., & Coelho, R. R. R. (2008). Streptomyces lunalinharesii spores contain chitin on the outer sheath. *FEMS Microbiology Letters*, 286(1), 118-123. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2008.01265.x>
- González Sánchez, Y., Fernández Díaz, Y., & Gutiérrez Soto, T. (2013). El cambio climático y sus efectos en la biodiversidad en América Latina. *Revista Cubana de Higiene y Epidemiología*, 51(3), 331-337.
- Groombridge, B. (2002). *World Atlas of Biodiversity: Earth's living resources in the 21st century*. UNEP-WCMC. <http://archive.org/details/worldatlasofbi02groo>
- Gupta, R. K., & Feng, I. P. A. W. FinkIM. B. K. C. A. M. C. J. G. H. L. G. CookG. O. S. K. Pytkaj. J. O. S. J. E. (2008). Soil horizon designations in the wrb soil classification system. *Encyclopedia of Earth Sciences Series*, 668-670. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-3995-9_541
- Hajibabaei, M., Smith, M. A., Janzen, D. H., Rodriguez, J. J., Whitfield, J. B., & Hebert, P. D. N. (2006). A minimalist barcode can identify a specimen whose DNA is degraded. *Molecular Ecology Notes*, 6(4), 959-964. <https://doi.org/10.1111/J.1471-8286.2006.01470.X>
- Hallez, R., Bellefontaine, A. F., Letesson, J. J., & De Bolle, X. (2004). Morphological and functional asymmetry in α -proteobacteria. *Trends in Microbiology*, 12(8), 361-365. <https://doi.org/10.1016/J.TIM.2004.06.002>
- Hawksworth, D. L. (2001). The magnitude of fungal diversity: The 1.5 million species estimate revisited* *Paper presented at the Asian Mycological Congress 2000 (AMC 2000), incorporating the 2nd Asia-Pacific Mycological Congress on Biodiversity and Biotechnology, and held at the University of Hong Kong on 9-13 July 2000. *Mycological Research*, 105(12), 1422-1432. <https://doi.org/10.1017/S0953756201004725>
- Hernández, M., Quijada, N. M., Rodríguez-Lázaro, D., & Eiros, J. M. (2020). Aplicación de la secuenciación masiva y la bioinformática al diagnóstico microbiológico clínico. *Revista Argentina de Microbiología*, 52(2), 150-161. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.06.003>
- Hoyos, C., Rivera, C., y Quintero Vallejo, E. (2017). *Bosques Andinos.pdf*.
- Huamán-Carrión, M. L., Espinoza-Montes, F., Barrial-Lujan, A. I., & Ponce-Atencio, Y. (2021). Influence of altitude and soil characteristics on organic carbon storage capacity of high Andean natural pastures. *Scientia Agropecuaria*, 12(1), 83-90. <https://doi.org/10.17268/SCI.AGROPECU.2021.010>
- Hug, L. A., Castelle, C. J., Wrighton, K. C., Thomas, B. C., Sharon, I., Frischkorn, K. R., Williams, K. H., Tringe, S. G., & Banfield, J. F. (2013). Community genomic analyses constrain the distribution of metabolic traits across the Chloroflexi phylum and indicate roles in sediment carbon cycling. *Microbiome*, 1(1). <https://doi.org/10.1186/2049-2618-1-22>
- IAEA, & FAO. (2018, marzo 29). *Control de la erosión del suelo* [Text]. IAEA. <https://www.iaea.org/es/temas/control-de-la-erosion-del-suelo>
- Insolia, E. (2020). “ *Diversidad fúngica en suelos de cultivos de trigo a lo largo de Europa: Interrelación con factores climáticos , edáficos y de manejo del suelo .*”
- IPBES. (2019, mayo 5). *Nature's Dangerous Decline 'Unprecedented'; Species Extinction Rates 'Accelerating'* | IPBES secretariat. <https://www.ipbes.net/node/35234>

- Isaías Tobasura A. (2006). La Laguna de Sonso- -Valle del Cauca, Colombia: Más de tres décadas de lucha ambiental. Un caso de historia ambiental. *Gestión y Ambiente*.
- Kattan Kattan, G., Kattan Kattan Fotografías, G., Miguel Garcés Guerrero José Kattan Kattan Impresor, D., & Miguel Garcés Guerrero, D. (s. f.). *Bosques Andinos y Subandinos del Departamento del Valle del Cauca* (Subdirección de Intervenciones Territoriales para la Sostenibilidad ITS & Subdirección del Conocimiento Ambiental Territorial COAT y Secretaría General, Eds.; Vol. 2003). CVC. Recuperado 28 de marzo de 2023, de <http://www.cvc.gov.co>
- Kerfahi, D., Dong, K., Yang, Y., Kim, H., Takahashi, K., & Adams, J. (2021). Elevation trend in bacterial functional gene diversity decouples from taxonomic diversity. *CATENA*, *199*, 105099. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2020.105099>
- Korkar, M. H., Magdy, M., Rizk, S. M., Fiteha, Y. G., Atta, A. H., & Rashed, M. A. S. (2022). Rhizosphere-Associated Microbiome Profile of Agricultural Reclaimed Lands in Egypt. *Agronomy*, *12*(10). <https://doi.org/10.3390/agronomy12102543>
- Körner, C. (2003). Plant ecology at high elevations. En C. Körner (Ed.), *Alpine Plant Life: Functional Plant Ecology of High Mountain Ecosystems* (pp. 1-7). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-18970-8_1
- Lacombe-Harvey, M. È., Brzezinski, R., & Beaulieu, C. (2018). Chitinolytic functions in actinobacteria: Ecology, enzymes, and evolution. *Applied Microbiology and Biotechnology* *2018 102:17, 102*(17), 7219-7230. <https://doi.org/10.1007/S00253-018-9149-4>
- Lal, R. (2015). Restoring Soil Quality to Mitigate Soil Degradation. *Sustainability*, *7*(5), Article 5. <https://doi.org/10.3390/su7055875>
- Liu, D., Liu, G., Chen, L., Wang, J., & Zhang, L. (2018). Soil pH determines fungal diversity along an elevation gradient in Southwestern China. *Science China Life Sciences*, *61*(6), 718-726. <https://doi.org/10.1007/s11427-017-9200-1>
- Lozano, L. C., Ramírez, L. C. C., & Suárez, D. M. T. (2021). Las bacterias, su nutrición y crecimiento: Una mirada desde la química. *NOVA*, *19*(36), Article 36. <https://revistas.unicolmayor.edu.co/index.php/nova/article/view/1770>
- Maldonado Oré, E. M., Aguilar Cáceres, M. A., & Rodríguez Cerrón, M. (2022). *Area de conservación regional Huaytapallana*. 1-148. <http://repositorio.uncp.edu.pe/handle/20.500.12894/7931>
- Marín, C. (2018). Conceptos fundamentales en ecología de hongos del suelo: Una propuesta pedagógica y de divulgación. *Boletín Micológico*, *33*(1), 32. <https://doi.org/10.22370/bolmicol.2018.33.1.1168>
- Mena, V., Cartago, D. E., & Cauca, V. D. E. L. (2021). *La flora y la vegetación del bosque seco tropical. January*.
- Mendes, L. W., Braga, L. P. P., Navarrete, A. A., Souza, D. G. de, Silva, G. G. Z., & Tsai, S. M. (2017). Using Metagenomics to Connect Microbial Community Biodiversity and Functions. *Metagenomics: Current Advances and Emerging Concepts, December 2018*. <https://doi.org/10.21775/9781910190593.06>
- Menkis, A., Urbina, H., James, T. Y., & Rosling, A. (2014). *Archaeorhizomyces borealis* sp. Nov. And a sequence-based classification of related soil fungal species. *Fungal Biology*, *118*(12), 943-955. <https://doi.org/10.1016/J.FUNBIO.2014.08.005>
- Merloti, L. F., Mendes, L. W., Pedrinho, A., de Souza, L. F., Ferrari, B. M., & Tsai, S. M. (2019). Forest-to-agriculture conversion in Amazon drives soil microbial communities and N-cycle. *Soil Biology and Biochemistry*, *137*, 107567. <https://doi.org/10.1016/J.SOILBIO.2019.107567>

- Minambiente. (2023). *En Colombia se han deforestado más de tres millones de hectáreas de bosque en las últimas dos décadas—Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible*. <https://www.minambiente.gov.co/uncategorized/en-colombia-se-han-deforestado-mas-de-tres-millones-de-hectareas-de-bosque-en-las-ultimas-dos-decadas/>
- Molina, L., & Pildain, M. B. (2022). Uso de la secuenciación de segunda generación (NGS) para descubrir la diversidad de hongos degradadores de la madera en los bosques Andino Patagónicos: Hongos degradadores de la madera en los bosques Andino Patagónicos. *Lilloa*, 155-172. <https://doi.org/10.30550/j.lil/2022.59.S/2022.09.22>
- Molina, M., Mahecha Liliana, & Medina, M. (2005). *Importancia del manejo de hongos micorrizógenos en el establecimiento de árboles en sistemas silvopastoriles*. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias. <https://doi.org/2256-2958>
- Molina, P. G. (2019). *Impacto ambiental en las actividades humanas*. UF0735. Tutor Formación.
- Montagne, V., Capioux, H., Barret, M., Cannavo, P., Charpentier, S., Grosbelle, C., & Lebeau, T. (2017). Bacterial and fungal communities vary with the type of organic substrate: Implications for biocontrol of soilless crops. *Environmental Chemistry Letters*, 15(3), 537-545. Scopus. <https://doi.org/10.1007/s10311-017-0628-0>
- Morales-Betancourt, J. A., & Estévez-Varón, J. V. (2006). El páramo: ¿ecosistema en vía de extinción? *Luna Azul*, 22, 1 de 13-1 13. <https://revistasojs.ucaldas.edu.co/index.php/lunazul/article/view/1524>
- Moreno, C. E. (2001). *Métodos para medir la biodiversidad*. 1.
- Mujakić, I., Piwosz, K., & Koblížek, M. (2022). Phylum Gemmatimonadota and Its Role in the Environment. *Microorganisms*, 10(1). <https://doi.org/10.3390/MICROORGANISMS10010151/S1>
- Murga-Orrillo, H., Jorge, M. F. C., Abanto-Rodríguez, C., & Lobo, F. D. A. (2021). Altitudinal gradient and its influence on the edofoclimatic characteristics of tropical forests. *Madera y Bosques*, 27(3). <https://doi.org/10.21829/myb.2021.2732271>
- Myers, N., Mittermeier, R. A., Mittermeier, C. G., da Fonseca, G. A. B., & Kent, J. (2000). Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403(6772), Article 6772. <https://doi.org/10.1038/35002501>
- Naciones Unidas. (1992). *Convenio sobre la diversidad biológica naciones unidas 1992*.
- Ni, Y., Yang, T., Zhang, K., Shen, C., & Chu, H. (2018). Fungal Communities Along a Small-Scale Elevational Gradient in an Alpine Tundra Are Determined by Soil Carbon Nitrogen Ratios. *Frontiers in Microbiology*, 9(AUG). <https://doi.org/10.3389/FMICB.2018.01815>
- Orgiazzi, A., Bardgett, R. D., Barrios, E., Behan-Pelletier, V., & Briones, M. J. I. (2016). *Global Soil Biodiversity Atlas—ESDAC - European Commission*. <https://esdac.jrc.ec.europa.eu/content/global-soil-biodiversity-atlas>
- Orjuela, H. B. (2016). El suelo y su relación con los servicios ecosistémicos y la seguridad alimentaria. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 33(2), 117-124.
- Osorio-Vega, N. W. (2009). *Microorganismos del suelo y su efecto sobre la disponibilidad y absorción de nutrientes por las plantas*. Cenicafé. https://doi.org/10.38141/10791/0003_3
- Peay, K. G., Von Sperber, C., Cardarelli, E., Toju, H., Francis, C. A., Chadwick, O. A., & Vitousek, P. M. (2017). Convergence and contrast in the community structure of Bacteria, Fungi and Archaea along a tropical elevation-climate gradient. *FEMS Microbiology Ecology*, 93, 45. <https://doi.org/10.1093/femsec/fix045>
- Pinto-Figueroa, E. A., Seddon, E., Yashiro, E., Buri, A., Niculita-Hirzel, H., Van Der Meer, J. R., & Guisan, A. (2019). Archaeorhizomycetes Spatial Distribution in Soils along Wide Elevational and Environmental Gradients Reveal Co-abundance Patterns with Other Fungal Saprobes

- and Potential Weathering Capacities. *Frontiers in Microbiology*, 10(APR), 656. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2019.00656/BIBTEX>
- Pérez, M., & Mota, M. (2009). Morfología y estructura bacteriana." Temas de bacteriología y virología médica. *European Journal of Social Sciences*, 9(1), 48-60.
- Pizano, C., González, R., González, M. F., Castro-Lima, F., López, R., Rodríguez, N., Idárraga-Piedrahíta, Á., Vargas, W., Vergara-Varela, H., Castaño-Naranjo, A., Devia, W., Rojas, A., Cuadros, H., & Toro, J. L. (2014). Anexo 1- Las plantas de los bosques secos de Colombia. En *El Bosque seco Tropical en Colombia*.
- Rangel-Ibañez, Daniela, Zafra, ;, & German. (2022). Diversidad microbiana asociada a Espeletia spp. En ecosistemas de alta montaña* Microbial diversity associated to Espeletia spp. In high mountain ecosystems. *Biotecnología en el sector agropecuario y agroindustrial*. <https://doi.org/10.18684/rbsaa.v20.n2.2022.1640>
- Salazar-Ramirez, M. I., Gómez-Hoyos, N., Vargas-Vargas, W. G., Reyes-Gutiérrez, M., Castillo-Crespo, L. S., & Bolívar-G., W. (2002). *Bosques andinos y subandinos del departamento del Valle del Cauca, Colombia*.
- Sánchez de Prager, M. (2018). Aportes de la biología del suelo a la agroecología. *Universidad Nacional de Colombia*, 1.
- Sánchez de Prager, M. S. D. (2018). *El suelo un sistema vivo*. Universidad Nacional de Colombia.
- Sansupa, C., Fareed, S., Wahdan, M., Hossen, S., Disayathanoowat, T., Wubet, T., & Purahong, W. (2021). Can We Use Functional Annotation of Prokaryotic Taxa (FAPROTAX) to Assign the Ecological Functions of Soil Bacteria? *Appl. Sci*, 2021, 688. <https://doi.org/10.3390/app11020688>
- Schaefer, H. C., Jetz, W., & Böhning-Gaese, K. (2008). Impact of climate change on migratory birds: Community reassembly versus adaptation. *Global Ecology and Biogeography*, 17(1), 38-49. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00341.x>
- Schall, P., Gossner, M. M., Heinrichs, S., Fischer, M., Boch, S., Prati, D., Jung, K., Baumgartner, V., Blaser, S., Böhm, S., Buscot, F., Daniel, R., Goldmann, K., Kaiser, K., Kahl, T., Lange, M., Müller, J., Overmann, J., Renner, S. C., ... Ammer, C. (2018). The impact of even-aged and uneven-aged forest management on regional biodiversity of multiple taxa in European beech forests. *Journal of Applied Ecology*, 55(1), 267-278. Scopus. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12950>
- Schoch, C. L., Sung, G. H., López-Giráldez, F., Townsend, J. P., Miadlikowska, J., Hofstetter, V., Robbertse, B., Matheny, P. B., Kauff, F., Wang, Z., Gueidan, C., Andrie, R. M., Trippe, K., Ciuffetti, L. M., Wynn, A., Fraker, E., Hodkinson, B. P., Bonito, G., Groenewald, J. Z., ... Spatafora, J. W. (2009). The Ascomycota Tree of Life: A Phylum-wide Phylogeny Clarifies the Origin and Evolution of Fundamental Reproductive and Ecological Traits. *Systematic Biology*, 58(2), 224-239. <https://doi.org/10.1093/SYSBIO/SYP020>
- Şekercioğlu, Çağan H., Primack, R. B., & Wormworth, J. (2012). The effects of climate change on tropical birds. *Biological Conservation*, 148(1), 1-18. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2011.10.019>
- Semenov, M. V. (2021). Metabarcoding and Metagenomics in Soil Ecology Research: Achievements, Challenges, and Prospects. *Biology Bulletin Reviews*, 11(1), 40-53. <https://doi.org/10.1134/s2079086421010084>
- Shen, C., Xiong, J., Zhang, H., Feng, Y., Lin, X., Li, X., Liang, W., & Chu, H. (2013). Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain. *Soil Biology and Biochemistry*, 57, 204-211. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2012.07.013>
- Smith, S. E., & Read, D. J. (2010). *Mycorrhizal Symbiosis*. Academic Press.

- Soria, M. A. (2016). Why are soil microorganisms important for agriculture? *Revista Quimica Viva*, 1, 3-10.
- Speirs, L. B. M., Rice, D. T. F., Petrovski, S., & Seviour, R. J. (2019). The Phylogeny, Biodiversity, and Ecology of the Chloroflexi in Activated Sludge. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02015>
- Streletskaia, R., Astaykina, A., Krasnov, G., & Gorbato, V. (2022). Changes in Bacterial and Fungal Community of Soil under Treatment of Pesticides. *Agronomy* 2022, Vol. 12, Page 124, 12(1), 124. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY12010124>
- Sun, W., Li, Z., Lei, J., & Liu, X. (2022). Bacterial Communities of Forest Soils along Different Elevations: Diversity, Structure, and Functional Composition with Potential Impacts on CO2 Emission. *Microorganisms*, 10(4). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040766>
- Taylor, T. N., Krings, M., & Taylor, E. L. (2015). Basidiomycota. *Fossil Fungi*, 173-199. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-387731-4.00009-8>
- Tedersoo, L., Bahram, M., Põlme, S., Kõljalg, U., Yorou, N. S., Wijesundera, R., Ruiz, L. V., Vasco-palacios, A. M., Thu, P. Q., Suija, A., Smith, M. E., Sharp, C., Saluveer, E., Saitta, A., Rosas, M., Riit, T., Ratkowsky, D., Pritsch, K., Põldmaa, K., ... Abarenkov, K. (2014). *Global diversity and geography of soil fungi*. 1256688. <https://doi.org/10.1126/science.aaa1185>
- Terefe, A. M. (2021). Erosión del suelo, fertilidad y papel socioeconómico de las tierras excluidas. *JOURNAL OF THE SELVA ANDINA BIOSPHERE*, 9(2), Article 2. <http://ucbconocimiento.cba.ucb.edu.bo/index.php/JSAB/article/view/706>
- Thrane, U. (2014). Fusarium. En *Encyclopedia of Food Microbiology* (Vol. 2, pp. 76-81). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00141-5>
- Tilman, D., Isbell, F., & Cowles, J. M. (2014). Biodiversity and Ecosystem Functioning. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 45(1), 471-493. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-120213-091917>
- Torres Tola, E., Castillo Vega, P., Calderón, A. B., Torres Tola, E., Castillo Vega, P., & Calderón, A. B. (2020). Identificación molecular de Dípteros de importancia forense con el gen (COI Barcode), La Paz Bolivia. *Medicina Legal de Costa Rica*, 37(2), 93-101. http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1409-00152020000200093&lng=en&nrm=iso&tlng=es
- Torsvik, V., Goksøyr, J., & Daae, F. L. (1990). High diversity in DNA of soil bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 56(3), 782-787. <https://doi.org/10.1128/aem.56.3.782-787.1990>
- Valdés Ramírez, M. (2019). El Cambio Climático Y El Estado Simbiótico De Los Árboles Del Bosque. *Revista Mexicana de Ciencias Forestales*, 2(5), 5-14. <https://doi.org/10.29298/rmcf.v2i5.580>
- Vallejo-Quintero, V. E. (2013). *IMPORTANCIA Y UTILIDAD DE LA EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DE SUELOS MEDIANTE EL COMPONENTE MICROBIANO: EXPERIENCIAS EN SISTEMAS SILVOPASTORILES* Importance and utility of microbial elements in evaluating soil quality: Case studies in silvopastoral systems (Vol. 16, Número 1, pp. 83-99).
- Victorino, A. (2011). *Bosques para las personas*.
- Vinnere Pettersson, O., & Schnürer, J. (2011). The Amsterdam Declaration on Fungal Nomenclature. *IMA fungus*, 2, 105-112. <https://doi.org/10.5598/imafungus.2011.02.01.14>
- Waschulin, V., Borsetto, C., James, R., Newsham, K. K., Donadio, S., Corre, C., & Wellington, E. (2021). Biosynthetic potential of uncultured Antarctic soil bacteria revealed through long-read metagenomic sequencing. *The ISME Journal* 2021 16:1, 16(1), 101-111. <https://doi.org/10.1038/s41396-021-01052-3>

- Whittaker, R. H. (1972). Evolution and Measurement of Species Diversity. *Taxon*, 21(2/3), 213-251. <https://doi.org/10.2307/1218190>
- Wijayawardene, N. N., Hyde, K. D., & Dai, D. Q. (2021). Outline of ascomycota. En *Encyclopedia of Mycology* (pp. 246-254). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819990-9.00064-0>
- Williams Linera Guadalupe & Toledo-Garibaldi María. (2021). *Vegetación, Humboldt y gradiente altitudinal*. Ensayo. <https://www.inecol.mx/inecol/index.php/es/2013-06-05-10-34-10/17-ciencia-hoy/945-vegetacion-humboldt-y-gradiente-altitudinal>
- Wu, L., Chen, H., Chen, D., Wang, S., Wu, Y., Wang, B., Liu, S., Yue, L., Yu, J., & Bai, Y. (2023). Soil biota diversity and plant diversity both contributed to ecosystem stability in grasslands. *Ecology Letters*. Scopus. <https://doi.org/10.1111/ele.14202>
- WWF. (2022). *Informe Planeta Vivo 2022. Hacia una sociedad con la naturaleza en positivo*. https://www.wwf.org.co/de_interes/informe_planeta_vivo/
- WWT. (2020). *¿Qué son los bosques tropicales?* <https://www.wwf.org.co/?329990/Glosario-ambiental-Que-son-los-bosques-tropicales>
- Yao, F., Yang, S., Wang, Z., Wang, X., Ye, J., Wang, X., DeBruyn, J. M., Feng, X., Jiang, Y., & Li, H. (2017). Microbial taxa distribution is associated with ecological trophic cascades along an elevation gradient. *Frontiers in Microbiology*, 8(OCT). Scopus. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02071>
- Yu, D. W., Ji, Y., Emerson, B. C., Wang, X., Ye, C., Yang, C., & Ding, Z. (2012). Biodiversity soup: Metabarcoding of arthropods for rapid biodiversity assessment and biomonitoring. *Methods in Ecology and Evolution*, 3(4), 613-623. <https://doi.org/10.1111/J.2041-210X.2012.00198.X>
- Zambrano, A., Franquis, F., & Infante, A. (2004). *EMISIÓN Y CAPTURA DE CÁRBONO EN LOS SUELOS EN ECOSISTEMAS FORESTALES*. 11-20.
- Zapata, J. D. D., Florez, J. E. M., & Alvarez, D. L. (2023). Metagenomics approaches to understanding soil health in environmental research—A review. *Soil Science Annual*. <https://www.soilsa.com/Metagenomics-approaches-to-understanding-soil-health-in-environmental-research-a,163080,0,2.html>
- Zeng, Y., Baumbach, J., Barbosa, E. G. V., Azevedo, V., Zhang, C., & Koblížek, M. (2016). Metagenomic evidence for the presence of phototrophic Gemmatimonadetes bacteria in diverse environments. *Environmental microbiology reports*, 8(1), 139-149. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12363>
- Zhang, P., Luan, M., Li, X., Lian, Z., & Zhao, X. (2021). The distribution of soil fungal communities along an altitudinal gradient in an alpine meadow. *Global Ecology and Conservation*, 31, e01838. <https://doi.org/10.1016/J.GECCO.2021.E01838>