

Las arvenses como hospedantes de microorganismos en un agroecosistema de sucesión *Zea mays* L.- *Phaseolus vulgaris* L.

Weeds as hosts of microorganisms in an agroecosystem succession *Zea mays* L.- *Phaseolus vulgaris* L.

Yaisys Blanco Valdés ^{1,3}, Ángel Leyva Galán ^{1,4}, Iván Castro Lizazo ^{2,5}.

¹Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas. San José de Las Lajas, Cuba. ²Universidad Agraria de la Habana, Cuba.

³ ✉ yaisys2006@gmail.com, ⁴ ✉ luleyva23@yahoo.es, ⁵ ✉ ivanc@unah.edu.cu



<https://doi.org/10.15446/acag.v70n2.95601>

2021 | 70-2 p 133-140 | ISSN 0120-2812 | e-ISSN 2323-0118 | Rec.: 07-05-2021. Acep.: 11-08-2021

Resumen

La competencia entre las plantas arvenses y los cultivos es un tema de gran interés, ya que esta interacción puede causar grandes pérdidas en la agricultura. A pesar de algunos estudios en este tema, poco se sabe sobre la importancia de los microorganismos. Las plantas arvenses tienden a presentar interacciones positivas con la microbiota del suelo, mientras que los cultivos presentan interacciones neutras o negativas. La competencia entre las plantas arvenses y los cultivos promueven cambios en la comunidad microbiana del suelo. El objetivo del presente trabajo fue determinar los microorganismos de mayor relevancia en la rizófora de las principales especies de arvenses colectadas en los cultivos de maíz y frijol sembrados en sucesión durante tres años. Sobre un suelo Ferralítico Rojo, se condujeron seis experimentos para conocer los posibles beneficios del manejo oportuno de las arvenses en los cultivos del maíz (*Zea mays* L.) y del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en un sistema sucesional para lo cual se determinaron los cambios estructurales de las arvenses e influencia de estas, sobre la presencia de microorganismos. La especie dominante de arvense fue *Sorghum halepense* L. en ambos cultivos. Las relaciones interespecíficas arvenses-cultivos incrementaron la biodiversidad asociada al sistema productivo. Se registraron 31 especies de arvenses (15 en maíz y 16 en frijol). *Amaranthus dubius* L., *S. halepense* y *Parthenium hysterophorus* L. y junto a ellas, *Eleusine indica* L. y *Lepidium virginicum* L., albergaron la mayor cuantía de microorganismos en la rizósfera.

Palabras clave: abundancia, diversidad, microbiota, morfotipo, rizósfera.

Abstract

The competition between weeds and crops is a topic of great interest, since this interaction can cause heavy losses in agriculture. Despite the existence of some studies on this subject, little is known about the importance of soil microorganisms in the modulation of weed-crop interactions. The competition between weed plants and crops promotes changes in the microbial community of the soil. The objective of this work was to determinate microorganisms in the rhizosphere of weed plants. In a Red Ferralitic soil, six experiments were conducted to know the possible benefits of timely management of weeds in corn (*Zea mays* L.) and bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crops in a successional system for which the structural changes of the weeds and the influence of these on the fertility and presence of soil microorganisms were determined. The dominant species of weed was *Sorghum halepense* L. in both crops. The interspecific weed-crops relationships increased the nutrients and biodiversity associated with the productive system. 31 species of weeds were recorded (15 in corn and 16 in beans). *Amaranthus dubius* L., *S. halepense* L., *Parthenium hysterophorus* L., and next to them, *Eleusine indica* L. and *Lepidium virginicum* L., harbored the highest amount of microorganisms in the rhizosphere.

Keywords: abundance, diversity, microbiota, morphotypes, rhizosphere.

Introducción

Restaurar los agroecosistemas severamente dañados es uno de los propósitos de la comunidad científica. Para lograrlo, uno de los indicadores necesitados de atención es el relacionado con la recuperación equilibrada de los componentes bióticos de los suelos, para lo cual, se han creado biofertilizantes que enriquecen la biota del suelo, con organismos benéficos como los hongos micorrízicos (Restrepo *et al.*, 2019); y las bacterias facilitadoras de la fijación de nutrientes (Escobar *et al.*, 2019) con el propósito de mejorar la productividad de los cultivos. Estos sin embargo son muy afectados por competencia interespecífica con las arvenses, las que pueden reducir los rendimientos de los cultivos hasta un 30 % (Kandel *et al.*, 2019).

El método más exitoso que se utiliza para combatir las arvenses es el control químico (Kandel *et al.*, 2019). Sin embargo, han provocado cambios estructurales en sus relaciones interespecíficas con dominancia de las de mayor plasticidad ecológica, cuyo manejo se hace ininteligible (Nakabayashi y Leubner, 2021). Por ello, recuperar el equilibrio ecológico de las arvenses, con menores daños a los cultivos, implica elevar la diversidad y disminuir la dominancia, para lo cual se estudian y utilizan nuevos y diversos métodos de manejo agroecológicos (Blanco, 2016).

Como las arvenses, albergan en su rizófora microorganismos diversos, las de mayor riqueza microbiana aportan mayor diversidad y equilibrio al sistema en la relación interespecífica. La profusa presencia de arvenses en convivencia con los cultivos, fuera del período crítico, de competencia cultivo-arvenses (entre los 21 y 45 días posteriores a la germinación de los cultivos de maíz y frijol, fortalecen el proceso de restauración de los suelos, sin daños económicos a los cultivos y mejoraría las propiedades de los suelos (Blanco y Leyva, 2011).

Sin embargo, la cantidad, diversidad y dominancia de microorganismos en las rizófora de las arvenses no son conocidas, dado que no se han encontrado estudios científicos sobre este tema en la literatura nacional e internacional, siendo este el primer paso para descifrar la composición microbiológica presente en las principales especies de arvenses dominantes en los cultivos económicos del trópico, como restauradoras de los suelos severamente dañados entre otros posibles beneficios aun no identificados.

Con base en este análisis, el objetivo de este trabajo fue determinar los microorganismos de mayor relevancia en la rizófora de las principales especies de arvenses colectadas en los cultivos de maíz y frijol sembrados en sucesión durante tres años.

Materiales y métodos

Se estableció un sistema productivo de maíz y frijol sembrados en sucesión en la misma superficie durante tres años (2017-2019), en el Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas, San José de las Lajas, Cuba. El maíz fue sembrado en abril de cada año y el frijol en octubre sobre un suelo del tipo Ferralítico Rojo Lixiviado agrogénico eútrico (Hernández *et al.*, 2019) y Typic Rhodustalf, Soil Taxonomy (Soil Survey Staff, 2010).

Se establecieron dos tratamientos uno consistió en el manejo de las arvenses y el otro sin manejar las arvenses mientras duró el ciclo de cada cultivo. El manejo de las arvenses se realizó haciendo uso del azadón como instrumento de trabajo manual cada siete días.

Los datos climatológicos fueron tomados de la Estación Meteorológica No. 78.374 ubicada a 350 metros del área experimental, ubicada en San José de las Lajas, km 3½ de la carretera a Jamaica, teniendo su centro en los 22°59'40,79" de latitud Norte y 82°8'21,88" de longitud Oeste. La temperatura media mensual de los años que abarcó la investigación osciló entre 17 y 27.4 °C en correspondencia con los meses menos calurosos y menos lluviosos (noviembre-abril) y los más calurosos y lluviosos (mayo-octubre) (Gil *et al.*, 2020). Las precipitaciones variaron desde 3.4 mm en la etapa menos lluviosa a 423.0 mm en la más lluviosa. La humedad relativa se comportó entre un 70 % y un 86 %.

Las muestras de suelo fueron tomadas al concluir la cosecha de cada cultivo: el maíz, cosechado como maíz tierno a los 78 días de la germinación y el frijol en seco, 115 días de la germinación. Las mismas se tomaron de la capa arable del suelo a una profundidad de 20 cm, con un total de 10 muestras por tratamientos en diferentes puntos utilizando el método de bandera inglesa. Se realizó en ambos tratamientos para posteriormente comparar.

Las especies de arvenses se coleccionaron en cada cultivo en el tratamiento sin manejo durante todo el ciclo, seleccionando 15 especies de arvenses de las más comunes en la asociación interespecífica en ambos cultivos en su estado de desarrollo adulto, dentro del m² utilizado para el muestreo al azar con tres muestras por parcela utilizando el método de bandera inglesa. Se realizó cuando culminó el ciclo de cada cultivo, las que fueron moteadas y llevadas al laboratorio previamente identificadas.

Se cuantificó la diversidad de la microflora del suelo expresada en bacterias, hongos y actinomicetos totales (Escobar *et al.*, 2019) y algunos nematodos saprófitos o microfauna (Smart y Nguyen, 1990). Para cuantificar los microorganismos viables existentes

en la muestra, se determinó la distribución de los principales grupos microbianos en las muestras mediante el método de diluciones cuantitativas y siembra en placas (Novo, 2009).

Medios de cultivos utilizados, tiempo de incubación y órdenes de dilución

Grupo microbiano de bacterias: medio de cultivo de agar nutriente con un tiempo de incubación de 24-72 h y un orden de dilución de 10^4 - 10^5 (ufc/mL).

Grupo microbiano de hongos: medio de cultivo de agar saboreaud con un tiempo de incubación de 72 h (7 días) y un orden de dilución de 10^3 - 10^4 (ufc/mL).

Grupo microbiano de actinomicetos: medio de cultivo de agar almidón amoniacal con un tiempo de incubación de 7 (14 días) y un orden de dilución de 10^2 - 10^3 (ufc/mL).

La técnica se fundamenta en realizar diluciones en serie base 10, tomando 10 g de las muestras de suelo rizosférico para suspenderlos en 90 ml de agua destilada estéril, según lo recomendado por Novo (2009) (Figura 1).

Identificación de las bacterias: se realizó según la metodología empleada por Llenque (2011).

En todos los experimentos el diseño experimental fue de bloques al azar con cuatro réplicas por cada tratamiento. Los datos obtenidos fueron procesados mediante el análisis de varianza de clasificación doble y en los casos necesarios se aplicó la prueba de rangos múltiples de Duncan al 5 % de probabilidad.

Resultados

Análisis de la composición de las arvenses presentes durante el crecimiento y desarrollo de los cultivos del maíz y del frijol sembrados en sucesión. El registro de las arvenses realizado posterior al período crítico en el cultivo de maíz (Tabla 1) mostró la existencia de 15 especies de arvenses de las cuales *S. halepense*, *R. exaltata* y *C. rotundus*, resultaron ser las de mayor dominancia), aunque *R. exaltata* presentó una dominancia media. El resto, fueron especies subordinadas, con escasa presencia en la superficie experimental.

En el cultivo del frijol se registraron 11 familias y 16 especies (Tabla 1). Aunque hubo una mayor abundancia de arvenses dicotiledóneas, dominaron las monocotiledóneas *C. rotundus* y *S. halepense*; aquí, sin embargo, ambas fueron acompañadas en la dominancia por *Commelina diffusa* Burm. f. y *Lepidium virginicum* L., las cuales no aparecieron en el cultivo del maíz, cuya presencia parece estar ligada al cultivo del frijol y por tanto ser especies específicas acompañantes del cultivo.

El análisis general de la presencia de arvenses en mayor o menor cantidad por cultivos es un tema enigmático aún. Durante el crecimiento y desarrollo del cultivo del maíz *C. rotundus*, *R. exaltata* y *S. halepense*., representaron solo el 20 % del total de las arvenses registradas.

Las familias restantes estuvieron representadas con ocho especies, entre las cuales aparecieron *Ch. hyssopifolia* y *E. heterophylla* de la familia Euphorbiaceae. Algunas de ellas (*E. heterophylla*, *P. hysterophorus*, *P. oleracea*, *K. máxima* y *A. dubius*) no llegaron a cumplir un rol significativo en el sistema, tanto por su escasa cobertura dentro del espacio agrícola del cultivo como por su paulatina desaparición durante el crecimiento y desarrollo del cultivo; de manera que las monocotiledóneas resultaron ser las especies dominantes y con mayor influencia en la relación interespecífica.

Para el cultivo del frijol en el grupo taxonómico de las arvenses dicotiledóneas algunas mostraron una elevada cobertura. En ese grupo sobresalieron las especies *L. virginicum*, *M. quinqueflora*, *Boerhavia* sp., *A. dubius* y *P. hysterophorus*. Las especies que no sobrevivieron al concluir el ciclo del cultivo, como *E. colonum*, *B. extensa*, *L. rugosa*, *P. oleraceae* y *P. hysterophorus*, pudieran estar relacionadas con la propia relación intraespecífica de las especies.

Principales microorganismos encontrados en la rizósfera de algunas de las arvenses presentes en el sistema sucesional. La diversidad microbiana asociada a la rizósfera de las arvenses, supone ser una problemática en extremo novedosa e interesante para los trabajos relacionados con la aplicación de principios agroecológicos, dirigidos al manejo y conservación en los agroecosistemas, dada la elevada diversidad de microorganismos presentes en el suelo y la complejidad de sus interacciones.

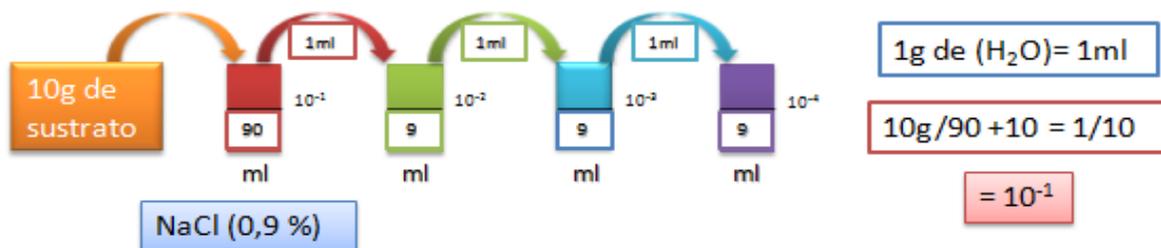


Figura 1. Técnica desarrollada en el aislamiento de microorganismos rizosféricos.

Tabla 1. Familias, especies e individuos registrados en relación interespecífica con el cultivo del maíz y frijol

Familia	Especie	No. de individuos en maíz	No. de individuos en frijol
Amaranthaceae	<i>Amaranthus dubius</i> Mart.	50	50
Asteraceae	<i>Parthenium hysterophorus</i> L.	21	52
	<i>Xanthium chinensis</i> Mill.	-	20
Commelinaceae	<i>Commelina diffusa</i> Burm. f.	-	120
Cyperaceae	<i>Cyperus rotundus</i> L.	200	174
Cucurbitaceae	<i>Melothria guadalupensis</i> Cogn.	3	-
	<i>Milleria quinqueflora</i> L.	-	93
Euphorbiaceae	<i>Chamaesyce ehyssopifolia</i> (L.) Small	8	-
	<i>Euphorbia heterophylla</i> L.	9	-
Caryophyllaceae	<i>Drymaria cordata</i> (L.) Wild.	-	25
Cruciferae	<i>Lepidium virginicum</i> L.	-	96
Papaveraceae	<i>Argemone mexicana</i> L.	-	10
	<i>Brachiaria extensa</i> Chase	8	13
	<i>Digitaria sanguinalis</i> (L.) M. Scop.	-	13
	<i>Echinochloa colonum</i> (L.) Link	43	35
	<i>Eleusine indica</i> (L.) Gaertn.	20	26
	<i>Sorghum halepense</i> (L.) Pers.	150	146
	<i>Liscaemus rugosa</i>	3	-
	<i>Rottboellia exaltata</i> (L.) L. f.	186	-
Poaceae	<i>Cynodon dactylon</i> (L.) Pers	5	-
	<i>Portulaca oleraceae</i> L.	13	13
Zigofilacea	<i>Kalstroemia máxima</i> (L) Wight & Arn.	15	-
Nictaginaceae	<i>Boerhavia</i> sp	-	75
No. Total de individuos (N) Abundancia		734	1028
No. Total de especies (S) Diversidad		15	16

Especies de arvenses señaladas en negritas, indican las de mayor dominancia en el cultivo.

La evaluación de la diversidad microbiana presente en la rizósfera de algunas especies de las arvenses en el sistema sucesional maíz-frijol se ofrecen en la Tabla 2. De las especies evaluadas, cinco mostraron ser las más integrales al albergar la diversidad edáfica (bacterias, hongos y actinomicetos). Ellas fueron: *E. indica*; *L. virginicum*; *P. hysterophorus*; *M. quinqueflora* y *S. halepense*; mientras que el resto se mostró más selectivas como: *A. mexicana*; *C. echinatus*; *C. plectostachium*; *Boerhavia* sp. y *B. pilosa*, solo albergaron bacterias. Las causas de tal selectividad no parece que haya sido estudiada y pudiera ser de origen genético.

Las arvenses que albergaron mayor abundancia de bacterias fueron *C. plectostachium* y *C. diffusa*, con $1,41 \times 10^6$ y 8×10^6 UFC g^{-1} respectivamente; mientras que las de mayor diversidad fueron *P. oleracea*, con ocho morfotipos; *C. plectostachium* y *C. diffusa* con siete morfotipos de bacterias cada una. Para concluir en el caso de los hongos, ocho especies registraron su presencia, dentro de las cuales *E. indica* mostró la mayor abundancia y *A. dubius* la menor.

Los actinomicetos, a pesar de no ser típicamente microorganismos rizosféricos, fueron abundantes en las especies *L. virginicum*, *P. hysterophorus* y *E. indica*, encontrándose en el mismo orden que las bacterias.

Se puso en evidencia (Tabla 3) las diferencias entre las especies para albergar microorganismos. Así la arvense *C. diffusa* presentó mayores poblaciones de bacterias y hongos totales que *L. virginicum*.

De las 15 especies procesadas, se aislaron 54 morfotipos bacterianos, 12 de hongos, dentro de ellos, cuatro levaduras y un morfotipo de actinomiceto idéntico en todas las muestras.

Importante destacar las diferencias entre especies para albergar microorganismos. Así la arvense *C. diffusa* presentó mayores poblaciones de bacterias y hongos totales que *L. virginicum*. La inexistencia de investigaciones precedentes en este tema, permite deducir que, las especies de arvenses pueden servir para la reproducción microbiana de determinada especie o para identificar su presencia en los

Tabla 2. Cuento de microorganismos en la rizósfera de las arvenses

Arvenses	Bacterias		Hongos		Actinomicetos	Total
	Cantidad (UFC/g)	Morfotipos	Cantidad (UFC/g)	Morfotipos	Cantidad (UFC/g)	
<i>B. pilosa</i>	2x10 ⁵	2	-	-	-	2 x 10 ⁵
<i>Boerhavia</i> sp.	5x10 ⁵	5	-	-	-	5 x 10 ⁵
<i>C.diffusa</i>	8x10 ⁶	7	5x10 ⁴	4	-	8.05 x10 ⁶
<i>L. virginicum</i>	2x10 ⁵	1	6x10 ⁴	4	2.4x10 ⁵	5x10 ⁵
<i>S. halepense</i>	4x10 ⁵	3	2x10 ⁴	2	1.2x10 ⁴	4.22x10 ⁵
<i>C. dactylon</i>	-	-	1x10 ²	2	8.2 x10 ⁴	8.2 x10 ⁴
<i>M. quinqueflora</i>	5x10 ⁵	2	4x10 ⁴	2	1.79x10 ⁵	7.19x10 ⁵
<i>P. hysterothorus</i>	6x10 ⁵	3	4x10 ⁴	2	1.63x10 ⁵	8.03x10 ⁵
<i>E.indica</i>	8x10 ⁵	2	1.1x10 ⁵	2	4.4x10 ⁵	1.35x10 ⁶
<i>P.oleraceae</i>	1.83x10 ⁵	8	1x10 ⁴	1	-	1.93x10 ⁵
<i>C. plectostachium</i>	1.41x10 ⁶	7	-	-	-	1.41x10 ⁶
<i>C. echinatus</i>	8.6x10 ⁴	5	-	-	-	8.6x10 ⁴
<i>C. rotundus</i>	5.1x10 ⁵	3	10 ⁵	1	-	5.11x10 ⁵
<i>A. mexicana</i>	2.4x10 ⁵	3	-	-	-	2.4x10 ⁵
<i>A. dubius</i>	5x10 ⁵	2	10 ⁴	1	-	5.1x10 ⁵

agroecosistemas ya sean a favor o en contra de los procesos productivos o como fuente de reserva para investigaciones de otra naturaleza.

El haber abordado este tema como complemento científico al conocimiento de las arvenses y su accionar en el agroecosistema, sienta las bases no solo para las investigaciones agrarias, sino también para el campo de la biotecnología, la sanidad vegetal y la farmacología dentro de las ciencias médicas y agronómicas; por ello, será necesario continuar profundizando en los beneficios del conocimiento de las arvenses y sus relaciones de interespecíficas con la microbiología edáfica dentro de la visión integradora en los agroecosistemas.

Efecto de la sucesión de los cultivos maíz-frijol sobre los microorganismos del suelo. En el análisis del suelo se pudo apreciar que existieron diferentes microorganismos que habitan en la microflora. Los hongos y bacterias totales, que se encontraron en el tratamiento con arvenses todo el ciclo del cultivo, presentaron el mayor número de colonias de bacterias, hongos y actinomicetos totales, con 8×10^7 , 3×10^5 y 3×10^6 UFC g⁻¹, respectivamente.

Este comportamiento no fue similar cuando fueron manejadas las arvenses encontrándose menores cuantías en estos microorganismos (3×10^7 , 1×10^5 y 1×10^6 UFC g⁻¹).

En el caso específico de las bacterias no existieron muchas unidades formadoras de colonias, ya que la variabilidad fue escasa. Los hongos mostraron

más variabilidad, debido a que poseen una mayor plasticidad en su adaptación a los cambios que se produjeron en el agroecosistema que influye en la densidad de los hongos y de las bacterias.

Para el tratamiento que se mantuvo libre de arvenses todo el ciclo del cultivo la presencia de la microflora fue insignificante, debido quizás a que bajo las condiciones de suelo sin cobertura se produce un aumento de la temperatura y una disminución de la humedad edáfica por estar expuesta su superficie a la acción directa de los rayos solares y a la erosión eólica.

Discusión

A raíz del análisis de la composición de las arvenses presentes durante el crecimiento y desarrollo de los cultivos del maíz y del frijol sembrado en sucesión, las que resultaron de mayor dominancia son de gran plasticidad ecológica. La dominancia de *C. rotundus* se debe a su característica de especie perenne agresiva e invasora de difícil control (Boutin *et al.*, 2014).

Dentro de las arvenses dicotiledóneas estudiadas algunas mostraron una elevada cobertura llegando a alcanzar un grado cinco, es decir un nivel muy fuerte de “enmalezamiento”, lo que ha sido corroborado por Cerna (2013). Sin embargo, este es un tema sobre el cual no se tienen aún resultados conclusivos desde la visión agronómica, tal vez debido a la complejidad de factores que intervienen en el proceso, incluyendo los efectos alelopáticos o exudados radicales de

algunas especies inhibitorias o estimuladoras ante la presencia de otras, como ocurre con *S. halepense*, *D. sanguinalis*, *R. exaltata*, *P. oleracera*, *E. crus-galli* y *C. rotundus* (Blanco y Leyva, 2011).

La competencia arvenses-cultivos causan importantes pérdidas de rendimiento en ecosistemas agrícolas, que pueden variar dependiendo de la especie analizada y de las condiciones ambientales prevaletentes (Pratibha *et al.*, 2021). La alta capacidad competitiva de las arvenses se explica parcialmente por las características biológicas de estas plantas, las cuales presentan adaptaciones morfológicas y fisiológicas en sus sistemas radicales, permitiendo una mayor absorción de agua y nutrientes (Conceição, 2019).

Las asociaciones entre las arvenses y los microorganismos del suelo pueden promover aumentos tanto en crecimiento como en la resistencia a patógenos (Menalled *et al.*, 2021). Aunque varios estudios han demostrado el efecto perjudicial de la competencia entre las arvenses y los cultivos, pocos estudios se han realizado con relación a los aspectos microbiológicos.

El manejo agronómico realizado en los cultivos ha venido afectando el componente microbiano en cuanto a variedad y densidad poblacional; manifestándose en la progresiva pérdida de fertilidad y empobrecimiento de los suelos (Aguirre *et al.*, 2018). Estas consecuencias se deben a la constante interrupción de los ciclos biogeoquímicos realizados por la biota edáfica. Por lo que los microorganismos del suelo pueden ser indicadores potenciales para evaluar el impacto y la restauración de los ecosistemas, pues reflejan mejor las alteraciones en los suelos que las especies taxonómicas mayores (García *et al.*, 2018).

Mayormente la comunidad edáfica, está conformada por microorganismos y provee al suelo equilibrio y mayor productividad, que es aportado por una serie de procesos realizados por el componente microbiano, en conjunto con las raíces de las plantas y la microfauna. Algunas de las funciones de la comunidad edáfica que les confieren estabilidad a los suelos son la porosidad, aireación, movimiento de la tierra, solubilización de sustratos y degradación de la materia orgánica (de la Peña, 2009).

Las plantas son capaces de promover cambios en la comunidad microbiana del suelo a través de la exudación de diferentes combinaciones de compuestos orgánicos de las raíces en función de las condiciones ambientales (Bainard *et al.*, 2013). Las plantas cultivadas en condiciones óptimas o con baja disponibilidad de P o N tienden a presentar diferencias significativas en la composición de los exudados radiculares (Karanja *et al.*, 2020), que a su vez provocan cambios en la población y densidad de grupos microbianos en el suelo (Johnson *et al.*, 2005).

Los actinomicetos, al igual que los demás microorganismos, son indicadores de la fertilidad del suelo. Por otra parte, el grupo de los actinomicetos, a pesar de no ser típicamente microorganismos rizosféricos (Morochó y Leiva, 2019), fue abundante en algunas de las especies estudiadas.

Estos fueron encontrados en seis especies de arvenses, lo cual constituye un hecho de gran importancia para los procesos de descomposición de la materia orgánica, por su capacidad de funcionar degradando azúcares simples, proteínas, ácidos orgánicos y sustratos muy complejos, hasta la obtención del humus en el suelo, siendo los más eficientes para la producción de sustancias húmicas (Yang *et al.*, 2017).

Los exudados de las plantas pueden influir de forma determinante en la dinámica de las poblaciones de la rizósfera (Horwath, 2017). Las especies de plantas presentan diferencias fisiológicas y composiciones bioquímicas distintas y generan exudados radiculares diferenciales (Grayer *et al.*, 2004).

Debe destacarse la importancia que tienen muchos de estos microorganismos encontrados en diferentes procesos (Tabla 3), como es el caso del ciclo del N; pues según Escobar *et al.* (2019), *Pseudomonas* y *Micrococcus* son bacterias aerobias que actúan en la alcalinización que provoca la urea al aplicarse al suelo.

Algunos de los microorganismos encontrados en la investigación como *Bacillus*, *Pseudomonas* y *Lactobacillus* son de las que más participan en los suelos agrícolas transformando los compuestos orgánicos a inorgánicos y a su vez favorecen la nutrición de las plantas, también el caso del hongo *Aspergillus* que junto con géneros bacterias como *Bacillus* tienen capacidad solubilizadora de nutrientes como el potasio y bioindicadores de suelos y abonos orgánicos (Escobar *et al.*, 2019).

Estas condiciones edáficas no garantizan la abundancia y desarrollo funcional de estos organismos (Menalled *et al.*, 2021). Este resultado está en correspondencia con la visión agroecológica que insta a la conservación de la cubierta vegetal en los cultivos. Mejor con arvenses que limpio sin ellas (Osorio-Espinoza *et al.*, 2017) y sugiere a los actores incorporar el concepto de manejar las arvenses en los cultivos solo en el período crítico de competencia (Latif *et al.*, 2021).

El aumento de asentamientos antrópicos transforma o destruyen el hábitat natural de miles de especies, generando una pérdida considerable de la biodiversidad (Ouverson *et al.*, 2021), lo cual afecta la comunidad edáfica también. Actualmente, factores de la biota edáfica, son usados como criterios del manejo de los suelos, permitiendo llevar la producción agrícola hacia nuevas técnicas de manejo sostenible que permitan la recuperación de los mismos (Karanja *et al.*, 2020).

Tabla 3. Morfortipos de microorganismos asociados a las arvenses estudiadas

Arvenses	Bacterias	Hongos
<i>B. pilosa</i>	<i>Bacillus</i> sp. MF-no identificado	-
<i>Boerhavia</i> sp.	<i>Lactobacillus</i> sp.; <i>Bacillus</i> sp. Coco Gram+ no agrupado	-
<i>C. diffusa</i>	<i>Lactobacillus</i> sp.; <i>Bacillus</i> sp. 5-Cocos Gram+ no agrupados	<i>Penicillium</i> sp. Deuteromycetes (no identificado) 2 levaduras (gemación obligatoria y gemación facultativa)
<i>L. virginicum</i>	Coco Gram+ no agrupados	<i>Rhizopus</i> sp.; <i>Aspergillus</i> sp.; <i>Penicillium</i> sp. y MF-no identificado
<i>S. halepense</i>	<i>Lactobacillus</i> sp.; <i>Micrococcus</i> sp. MF-no identificado	<i>Penicillium</i> sp. MF-no identificado
<i>C. dactylon</i>	-	MF-no identificado
<i>M. quinqueflora</i>	<i>Bacillus cereus</i> <i>Staphylococcus</i> sp.	Deuteromycetes (no identificado) <i>Aspergillus</i> sp.
<i>P. hysterothorus</i>	<i>Pseudomonas</i> sp. MF-no identificado	Deuteromycetes (no identificado) <i>Penicillium</i> sp.
<i>E. indica</i>	MF-no identificado	Deuteromycetes (no identificado)
<i>P. oleraceae</i>	<i>Staphylococcus</i> sp.; <i>Bacillus</i> sp. Bacilo Gram+ no esporulado <i>Bacillus</i> sp. Bacilo Gram+ no esporulado MF-no identificado	Saccharomycetes
<i>C. plectostachium</i>	Bacilo Gram+ no esporulado Coco Gram+ no agrupado	-
<i>C. echinatus</i>	Bacilo Gram+ no esporulado <i>Bacillus</i> sp., Bacilo Gram- MF-no identificado	-
<i>C. rotundus</i>	<i>Bacillus</i> sp. MF-no identificado	MF-no identificado
<i>A. mexicana</i>	2 <i>Bacillus</i> sp. MF-no identificado	-
<i>A. dubius</i>	MF-no identificado	Saccharomycetes

Conclusiones

Las arvenses monocotiledóneas dominaron en el sistema sucesional maíz-frijol, con mayor presencia de especies dicotiledóneas en el cultivo de frijol.

La presencia de arvenses en los cultivos *Z. mays* y *P. vulgaris*, garantiza la presencia de una flora microbiana edáfica diversa con mayor riqueza en las especies *E. indica*; *L. virginicum*; *P. hysterothorus*; *M. quinqueflora* y *S. halepense*.

Las especies de arvenses que albergaron mayor presencia de bacterias fueron *C. Plectostachium* y *C. diffusa* mientras *E. indica* fue la principal para los hongos. El grupo de los actinomicetos, correspondieron a las especies *L. virginicum*, *P. hysterothorus* y *E. indica*.

Agradecimientos

Los autores agradecen al INCA y al Departamento de Biología-Microbiología de la Universidad Agraria de la Habana, donde se desarrollaron los experimentos, las mediciones y el trabajo de laboratorio.

Referencias

- Aguirre-Forero, S.E., Piraneque Gambasica, N.V. y Vásquez, P.J.R. (2018). Características edáficas y su relación con usos del suelo en Santa Marta, Colombia. *Entramado*, 14(1), 242-250. <https://www.redalyc.org/journal/2654/265457559017/html/>
- Bainard, L.D., Koch, A.M., Gordon, A.M. y Klironomos, J.N. (2013). Growth response of crops to soil microbial communities from conventional monocropping and tree-based intercropping systems. *Plant Soil*, 363(1/2), 345-356. <http://www.jstor.org/stable/42952868>
- Blanco Valdés, Y. (2016). El rol de las arvenses como componente en la biodiversidad de los agroecosistemas. *Cultivos Tropicales*, 37(4), 34-56. <https://dx.doi.org/10.13140/RG.2.2.10964.19844>
- Blanco Valdés, Y. y Leyva Galán Á. (2011). Determinación del período crítico de competencia de las arvenses con el cultivo del frijol (*Phaseolus vulgaris*, L). *Cultivos Tropicales*, 32(2), 143-153. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0258-59362011000200005
- Boutin, C., Strandberg, B., Carpenter, D., Mathiassen, S.K. y Thomas, P.J. (2014). Herbicide impact on non-target plant reproduction: What are the toxicological and ecological implications. *Environment Pollution*, 185, 295-306. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2013.10.009>

- Cerna Bazán, L.A. (2013). *Ciencia y tecnología de malezas* (1.ª ed.). Fondo Editorial Universidad Privada Antenor Orrego (UPAO). <https://bit.ly/3cC1jRH>
- Conceição de Matos, C., Silva Teixeira, R., Ribeiro da Silva, I., Dutra Costa, M. y Silva, A.A. (2019). Interspecific competition changes nutrient: nutrient ratios of weeds and maize. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 182(2), 286-295. <https://doi.org/10.1002/jpln.201800171>
- de la Peña, E. (2009). Efectos de la biota edáfica en las interacciones planta-insecto a nivel foliar. *Ecosistemas*, 18(2), 64-78. <https://www.revistaecosistemas.net/index.php/ecosistemas/article/view/67>
- Escobar Escobar, N., Silva Parra, A. y Mora Delgado, J. (2019). *Bioindicadores en suelos y abonos orgánicos*. Sello Editorial Universidad del Tolima. https://www.researchgate.net/publication/337567999_BIOINDICADORES_EN_SUELOS_Y_ABONOS_ORGANICOS
- García, D.Y., Cárdenas, J.F. y Silva Parra, A. (2018). Evaluación de sistemas de labranza sobre propiedades físico-químicas y microbiológicas en un Inceptisol. *Revista Ciencias Agrícolas*, 35(1), 16-25. <http://dx.doi.org/10.22267/rcia.183501.79>
- Gil-Reyes, L., González García, I., Hernández-González, D. y Álvarez Guerrero, M. (2020). Extremos climáticos de temperatura y su relación con patrones atmosféricos de teleconexión durante el invierno. *Revista Cubana de Meteorología*, 26(4), 1-11. <https://eqrcode.co/a/03yfcN>
- Grayer, R., Vieira, R., Price, A., Kite, G., Simon, J. y Paton, A. (2004). Characterization of cultivars within species of *Ocimum* by exudate flavonoid profiles. *Biochemical System Ecology*, 32(10), 901-913. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0305197804000936?via%3DIihub>
- Hernández, J.A., Morales, D.M., Cabrera, R.J., Vargas, B.D., Morell, P.F., Funes, M.F., Bernal F.A., González, C.P., Borges, B.Y..., Grandio, D.D. (2019). Degradación de las propiedades de los suelos ferralíticos rojos lixiviados de la Llanura Roja de la Habana, por el cultivo continuado. Algunos resultados sobre su mejoramiento. *Anales de la Academia de Ciencias de Cuba*, 9(3), e-650. <http://www.revistaccuba.cu/index.php/revacc/article/view/650>
- Horwath, W. R. (2017). The role of the soil microbial biomass in cycling nutrients. En K.R. Tate (Ed.), *Microbial Biomass: A Paradigm Shift in Terrestrial Biogeochemistry* (pp. 41-66). *Landcare Research*. https://doi.org/10.1142/9781786341310_0002
- Johnson, D., Leake, J.R. y Read, D.J. (2005). Liming and nitrogen fertilization affects phosphatase activities, microbial biomass and mycorrhizal colonisation in upland grassland. *Plant Soil*, 271, 157-164. <https://doi.org/10.1007/s11104-004-2267-z>
- Kandel, G., Adhikari, B., Adhikari, R. y Kandel, B. (2019). Evaluation the growth, productivity, and profitability of rice (Sukhadhan-3 variety) under different methods of weed management. *Journal of Research in Weed Science*, 2(4), 381-392. https://www.jrweedsci.com/article_89221.html
- Karanja, E.N., Fliessbach, A., Adamtey, N., Kambura, A.K., Musyoka, M., Fiaboe, K. y Mwirichia, R. (2020). Diversity and structure of prokaryotic communities within organic and conventional farming systems in central highlands of Kenya. *PloS one*, 15(8), 1-17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236574>
- Latif, A., Saleem Jilani, M., Safdar Baloch, M., Hashim, M.H., Aziz Khakwani, A., Ullah Khan, Q., Saeed, A., Mamoon-ur-Rashid, M. (2021). Evaluation of critical period for weed crop competition in growing broccoli crop. *Scientia Horticulturae*, 287, 110-270. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.110270>
- Llenque Díaz, L.A. (2011). Aislamiento e identificación de bacterias heterótrofas de suelos contaminados con petróleo provenientes de oleocentros de la ciudad de Trujillo, Perú. *Rebiol*, 31(2), 12-16. https://hugepdf.com/download/download-descargar-universidad-nacional-de-trujillo_pdf
- Menalled, U.D., Seipel, T. y Menalled, F.D. (2021). Farming system effects biologically mediated plant-soil feedbacks. *Renewable Agriculture and Food Systems*, 36 (1), 1-7. <https://doi.org/10.1017/S1742170519000528>
- Morocho, M.T. y Leiva-Mora, M. (2019). Microorganismos eficientes, propiedades funcionales y aplicaciones agrícolas. *Centro Agrícola*, 46(2), 93-103. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-57852019000200093
- Nakabayashi, K. y Leubner Metzger, G. (2021). Seed dormancy and weed emergence: from simulating environmental change to understanding trait plasticity adaptive evolution, and population fitness. *Journal of Experimental Botany*, 72(12), 4181-4185. <https://doi.org/10.1093/jxb/erab150>
- Novo Sordo, R. (2009). *Microbiología Agrícola Ejercicios prácticos generalidades*. Empresa Editorial Poligráfica Félix Varela. <https://isbn.cloud/9789590712029/microbiologia-agricola-generalidades-ejercicios-practicos/>
- Osorio-Espinoza, H., Leyva-Galán, Á. y Toledo-Toledo, E. (2017). Evaluación de cultivos de ciclo corto en rambután (*Nephelium lappaceum* L.) en México utilizando IET. *Cultivos Tropicales*, 38(3), 07-13. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362017000300007&lng=es&tlng=es
- Ouverson, T., Eberly, J., Seipel, T., Menalled, F.D. y Lynn Ishaq, S. (2021). Temporal Soil Bacterial Community Responses to Cropping Systems and Crop Identity in Dryland Agroecosystems of the Northern Great Plains. *Frontiers Sustainable Food Systems*, 5, 624-242. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.624242>
- Pratibha G., Rao, K.V., Srinivas, I., Raju, M.K., Shanker, A.K., Madhavi, M., Indoria, A.K., Srinivasarao, R.M., Murthy, K..., Chaudhari, S.K. (2021). Weed shift and community diversity in conservation and conventional agriculture systems in pigeonpea-castor systems under rainfed semi-arid tropics. *Soil and Tillage Research*, 212, 105075. <https://doi.org/10.1016/j.still.2021.105075>
- Restrepo Giraldo, K.J., Montoya Correa, M.I., Henao Jaramillo, P., Andrea Gutiérrez, L. y Molina Guzmán, L.P. (2019). Caracterización de hongos micorrízicos arbusculares de suelos ganaderos del trópico alto y trópico bajo en Antioquia, Colombia. *Idesia*, 37(1), 35-44. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-34292019005000301>
- Smart, G.C. y Nguyen, K.B. (1990). An illustrated key to the orders of Soil-Dwelling nematodes. En B.M. Zuckerman, W.F. Mai y M.B. Harrison (Eds.), *Plant Nematology Laboratory Manual*, Revised Edition (pp. 107-118). University of Massachusetts Agricultural Experiment Station.
- Soil Survey Staff. (2010). *Claves para la taxonomía de suelos*. Undécima Edición (en Español). Departamento de Agricultura de los Estados Unidos.
- Yang, Z., Jiang, Z., Hse, C.Y. y Liu, R. (2017). Assessing the impact of wood decay fungi on the modulus of elasticity of slash pine (*Pinus elliottii*) by stress wave non-destructive testing. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 117, 123-127. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2016.12.003>