



***DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD TAXONÓMICA Y FUNCIONAL DE HONGOS A
TRAVÉS DE METAGENÓMICA EN ISLA DE RECURSOS Y SU INFLUENCIA EN LA
DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA EN AMBIENTE SEMIÁRIDO DE LA GUAJIRA.***

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD

PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

TRABAJO DE GRADO

BOGOTÁ, MAYO 2022



***DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD TAXONÓMICA Y FUNCIONAL DE HONGOS A
TRAVÉS DE METAGENÓMICA EN ISLA DE RECURSOS Y SU INFLUENCIA EN LA
DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA EN AMBIENTE SEMIÁRIDO DE LA GUAJIRA.***

LEANDRA CAMILA JAIME CASTELLANOS

ASESOR INTERNO

MARTHA LUCÍA POSADA BUITRAGO

ASESOR EXTERNO

LAURA INÉS CUERVO SOTO

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD

PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

TRABAJO DE GRADO

BOGOTÁ, MAYO 2022



***DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD TAXONÓMICA Y FUNCIONAL DE HONGOS A
TRAVÉS DE METAGENÓMICA EN ISLA DE RECURSOS Y SU INFLUENCIA EN LA
DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA EN AMBIENTE SEMIÁRIDO DE LA GUAJIRA.***

APROBADA _____

JURADOS

VILMA YAMILE MARTINEZ GRANADOS

LIGIA CONSUELO SANCHEZ LEAL

ASESOR INTERNO

MARTHA LUCÍA POSADA BUITRAGO

ASESOR EXTERNO

LAURA INÉS CUERVO SOTO

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD

PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

TRABAJO DE GRADO

BOGOTÁ, MAYO 2022

A mi madre que sé que desde donde esté me cuida y me guía por el mejor camino y me ayudó a llegar hasta acá hoy, todo es por ti y gracias ti, BLANQUITA.

A mi padre y hermano porque son el pilar fundamental de mi vida, porque sin ellos no hubiese logrado nada, esto es para ustedes, porque los tres somos inquebrantables, capaces de lograr y superar lo que la vida nos ponga enfrente.

A Felipe, por ser mi apoyo más incondicional, por darme aliento cuando ya quería desfallecer, por ayudarme y creer siempre en mí. Por nunca dejarme sola y enseñarme lo incondicional que puede llegar a ser el amor.

Agradecimientos

A la profesora **Laura Inés Cuervo Soto** porque sin su apoyo, su dedicación, y su gran labor docente, esto jamás hubiese sido posible. Agradezco a la vida cruzarme con una profesional tan apasionada por lo que hace.

Al **Dr. Javier Vanegas Guerrero** por brindarme todo su conocimiento, por su apoyo, por la paciencia en todo el proyecto, y por querer sembrar siempre en sus estudiantes una semilla para ser cada vez mejores.

A la profesora **Martha Lucia Posada Buitrago** por sus asesorías y recomendaciones a lo largo de todo el proyecto.

A toda **mi familia** por creer en mí, por siempre recordarme de lo que soy capaz y lo orgullosos que se sienten de mí.

A la **Universidad Antonio Nariño** por brindarme todas las herramientas para lograr sacar este proyecto adelante, y de igual manera por su labor en el apoyo a la investigación.

A mi alma mater la **Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca**, por brindarme todas las bases para lograr desarrollar mi trabajo de grado, por generar en mí la sed de conocimiento para llegar a ser la mejor profesional.

TABLA DE CONTENIDO

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Distribución espacial del índice de aridez Ia en el período 2011–2040 Pag 13

Figura 3. Mapa de ubicación de los sitios de recolección del suelo en islas de recursos y sus respectivos controles. Pag 21

Figura 4. Abundancia relativa a nivel de Fila en una zona semiárida de la Guajira. Pag 25

Figura 5. Abundancia relativa a nivel de clase en una zona semiárida de la Guajira. Pag 26

Figura 6. Abundancia relativa a nivel de orden en una zona semiárida de la Guajira. Pag 28

Figura 7. Abundancia relativa a nivel de familia en una zona semiárida de la Guajira. Pag 30

Figura 8. Abundancia relativa a nivel de género en una zona semiárida de la Guajira. Pag 32

Figura 9. Rutas metabólicas involucradas en la degradación de materia orgánica. Pag 33

Figura 10. Genes involucrados en la degradación de materia orgánica. Pag 35

Tabla 1. Relación de las diferencias significativas de los parámetros fisicoquímicos de suelos en islas de recursos de la Guajira. Pag 24

Anexo A. Pag 40.

RESUMEN	7
INTRODUCCIÓN	9
1. OBJETIVOS	11
1.1 OBJETIVO GENERAL	11
1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	11
2.1 BASES TEÓRICAS	12
3. ANTECEDENTES	18
4. METODOLOGÍA	20
4.1 TIPO DE INVESTIGACIÓN	20
4.2 TIPO DE ESTUDIO	20
4.3 POBLACIÓN Y MUESTRA	20
4. RESULTADOS	24
6. DISCUSIÓN.	37
7. CONCLUSIONES	42
8. BIBLIOGRAFÍA	43



UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD

PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD TAXONÓMICA Y FUNCIONAL DE HONGOS A TRAVÉS DE METAGENÓMICA EN ISLA DE RECURSOS Y SU INFLUENCIA EN LA DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA EN AMBIENTE SEMIÁRIDO DE LA GUAJIRA.

RESUMEN

Las islas de recursos son arreglos ecológicos representativos de zonas áridas y semiáridas, donde se acumulan nutrientes y materia orgánica en el suelo, creando un microhábitat favorable bajo el dosel de un árbol nodriza. La transformación del carbono en la naturaleza ocurre principalmente por los microorganismos, y esta transformación es mucho mayor bajo el dosel de árboles y arbustos comparada con suelos desnudos de vegetación que se encuentran contiguos a islas de recursos. Dentro de los microorganismos, los hongos ejercen un papel fundamental en el ciclaje del carbono, debido a que producen un conjunto de enzimas que degradan eficientemente la materia orgánica, sin embargo, poco se conoce sobre los grupos taxonómicos que participan en esta dinámica en islas de recursos en los ambientes áridos de la Guajira. Con esto en mente, se planteó conocer la taxonomía de hongos presentes en estos ecosistemas a través de la metagenómica y determinar la abundancia de los genes que están fuertemente relacionados con la degradación de materia orgánica. Para esto se tomaron muestras de suelo de tres árboles nodriza bajo el dosel (V), y suelo desnudo como control (C), en temporada húmeda (W) y seca (D) en la Guajira. Se extrajo el DNA total de cada muestra y se obtuvo el metagenoma por secuenciación. Los datos mostraron la presencia de 8 filos, 25 clases, 62 órdenes,

111 familias y 47 géneros de hongos. Se detectaron 9 vías de metabolismo de materia orgánica, las principales relacionadas al metabolismo de carbohidratos, biosíntesis y metabolismo de los glicanos, como también de lípidos, aminoácidos y metabolitos secundarios. El análisis de los genes en ambas temporadas mostró que hubo mayor abundancia de genes en presencia de vegetación, frente al control. La abundancia estuvo relacionada a genes con actividad Glicosil-hidrolasas en más del 60%, los cuales incluyen algunas actividades como: beta-glucosidasas, endoglucanasas, xilosidasas, celulasas, entre otras.

PALABRAS CLAVE

Metagenómica, islas de recursos, zonas áridas y semiáridas, genes, materia orgánica, hongos.

ABSTRACT

Resource islands are representative ecological arrangements of arid and semi-arid zones, where nutrients and organic matter accumulate in the soil, creating a favorable microhabitat under the canopy of a nurse tree. Carbon transformation in nature occurs primarily by microorganisms, and this transformation is much greater under the canopy of trees and shrubs compared to bare soils of vegetation that are found adjacent to resource islands. Among microorganisms, fungi play a fundamental role in carbon cycling, because they produce a set of enzymes that efficiently degrade organic matter, however, little is known about the taxonomic groups that participate in this dynamic in islands of resources in the arid environments of La Guajira. With this in mind, it was proposed to know the taxonomy of fungi present in these ecosystems through metagenomics and to determine the abundance of genes that are strongly related to the degradation of organic matter. For this, soil samples were taken from three nurse trees under the canopy (V), and bare soil as a control (C), in the wet (W) and dry (D) seasons in La Guajira. Total DNA was extracted from each sample and the metagenome was obtained by sequencing. The data showed the presence of 8 phyla, 25 classes, 62

orders, 111 families and 47 genera of fungi. Nine organic matter metabolism pathways were detected, the main ones related to carbohydrate metabolism, biosynthesis and metabolism of glycans, as well as lipids, amino acids and secondary metabolites. The analysis of the genes in both seasons showed that there was a greater abundance of genes in the presence of vegetation, compared to the control. The abundance was related to genes with Glycosyl-hydrolase activity in more than 60%, which include some activities such as: beta-glucosidases, endoglucanases, xylosidases, cellulases, among others.

KEYWORDS

Metagenomics, resource islands, arid and semi-arid zones, genes, organic matter, fungi.

INTRODUCCIÓN

Las tierras secas (regiones áridas, semi áridas e hiperáridas) son porciones geográficas y ecológicas donde se evidencia que predominan condiciones de sequía elevada y cobertura vegetal mínima o casi ausente, las cuales en su totalidad cubren aproximadamente el 40% de la superficie terrestre [1-2]. Las proyecciones basadas en las tendencias actuales del calentamiento global como uno de los factores de degradación de la tierra acompañado de las actividades humanas, sugieren que las tierras secas constituirán un poco más de la mitad de la cobertura total terrestre para fines de siglo [3-4].

Frente al panorama del cambio climático, Colombia puede verse afectado por reducción de las lluvias principalmente en algunas zonas secas del caribe, lo que ayudaría con el proceso de la desertificación para el país. Según el IDEAM, Colombia posee 24.534.200 hectáreas en entornos de zonas secas (21,5% del país), de los cuales 19.351.000 hectáreas se encuentran en procesos de sequía extrema (16,95% del país) [5]. La Guajira además de presentar un alto grado de desertificación y salinización, se ve afectada por las variaciones en los ciclos de lluvias y periodos de sequías, que influyen en el acceso al agua potable y alimento de las comunidades, especialmente las rurales [6]

Una estrategia que se puede utilizar para detener la desertificación son las islas de recursos o de fertilidad. Estas islas de recursos son patrones de vegetación rodeados por suelo desértico, que inducen bajo las plantas la acumulación y el enriquecimiento de nutrientes, de igual manera regulan el

funcionamiento de los ecosistemas en zonas áridas y semiáridas, disminuyendo el estrés hídrico y permiten la transformación de materia y energía regulando la cantidad de carbono, nitrógeno y fósforo que se almacena y mineraliza en el suelo, permitiendo con esto la viabilidad del ecosistema [2-7].

La transformación del carbono ocurre mediante la descomposición y mineralización llevada a cabo por los microorganismos del suelo, siendo esta transformación mayor bajo el dosel de árboles y arbustos, especialmente leguminosas, comparado con los espacios abiertos sin vegetación que se encuentran contiguos, los cuales son predominantes en este tipo de ecosistemas áridos. [3-8]. La transformación de la materia orgánica en el suelo está dada por enzimas que se derivan de fuentes microbianas, animales y raíces de plantas, las cuales actúan como indicadores biológicos de la salud del ecosistema del suelo. Las enzimas mejoran la descomposición de los desechos orgánicos, mejoran la formación de materia orgánica, juegan un papel crucial en el ciclo del carbono, nitrógeno, fósforo y azufre, y pueden inhibir los efectos de los contaminantes [9].

Conocer las comunidades de hongos presentes en islas de fertilidad y su actividad en la degradación de materia orgánica en temporadas de lluvia y sequía, es fundamental para entender cómo estos factores ambientales pueden afectar la presencia de estas comunidades y su participación en la estabilidad de las islas de recursos de los ecosistemas áridos.

1. OBJETIVOS

1.1 OBJETIVO GENERAL

Determinar la diversidad taxonómica y funcional de hongos a través de metagenómica en islas de recursos y su influencia en la degradación de materia orgánica en un ambiente semiárido de la Guajira.

1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar la diversidad taxonómica de hongos en islas de recursos influenciados por temporada seca y húmeda en un ambiente semiárido de la Guajira.
- Determinar la presencia y abundancia de genes degradadores de materia orgánica en islas de recursos influenciados por temporada seca y húmeda en un ambiente semiárido de la Guajira.
- Relacionar la presencia de la diversidad de hongos y genes asociados a degradación de materia orgánica en islas de recursos en un ambiente semiárido de la Guajira.

2. MARCO TEÓRICO

2.1 BASES TEÓRICAS

Regiones áridas, semiáridas y desertificación

Las tierras secas (regiones áridas, semiáridas e hiperáridas) son grandes terrenos de tierra donde se evidencia la prevalencia de condiciones de sequía extrema y cobertura vegetal reducida o casi ausente, las cuales en su totalidad cubren aproximadamente el 40% de la superficie terrestre [1-2], y contienen el 36% del Carbono almacenado en los ecosistemas terrestres. [5]. Estas unidades geográficas presentan períodos secos muy prolongados, lluvias irregulares con incidencias bastante bajas, con una media anual de 150 mm y temperaturas 40 - 50°C [10], y precipitaciones por debajo de 70 mm en

desiertos extremos. Aún con estas condiciones extremas, estas zonas logran conservar la diversidad biológica y logran mantener los procesos ecológicos que allí se presentan. [1, 6]

La desertificación se puede considerar como la degradación de las tierras en zonas áridas y semiáridas, y esto se da como resultado de una amplia variedad de factores, donde se puede incluir las variantes climáticas y la afectación por las actividades desarrolladas por las poblaciones que habitan en estas zonas. [11]. La desertificación de la tierra conduce a la disminución de la estructura del suelo y a su agregación, reduce la reserva total de carbono del suelo y genera emisión de CO₂ del suelo y la vegetación a la atmósfera, por tanto, impacta el ciclo global del carbono [12]. Se estima que la desertificación afecta aproximadamente 1.137 Billones de hectáreas (Bha) de suelos y 2.576 Bha adicionales de vegetación de pastizales en tierras secas de todo el mundo, con grandes pérdidas de carbono total por este proceso. [13].

Regiones áridas y semiáridas en Colombia

En Colombia, las zonas áridas y semiáridas se encuentran principalmente en la Guajira, en el litoral Caribe [18], algunas zonas del Cesar, Bolívar y Atlántico, como también se puede considerar una zona árida y semiárida la región de Santa Marta, en especial el sector oriental del Parque Nacional Natural de la Isla de Salamanca. En la zona central del país, hay presencia de sectores áridos en el cañón del Chicamocha, algunas zonas de Boyacá, y en la cordillera oriental en cercanías de Ocaña y Cúcuta. En el Magdalena alto, se encuentra el desierto de la Tatacoa. [1] (figura 1). Aunque algunas de estas zonas ofrecen recursos óptimos para la minería como lo son el carbón, la sal y el petróleo, los suelos de estas regiones también sufren procesos de degradación, como la erosión, la contaminación, pérdida desmedida de materia orgánica, la compactación del suelo, la salinización, y la desertificación. Según el IDEAM [14], en el 2017 un poco más del 35% del territorio nacional tiene algún grado de erosión que contribuye a la degradación de los suelos, y otro factor importante es la salinización de los suelos que se presenta en el 5% del territorio nacional.

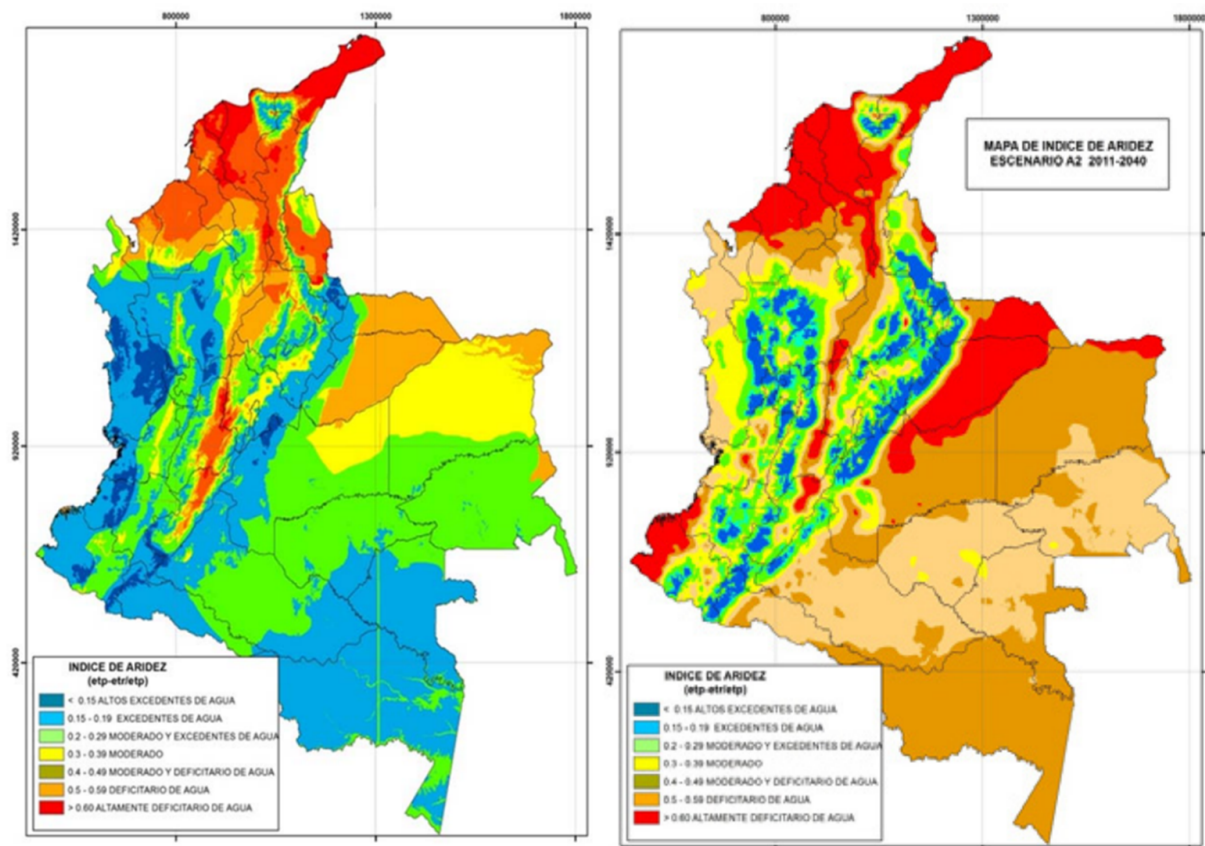


Figura 1. Distribución de las zonas áridas y semiáridas en Colombia, según estimaciones de Alarcón-Hincapié (2016) con el clima 1971–2000 (Izquierda). Índice de aridez en el escenario A2 para 2011-2040 (derecha) (Pabón-Alarcón 2016).

En el mapa las zonas áridas y semiáridas corresponden a los colores rojo y anaranjado.

A partir de estas distribuciones espaciales del índice de aridez en diferentes escenarios climáticos, se puede concluir que el cambio climático generará en los suelos Colombianos una ampliación de las zonas áridas y semiáridas. El Caribe Colombiano es una de las regiones que más se ve afectada por estos cambios, de igual manera zonas como la Orinoquía, la Amazonía, algunos sectores del Pacífico, la zona interandina Nariñense. En comparación con el periodo de 1971-2000 donde el avance de la extensión de las zonas áridas fue de un 3% el cual pasó a 14%-19% en el periodo de 2011-2040, se ve un avance demasiado marcado de las zonas áridas y semiáridas en todo el territorio Colombiano.

Islas de fertilidad:

En zonas áridas o semiáridas las islas de fertilidad, que también son denominadas islas fértiles o de recursos [7], son consideradas islas de intensidad biogeoquímica [8], y montículos fitogenéticos [9], que se forman debido al aporte potencial de nitrógeno de los arbustos cuando mueren, a la hojarasca y materia orgánica acumulada bajo el arbusto, y al nitrógeno disponible en la capa superficial del suelo [10]. [24] resaltaron el gran impacto de las islas de fertilidad como sitios donde se acumulan macro y micronutrientes en las zonas áridas y semiáridas, donde se destaca la importancia de la costra biológica del suelo como un componente que contribuye con la reforestación, esto con el propósito de generar, a largo plazo, algunas alternativas que ayuden a la restauración de estos suelos que presentan una alta erosión; concluyendo que las islas fértiles son zonas de vegetación que pueden llegar a promover la acumulación y absorción de los nutrientes. Entre los componentes de éstas se encuentran las costras biológicas del suelo (CBS), las cuales están compuestas de partículas del suelo mezcladas con bacterias, hongos, líquenes y musgos (comunidad de superficie del suelo) de una manera cohesiva que cubren la superficie del suelo y mantienen la fertilidad y estabilidad del suelo en ecosistemas desérticos infértiles severos [14], protegiéndolo de la erosión del viento, ayudan a nutrir el suelo con nutrientes esenciales (por ejemplo, nitrógeno, potasio y fósforo) y mejorar la capacidad de retención de agua [15].

Poblaciones microbianas y su papel en el suelo.

Los suelos son sistemas complejos, con muchos componentes que desempeñan diversas funciones principalmente debido a la actividad de los organismos del suelo, incluidas bacterias, hongos y nemátodos. La rehabilitación de suelos arenosos desertificados en regiones semiáridas y áridas tiene un gran potencial para aumentar la captura de carbono y mejorar la calidad del suelo. [3] La presencia de comunidades microbianas en las islas de recursos facilita la asimilación de nutrientes, fijan nitrógeno, suprimen patógenos y permiten la dispersión de minerales. Por su parte, las comunidades de artrópodos, descomponedores y herbívoros ubicadas bajo los arbustos contribuyen a mejorar las

condiciones del suelo y el flujo de nutrientes al utilizar las fuentes de alimento generados por la hojarasca [17].

Entre las poblaciones de microorganismos, las bacterias se encuentran en gran proporción en el suelo, con amplia capacidad metabólica que contribuyen a degradar componentes orgánicos [18]. Las bacterias pueden encontrarse en forma libre en el suelo, asociados a la rizosfera o haciendo simbiosis con la raíz, en esta última, permite la fijación de nitrógeno por las plantas y producir amoníaco como fuente importante de nitrógeno [19].

Por su parte, los hongos se encuentran entre los grupos taxonómicos más abundantes y diversos de la tierra, se estima unas 100.000 especies descritas, pero la existencia real de su diversidad puede estimarse 5,1 millones de especies [20]. En el suelo se propagan fácilmente y se considera que la mayoría de ellos tienen una distribución cosmopolita [21]. Son patógenos y simbiontes mutualistas de plantas y animales, y desempeñan funciones esenciales en los ecosistemas, como la formación del suelo, ciclo de nutrientes, interacciones bióticas y abióticas, y la supresión de enfermedades [22]. Los hongos prosperan en el suelo debido a su extraordinaria adaptabilidad y capacidad para adoptar una variedad de formas en respuesta a condiciones exigentes o desfavorables. Son capaces de descomponer varios tipos de moléculas orgánicas, degradar los componentes del suelo y, por lo tanto, mantener el equilibrio de carbono y nutrición debido a su capacidad para producir una amplia gama de enzimas extracelulares. La diversidad y actividades están influenciadas por una variedad de factores bióticos (plantas y otros animales) y abióticos (pH del suelo, humedad, salinidad, estructura y temperatura) [23]. En suelos desérticos los hongos pueden alcanzar altas proporciones entre los taxones aislados, los cuales están adaptados a altas temperaturas o concentraciones de sal [24]. La composición de las comunidades fúngicas existentes puede verse afectada por condiciones ambientales locales como, las características químicas y físicas del suelo [25].

Generalmente las raíces de los vegetales son colonizadas por una gran variedad de especies de hongos, tanto en su exterior como en su interior. Esta asociación entre el hongo filamentosos y la raíz de la planta se denomina "micorriza". Se puede identificar como micorriza a más de 6.000 clases de

hongos diferentes, que logran establecer relaciones con las raíces de las plantas. Se producen todo tipo de interdependencia y de especificidad, esto teniendo en cuenta que algunas especies de hongos sólo pueden generar una asociación con cierto tipo de plantas. En desiertos templados, los hongos micorrícicos son comunes, como también un número sorprendente de basidiomicetos descomponedores de madera muerta, o en interacción con cactus [26]. Algunos de los géneros más aislados de suelos y rizósfera de ambientes áridos, incluyen: *Aspergillus*, *Ceratobasidium*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Mucor*, *Alternaria*, *Ulocladium*, *Cladosporium*, *Myrothecium* y diversas especies de levaduras, los cuales pertenecen a taxones de Ascomycota, Basidiomycota, Zygomycota, Mortierellomycotina, Mucoromycotina, Chytridiomycota y Cryptomycota principalmente [26]

ENZIMAS: involucradas en degradación de materia orgánica.

El proceso de oxidación de la materia orgánica que se lleva a cabo por la microbiota, se realiza partiendo de procesos catalizados por enzimas extracelulares, que son producidas principalmente por bacterias, hongos, y otros organismos que están presentes en el suelo. [16].

Un indicador que se usa frecuentemente para la actividad microbiana del suelo es su actividad enzimática [28]. Los microorganismos permiten la disposición de los nutrientes mediante la acción de enzimas extracelulares que descomponen material vegetal principalmente a través de enzimas como peroxidasas, celulasas, hemicelulasas y glucosidasas. Además, muestran amplia actividad quitinasa, amilasa, proteasa, lipasa, peptinasas, entre otras [29]. Se ha logrado evidenciar una alta incidencia de la actividad de hidrolasas, oxidorreductasas, liasas y transferasas en el suelo, que pueden estar relacionadas potencialmente con los ciclos de la degradación del carbono (C), nitrógeno (N), fósforo (P) y azufre (S) [19].

Las distribuciones espaciales y temporales de los microorganismos en los suelos están relacionados con las características nutricionales y fisicoquímicas de su hábitat, tales como contenido de materia orgánica [20]. Específicamente, la actividad y diversidad de hongos en ecosistemas áridos y semiáridos están muy influenciados por la exposición a la temperatura óptima y la frecuencia e intensidad de las precipitaciones; incluso pequeños eventos de precipitación pueden influir en la productividad primaria, aumentando la entrada de carbono y, por lo tanto, la descomposición [21]. Los modelos de pronóstico del cambio climático sugieren que los ecosistemas áridos y semiáridos experimentaron aumentos de temperatura de 0,5 a 2°C [22], esto podría afectar la diversidad y función de las comunidades de hongos en suelos áridos y semiáridos, ya que la dependencia del agua sería más crítica en estos ecosistemas secos [23].

3. ANTECEDENTES

Las islas de fertilidad presentes en zonas áridas y semiáridas constituyen regiones donde existe mayor concentración de materia orgánica y su degradación por los microorganismos es fundamental para su mantenimiento. En 2008, [12] evaluaron acumulación de carbono orgánico total y el contenido de agua en islas de fertilidad bajo *Prosopis laevigata* y *Pachycereus hollianus* en una terraza preservada y una terraza degradada en Zapotitlán Salinas, México. Los resultados de este estudio indican que la materia orgánica del suelo se acumuló alrededor de plantas individuales de *P. laevigata* y *P. hollianus* en la terraza degradada, mientras que en la terraza preservada se distribuyó de manera más uniforme porque la vegetación forma una cubierta de suelo continua.

[24] resaltaron la importancia de las islas de fertilidad como sitios de acumulación de macro y micronutrientes en zonas áridas venezolanas, destacando la importancia de la costra biológica de suelo (CBS), para la fijación de nitrógeno y solubilización de fósforo, como componente de este arreglo de vegetación, con el propósito de generar, a largo plazo, alternativas de manejo para la restauración de zonas degradadas. En este estudio se tomaron muestras de suelos con presencia de costra biológica

(con vegetación) y suelo sin vegetación, en la depresión de Quíbor (pH 7,38) y en la Llanura de Coro (pH 6,58). En las áreas de parche las especies dominantes fueron *Prosopis juliflora* en Quíbor y *Jatropha curcas* en Coro. La mayor acumulación de nutrientes (nitrógeno, fósforo, potasio, cobre, manganeso y zinc) se encontró en la depresión de Quíbor asociado a mayor acumulación de materia orgánica, comparado a los CBS en la llanura de Coro.

Los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) crecen en el suelo y establecen interacción con la rizosfera de las plantas para proveer mayor cantidad de nutrientes y agua. [23], estudiaron la relación de siete especies de arbustos y sus poblaciones de HMA en una región semiárida en el sur de España. Los resultados mostraron diferencias en las comunidades de HMA en suelos debajo de arbustos y en los espacios entre ellos, mientras que no se detectaron diferencias entre las comunidades de HMA que colonizan raíces. El contenido de nutrientes influyó en las variaciones espaciales en la comunidad de HMA y la diversidad genética. La diversidad genética de HMA aumentó en suelos limitados por fósforo y con alto contenido de materia orgánica. Estos hallazgos muestran que diferentes especies de arbustos generan islas de fertilidad que difieren en el contenido de nutrientes y, por lo tanto, apoyan a diferentes comunidades de HMA, aumentando la diversidad de HMA a nivel del ecosistema.

[25]Evaluaron el papel y la importancia relativa de los atributos de la comunidad vegetal y microbiana, los rasgos funcionales de las plantas y las variables ambientales sobre la magnitud del efecto de isla fértil en las tierras secas de todo el mundo. Realizaron un estudio de campo estandarizado en 236 tierras secas de los cinco continentes. En cada sitio, midieron la composición, diversidad y cobertura de plantas perennes. Los efectos de las islas fértiles se estimaron en cada sitio comparando muestras compuestas de suelo obtenidas bajo el dosel de las plantas dominantes y en áreas abiertas desprovistas de vegetación continua. Para cada muestra, funciones relacionadas a los ciclos biogeoquímicos fueron medidas. Las islas más fértiles, con mayor número de funciones se encuentran en sitios de menor elevación con mayores valores de pH del suelo y contenido de arena en climas semiáridos, particularmente en lugares con presencia de especies leñosas altas. Los efectos positivos de la abundancia de hongos se asocian particularmente con un mayor contenido de

nutrientes y actividad microbiana (enzimas extracelulares del suelo) debajo de las copas de los árboles. Los resultados muestran que la formación de islas fértiles en las tierras secas globales depende en gran medida de: (1) las características climáticas, topográficas y edáficas locales, (2) la estructura y los rasgos de las comunidades vegetales locales y (3) las comunidades microbianas del suelo.

[26], evaluaron muestras de suelos de comunidades naturales en 365 sitios en todo el mundo, las cuales fueron evaluadas usando marcadores moleculares para el metagenoma de ADN. Sus resultados demostraron que los hongos tienen la capacidad de seguir patrones biogeográficos muy similares a los de las plantas y los animales, a excepción de algunos grupos taxonómicos que suelen ir en contra de los patrones mencionados anteriormente. Las clases más representativas en bosques secos tropicales fueron Agaricomycetes, Sordariomycetes, Eurotiomycetes y Dothideomycetes. A la vez concluyen que la riqueza fúngica puede estar influenciada por factores climáticos y los patrones espaciales, los cuales pueden llegar a ser los mejores predictores de la diversidad fúngica que se puede encontrar en el suelo.

En cuanto a las comunidades fúngicas en desiertos fríos del Himalaya, [27]; encontraron que en el desierto indio en el Himalaya, Ascomycota estaba representada por 92 géneros, como: *Gibberella*, *Trichocladium*, *Schizothecium*, *Ilyonectria*, *Rodentomyces*, entre otros, mientras que 22 géneros representaban a Basidiomycota, como: *Trichosporon*, *Tubaria*, *Naganishia*, *Conocybe*, *Tausonia*, *Rhodotorula*, *Vishniacozyma* y *Dioszegia*, entre otro. De igual manera [28], estudiaron la diversidad fúngica en el desierto de Atacama, donde se encontraron hongos de diferentes géneros como lo son *Alternaria*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Hypoxylon*, *Neosartorya*, y *Penicillium*.

4. METODOLOGÍA

4.1 TIPO DE INVESTIGACIÓN

Este trabajo está estructurado para realizar una investigación de tipo mixta, ya que esta permite combinar técnicas, métodos, aproximaciones y teoría científica para identificar la variabilidad taxonómica y funcional de hongos a través de metagenómica en isla de recursos y su influencia en los procesos de degradación de materia orgánica en un ambiente semiárido de la Guajira.

4.2 TIPO DE ESTUDIO

Estudio descriptivo retrospectivo.

4.3 POBLACIÓN Y MUESTRA

Se analizaron dos eventos de toma de muestras de suelo correspondientes al muestreo en temporada seca (julio de 2020) y temporada de lluvia (diciembre de 2020). Las muestras de suelo con vegetación (árbol nodriza), y sin vegetación fueron colectadas en estos dos eventos, y se utilizaron para medir parámetros fisicoquímicos y hacer el análisis metagenómico.

4.3.1 Población planta nodriza. Se censaron todos los árboles nodriza de las islas de recursos que estaban ubicadas en un recorrido de 300m en zigzag en el municipio de Uribia de La Guajira, principalmente en la Fundación Cerrejón (Figura 2). Basados en el censo se seleccionaron las tres especies más representativas de árboles nodriza:

1. *Phitecellobium dulce* (Torin)
2. *Prosopis juliflora* (Trupillo)
3. *Haematoxylum brasiletto* (Brasil)

4.3.2 Recolección de las muestras de suelo. Teniendo en cuenta las características más relevantes de las islas de fertilidad que estaban soportadas por cada árbol nodriza, se seleccionaron tres islas de recursos de cada especie de árbol nodriza. Se procedió a tomar muestras de suelo de cada árbol, realizando este proceso de manera integral para luego realizar el análisis fisicoquímico y metagenómico.

En cuanto a las muestras control, se tomaron muestras de suelo sin influencia de vegetación (árbol nodriza), en tres áreas cada una de 1,5 m de diámetro, estas muestras estaban cercanas a cada una de las islas de fertilidad que fueron muestreadas.

4.3.3 Muestra para análisis de metagenómica. De cada isla de fertilidad se procedió a realizar una recolección de 50 g de suelo, realizando la toma de muestras de aproximadamente 1 cm de profundidad, en puntos aleatorios en la zona donde se presenciara la influencia del árbol nodriza, teniendo en cuenta el espacio desde el tronco hasta el borde del dosel del árbol. Cada una de las muestras fueron mezcladas en un solo recipiente para lograr así que la muestra fuera integral de toda la isla de recursos.

4.3.4 Muestra para caracterización fisicoquímica de suelos. Se tomaron 1000 g de suelo en cada isla de fertilidad, cada una se realizó entre 2 a 5 cm de profundidad, teniendo en cuenta donde se tomaron las muestras para metagenómica. De cada una de las islas se buscó obtener una muestra que fuera integral para cada isla de fertilidad.

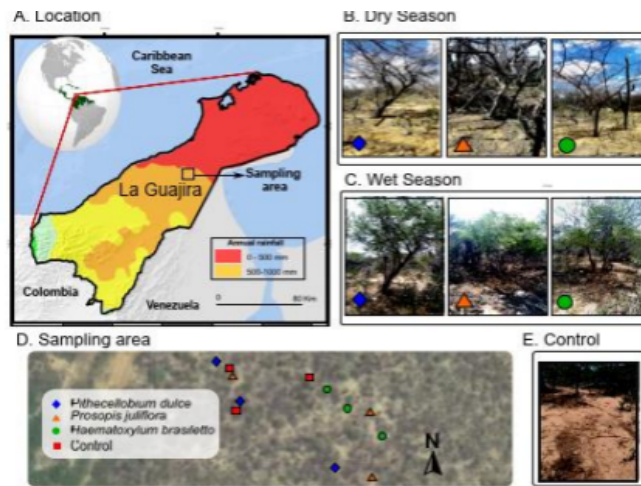


Figura 2. Mapa de ubicación de los sitios de recolección de suelo en islas de recursos y controles.

4.4 TÉCNICAS Y PROCEDIMIENTOS

4.4.1. Metagenoma

Las muestras de suelo para el metagenoma fueron procesadas por la empresa BGI en USA, la cual realizó la extracción de DNA metagenómico con el kit EZNA stool DNA (OmegaBio-tek, Norcross, GA) siguiendo el protocolo del fabricante. Las nanoesferas de ADN y la preparación de biblioteca se llevaron a cabo en BGI. Shenzhen y se secuenciaron con DNBSEQ-G400, según el protocolo preestablecido por el BGI.

Para cada muestra, la diversidad taxonómica fue determinada reconstruyendo integralmente los genes 18S rRNA, usando el software Phyloflash [29] clasificando las secuencias obtenidas con la base de datos SILVA v138 y cuantificando su frecuencia usando el software BbMap (<https://sourceforge.net/projects/bbmap/>).

La clasificación funcional se realizó con el programa DIAMOND v0.9.29.130 [30] usando alineamientos contra la base de datos de proteínas (nr) del NCBI. Los resultados fueron visualizados con el software MEGAN v6. [31].

Los códigos KO se exportaron y se procedieron a analizar con los softwares STAMP [32] Y Microbiome Analyst [33]. Luego de este análisis se lograron identificar los genes que estaban

asociados a la degradación de materia orgánica, teniendo en cuenta los pathways y orthology en KEGG. En cuanto a los recuentos OTU se realizó la normalización mediante el método de escala de suma total. Las abundancias presentaron diferencias estadísticas entre las abundancias de los genes degradadores de materia orgánica y la diversidad de hongos, que fueron evaluados por pruebas paramétricas con el software STAMP v.2.1.3. [32].

4. RESULTADOS

Caracterización fisicoquímica del suelo

Las propiedades fisicoquímicas del suelo definen funciones que proporcionan una variedad de servicios dentro de los ecosistemas. La diversidad y actividad bioquímica de los microorganismos está influenciada por estas propiedades que dependen en gran medida de los factores ambientales. Los resultados muestran que, en temporada seca, los valores de los parámetros fisicoquímicos fueron mayores que en temporada húmeda (tabla 1). La estacionalidad y la presencia de vegetación presentaron diferencias significativas en los parámetros fisicoquímicos (Tabla 1). En estacionalidad (seca-húmeda), el pH fue de 6.6 para ambos periodos, y se presentaron diferencias significativas de algunos parámetros como % arena, EC, OM, OC, P, TN, S, CEC, y microelementos siendo mayores en D frente a W, y en VD frente a CD. En temporada húmeda no se observaron diferencias significativas en las variables de vegetación frente al control (WV frente a WC). Comparando las muestras de vegetación en las 2 temporadas, se puede observar que hubo diferencia significativa con valores más altos en VD que VW.

Tabla 1. Relación de las diferencias significativas de los parámetros fisicoquímicos de suelos en islas de recursos de la Guajira.

	% Sand	% Clay	% Silt	pH	EC (dS/m)	OM (g/100g)	OC (g/100g)	P (A-mg/kg)	TN (g/100g)	S (A-mg/kg)
PorVar1	Sand	Clay	Silt	pH	EC	OM	OC	P	TN	S
D	65.06 (1.72) A	12.12 (1.41) A	22.83 (1.22) A	6.63 (0.12) A	0.35 (0.05) A	1.15 (0.21) A	0.67 (0.12) A	24.11 (2.86) A	0.14 (0.02) A	13.79 (1.97) A
W	70.21 (1.38) B	9.15 (1.19) A	20.64 (1.09) A	6.69 (0.13) A	0.09 (0.01) B	0.35 (0.05) B	0.2 (0.03) B	16.57 (2.35) B	0.06 (0.01) B	4.08 (0.72) B
P	0.014	0.083	0.067	0.718	0.000	0.000	0.021	0.021	0.000	0.000
VD	64.77 (2.28) A	13.9 (1.33) A	21.32 (1.26) A	6.53 (0.14) A	0.42 (0.05) A	1.41 (0.21) A	0.82 (0.12) A	26.34 (3.49) A	0.16 (0.02) A	16.78 (1.6) A
CD	65.9 (1.35) A	6.76 (1.8) AB	27.34 (0.64) A	6.94 (0.15) A	0.14 (0.02) B	0.38 (0.07) B	0.22 (0.04) B	17.42 (1.87) A	0.07 (0.01) B	4.82 (0.88) B
VW	70.76 (1.79) A	8.21 (1.38) B	21.03 (1.43) A	6.69 (0.15) A	0.09 (0.01) B	0.3 (0.05) B	0.17 (0.03) B	15.29 (3.01) A	0.07 (0.01) B	4.41 (0.93) B
CW	68.55 (1.21) A	11.99 (1.79) AB	19.46 (0.67) A	6.68 (0.35) A	0.09 (0.01) B	0.5 (0.01) B	0.29 (0.01) B	20.4 (1.62) A	0.05 (0.01) B	3.08 (0.62) B
P	0.172	0.016	0.060	0.571	0.000	0.000	0.000	0.092	0.000	0.000

	CEC (cmol(+)/kg)	B (A-mg/kg)	Ca (A-cmol(+)/kg)	Mg (A-cmol(+)/kg)	K (A-cmol(+)/kg)	Fe (A-mg/kg)	Mn (A-mg/kg)	Zn (A-mg/kg)
PorVar1	CEC	B	Ca	Mg	K	Fe	Mn	Zn
D	6.56 (0.95) A	0.81 (0.12) A	4.94 (0.78) A	1.12 (0.14) A	0.42 (0.05) A	38.59 (7.52) A	17.41 (2.27) A	1.63 (0.19) A
W	3.92 (0.37) B	0.12 (0.02) B	2.86 (0.25) B	0.8 (0.12) B	0.21 (0.02) B	21.35 (6.64) A	2.5 (0.55) B	1.15 (0.07) B
P	0.006	0.000	0.007	0.048	0.001	0.056	0.000	0.016
VD	7.63 (1.02) A	0.96 (0.13) A	5.79 (0.85) A	1.27 (0.15) A	0.47 (0.05) A	47.91 (7.75) B	20.6 (2.09) A	1.84 (0.22) A
CD	3.36 (0.6) B	0.34 (0.08) B	2.39 (0.58) B	0.66 (0.03) AB	0.27 (0.03) AB	10.64 (1.18) A	7.84 (0.3) B	1 (0) B
VW	3.66 (0.25) B	0.12 (0.02) B	2.76 (0.19) B	0.66 (0.08) B	0.19 (0.02) B	23.62 (8.76) A	2.25 (0.33) B	1.2 (0.08) B
CW	4.7 (1.33) AB	0.14 (0.04) B	3.16 (0.93) AB	1.19 (0.35) AB	0.28 (0.05) AB	14.56 (4.43) A	3.28 (2.21) B	1.01 (0.01) B
P	0.004	0.000	0.006	0.009	0.001	0.038	0.000	0.008

A-(mg/kg): disponible; A-(cmol+)/kg): disponible; Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda. P y celda color rosa: diferencia significativa $p < 0.05$. Las letras A,B: indican diferencias significativas entre tratamiento y el error estándar entre paréntesis. %Sand: arena. % clay: arcilla; % silt: limo; suelo; EC: electrical conductivity, OM: materia orgánica; OC: organic carbon, TN: total nitrógeno, P: disponibilidad de fósforo; TN: nitrógeno total; S: disponibilidad de azufre; CEC: capacidad de intercambio catiónico efectivo ; B, Ca, Mg, K, Fe, Mn y ZN: disponibilidad de boro, calcio, magnesio, potasio, hierro, manganeso y zinc.

Diversidad y composición taxonómica de hongos

El análisis metagenómico demostró diferente proporción de representación de los microorganismos en suelos de islas de recursos. Se pudo observar que el 95.35% de los microorganismos corresponde a bacterias, las arqueobacterias 0,54% y las eucariotas 2,11%. En el reino de los hongos se detectaron 8 filos, cuyas mayores abundancias estuvieron representados en Ascomycota (63.56%) y Basidiomycota (22.07%), seguido de Glomeromycotina (2.12%), Mucoromycotina (2.12%), Mortierellomycotina (1.86%), Entomophthoromycotina (1.06%), Zoopagomycotina (0.53%), Kickxellomycotina (0.26%), y 6.42 secuencias no clasificadas (Figura 3).

Se observó que el filo Entomophthoromycotina predomina en temporada húmeda con diferencia significativa a la temporada seca. En la comparación Vegetación y no vegetación (control), los filos Basidiomycota y Zoopagomycotina estuvieron representados en las muestras control CD y CW, mientras Ascomycota en vegetación VD y VW. Para la temporada seca, el filo Basidiomycota se encontró en mayor abundancia en los árboles (VD), que en el control (CD). En la temporada húmeda

el filo Entomophthoromycotina fue más abundante en vegetación, mientras que Zoopagomycotina en el control de la temporada (suelo sin vegetación) (figura 3).

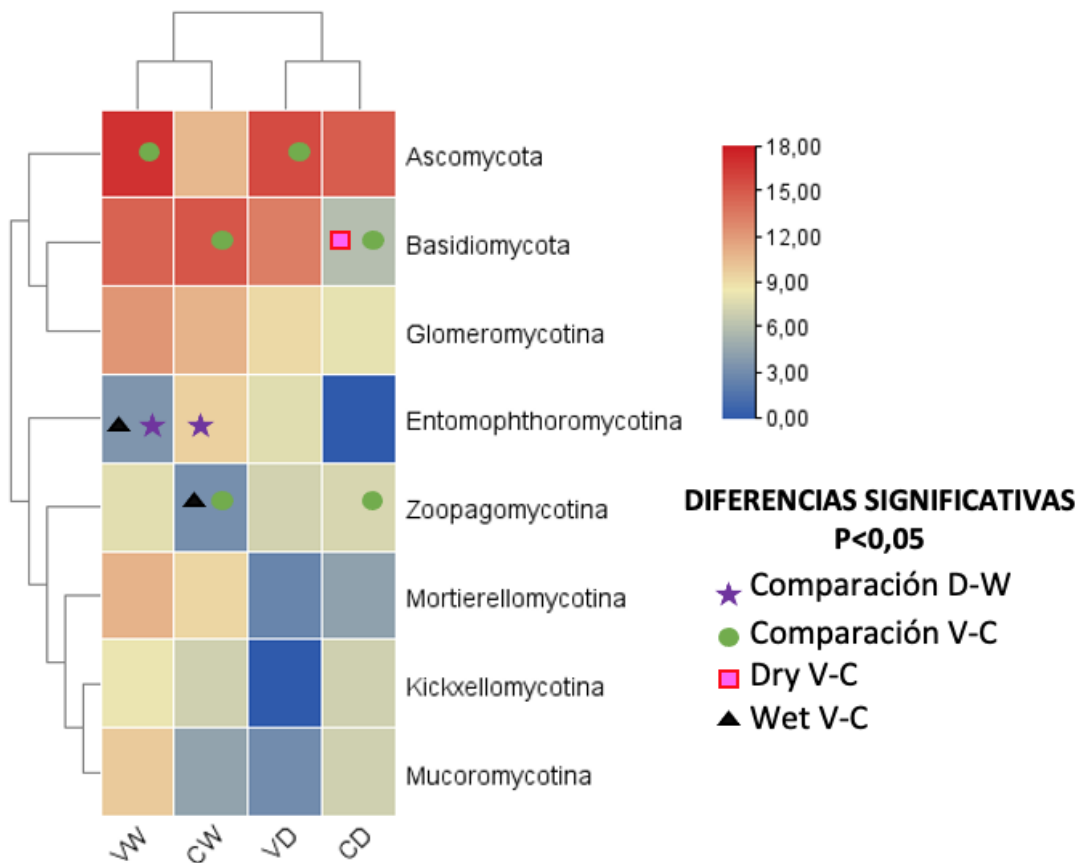


Figura 3. Abundancia relativa a nivel de Fila en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

Se detectaron 25 clases de hongos con abundancia de Sordariomycetes, Dothideomycetes, Agaricomycetes, Pezizomycetes, Eurotiomycetes, Tremellomycetes, Chytridiomycetes y Saccharomycetes (figura 4).

Entre W y D, se observó que la clase Leotiomyces predomina en temporada húmeda con diferencia significativa a la temporada seca. En la comparación Vegetación y no vegetación (control), las clases Dothideomycetes, Sordariomycetes y Orbiliomycetes estuvieron representados en vegetación de las dos temporadas, mientras Chytridiomycetes en las muestras control CD y CW. Para la temporada seca, las clases Dothideomycetes y Sordariomycetes se encontraron en mayor abundancia en los árboles (VD), y la clase Chytridiomycetes en el control (CD). En la comparación de temporada húmeda las clases Saccharomycetes, Blastocladiomycetes, Lecanoromycetes y Orbiliomycetes fueron más abundantes en vegetación (VW). (figura 4).

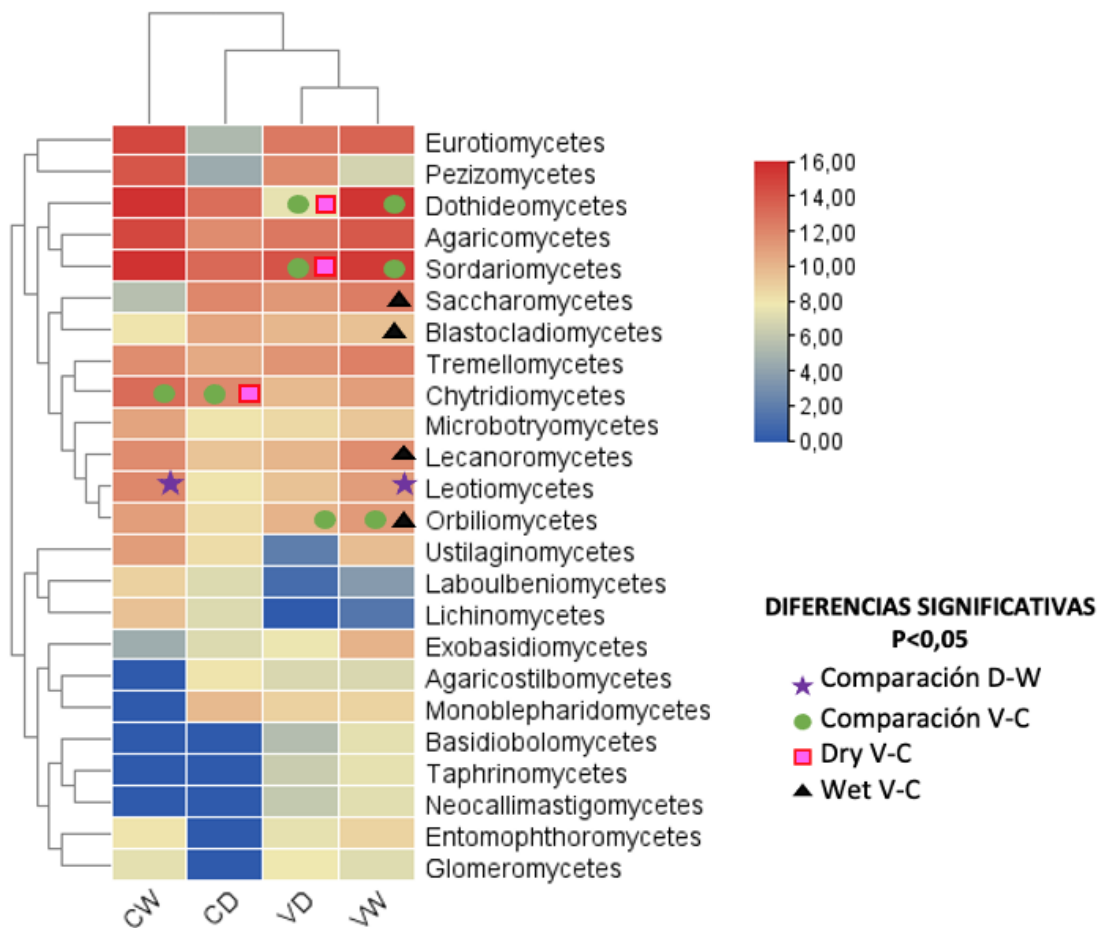


Figura 4. Abundancia relativa a nivel de clase en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

A nivel de orden se identificaron 62 órdenes de hongos con abundancia de Pleosporales, Cantharellales, Coniochaetales, Agaricales, Sordiales, Diaporthales, Onygenales, Hypocreales, Chaetothyriales, Eurotiales, Pezizales, Sporidiobolales, entre otros. (figura 5).

Entre W y D, se observó que los órdenes Helotiales, Teloschistales, Calosphaeriales e Hymenochaetales predominan en temporada húmeda con diferencia significativa a la temporada seca. En la comparación Vegetación y no vegetación (control), los órdenes Pleosporales, Orbiliales, Trichosporonales y Umbilicariales estuvieron representados en vegetación de ambas temporadas. Para la temporada seca, los órdenes Pleosporales, Orbiliales y Trichosporonales se encontraron en mayor abundancia en los árboles (VD). En la temporada húmeda los órdenes Pleosporales, Sordariales, Dothideales, Tubeufiales, Blastocladales, Lecanorales, Orbiliales, Trichosporonales, Saccharomycetales, entre otros fueron más abundantes en vegetación (VW). (Figura 5).

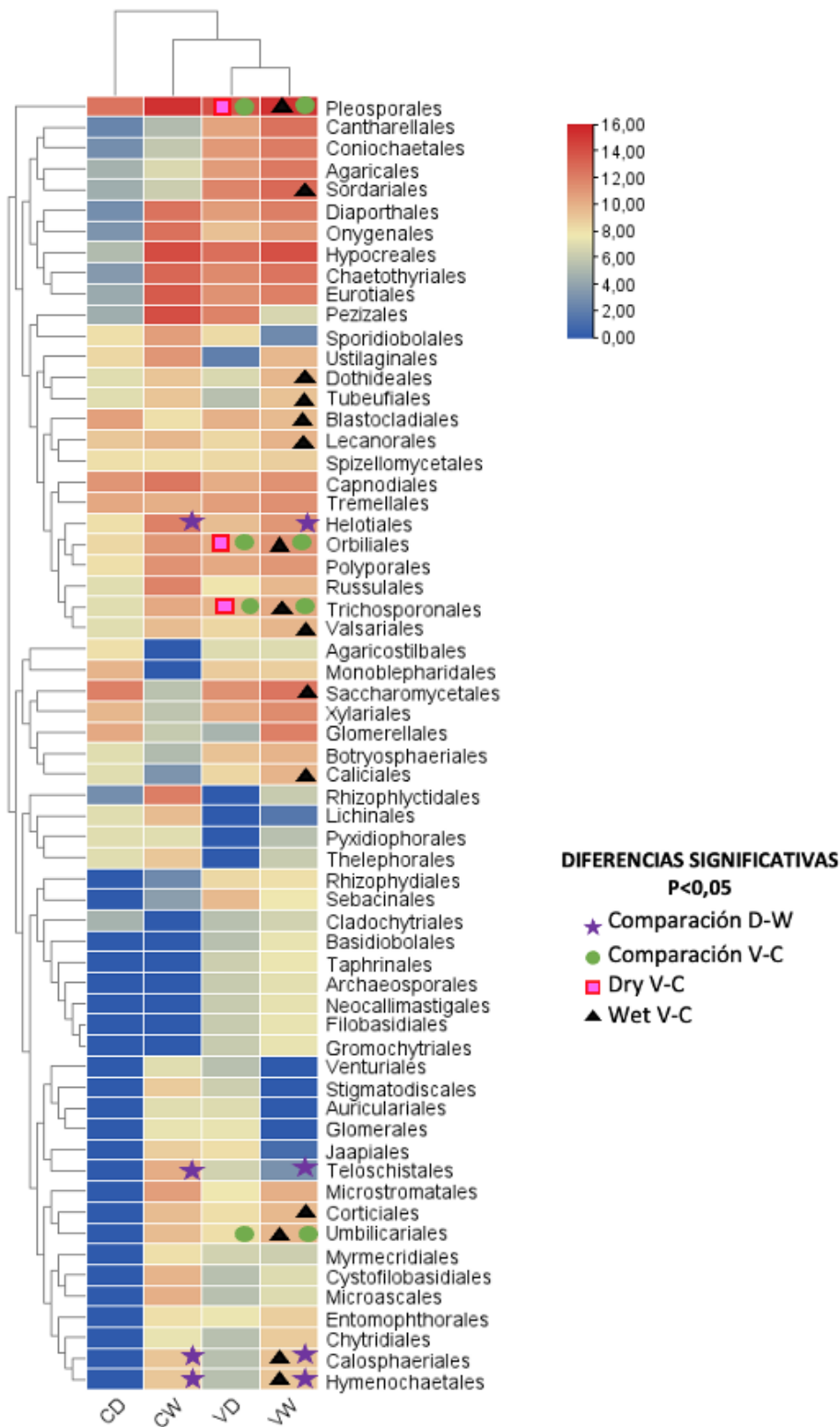
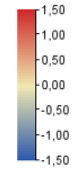
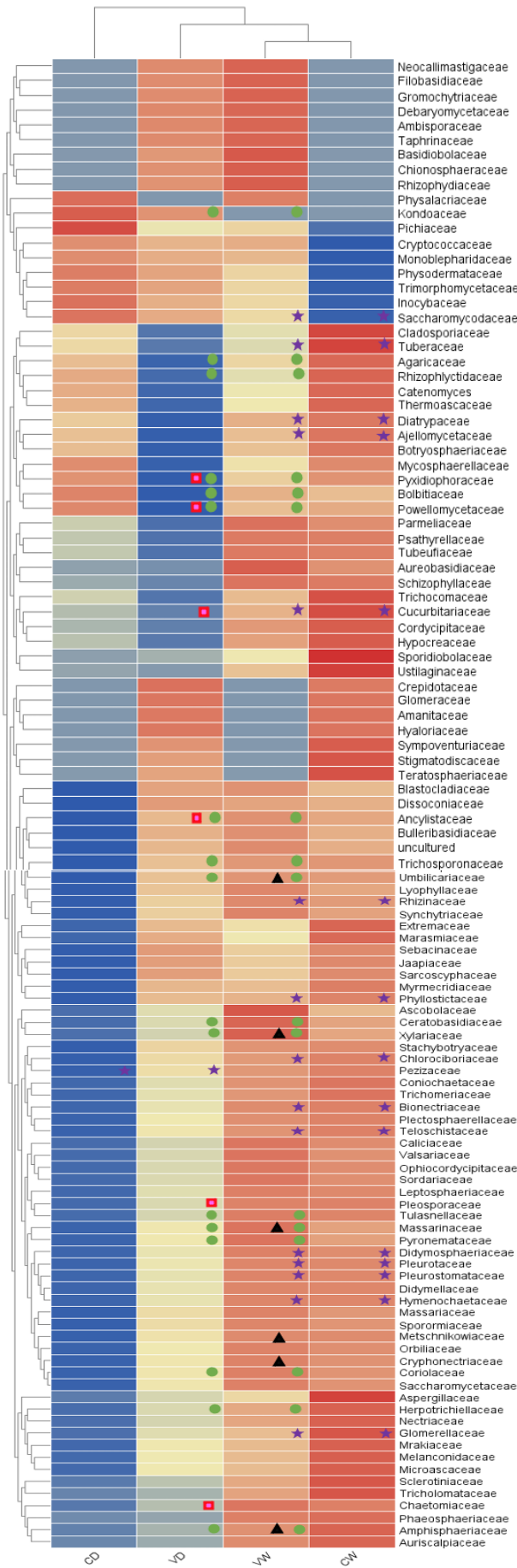


Figura 5. Abundancia relativa a nivel de orden en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

A nivel de familia, se registraron 111, siendo los más abundantes: Chaetomiaceae, Leptosphaeriaceae, Pleosporaceae, Cryphonectriaceae, Metschnikowiaceae, Didymosphaeriaceae, Herpotrichiellaceae, Trichomeriaceae, Plectosphaerellaceae, Nectriaceae, Aspergillaceae, Coniochaetaceae, Ophiocordycipitaceae, Ceratobasidiaceae, Orbiliaceae, Pezizaceae, Stachybotryaceae (figura 6).

Entre W y D, se observó que 16 familias presentaron mayor abundancia en temporada húmeda con diferencia significativa a la temporada seca, algunas de ellas incluyen Tuberaceae, Diatrypaceae, Ajellomycetaceae, Cucurbitariaceae, Pleurotaceae, Glomerellaceae entre otras. La familia Pezizaceae predominó en temporada seca. En la comparación Vegetación y no vegetación (control), 16 familias presentaron mayor abundancia con diferencia significativa en vegetación frente al control (CD-CW). Para la temporada seca, las familias Pyxidiophoraceae, Powellomycetaceae, Cucurbitariaceae, Ancylistaceae y Pleosporaceae se encontraron en mayor abundancia en los árboles (VD). En la temporada húmeda las familias Umibilicariaceae, Xylariaceae, Massarinaceae, Metschnikowiaceae, Cryphonectriaceae y Amphisphaeriaceae fueron más abundantes en vegetación (VW). (Figura 6).



**DIFERENCIAS SIGNIFICATIVAS
P<0,05**

- ★ Comparación D-W
- Comparación V-C
- Dry V-C
- ▲ Wet V-C

Figura 6. Abundancia relativa a nivel de familia en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

A nivel de género (figura 7), los de mayor abundancia fueron *Corynespora*, *Mortierella*, *Phoma* sp, *Synchytrium*, *Mucor*, *Glomus*, *Chamaeota*, *Fomitopsis*.

Entre W y D, se observó que 5 géneros *Rhizophydium*, *Rhizophlyctis*, *Sporopachydermia*, *Rozella* y *Rhizophagus* predominan en temporada húmeda con diferencia significativa a la temporada seca. En la comparación Vegetación y no vegetación (control), los géneros *Entophlyctis* y *Diversispora* estuvieron representados en vegetación VD y VW. Para la temporada seca, los géneros *Physoderma*, *Ramicandelaber* y *Rhizophagus* se encontraron en mayor abundancia en los árboles (VD) (Figura 7).

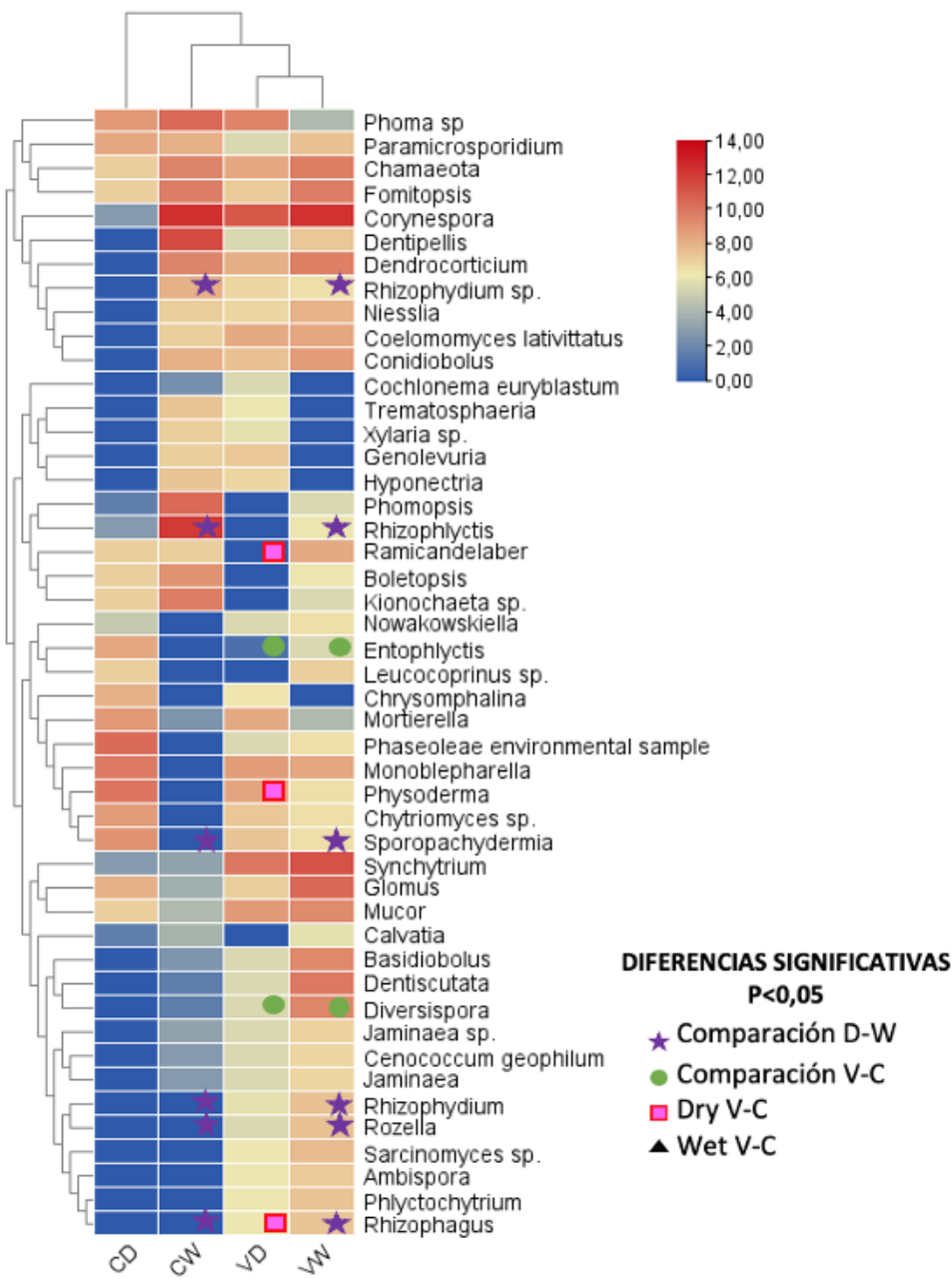


Figura 7. Abundancia relativa a nivel de género en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

IDENTIFICACIÓN DE GENES DEGRADADORES DE MATERIA ORGÁNICA

La degradación de materia orgánica es realizada principalmente por microorganismos del suelo, a través de la producción de diferentes enzimas, las cuales son codificadas por genes específicos. El análisis permite evidenciar que sin importar la temporada (seca - húmeda), 9 vías de metabolismo de materia orgánica fueron predominantes (figura 8). También se puede observar que existe una similitud en estas rutas metabólicas en el suelo con vegetación y sin vegetación. La degradación de materia orgánica mediante el metabolismo de compuestos carbonados puede estar dirigida a estructuras de difícil degradación como la celulosa, hemicelulosa y lignina, pero también involucra vías del metabolismo de aminoácidos, lípidos, cofactores, vitaminas, ácidos nucleicos, xenobióticos y metabolitos secundarios.

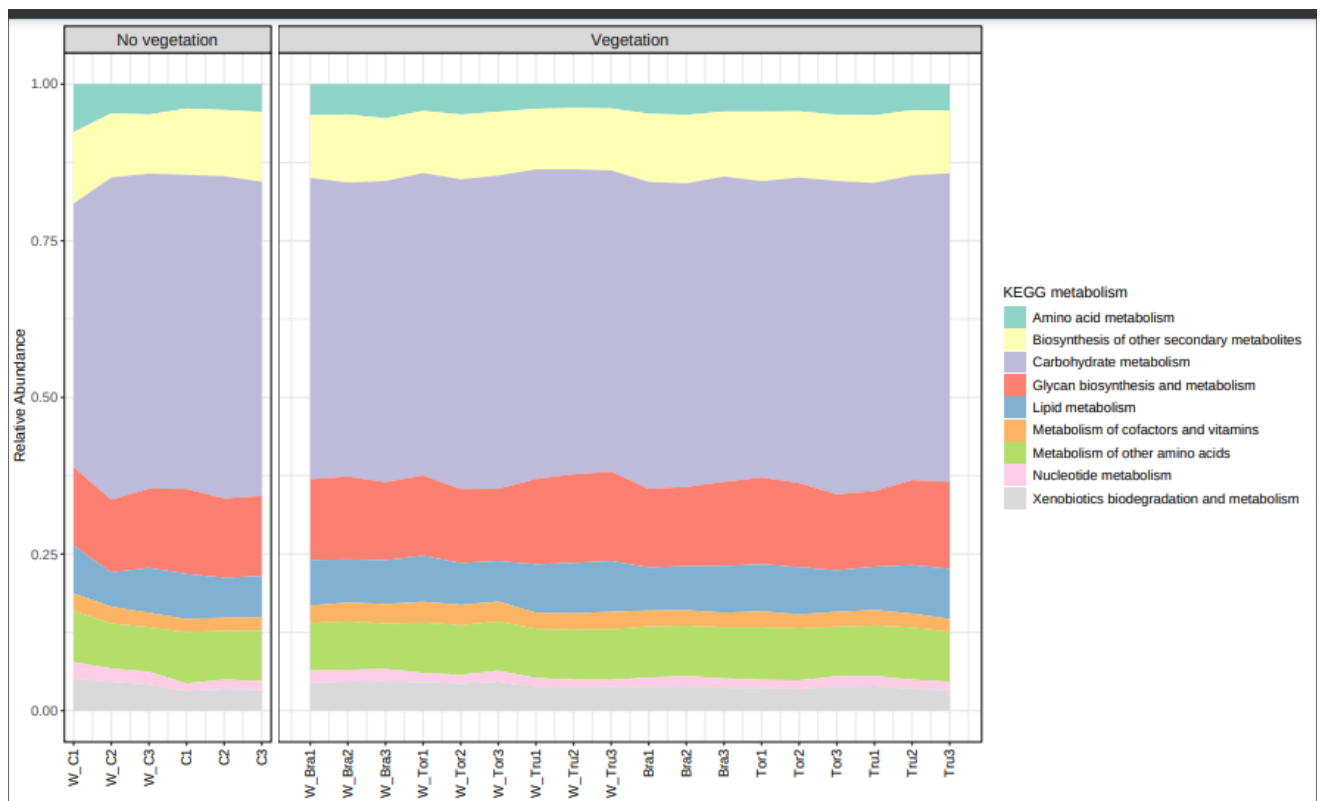


Figura 8. Rutas metabólicas involucradas en la degradación de materia orgánica. C y WC representan controles en temporada seca y húmeda (W). Bra, Tor y Tru: árboles (temporada seca) W-Bra, W-Tor y W-Tur: árboles (temporada húmeda).

En el análisis del metagenoma de islas de fertilidad se identificaron 260 genes que podrían estar involucrados en la degradación de materia orgánica, en la comparación de las dos temporadas. De estos 260 genes se realizó una exclusión de 160 genes que tenían baja abundancia según la prevalencia en el metagenoma; Se excluyeron de igual manera 30 genes que presentaban una baja varianza según el Iqr (rango intercuartílico). Finalmente se seleccionaron 70 genes de acuerdo a lo mencionado anteriormente que están registrados en una tabla con su correspondiente código KEGG, nombre de la enzima y abundancia (ver anexo A).

El análisis de los genes en ambas temporadas mostró que para la temporada seca la abundancia de genes se presentó en vegetación, frente al control (figura 9). En mayor proporción estuvieron genes relacionados con la actividad Glicosil-hidrolasas en más del 60%, los cuales incluyen (beta-glucosidasas, endoglucanasas, xilosidasas, celulasas, alfa-arabinofuranosidasa, alfa-fucosidasa, galactosidasa, ramnogalactosidasa), las cuales juegan un papel importante en la degradación de materia orgánica vegetal, por lo tanto influyen de manera significativa en el ciclo del carbono. En menor proporción pero con mayor nivel de abundancia algunos genes de enzimas oxidoreductasas, trehalasas, glucosilceramidasa, nucleasas y peptidil-prolil-isomerasa.

En temporada húmeda con vegetación los genes que presentaron mayor abundancia estuvieron relacionados a enzimas con actividad fosfatasas, quitinasas, glucano y carboxil transferasas, fosforilasas, glucosidasas, isoamilasas, sintasas, entre otras. En el control (suelo sin vegetación-WC) para esta temporada, las mayores abundancias estuvieron relacionadas a genes con actividad pullulanasa, fosfatasa alcalina, glucosil-ceramidasa-alfa-trehalasa y alfa-glucosidasa (figura 9).

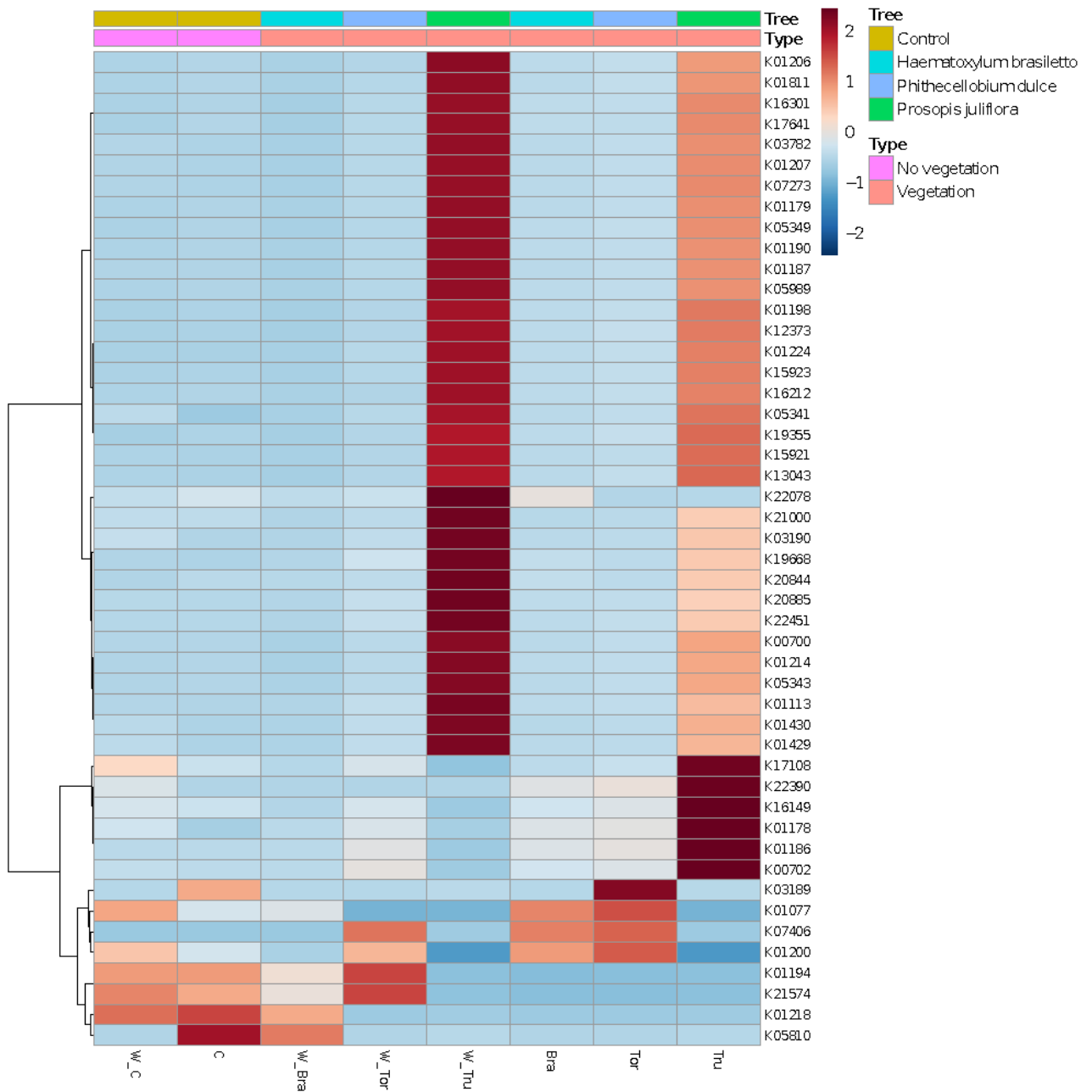


Figura 9. Genes involucrados en la degradación de materia orgánica. C y WC representan controles en temporada seca y húmeda (W). Bra, Tor y Tru: árboles (temporada seca) WBra, WTor y WTur: árboles (temporada húmeda).

6. DISCUSIÓN.

El suelo actúa como un reservorio de diversos organismos, los cuales cumplen funciones importantes para mantener la estructura, fertilidad y producción del suelo. Las condiciones de los suelos áridos y semiáridos, hacen estos ambientes complicados para la creación de costras terrestres o parches de vegetación, que influyen directamente sobre la riqueza y diversidad de los microorganismos, en especial los hongos los cuales hacen parte de la microbiota del suelo y su diversidad y actividad está influenciada por la estacionalidad y otros factores bióticos y abióticos. La comprensión de la diversidad de hongos en suelos áridos de la Guajira Colombiana y su papel en islas de recurso relacionados a la degradación de materia orgánica influenciados por la estacionalidad, es un importante aporte de este trabajo.

El presente estudio se enfocó en los hongos debido a su importancia ya que que participan en varios rutas biogeoquímicas de la tierra, como son la degradación de la materia orgánica, la participación en el ciclo del carbón, fósforo y la degradación de productos tóxicos [34]. Los resultados obtenidos del metagenoma demuestran una amplia diversidad de hongos pertenecientes al subreino Dikarya, siendo la mayoría asignados al filo Ascomycota (63.56%), y Basidiomycota (22.07%). La abundancia de hongos de los filo Ascomycota y Basidiomycota se correlaciona con los hallazgos obtenidos por [35], quienes encontraron abundancia de estos filos (Ascomycota 50-90%) en suelos con presencia de vegetación y no vegetación, en desiertos de California y Arabia Saudita. Se detectaron 25 clases de hongos con abundancia de Sordariomycetes, Dothideomycetes, Agaricomycetes, Leotiomycetes, entre otros. En la comparación Vegetación y no vegetación (control), las clases Dothideomycetes, Sordariomycetes y Orbiliomycetes estuvieron representados en vegetación de las dos temporadas, mientras Chytridiomycetes en las muestras control CD y CW. Se considera común encontrar la clase Dothideomycetes en análisis de diversidad y abundancia de hongos en muestras ambientales, dado que esta representa la clase más grande y diversa del filo Ascomycota con más de 1300 géneros y más de 19,000 especies conocidas, dentro de las cuales se encuentran hongos saprobios, los cuales se caracterizan por degradar materia orgánica de hojarasca, sedimentos, humus y residuos de vegetación

en descomposición, además de líquenes, así como patógenos de plantas [36]. Por otro lado la clase Sordariomycetes es otra de las clases más diversas del filo Ascomycota; ésta incluye poco más de 600 géneros y 3000 especies conocidas, e incluye a la mayoría de los Ascomycota no liquenizados [37]. Los Chytridiomycetes representan una de las clases reportadas con menor abundancia (<1%) en estudios de suelos de estos ambientes. La heterogeneidad de la distribución espacial de las poblaciones está determinada por la composición de la materia orgánica del suelo, árbol huésped, estacionalidad, entre otros factores ambientales.

A nivel de orden se identificaron 62 órdenes de hongos con abundancia de Pleosporales, Cantharellales, Coniochaetales, Agaricales, Sordiales, Saccharomycetales, Hypocreales, entre otros. El orden Pleosporales fue uno de los órdenes más abundantes, este es el orden más grande en la clase de hongos Dothideomycetes. Se estima que contiene 23 familias, 332 géneros y más de 4700 especies. La mayoría de las especies son saprótrofos sobre el material vegetal en descomposición en ambientes terrestres. Algunas especies de Pleosporales se presentan como líquenes y hongos que habitan en ambientes áridos y en las rocas [38].

A nivel de familia, las mayores abundancias se presentaron en vegetación para las dos temporadas, siendo las más dominantes Cladosporiaceae, Tuberaceae, Amphisphaeriaceae, Sporidiobolaceae, Ustilaginaceae, Aspergillaceae, Glomerellaceae, Xylariaceae, Ceratobasidaceae, Nectriaceae, entre otro. Estos resultados se correlacionan con lo mostrado por otras investigaciones donde algunas de estas familias fueron identificadas a partir de rizosfera de árboles de desierto mediante estudios metagenómicos Lang-Yona et al. 2018. La diversidad de hongos es directamente proporcional a la diversidad de plantas.

A nivel de género se pudo observar que *Corynespora*, *Synchytrium*, *Glomus* y *Mucor*, tuvieron mayor abundancia en vegetación de las 2 temporadas, aunque no hayan mostrado diferencia significativa entre la estacionalidad, como sí tuvieron los géneros *Rhizophydium*, *Rizhophlyctis*, *Sporopachydemia*, *Rozella* y *Rhizophagus* entre temporada húmeda y seca. *Corynespora*, fue la más abundante de todos los géneros, tanto en vegetación como en control (temporada húmeda sin

vegetación), es miembro del filo Ascomycota [39]. Mucor es uno de los géneros que presentó mayor abundancia en la temporada seca, este género ha sido reportado habitando ambientes extremos y con diferentes grados de contaminación [40]. Los géneros descritos en este trabajo pertenecen a algunas de las clases Sordariomycetes, Dothideomycetes, Chytridiomycetes, Glomeromycetes y Basidiobolomycetes que han sido reportadas en otros estudios a partir de muestras de suelos o rizosfera de ambientes áridos de desiertos, en los cuales han predominado especies como Aspergillus, penicillium, Fusarium, Ceratobasidium, Ophiocordyceps, Purpureocillium, Chaetomium, Madurella [39] [40]. La presencia de estos géneros en desierto de la Guajira podría estar relacionada a la composición del suelo y las especies de árboles que habitan esta región, por lo que tendría una gran importancia en el ciclaje de nutrientes en las islas de recursos y en suelos desprovistos de vegetación de los ecosistemas áridos de nuestra región del país.

Las características estacionales y condiciones químicas del suelo en la Guajira, podrían favorecer el desarrollo de hongos tanto en abundancia como en diversidad, como se mencionó para los géneros. Los resultados claramente indican diferencias entre muestras, pero estas diferencias se presentaron de forma estacional (temporada húmeda y temporada seca). Los valores más altos en las variables fisicoquímicas del suelo prevalecieron en temporada seca con vegetación y sin vegetación con diferencias para EC, MO, CO y la mayoría de los micronutrientes, frente a WV. Lo cual puede correlacionarse a una baja utilización de la materia orgánica por la diversidad fúngica, ya que las mayores abundancias y diferencias significativas de los principales géneros estuvieron representados en la temporada húmeda, tanto control como vegetación, lo cual puede indicar una mayor degradación de la materia orgánica bajo el dosel de los árboles nodriza, influenciada por humedad del suelo.

Los genes de las Glicosil-hidrolasas con función principal sobre celulosa y hemicelulosa fueron los más abundantes relacionados al metabolismo de materia orgánica, principalmente en la temporada seca (ver anexo A), las cuales han sido relacionadas con esta actividad en la naturaleza [41]. Los hongos en particular son los organismos predominantemente responsables para la degradación del material vegetal en descomposición, y los más eficientes en este grupo son los basidiomicetos, por su

capacidad para mineralizar la lignina (llevar hasta CO_2 y H_2O) y degradar la hemicelulosa y celulosa. En una menor proporción se identificaron genes como oxidoreductasas con función importante en la transferencia de electrones en reacciones de oxidorreducción de compuestos intermediarios en las rutas metabólicas. Las trehalasas han sido identificadas con amplia ocurrencia en hongos como *Trichoderma reesei*, estas enzimas se unen generalmente a la célula y están asociadas con la digestión de las reservas de trehalosa proporcionadas por las plantas. La nucleasa S1, parece tener un papel fundamental en la transformación de hifas en micelio aéreo y conidios en condiciones ambientales estresantes [42]. Aunque el papel de las glucosilceramidasa no es claro, se han identificado proteínas relacionadas como endoglicoceramidasa en bases de datos genómicas fúngicas, y al parecer pueden tener un papel en procesos de patogenicidad [43], que pudiera estar relacionado a la competencia y ataque a algunos patógenos en el suelo. Finalmente las peptidil-prolil-isomerasas están implicadas en el crecimiento, la conidiación y la formación de esclerocios (estado de dormancia), lo cual ha sido demostrado en *Aspergillus flavus* [44], y podría corresponder con los procesos de crecimiento y desarrollo de los hongos en el suelo, o permanecer en estado de dormancia hasta que las condiciones sean apropiadas para el desarrollo del micelio.

En temporada húmeda con vegetación los genes que presentaron mayor abundancia estuvieron relacionados a enzimas con actividad de fosfatasas. Algunos hongos producen lacasas que son enzimas que pertenecen a la familia multicobre oxidasas. Estas enzimas se han identificado por tener la capacidad de degradar la lignina, un componente que es estructural en las paredes vegetales. [45], por lo que su abundancia en temporada húmeda con vegetación indica alta actividad de material vegetal bajo el dosel especialmente en el árbol nodriza trupillo.

En cuanto a la presencia de genes relacionados con la degradación de materia orgánica en la temporada seca se encuentra que la mayor abundancia de estos genes se presentó en el suelo tratado con el árbol trupillo, los genes que se resaltaron en su mayoría tienen actividad de glicosidasas y algunas fosforilasas. Bien se sabe que las fosforilasas son enzimas que catalizan la adición de fosfato que proviene de un fosfato orgánico a un receptor, las fosfatasas son hidrolasas que remueven grupos

fosfonato de un sustrato utilizando agua, contribuyendo así en el metabolismo de la materia orgánica. [46]

En el suelo tratado con los árboles Brasil y Torín se evidenció mayor presencia de genes como fosfatasa y galactosidasas que están relacionados en la degradación de la materia orgánica. Esto se puede relacionar con la presencia recalcada de hongos de géneros como *Aspergillus*, *Corynespora*, *Mucor* y *Synchytrium*; en los cuales se ha descrito la producción de estas enzimas [44]. Si se compara la presencia de estos hongos en el suelo sin tratamiento alguno con árboles y el suelo que si tenía presencia de vegetación se puede observar que en suelo control están presentes genes con función de glucosidasas y trealasa.

En la temporada húmeda se puede observar que de igual manera que en la temporada seca se presentó mayor abundancia de genes en el suelo tratado con el árbol trupillo, en el cual se encontraron genes con actividades como las glucosidasas, galactosidasas y fosforilasas. En suelos tratados con los árboles Torín y Brasil tienen mayor presencia de genes con actividad de amilasas. En cuanto al suelo tomado como control de igual manera tiene presencia de genes con la actividad enzimática mencionada anteriormente. Esta abundancia de las amilasas puede estar relacionada con la presencia de hongos de los géneros *Mucor*, *Rhizophagus*, *Aspergillus*, *Corynespora* y *Glomus*, que se ha relacionado fuertemente con la producción de estas amilasas. [47].

En la caracterización fisicoquímica del suelo encontramos que las diferencias en cuanto a las estaciones climáticas y la abundancia de vegetación presentaron diferencias significativas en los parámetros fisicoquímicos (Tabla 1). En estacionalidad se evidenciaron diferencias significativas en 14 parámetros como *Sand* (arena), EC, OM, OC, P, TN, S, CEC, y microelementos. La época seca presentó incrementos significativos en las variables mencionadas frente a la época húmeda, para esta época las islas de fertilidad tuvieron concentraciones significativamente mayores que los controles sin vegetación para *clay* (*Arcilla*) EC, OM, OC, P, TN, S, CEC, y algunos microelementos. Mientras en la temporada húmeda, la mayoría de las variables no presentaron diferencias significativas entre las islas

y el control sin vegetación, excepto para *clay* (arcilla), CEC y disponibilidad de microelementos como Ca, Mg y K.

7. CONCLUSIONES

Los resultados de este trabajo determinan la biodiversidad de hongos en suelo desértico y su posible papel en la degradación de materia orgánica en estos suelos. La abundancia de hongos y de genes de degradación de materia orgánica fue influenciada por cambios en la humedad o sequía del suelo y por la presencia o ausencia de una costra biológica.

La abundancia de hongos fue mayor en el suelo con vegetación en la temporada húmeda, lo que demuestra la relación que se tiene con el factor estacional, ya que en mayor concentración de humedad mayor será la presencia de estos.

Durante la temporada seca, predominó el filo Ascomycota en muestras de suelo con vegetación y control, aunque la dominancia de clases de hongos Basidiomycota durante la sequía podría deberse a la disminución de hongos Ascomycota cuyo desarrollo no es favorable en condiciones de altas temperaturas y poca humedad, pero durante la temporada húmeda, cuando ocurre un aumento en la humedad y una disminución en la temperatura, su abundancia aumenta.

Las principales rutas asociadas a la degradación de materia orgánica fueron las Glicosil-hidrolasas. Estas abundancias se vieron incrementadas en suelos con vegetación y en temporada seca donde se presentaron las mayores concentraciones de nutrientes y por lo tanto una mayor competencia por fuentes de energía.

8. BIBLIOGRAFÍA

- [1]Campos, Claudia M., and M. DE PEDRO. "La vida en las zonas áridas." *El desierto mendocino*. Mendoza. Zeta Editores (2001).
- [2]Leung PM, B. S. (2020). *Energetic Basis of microbial Growth and Persistence in Desert Ecosystems*. mSystems.
- [3]Huang, J. Y. (2016). *Accelerated dryland expansion under climate change*. (Vol. 6). Nature Clim Change.
- [4]Slengers, M. S. (2008). *Beyond the desertification narrative: a framework for agricultural drought in semi-arid East Africa*. Ambio.
- [5]Costa, P. (2007). *La adaptación al cambio climático en Colombia*. (Vol. 26). Revista de ingeniería Universidad de los Andes.
- [6]Bonet Moron, J. (2017). *La mortalidad y desnutrición infantil en la Guajira*. Centro de Estudios Económicos Regionales.
- [7]D. Muñoz, M. C. (2017). *Cambios edáficos en islas de fertilidad y su importancia en el funcionamiento de un ecosistema del valle de Tehuacan Puebla, Mexico*. (Vol. 35). Terra Latinoam.
- [8]H. Celaya, A. C. (2011). *Mineralización de nitrógeno en el suelo de zonas áridas y semiaridas*. (Vol. 28). Tierra Latinoam.
- [9]García Hernández, D. E. (2015). *Estructura, diversidad y perfil fisiológico de la comunidad bacteriana del suelo en las islas de recursos del Mezquite Amargo (Prosopis articulata) en relación con la diversidad de plantas*. Tesis de grado.
- [10] UNEP/DC/PAC. (1990). *Desertification revisited*. . Nairobi, Kenya.: UNEP.

- [11]Su, Y. W. (2010). *Effects of sandy desertified land rehabilitation on soil carbon sequestration and aggragation in an arid region in China*. J Environ Manage.
- [12]Ruiz, L. et al (2001). *Potential of Desertification control to Sequester carbon and mitigate the greenhouse effect*. A Multi-Purpose Enviromental Strategy.
- [13]MINAMBIENTE. (2016). *40% del territorio colombiano presenta algún grado de degradación de suelos por erosión*.
- [14]http://ideam.gov.co/web/sala-de-prensa/noticias/-/asset_publisher/LdWW0ECY1uxz/content/el-40-por-ciento-del-territorio-colombiano-tiene-algun-grado-de-erosion
- [15]Jose Daniel Pabón Caicedo, C. A. (2006). *THE EFFECTS OF CLIMATE CHANGE ON ARID AND SEMI-ARID AREAS OF COLOMBIA*.
- [16]Alshafir, W. S. (2020). *Desert Microbes for Boosting Sustainable Agriculture in Extreme enviroments*. Front Microbiol.
- [17]Faist, A. H. (2017). *Biological soil crust and disturbance controls on surface hydrology in a semi-arid ecosystem*(Vol. 8). Ecosphere.
- [18]Galves, M. M. (2018). *Fertility islands: a systematic revision of Structure and operation*. (Vol. 36). Indesia.
- [19]Elvira Aguirre-Acosta, M. U. (2014). *Biodiversidad de hongos en México* (Vol. 85). Ciudad de México: Revista mexicana de biodiversidad.
- [20]Custodio, E. (2011). *Hidrogeología en regiones semiáridas y áridas*. Congreso Argentino de hidrología.
- [21]Valone., D. A. (2013). *Islands of fertility: A byproduct or Grazing?* (Vol. 17). Ecosystems.

- [22]DD. Hosman, C. Y. (2009). *Heterogeneity of soil nutrients and surface biota in a dryland ecosystem*. (Vol. 327). Soil Biology and Biochemistry.
- [23]Pugnaire, L. M. (2018). *Arbuscular mycorrhizal fungi host preference and site effects in two plant functional traits drive fertile island formation in global drylands* (Vol. 106). Journal of Ecology.
- [24]D. Torres, A. F. (2015). *Acumulación de nutrientes en islas de fertilidad bajo cobertura de costra biológica de suelo*. (Vol. 45). Suelos Eucariotiales.
- [25]P. Zhang, J. Y. (2011). *Effect of caragan tibetica nebkhas on sand entrpment and fertile islands in steppe-desert ecotones on the inner Mongolia Plateau, China*. (Vol. 347). Plant and soil.
- [26] Tederso et al (2014). *Global diversity and geography of soil fungi* (Vol. 346). Science
 Gupta et al (2020). *Metagenomic insights into the fungal assemblages of the northwest Himalayan cold desert*.
- [27] Gupta et al (2020). *Metagenomic insights into the fungal assemblages of the northwest Himalayan cold desert*.
- [28] Santiago, et al. Fungal diversity in the Atacama Desert. *Antonie van Leeuwenhoek* 111, 1345–1360 (2018). <https://doi.org/10.1007/s10482-018-1060-6>
- [29] Harald R Gruber-Vodicka, Brandon KB Seah, Elmar Pruesse. phyloFlash: Perfil rápido de ARNr de la SSU y montaje dirigido a partir de metagenomios. *mSystems* 5 : e00920-20; doi:10.1128/mSystems.00920-20
- [30] Benjamin Buchfink, Chao Xie y Daniel H. Huson, Alineación de proteínas rápida y sensible con DIAMOND, *Nature Methods*, 12, 59-60 (2015) doi:10.1038/nmeth.3176.

- [31] Huson DH, Auch AF, Qi J, Schuster SC. MEGAN analysis of metagenomic data. *Genome Res.* 2007;17(3):377-386. doi:10.1101/gr.5969107
- [32] Donovan H. Parks, Gene W. Tyson, Philip Hugenholtz, Robert G. Beiko, STAMP: statistical analysis of taxonomic and functional profiles, *Bioinformatics*, Volume 30, Issue 21, 1 November 2014, Pages 3123–3124, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu494>
- [33] Chong, J., Liu, P., Zhou, G. *et al.* Using MicrobiomeAnalyst for comprehensive statistical, functional, and meta-analysis of microbiome data. *Nat Protoc* 15, 799–821 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41596-019-0264-1>
- [34] Lainch, F. (2006). *El papel de los microorganismos del suelo y biofertilizantes*. Crops for better soil.
- [35] Naama Lang Yona, S. M.-a.-C.-A.-N. (2018). *Insights into Microbial Involvement in Desert Varnish Formation Retrieved from Metagenomic Analysis*.
- [36] Rouxel, T. &. (2012). *Dothideomycete effectors facilitating biotrophic and necrotrophic lifestyles*. In: Martin, F., & Kamoun, S. (ed.). *Effectors in Plant- Microbe Interactions*. Wiley.
- [37] Ning, Z. &. (2008). *Tree of Life web Project. Sordariomycetes*.
- [38] Ruibal C, G. C. (2009). *Phylogeny of rock-inhabiting fungi related to Dothideomycetes*. (Vol. 64). Studies in Mycology.
- [39] Zhang X-G, X. J.-J. (2005). *Estudios taxonómicos de Corynespora de Guangxi* (Vol. 92). Micotaxón.
- [40] Alexandrova, A.V., Aldobaeva, I.I., Kalashnikova, K.A. *et al.* Influence of Environmental Factors on the Structure of Soil Microfungi of Vietnamese Tropical Forests. *Contemp. Probl. Ecol.* 11, 472–483 (2018). <https://doi.org/10.1134/S1995425518050025>
- [41] Claudia Martínez-Anaya (2008). *Celulasas fúngicas: Aspectos biológicos y aplicaciones en la industria energética* (Vol. 50). Revista Latinoamericana de microbiología.

- [42] Balabanova, L.A., Gafurov, Y.M., Pivkin, M.V. *et al.* An Extracellular S1-Type Nuclease of Marine Fungus *Penicillium melinii* . *Mar Biotechnol* **14**, 87–95 (2012). <https://doi.org/10.1007/s10126-011-9392-5>
- [43] Ishibashi, Y., Ikeda, K., Sakaguchi, K., Okino, N., Taguchi, R., & Ito, M. (2011). *Quality Control of Fungus-specific Glucosylceramide in Cryptococcus neoformans by Endoglycoceramidase-related Protein 1 (EGCrP1)*. *Journal of Biological Chemistry*, *287*(1), 368–381. doi:10.1074/jbc.m111.311340
- [44] Ahmad S, Wang S, Wu W, Yang K, Zhang YF, Tumukunde E, Wang S, Wang Y. Functional Analysis of Peptidyl-prolyl *cis-trans* Isomerase from *Aspergillus flavus*. *Int J Mol Sci*. 2019 May 5;20(9):2206. doi: 10.3390/ijms20092206. PMID: 31060313; PMCID: PMC6539592.
- [45] Ortega, D. R. (2015). “*Aplicación de lacasas producidas por hongos para degradación de colorantes microbiológicos (orceína y cristal violeta)*” (Vol. 1). CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS.
- [46] Pastor Fernández, Carlos. *Proyecto de Diseño de un Biorreactor para la Producción de Compost a partir de Biorresiduos*. 2019.
- [47] Angélica Galviz-Quezada, V. M.-E. (2019). *Obtención de extractos amilolíticos de hongos filamentosos mediante fermentación en estado sólido (FES) de residuos de ñame morado (Dioscorea alata)*. Medellín.