

Composición bacteriana en suelos de cultivo de maca (*Lepidium meyenii* Walp) analizada mediante metagenómica: un estudio en los Andes centrales del Perú

María Custodio^{1*}, Fisher Huaraca-Meza¹, Richard Peñaloza¹, Heidi De la Cruz-Solano¹,
Juan C. Alvarado-Ibañez²

¹ Universidad Nacional del Centro del Perú, Centro de Investigación en Medicina de Altura y Medio Ambiente, Av. Mariscal Castilla N° 3909-4089, Huancayo, Perú

² Universidad Nacional Intercultural “Fabiola Salazar Leguía” de Bagua, Jr. Comercio N° 128, Bagua, Perú

* Correo electrónico: hdelacruz@uncp.edu.pe

Resumen

El cambio e intensificación de uso del suelo ha dado lugar al empobrecimiento de los suelos con efectos negativos en las comunidades biológicas. Se analizó la composición bacteriana de suelos de cultivo de maca (*Lepidium meyenii* Walp) mediante secuenciación Illumina en la meseta de Bombón, durante el año 2019. Se definieron tres sectores de muestreo, un sector control (suelo natural) y dos sectores con presión de uso (suelos “primer uso” y “segundo uso”, respecto al cultivo de maca). Se determinaron los indicadores fisicoquímicos del suelo mediante métodos analíticos y la composición de las comunidades bacterianas mediante secuenciación Illumina de los amplicones del gen de ARNr 16S. Los resultados de pH y CE, en suelos control y con presión de uso, variaron de 7,51 a 4,53 y de 0,06 a 0,47 dS/m, respectivamente. Los contenidos más altos MO, N, P, K y Ca se registraron en los suelos control disminuyendo significativamente en suelos con presión de uso. El análisis de componentes principales (ACP) presentó un porcentaje de variación total del 97,1 %. La secuenciación Illumina reveló 3776 familias bacterianas. El análisis SIMPER mostró que los mayores porcentajes de contribución lo realizaron las familias Acidobacteriaceae (2,95 %), Verrucomicrobiaceae (2,68 %), Thermoactinomycetaceae (2,11 %) y Akkermansiaceae (2,10 %). El análisis de redundancia (AR) mostró una buena asociación entre las variables fisicoquímicas y las familias bacterianas. En conclusión, el análisis metagenómica ha permitido identificar familias bacterianas que pueden ser usadas como indicadores de buena y mala calidad fisicoquímica del suelo según presión de uso por cultivos de maca. Así como, a los mejores indicadores fisicoquímicos predictores de los cambios de la composición de las comunidades bacterianas.

Palabras clave: composición bacteriana, suelo, secuenciación Illumina, *Lepidium meyenii*, maca.