# ANÁLISIS DE IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO DEBIDO AL USO COMO ENMIENDA DE RESIDUOS ORGÁNICOS URBANOS Y LODOS DE DEPURADORA

**“Este proyecto está cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) en el marco del programa Interreg SUDOE ECOVAL (SOE4/P1/E1104) ”.**

El objeto de este proyecto es el estudio del **IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO** de la aplicación de subproducto del tratamiento de residuos orgánicos urbanos y lodos de depuradora como enmienda para la mejora y recuperación de suelos, dentro del proyecto Interreg Sudoe Ecoval (SOE4/P1/E1104).

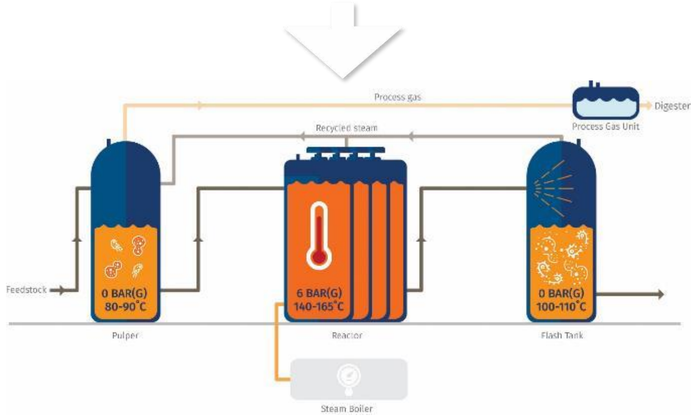
**Finca:** **"Zamadueñas"**
**Término municipal:** **Valladolid**
**Provincia:** **Valladolid**
**Coordenadas UTM (ETRS89):** **359467 / 4619268**
**Altitud:** **700 m**
**Cuenca:** **Pisuerga**
**Curso de agua:** **Pisuerga, márgen derecha**
**Superficie del ensayo:** **3,8 ha**

## LA PARCELA DE EXPERIMENTACIÓN VA-1 "ZAMADUEÑAS" FUE ESTABLECIDA EN ABRIL 1996

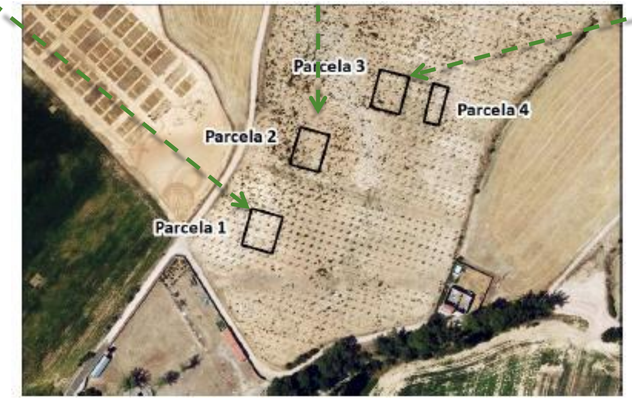
- **Los suelos son carbonatados con pH básicos y presentan textura franco-arenosa.**
- **Aunque inicialmente tenía uso agrícola, debido al bajo rendimiento de los cultivos fue finalmente dedicada a ensayos de plantación de clones de chopos de producción en la provincia de Valladolid.**

# ANÁLISIS DE IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO DEBIDO AL USO COMO ENMIENDA DE RESIDUOS ORGÁNICOS URBANOS Y LODOS DE DEPURADORA, EN EL MARCO DEL PROYECTO INTERREG SUDOE ECOVAL (SOE4/P1/E1104)

## EDAR Hidrólisis térmico (S1)




## Bioestabilizado CTR (S2)




## EDAR tradicional (S3)

## Diseño experimental (muestreos):

**FECHA 1 (08/04/2022)**

| EDAR S1 (H) | CTR S2 | EDAR S3 (T) | Control S4 |
|---|---|---|---|
| (1) | (1) | (1) | (1) |

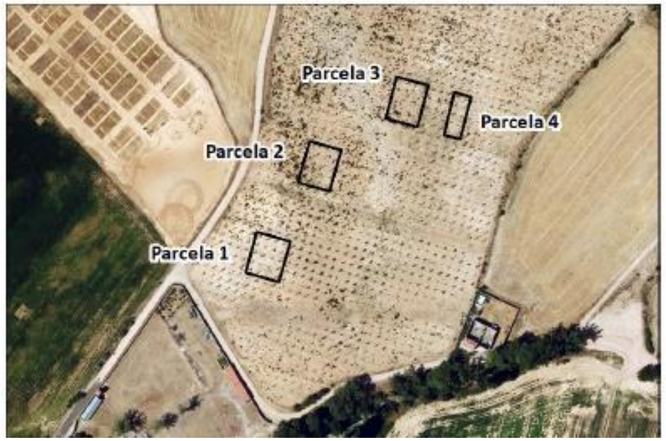
**Aplicación enmiendas 22/06/2022**

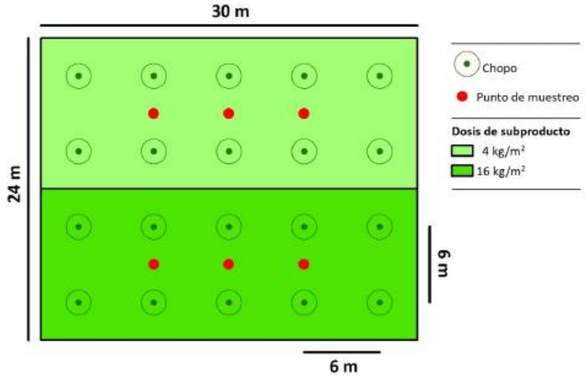
**FECHA 2 (19/09/2022) +3 Meses**

| EDAR S1 (H) | CTR S2 | EDAR S3 (T) | Control S4 |
|---|---|---|---|
| 4 kg / m² (3) | 4 kg / m² (3) | 4 kg / m² (3) | 0 kg / m² (3) |
| 16 kg / m² (3) | 16 kg / m² (3) | 16 kg / m² (3) | |

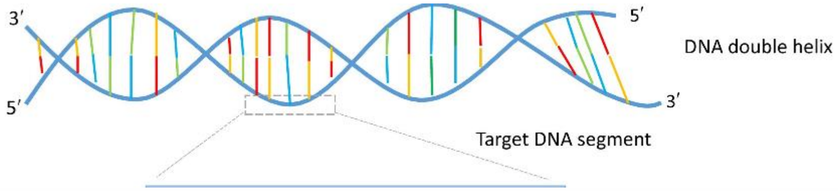
**FECHA 3 (09/12/2022) +6 Meses**

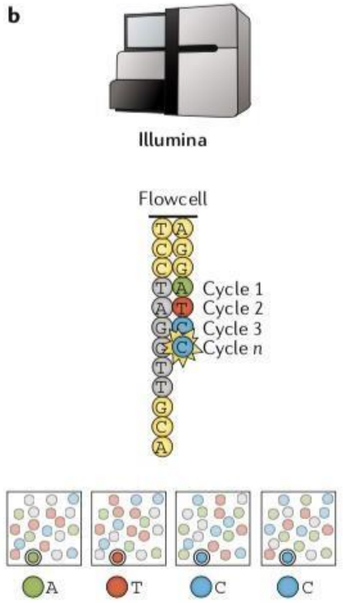
| EDAR S1 (H) | CTR S2 | EDAR S3 (T) | Control S4 |
|---|---|---|---|
| 4 kg / m² (3) | 4 kg / m² (3) | 4 kg / m² (3) | 0 kg / m² (3) |
| 16 kg / m² (3) | 16 kg / m² (3) | 16 kg / m² (3) | |



# ANÁLISIS DE IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO DEBIDO AL USO COMO ENMIENDA DE RESIDUOS ORGÁNICOS URBANOS Y LODOS DE DEPURADORA, EN EL MARCO DEL PROYECTO INTERREG SUDOE ECOVAL (SOE4/P1/E1104)



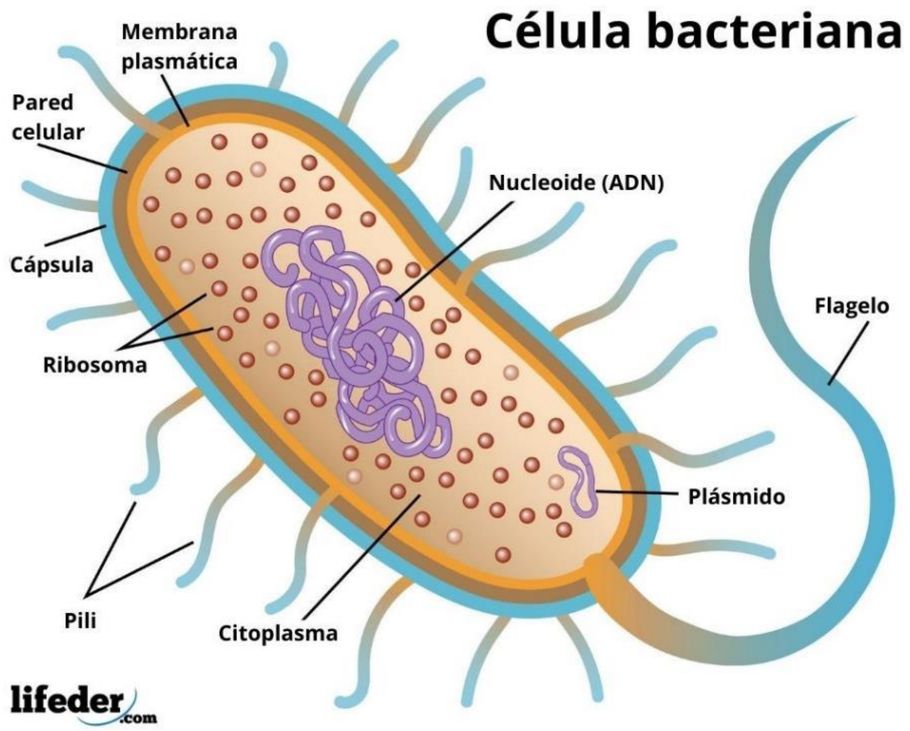



| ature ID | Sequence Length | Sequence |
|---|---|---|
| ı2d0cdd345d69db1e9a453856bc212 | 175 | TACGAAGGGGGCTAGCGTTGTTCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATATTTAAGTCAGGGGTGAAATCCCGCAGCTCAACTGCGGAACTGCCTTTGATACTGGGTATCTTGAGTATGG |
| b7aa0d6f9a64a17a1d9e081c5985d8 | 175 | TACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAGACTTGAGTGCAG |
| 219d947403d5b3d6805eb07465a220 | 175 | TACGGAGGATGCAAGCGTTATCCGGAATCATTGGGTTTAAAGGGTCCGTAGGCGGGCTTGTAAGTCAGAGGTGAAAGTTTGCGGCTCAACCGTAAAATTGCCTTTGATACTGCTAGTCTTGAATAATT |
| 71bfea82c89155f56458d8f9a712f2 | 175 | TACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTTAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACTTGAGTACAG |

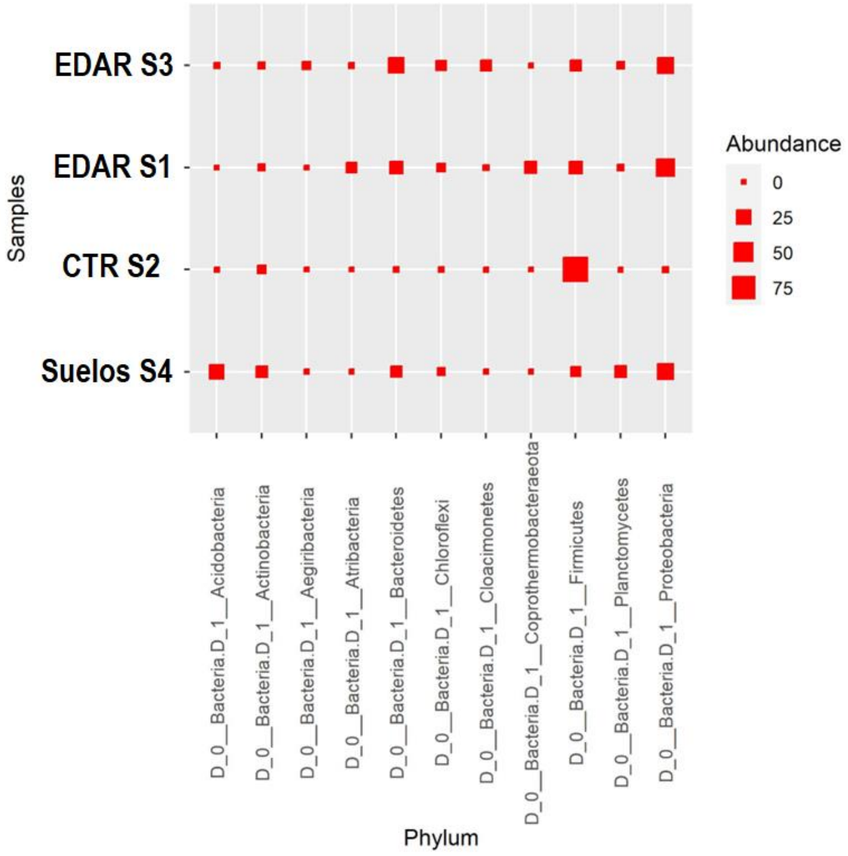
| # Constructed from biom file | 102470 | 62833 | 61238SECUENCIAS | |
|---|---|---|---|---|
| #OTU ID | AZY04G-2b | AZY04H-4b | AZY04I-2b | taxonomy |
| 3a219d947403d5b3d6805eb07465a220 | 8522 | 3414 | 1445 | D_0__Bacteria; D_1__Bacteroidetes; D_2__Bacteroidia; D_3__Flavobacteriales; D_4__Flavobacteriaceae; D_5__Imtechella; D_6__Imtechella_halotolerans_K1 |
| 4ee361e8da3682e93e5ed752a1c6c984 | 1902 | 0 | 0 | D_0__Bacteria; D_1__Firmicutes; D_2__Bacilli; D_3__Bacillales; D_4__Bacillaceae; D_5__Bacillus |
| 3a6b8bb084d0b91ed1cf067a4f1526e6 | 14 | 56892 | 39283 | D_0__Bacteria; D_1__Proteobacteria; D_2__Gammaproteobacteria; D_3__Betaproteobacteriales; D_4__Burkholderiaceae; D_5__Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia |
| f301e52f2b49e0506206456fbe78b20b | 0 | 0 | 586 | D_0__Bacteria; D_1__Firmicutes; D_2__Bacilli; D_3__Bacillales; D_4__Bacillaceae; D_5__Bacillus |
| 0c71bfea82c89155f56458d8f9a712f2 | 3370 | 1420 | 564 | D_0__Bacteria; D_1__Firmicutes; D_2__Bacilli; D_3__Bacillales; D_4__Bacillaceae; D_5__Allobacillus; D_6__Allobacillus_halotolerans |

Fuente foto: James Hadield

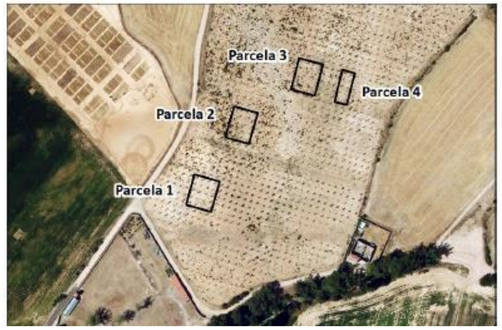
# BACTERIAS


Célula bacteriana
Membrana plasmática
Pared celular
Cápsula
Ribosoma
Nucleoide (ADN)
Flagelo
Plásmido
Pili
Citoplasma
lifeder.com

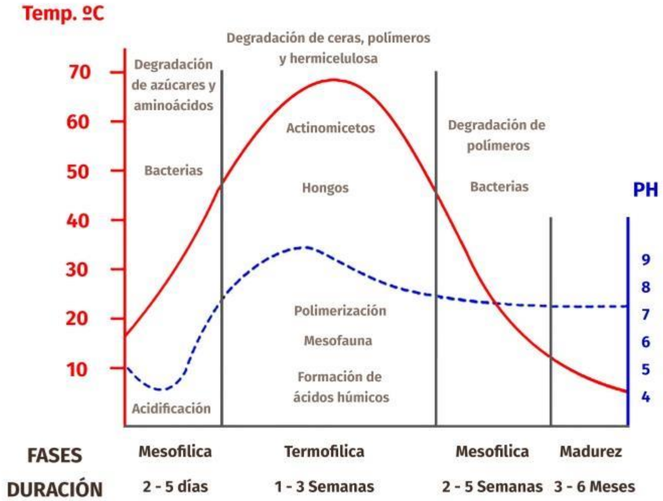
# CARACTERIZACIÓN DE SUELOS DE PARTIDA Y ENMIENDAS




- Los suelos presentaban como filos mayoritarios Proteobacteria, Acidobacteria, Planctomycetes y Actinobacteria.
- Los suelos tienen mucha más diversidad inicialmente. Los procesos de tratamiento y compostaje seleccionan mucho los microorganismos.
- Los lodos de depuradora destacan más las Proteobacterias y Bacteroidetes
- Los residuos urbanos son más abundantes Firmicutes.

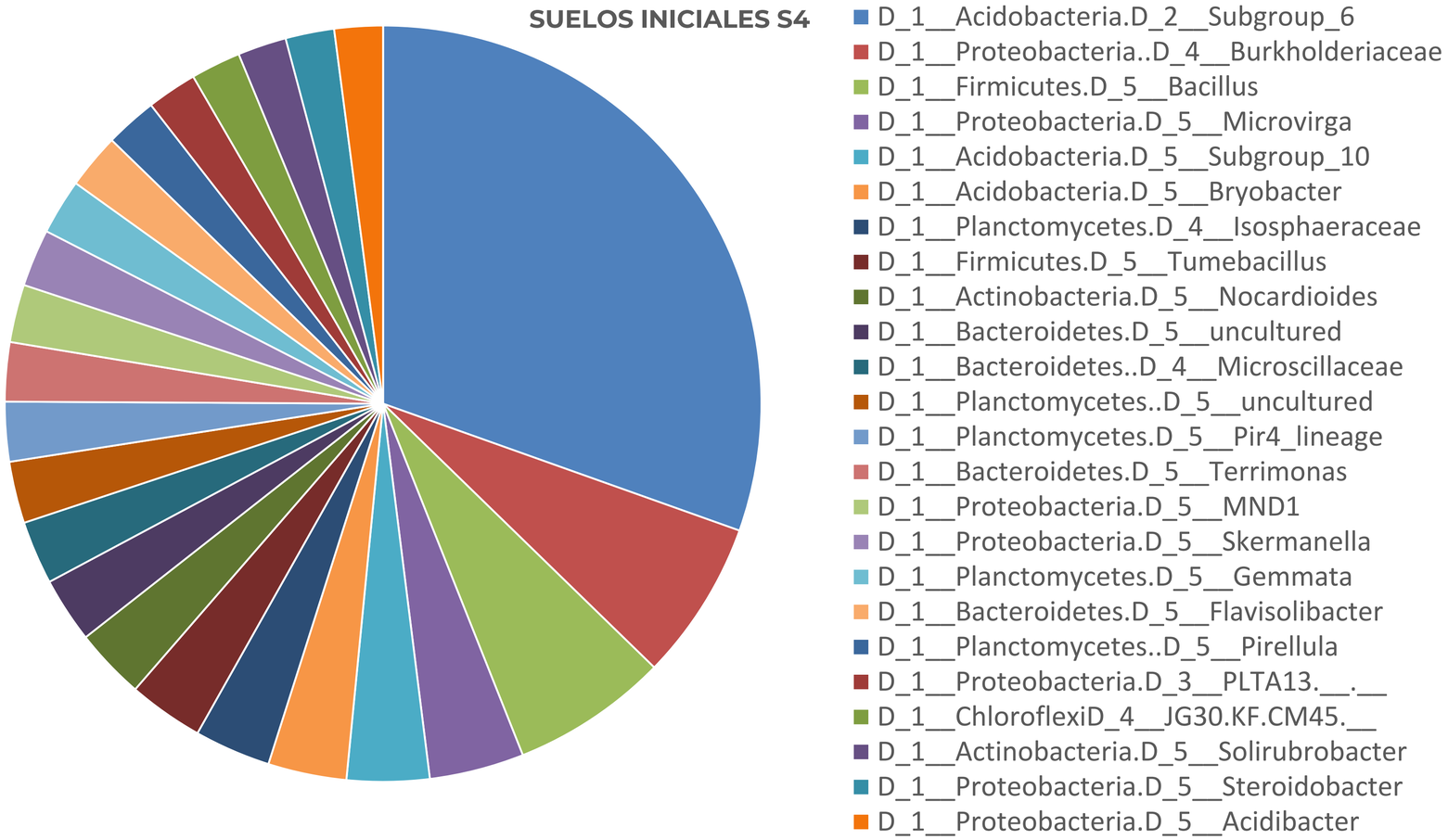



| TRATAMIENTO | OBSERVED FEATURES | FAITH_PD | SHANNON |
|---|---|---|---|
| Suelos S4 | 687 | 40 | 9 |
| CTR S2 | 46 | 6 | 3 |
| EDAR S3 | 259 | 30 | 6 |
| EDAR S1 | 120 | 18 | 5 |




Fuente: Pablo F. Albornoz

## ANÁLISIS DE IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO DEBIDO AL USO COMO ENMIENDA DE RESIDUOS ORGÁNICOS URBANOS Y LODOS DE DEPURADORA, EN EL MARCO DEL PROYECTO INTERREG SUDOE ECOVAL (SOE4/P1/E1104)



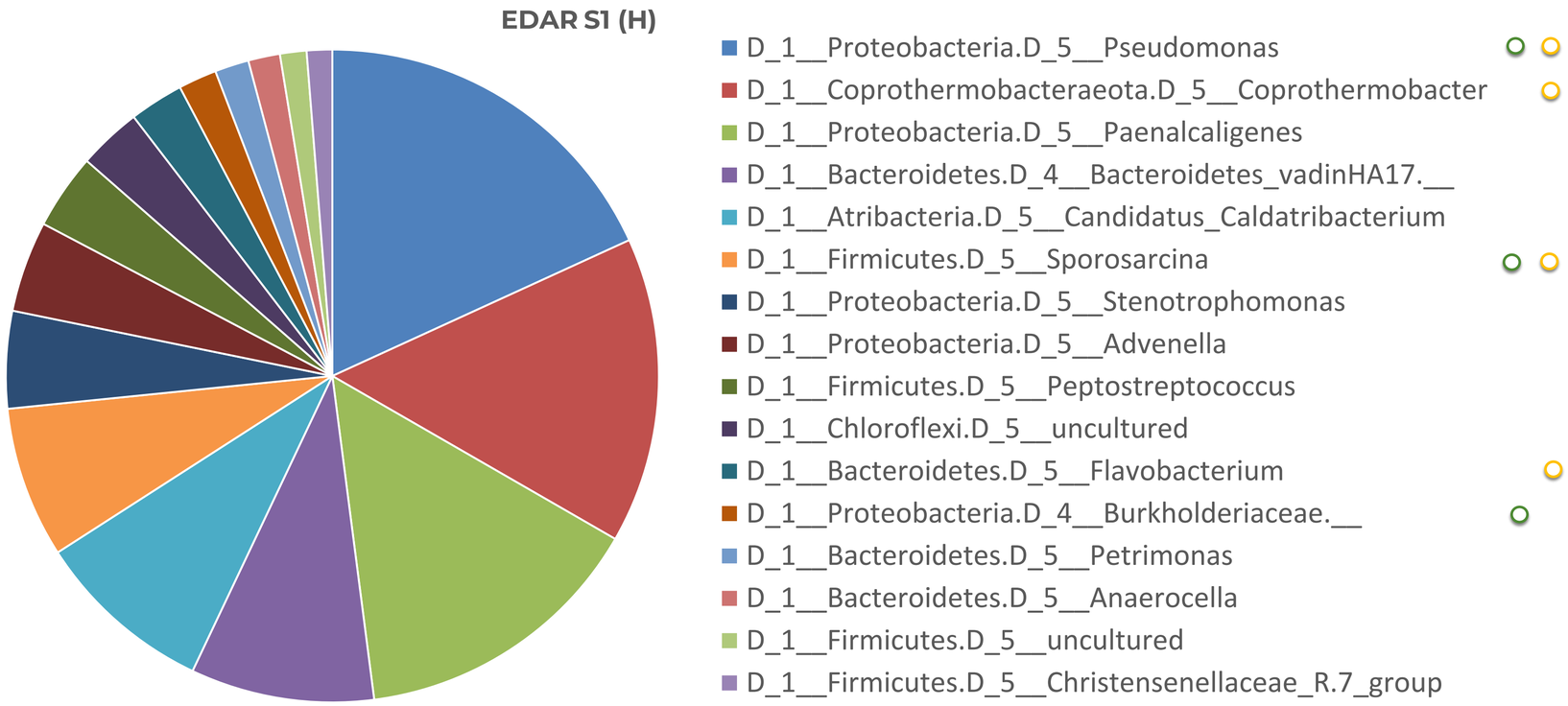

- **Bacillus**
- Género empleado como agente de control biológico por su capacidad para metabolitos que estimulan el crecimiento de las plantas y reducen el ataque de patógenos, ya sea suprimiendo el crecimiento de hongos o induciendo el sistema inmunitario de las plantas contra los patógenos (Khan *et al.* 2017).

- **Nocardioides**, **Terrimonas** y **Microvirga**
  Géneros asociados a suelos de calidad (Sánchez-Marañón et al. 2017).

**Familia Microscillaceae**
Asociada a suelos restaurados con enmiendas ricas en compuestos difícilmente degradables (Rodríguez-Berbel et al., 2021).

- **Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**

## ANÁLISIS DE IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO DEBIDO AL USO COMO ENMIENDA DE RESIDUOS ORGÁNICOS URBANOS Y LODOS DE DEPURADORA, EN EL MARCO DEL PROYECTO INTERREG SUDOE ECOVAL (SOE4/P1/E1104)




### Pseudomonas y Flavobacterium

Géneros caracterizados por su actividad PGPR (Verma et al. 2016a; Santoyo et al. 2012).

### Flavobacterium

Género fijadora de CO2 y solubilizadora de P (Miralles et al, 2021).

### Coprothermobacter

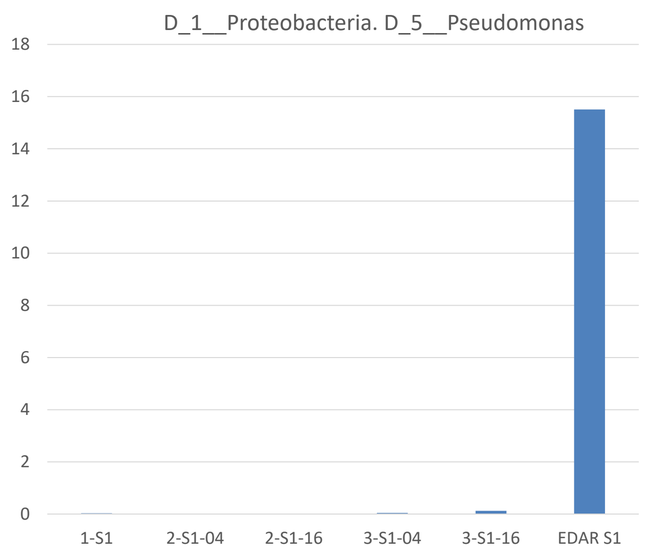
Diferentes habilidades metabólicas con aplicaciones biotecnológicas como fuente de enzimas termoestables o como inóculo en procesos anaeróbicos (Gagliano et al. 2015).

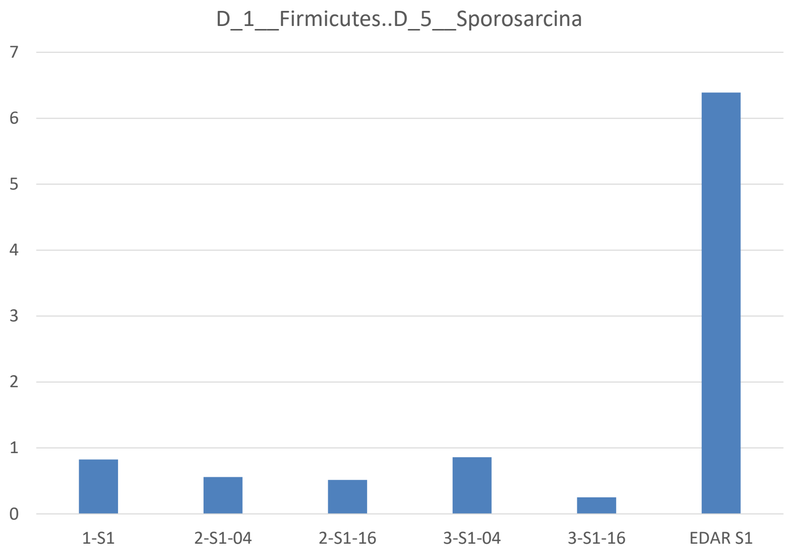
### Sporosarcina

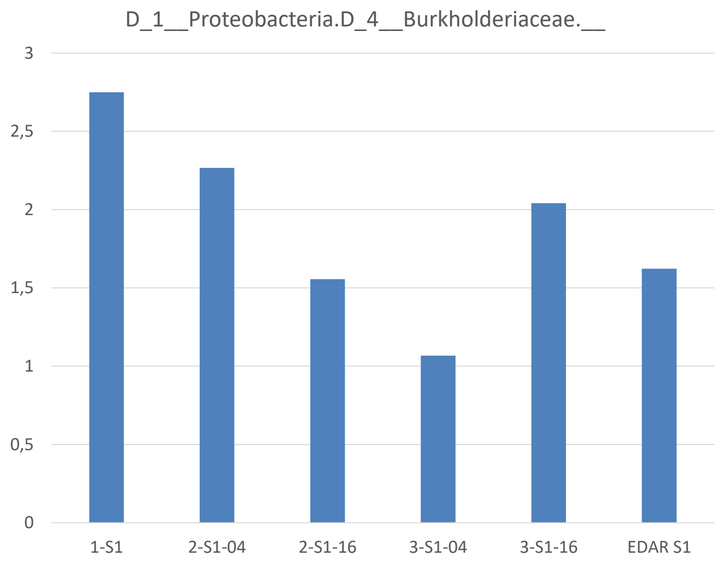
Encontrado en la rizosfera de cultivos de trigo exhibiendo atributos PGP multifuncionales (Verma et al. 2016b).

- **Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**
- **Microorganismo seleccionado para análisis de transferencia a suelo**

## TRANSFERENCIA DE MICROORGANISMOS DESDE LAS ENMIENDA EDAR S1 (H) A LOS SUELOS




**Donde X-SY-Z.**

**X: Fecha muestreo (1,2,3)**

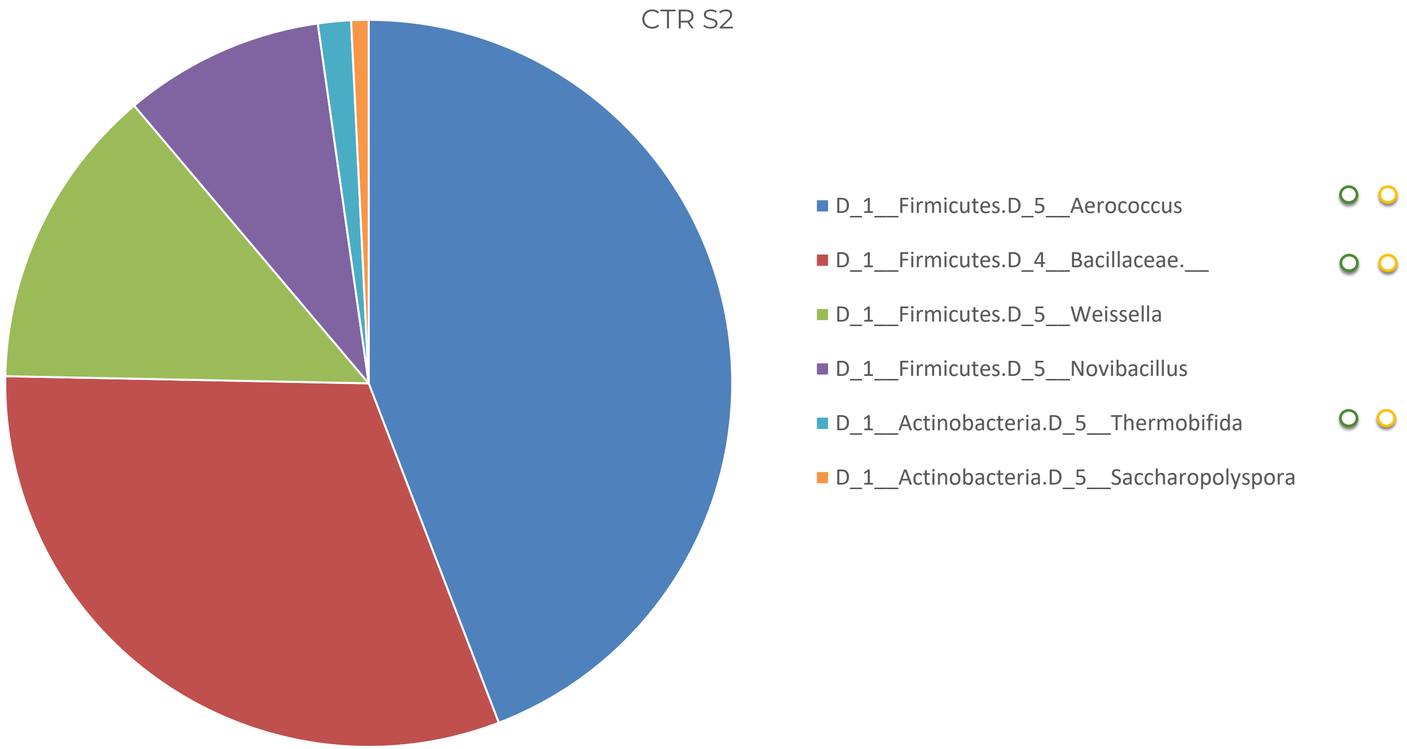
**Y: Parcela muestreo (1,2,3)**

**Z: Densidad enmienda Kg/m² (4,16)**

**- La transferencia de microorganismos fue limitada a estar ya presente en el suelo los microorganismos.**

**- Altos procesos de competencia para establecimiento de nuevos microorganismos**

**- La estacionalidad influye en la abundancia de los microorganismos**




## Aerococcus

Solubiliza fosfato tricálcico a diferentes concentraciones de cloruro de sodio para plantas cultivadas en suelos salinos (Naseer et al. 2019).

## Familia Bacillaceae

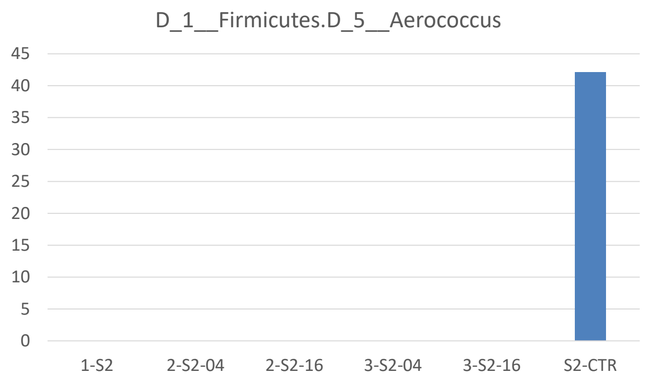
El miembro de la familia Bacillaceae, Bacillus thuringiensis, es ampliamente utilizado como biopesticida, ya que produce una toxina que es activa contra muchas clases de insectos (Fisher y Garczynski 2012). Capaz de promover la retención de nitrógeno (Xu et al, 2019),

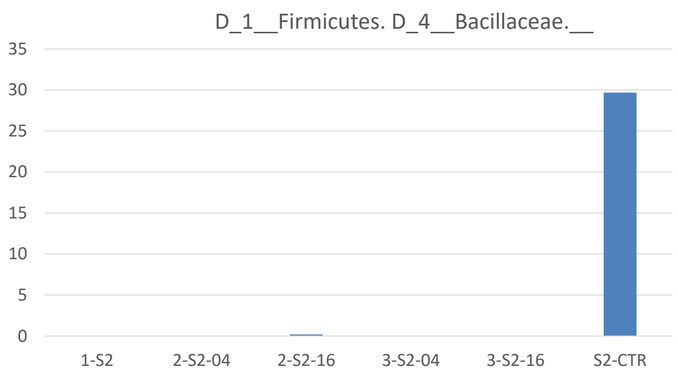
## Thermobifida

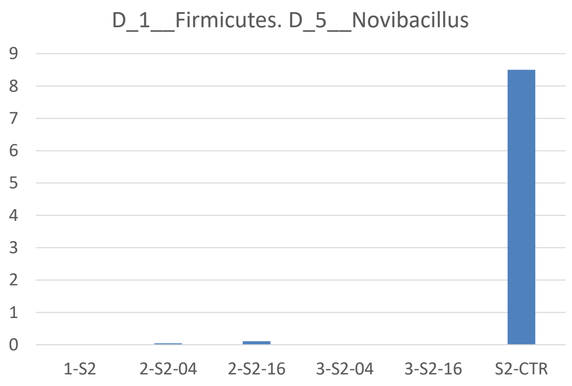
Género implicado en diferentes fases de la formación del compost. (Steger et al. 2007; Singh et al. 2017).

- **Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**
- **Microorganismo seleccionado para análisis de transferencia a suelo**

## TRANSFERENCIA DE MICROORGANISMOS DESDE LAS ENMIENDA CTR S2 A LOS SUELOS




**Donde X-SY-Z.**

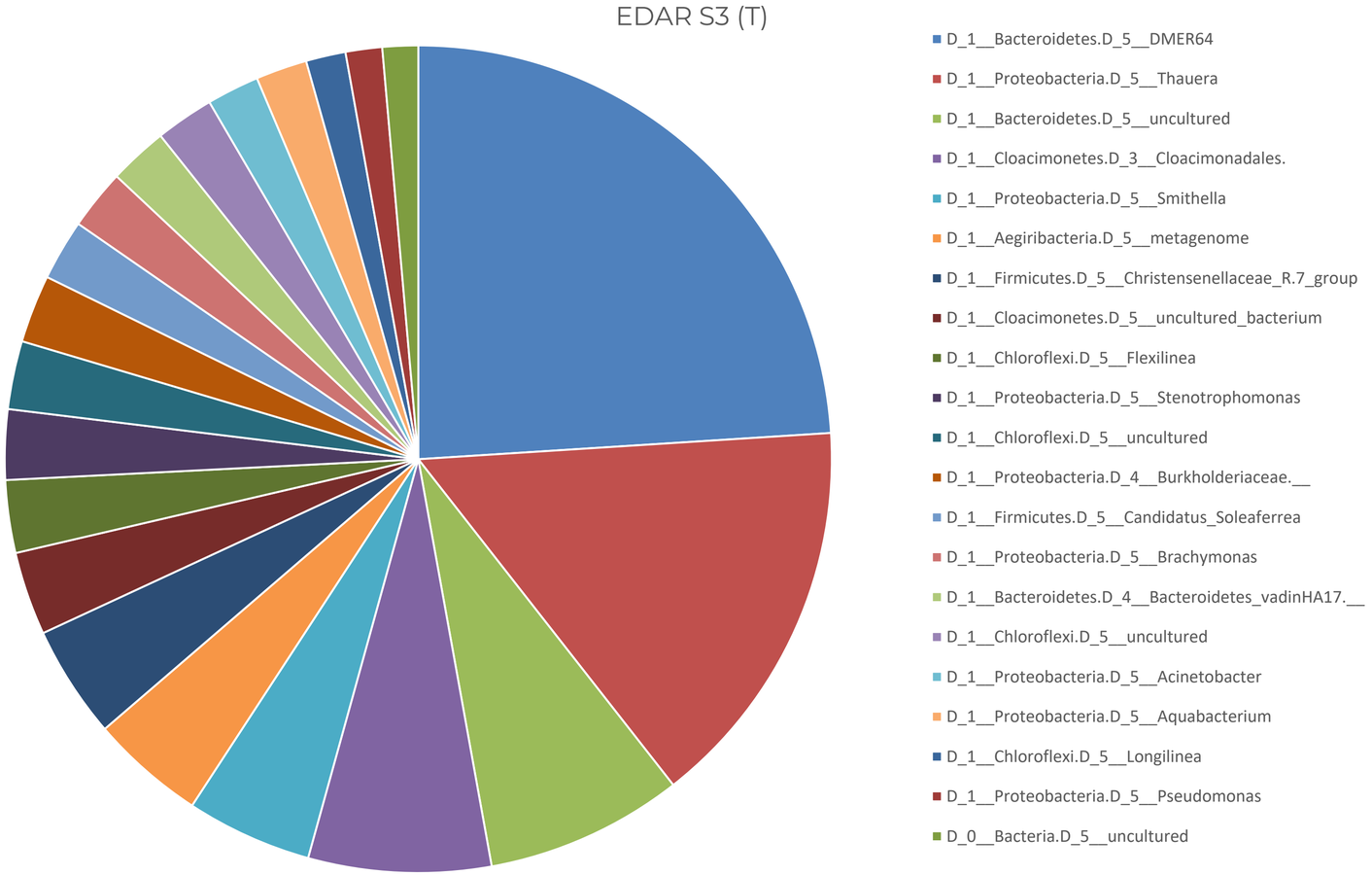
**X: Fecha muestreo (1,2,3)**

**Y: Parcela muestreo (1,2,3)**

**Z: Densidad enmienda Kg/m2 (4,16)**

**- No se observa transferencia de microorganismos de esta enmienda a los suelos**

## ANÁLISIS DE IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO DEBIDO AL USO COMO ENMIENDA DE RESIDUOS ORGÁNICOS URBANOS Y LODOS DE DEPURADORA, EN EL MARCO DEL PROYECTO INTERREG SUDOE ECOVAL (SOE4/P1/E1104)




### Stenotrophomonas

Supresión de enfermedades de las plantas, provoca cambios tras aplicación de biochar las enmiendas de biocarbón promoverían la multifuncionalidad en la rizosfera del suelo y beneficiarían el crecimiento de las plantas y la resistencia a las enfermedades (Li et al. 2022).

### Brachymonas

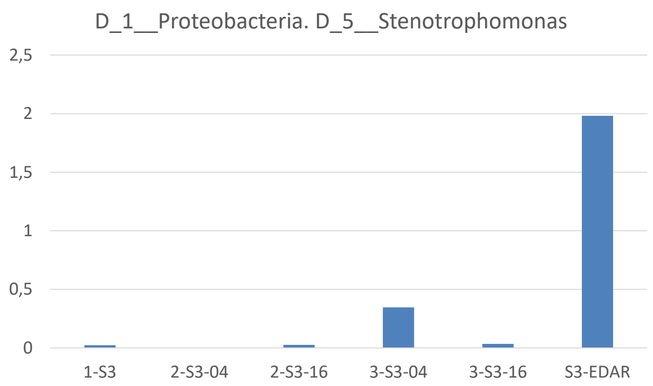
Género que incluye desnitrificantes capaces de consumir ácidos orgánicos como el acetato junto con la reducción de nitrato (Nelson et al. 2011; Shin et al. 2016).

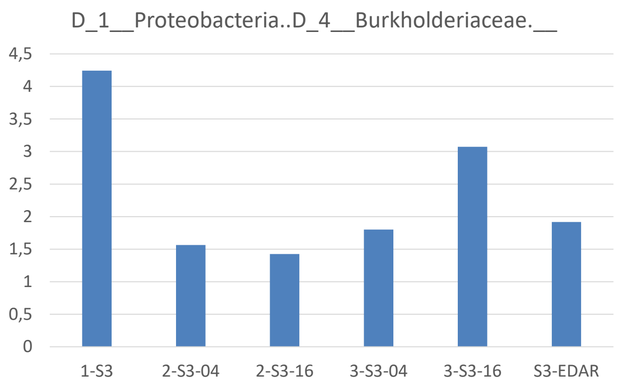
### Acinetobacter

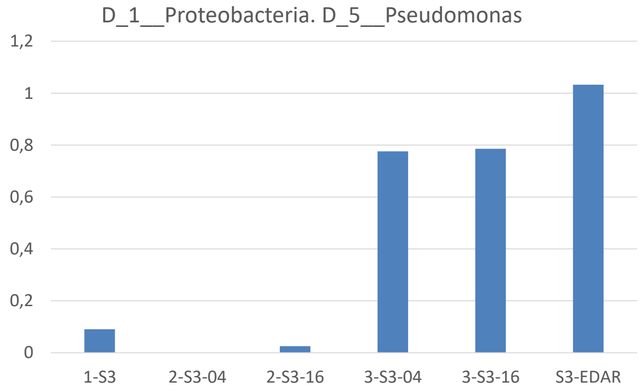
Productor de etileno, una fitohormona gaseosa. El etileno también juega un papel clave en la defensa contra el estrés por calor (Naseer et al., 2019).

- **Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**
- **Microorganismo seleccionado para análisis de transferencia a suelo**

## TRANSFERENCIA DE MICROORGANISMOS DESDE LAS ENMIENDA S3 EDAR A LOS SUELOS



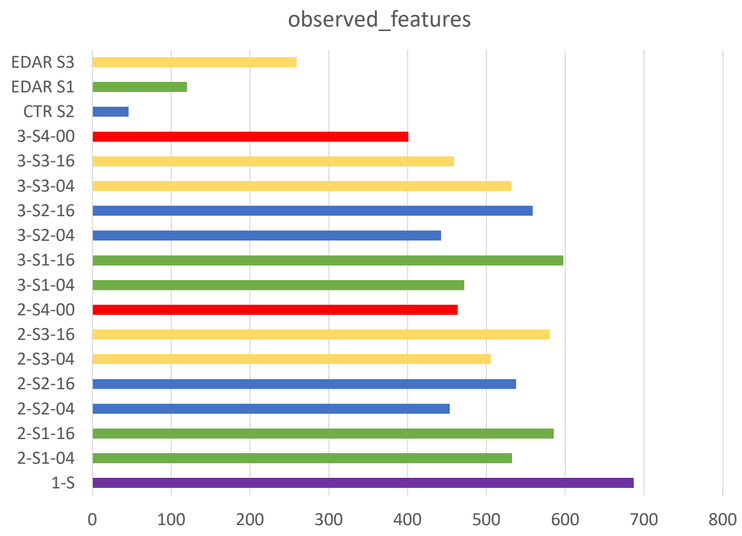



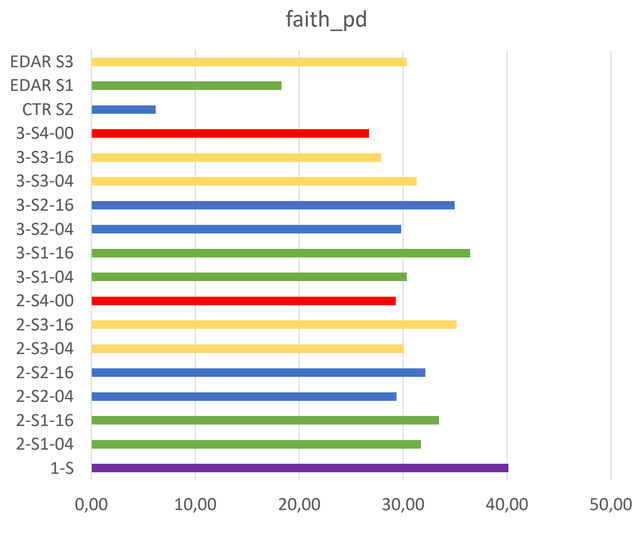



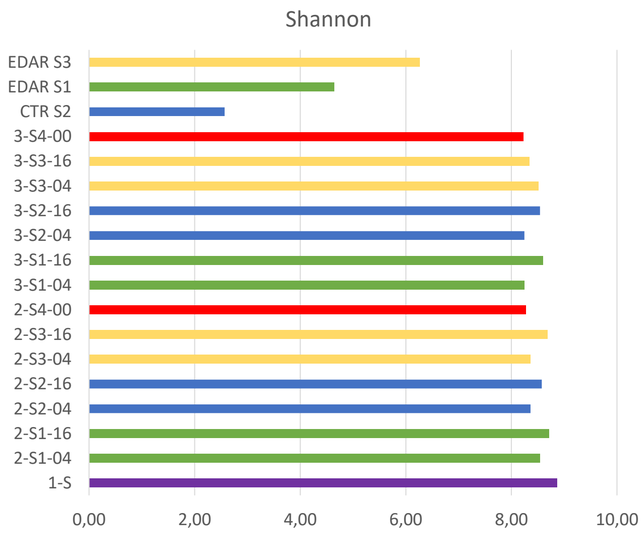

- **Las enmiendas parecen aumentar la carga bacteriana en algunos microorganismos ya presentes.**
- **Las pseudomonas han crecido los niveles, aunque con la enmienda EDAR S1 (T) eran mayoritarias y no se establecieron**
- **Variabilidad suelos o las  propiedades físico químicas enmiendas también influyen en microorganismos**

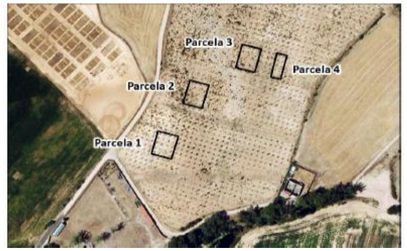
**Donde X-SY-Z.**
**X: Fecha muestreo (1,2,3)**
**Y: Parcela muestreo (1,2,3)**
**Z: Densidad enmienda Kg/m2 (4,16)**

## INDICES DE DIVERSIDAD



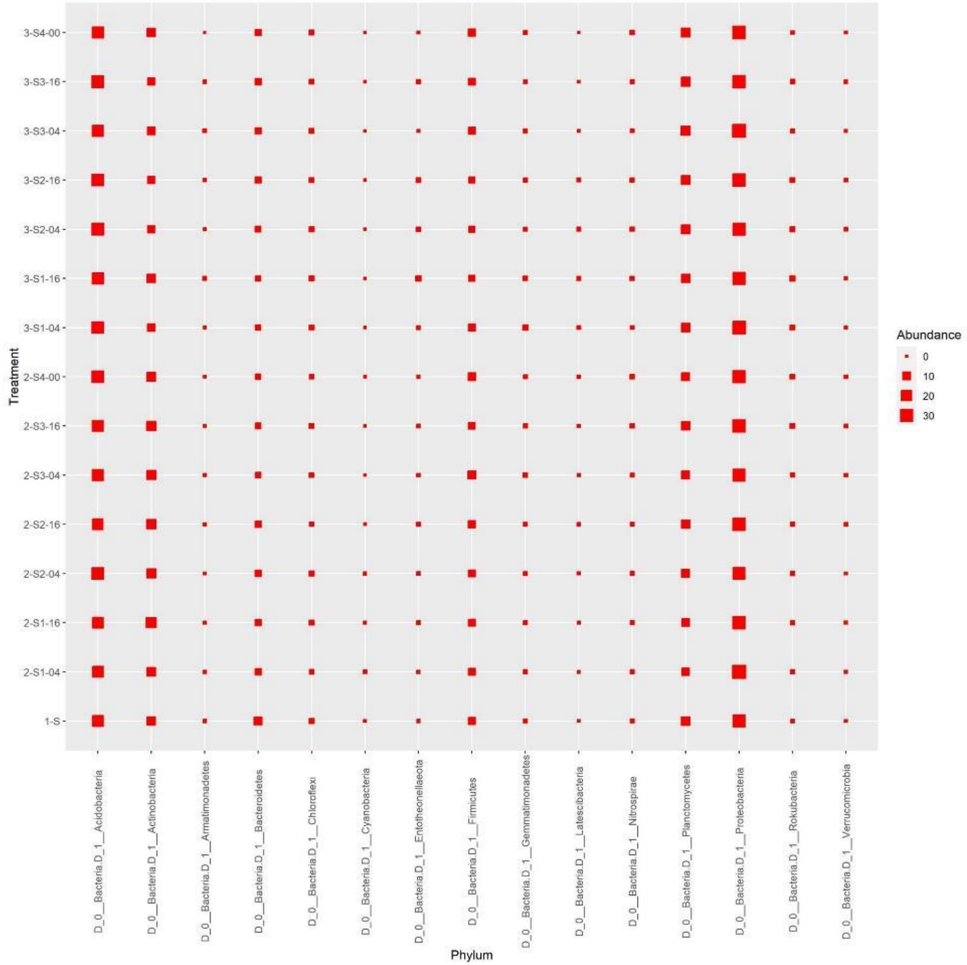



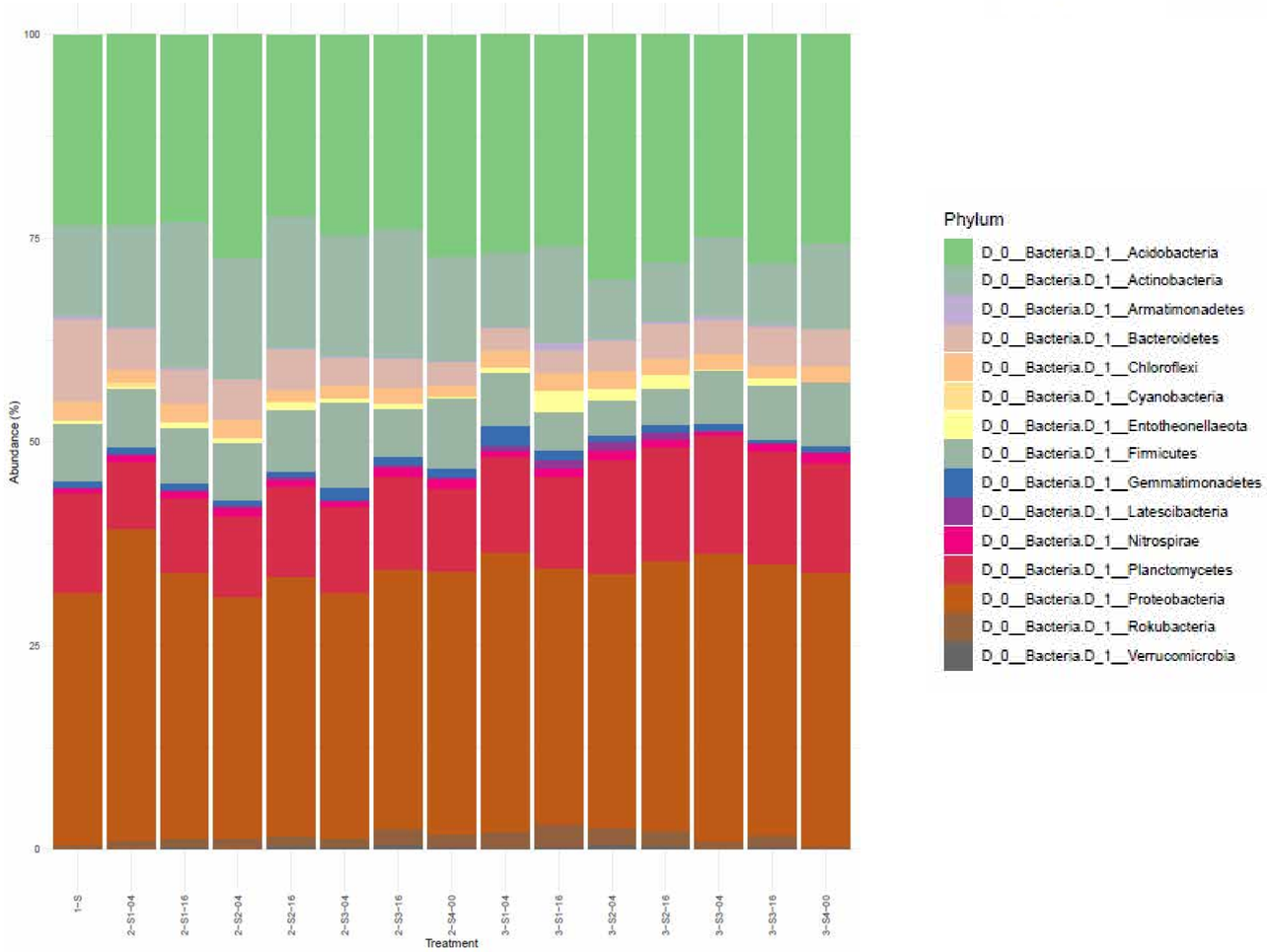




**Donde X-SY-Z.**
**X:** Fecha muestreo (1,2,3)
**Y:** Parcela muestreo (1,2,3)
**Z:** Densidad enmienda Kg/m2 (4,16)

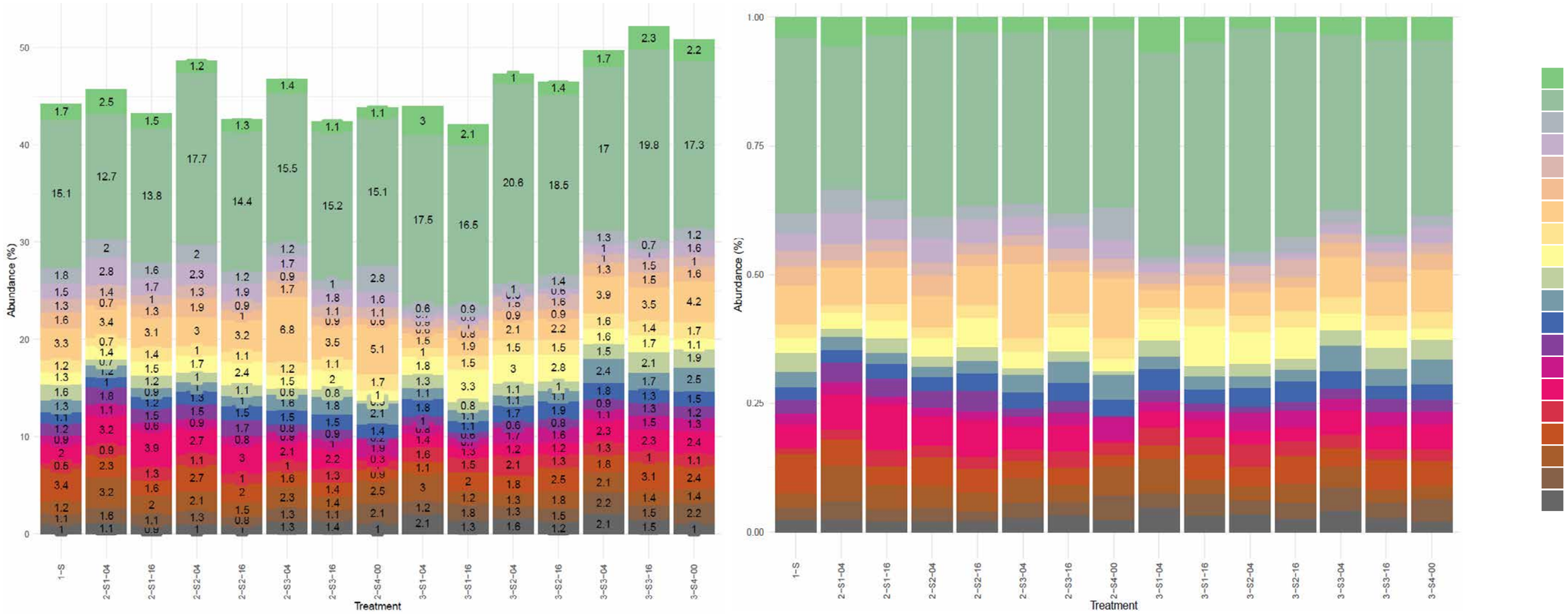
- **CTR S2 < EDAR S1 (H) < EDAR S3 (T). Gradiente de diversidad en enmiendas**
- **1-S. Resulta de la media de las 4 parcelas antes de la adición de las enmiendas. Mayor variabilidad de la esperada.**
- **Las enmiendas aumentan la diversidad y especialmente a mayores concentraciones (16 kg/m²)**

## FILOS BACTERIANOS



## GÉNEROS MÁS ABUNDANTES



## GÉNEROS INDICADORES EDAR S1 (H)

| EDAR S1 FECHA 2 | Group | 2-S1-04 | #sps. | 6 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Azospirillales.D_4__uncultured.D_5__uncultured_bacterium | 0.718 | 0.0201 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Actinobacteria.D_3__Propionibacteriales.D_4__Nocardioidaceae.D_5__Nocardioides | 0.699 | 0.0013 | ** | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Rhizobiales.D_4__Hyphomicrobiaceae.D_5__Hyphomicrobium | 0.677 | 0.0225 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Gammaproteobacteria.D_3__Gammaproteobacteria_Incertae_Sedis.D_4__Unknown_Family.D_5__Acidibacter | 0.652 | 0.0357 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Gammaproteobacteria.D_3__Betaproteobacteriales.D_4__Nitrosomonadaceae.D_5__Ellin6067 | 0.592 | 0.0361 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Bacteroidetes.D_2__Bacteroidia.D_3__Cytophagales.D_4__Hymenobacteraceae.D_5__Adhaeribacter | 0.589 | 0.0316 | * | |
| | Group | 2-S1-16 | #sps. | 4 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Acetobacterales.D_4__Acetobacteraceae.D_5__Craurococcus | 0.713 | 0.0128 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Tistrellales.D_4__Geminicoccaceae.D_5__uncultured | 0.646 | 0.0337 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Thermoleophilia.D_3__Solirubrobacterales.D_4__67.14.D_5__uncultured_actinobacterium | 0.61 | 0.0301 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Tistrellales.D_4__Geminicoccaceae.D_5__Candidatus_Alysiosphaera | 0.512 | 0.0479 | * | |

| EDAR S1 FECHA 3 | Group | 3-S1-04 | #sps. | 3 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__uncultured.__.__ | 0.791 | 0.0041 | ** | |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__Phycisphaerae.D_3__Tepidisphaerales.D_4__WD2101_soil_group.D_5__uncultured_bacterium | 0.679 | 0.0287 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Acidobacteria.D_2__Acidobacteriia.D_3__Solibacterales.D_4__Solibacteraceae_.Subgroup_3..D_5__Bryobacter | 0.599 | 0.0128 | * | |
| | Group | 3-S1-16 | #sps. | 6 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Thermoleophilia.D_3__Gaiellales.D_4__uncultured.D_5__uncultured_microorganism | 0.909 | 0.0028 | ** | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Deltaproteobacteria.D_3__Myxococcales.D_4__bacteriap25.D_5__metagenome | 0.858 | 0.0031 | ** | |
| D_0__Bacteria.D_1__Entotheonellaeota.D_2__Entotheonellia.D_3__Entotheonellales.D_4__Entotheonellaceae.__ | 0.801 | 0.0231 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Rokubacteria.D_2__NC10.D_3__Rokubacteriales.D_4__uncultured_bacterium.D_5__uncultured_bacterium | 0.681 | 0.0413 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Rokubacteria.D_2__NC10.D_3__Rokubacteriales.Ambiguous_taxa.Ambiguous_taxa | 0.568 | 0.0316 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Thermoleophilia.D_3__Gaiellales.D_4__Gaiellaceae.D_5__Gaiella | 0.559 | 0.0081 | ** | |

## GÉNEROS INDICADORES CTR S2

| CTR S2 FECHA 2 | Group | 2-S2-04 | #sps. | 3 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Thermoleophilia.D_3__Solirubrobacterales.D_4__Solirubrobacteraceae.D_5__Solirubrobacter | 0.675 | 0.0167 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Acidobacteria.D_2__Subgroup_6.D_3__Unknown_Order.D_4__Unknown_Family.D_5__Luteitalea | 0.64 | 0.0476 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Thermoleophilia.D_3__Solirubrobacterales.D_4__67.14.D_5__uncultured_Rubrobacteria_bacterium | 0.6 | 0.0395 | * | |
| | Group | 2-S2-16 | #sps. | 3 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Latescibacteria.__.__.__.__ | 0.685 | 0.0353 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Actinobacteria.D_3__Propionibacteriales.D_4__Propionibacteriaceae.D_5__Microlunatus | 0.606 | 0.0243 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Entotheonellaeota.D_2__Entotheonellia.D_3__Entotheonellales.D_4__Entotheonellaceae.D_5__uncultured_microorganism | 0.601 | 0.0396 | * | |

| CTR S2 FECHA 3 | Group | 3-S2-04 | #sps. | 5 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Rhizobiales.D_4__Xanthobacteraceae.__ | 0.797 | 0.0166 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__OM190.__.__.__ | 0.718 | 0.0182 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Gammaproteobacteria.D_3__Steroidobacterales.D_4__Steroidobacteraceae.D_5__uncultured | 0.66 | 0.0446 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Rokubacteria.D_2__NC10.D_3__Rokubacteriales.__.__ | 0.655 | 0.0193 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__Planctomycetacia.D_3__Gemmatales.D_4__Gemmataceae.D_5__Zavarzinella | 0.625 | 0.0466 | * | |
| | Group | 3-S2-16 | #sps. | 1 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Acidobacteria.D_2__Subgroup_6.D_3__unidentified.D_4__unidentified.D_5__unidentified | 0.683 | 0.0212 | * | |

## GÉNEROS INDICADORES EDAR S3 (T)

| EDAR S3 FECHA 2 | Group | 2-S3-04 | #sps. | 1 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Gemmatimonadetes.D_2__Gemmatimonadetes.D_3__Gemmatimonadales.D_4__Gemmatimonadaceae.D_5__uncultured | 0.74 | 0.0113 | * | |
| | Group | 2-S3-16 | #sps. | 1 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Rokubacteria.D_2__NC10.D_3__Rokubacteriales.Ambiguous_taxa.Ambiguous_taxa | 0.678 | 0.0257 | * | |

| EDAR S3 FECHA 3 | | | | |
|---|---|---|---|---|
| | Group | 3-S3-04 | #sps. | 1 |
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Acidimicrobiia.D_3__Microtrichales.D_4__Ilumatobacteraceae.D_5__uncultured | 0.626 | 0.0461 | * | |
| | Group | 3-S3-16 | #sps. | 3 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| D_0__Bacteria.D_1__Acidobacteria.D_2__Subgroup_6.D_3__Unknown_Order.D_4__Unknown_Family.D_5__Luteitalea | 0.74 | 0.0428 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__Planctomycetacia.D_3__Isosphaerales.D_4__Isosphaeraceae.__ | 0.591 | 0.0254 | * | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Thermoleophilia.D_3__Solirubrobacterales.D_4__67.14.D_5__uncultured_bacterium | 0.56 | 0.0283 | * | |

## GÉNEROS INDICADORES CONTROL S4

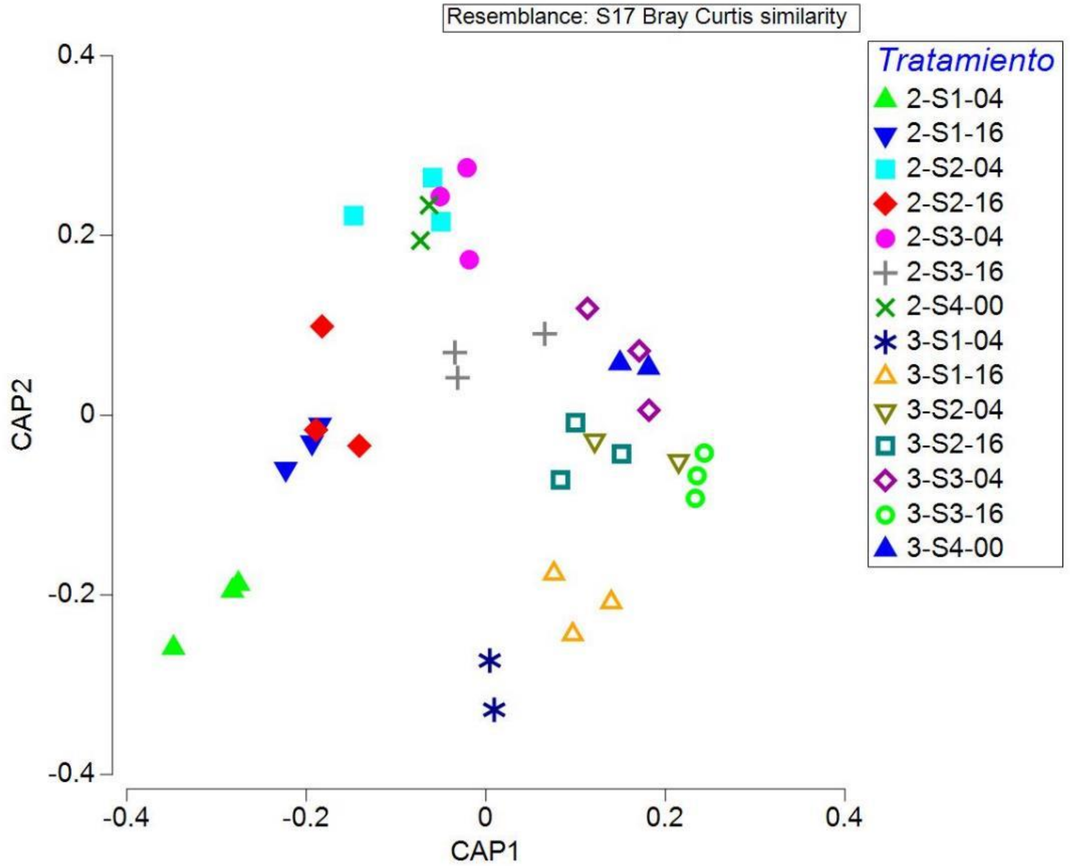
| CONTROL S4 FECHA 2 | Group 2-S4-00 #sps. | | 14 |
|---|---|---|---|
| | stat | p.value | |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Rhizobiales.D_4__Rhizobiaceae.D_5__Phyllobacterium | 0.956 | 0.0063 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Acidobacteria.D_2__Blastocatellia_.Subgroup_4..D_3__11.24.__.__ | 0.953 | 0.0063 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__Planctomycetacia.D_3__Isosphaerales.D_4__Isosphaeraceae.D_5__Singulisphaera | 0.901 | 0.0059 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Rhizobiales.D_4__Rhizobiaceae.D_5__Mesorhizobium | 0.877 | 0.0063 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Rhizobiales.D_4__KF.JG30.B3.__ | 0.843 | 0.0062 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Caulobacterales.D_4__Caulobacteraceae.D_5__Phenylobacterium | 0.831 | 0.0063 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.__.__.__ | 0.803 | 0.0063 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Alphaproteobacteria.D_3__Reyranellales.D_4__Reyranellaceae.D_5__Reyranella | 0.797 | 0.0119 | * |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Gammaproteobacteria.D_3__Betaproteobacteriales.D_4__TRA3.20.__ | 0.725 | 0.0171 | * |
| D_0__Bacteria.D_1__Proteobacteria.D_2__Gammaproteobacteria.D_3__PLTA13.__.__ | 0.699 | 0.005 | ** |
| D_0__Bacteria.D_1__Latescibacteria.D_2__uncultured_Acidobacterium_sp..D_3__uncultured_Acidobacterium_sp..D_4__uncultured_Acidobacterium_sp..D_5__uncultured_Acidobacterium_sp. | 0.681 | 0.0299 | * |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__Planctomycetacia.D_3__Gemmatales.D_4__Gemmataceae.D_5__Gemmata | 0.667 | 0.0161 | * |
| D_0__Bacteria.D_1__Firmicutes.D_2__Bacilli.D_3__Bacillales.D_4__Paenibacillaceae.D_5__Paenibacillus | 0.638 | 0.0171 | * |
| D_0__Bacteria.D_1__Planctomycetes.D_2__Planctomycetacia.D_3__Pirellulales.D_4__Pirellulaceae.D_5__Pir4_lineage | 0.602 | 0.0348 | * |

| CONTROL S4 FECHA 3 | Group 3-S4-00 #sps. | | 2 |
|---|---|---|---|
| | stat | p.value | |
| D_0__Bacteria.D_1__Actinobacteria.D_2__Actinobacteria.D_3__Propionibacteriales.D_4__Nocardioidaceae.D_5__Nocardioides | 0.687 | 0.0187 | * |
| D_0__Bacteria.D_1__Bacteroidetes.D_2__Bacteroidia.D_3__Cytophagales.D_4__Microscillaceae.D_5__uncultured | 0.577 | 0.0193 | * |

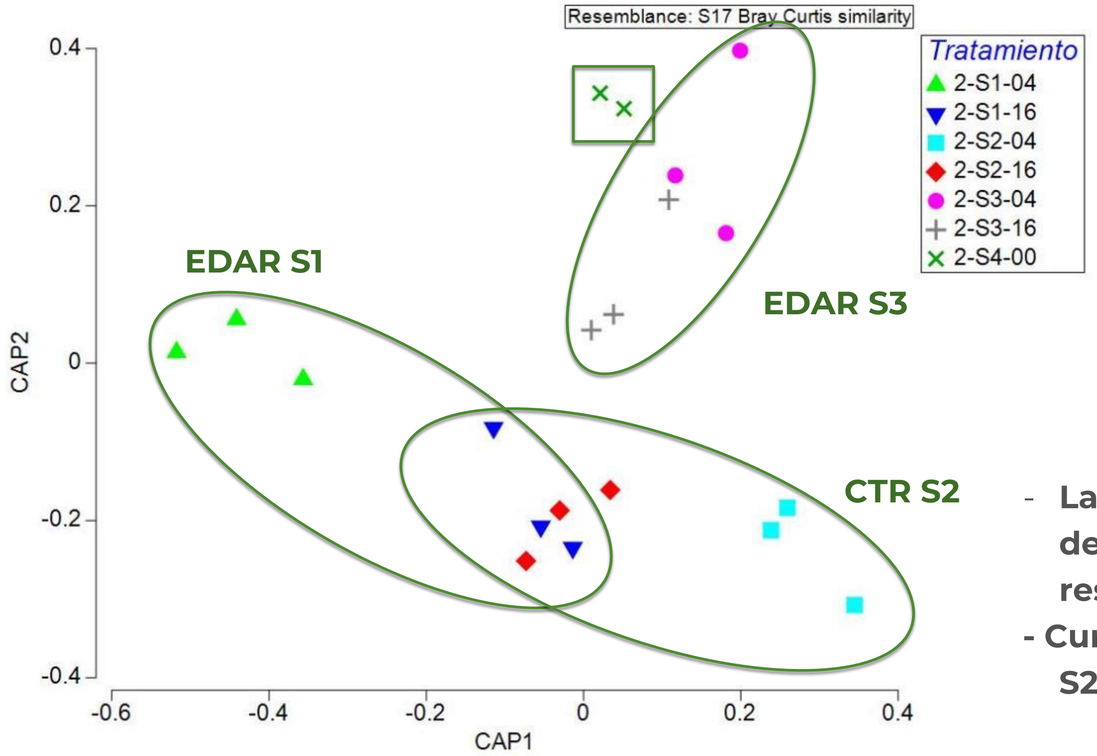
| MUESTREO | DOSIS | EDAR S1 (H) | CTR S2 | EDAR S3 (T) | Control (0 kg / m²) |
|---|---|---|---|---|---|
| 2 | 4 kg /m² | 6 | 3 | 1 | 14 |
| | 16 kg /m² | 4 | 3 | 1 | |
| 3 | 4 kg /m² | 3 | 5 | 1 | 2 |
| | 16 kg /m² | 6 | 1 | 3 | |

- La EDAR S1 ha favorecido más taxones (19) y la EDAR S3 la que menos (6).
- El número importante de taxones en el control en la fecha (14) indica que el efecto de la aplicación de las enmiendas fue importante a corto plazo.
- La importante reducción a la fecha 3 indica una homogenización en las comunidades bacterianas.

## ANÁLISIS DE SEMEJANZAS ENTRE COMUNIDADES.

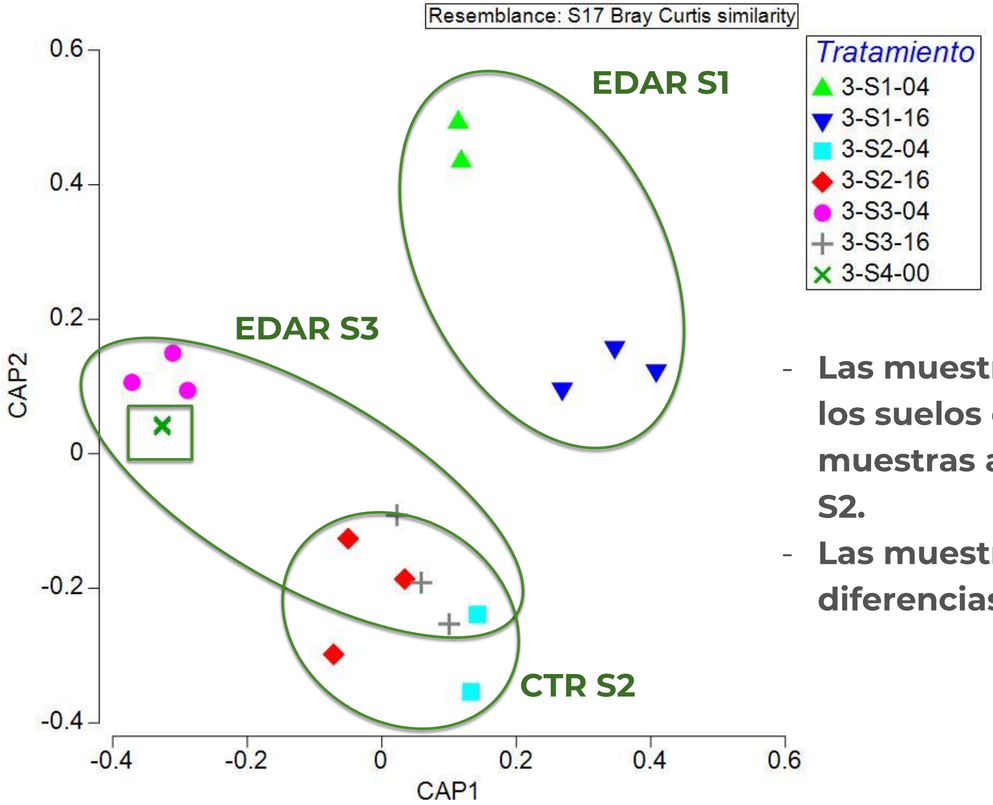


## ANÁLISIS DE SEMEJANZAS ENTRE COMUNIDADES. FECHA 2




- La EDAR S3 se mostraba más parecida a los suelos control. Es decir provocó pocos cambios en las comunidades microbianas respecto al control
- Curiosamente las concentraciones de 16 kg/m² en los tratamientos S2 CTR y EDAR S1 hicieron converger las comunidades bacterianas

## ANÁLISIS DE SEMEJANZAS ENTRE COMUNIDADES. FECHA 3

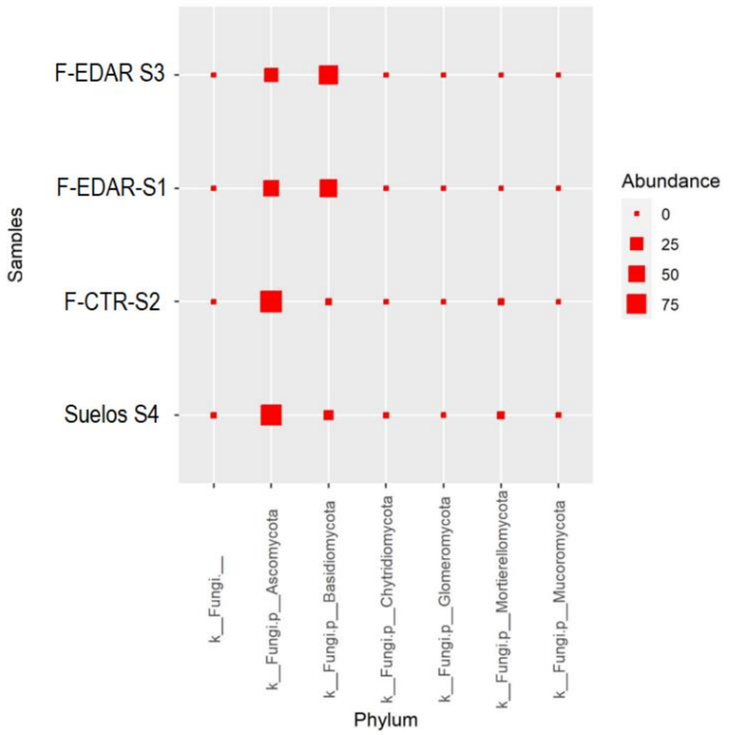



- **Las muestras tratadas con EDAR S3 seguía mostrándose más parecida a los suelos control pero ahora solo las muestras a 4 kg/m². En cambio las muestras a 16 kg/m² convergieron hacia las muestras tratadas con CTR S2.**
- **Las muestras tratadas con EDAR S1 fueron las que provocaron más diferencias en las comunidades microbianas**

# Hongos

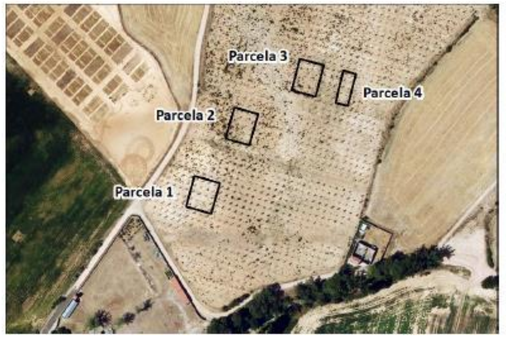
http://anazeppelin.blogspot.com/2007/10/dibujos-de-alcapared.html

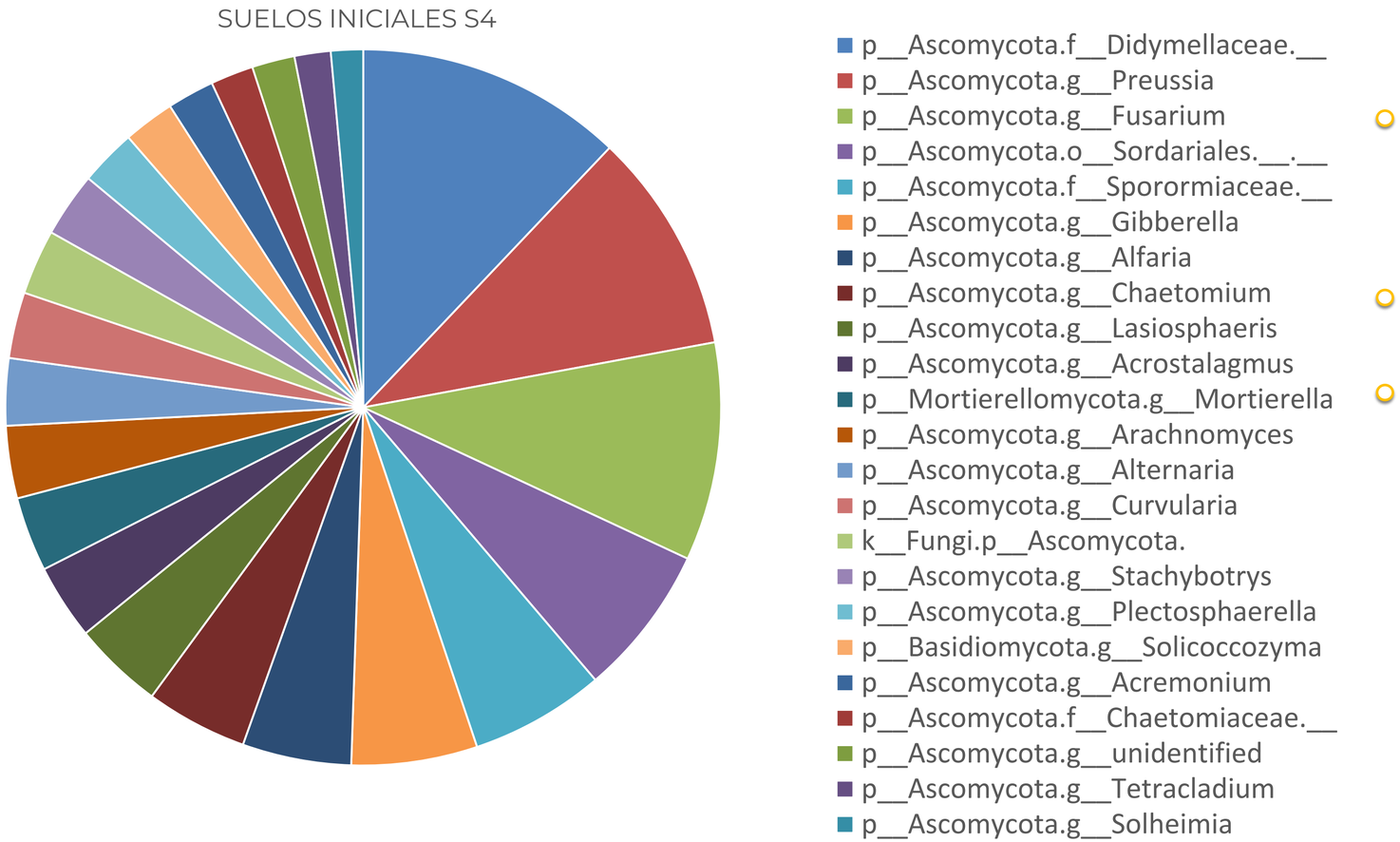
## CARACTERIZACIÓN DE SUELOS DE PARTIDA Y ENMIENDAS




- Los suelos presentaban como filo mayoritarios los Ascomycota, al igual que en el Compost de residuos urbanos (CTR). En los EDAR el filo Basidiomycota es mayoritario, aunque también el Ascomycota sigue bastante representado.
- Al igual que en las bacterias, los suelos tienen mucha más diversidad inicialmente para Los hongos

| TRATAMIENTO | OBSERVED FEATURES | FAITH_PD | SHANNON |
|---|---|---|---|
| 1-S | 364 | 48 | 7 |
| CTR | 23 | 6 | 3 |
| EDAR S3 | 45 | 10 | 4 |
| EDAR S1 | - | - | - |

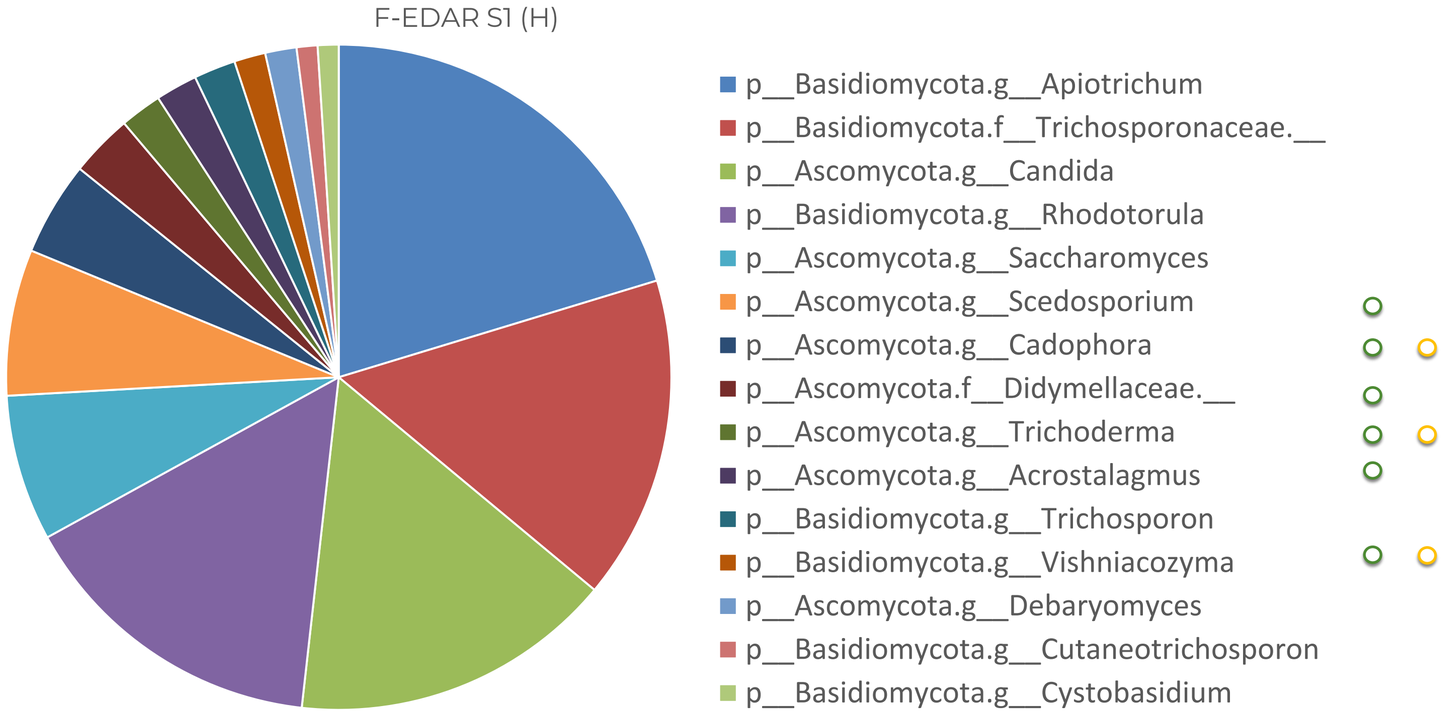





**Géneros antagonistas fúngicos** (Vujanovic et al., 2007)**:**

- Chaetomium
- Fusarium(algunas especies patógenas y otras promotoras del crecimiento, solublizadoras de P)
- Mortierella (solubulizador de P)

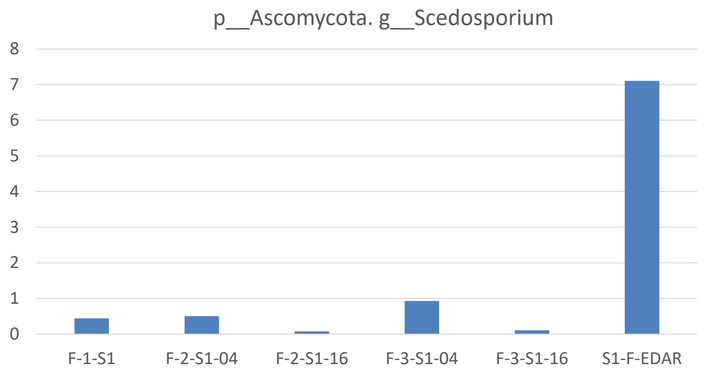
**Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**

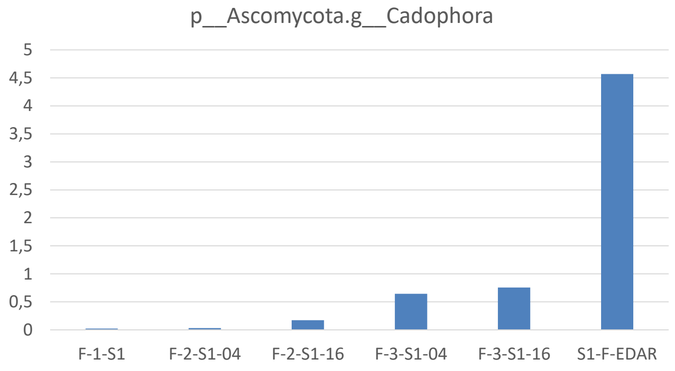


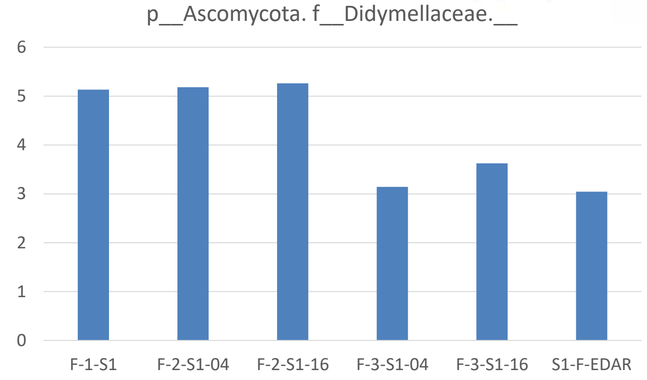

- **Cadophora** → Capacidad de producir hormonas vegetales como la giberelina (You et al., 2013) y liberación de enzimas para colonizar raíces de plantas (Berthelot et al., 2016).
- **Trichoderma** → Género ampliamente usado como control biológico contra patógenos de plantas (Diánez Martínez et al., 2016; Guigón-López et al., 2014).
- **Vishniacozyma** → Hongos endófitos promotores del crecimiento vegetal y biocontroladores de micoparásitos (Vujanovic, 2021).

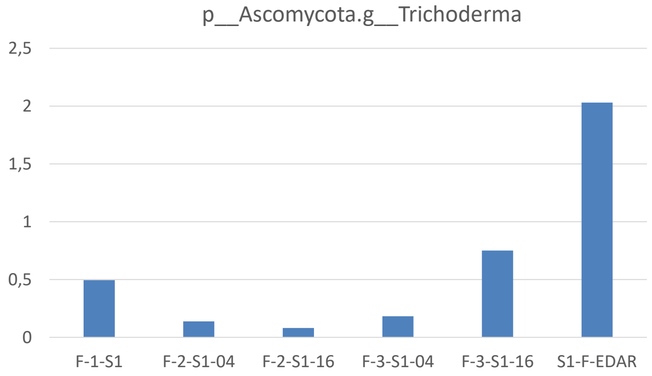
**Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**
**Microorganismo seleccionado para análisis de transferencia a suelo**

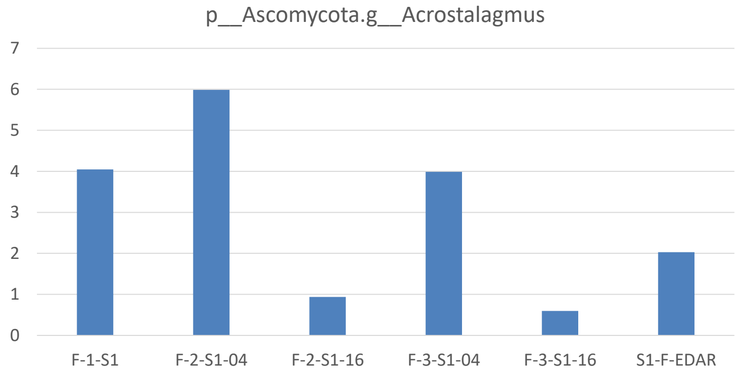
# TRANSFERENCIA DE MICROORGANISMOS DESDE LAS ENMIENDA EDAR S1 (H) A LOS SUELOS

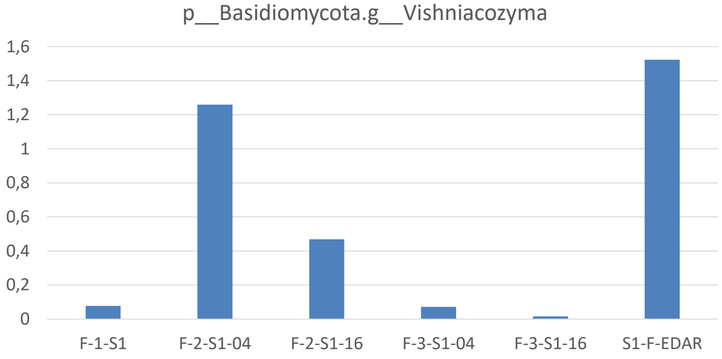


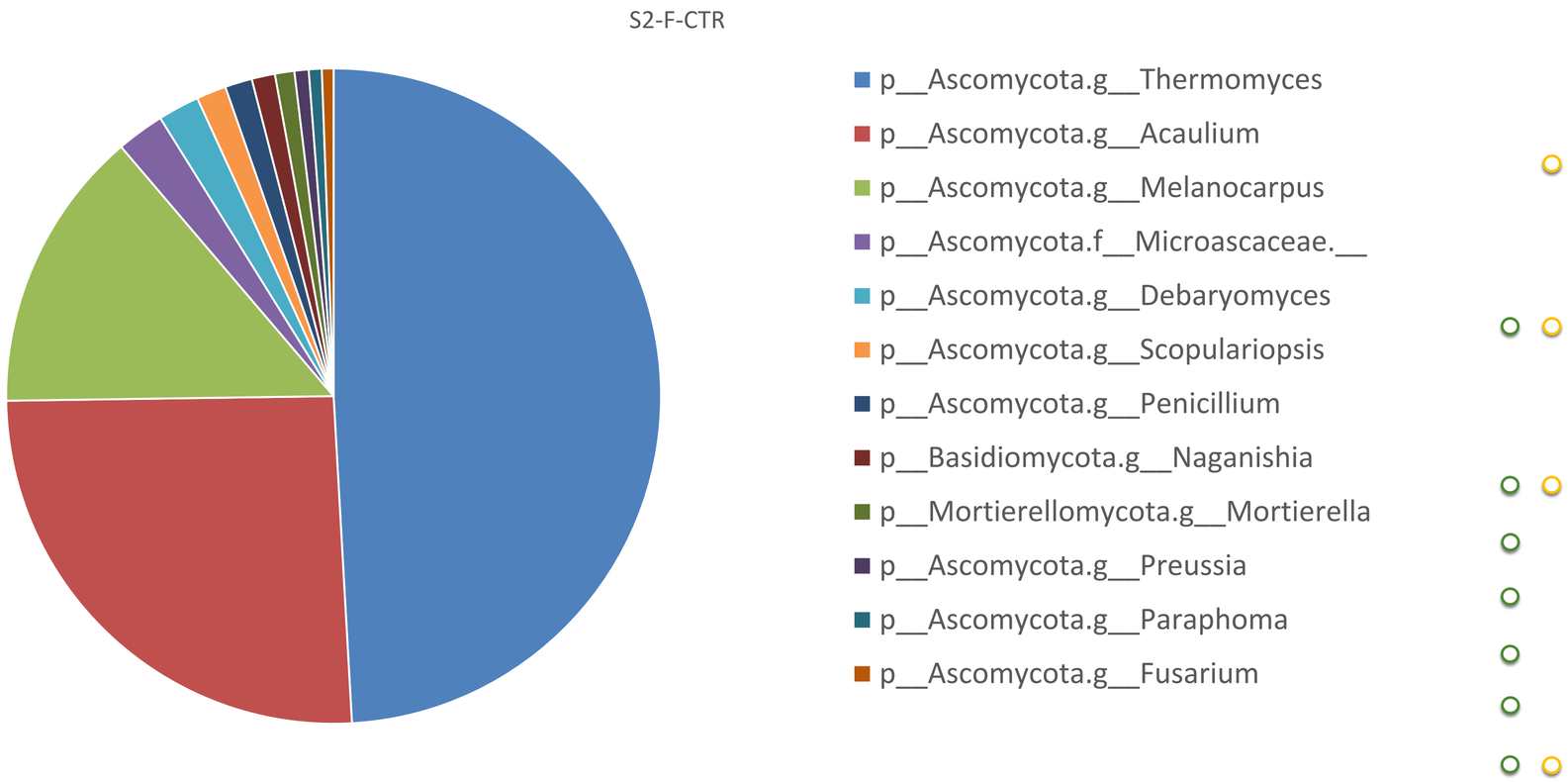




**Donde X-SY-Z.**
**X:** Fecha muestreo (1,2,3)
**Y:** Parcela muestreo (1,2,3)
**Z:** Densidad enmienda Kg/m² (4,16)

- La transferencia de microorganismos en general estuvo condicionada a estar ya presente en el suelo.
- Altos procesos de competencia para establecimiento de nuevos microorganismos
- La estacionalidad influye en la abundancia de los microorganismos




**Thermomyces**

Degradadores de hemicelulosa (Akyol et al., 2019), relacionados con ambientes ricos en carbono orgánico y compost relativamente estables (Meng et al., 2018).

**Microascaceae**

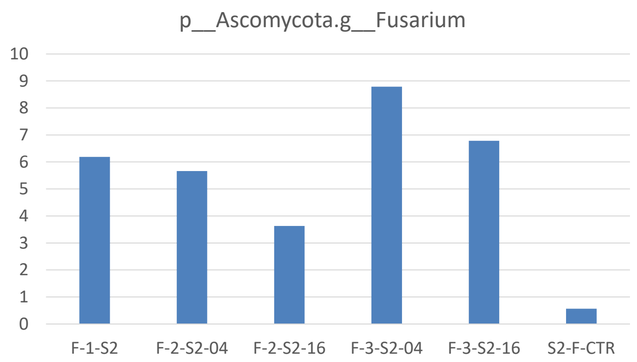
Familia residente en compost (Galitskaya et al., 2017) e indicador de maduración de compost (Jiang et al., 2020).

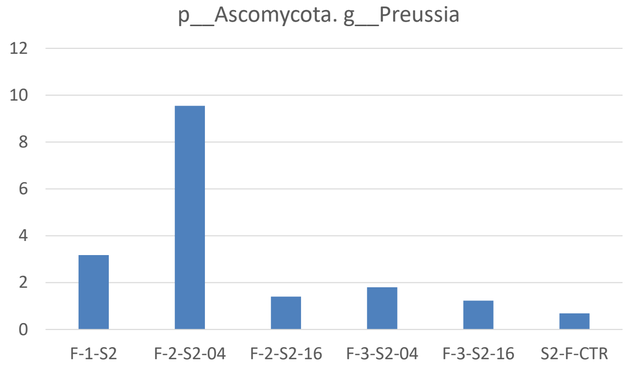
**Penicillium y Fusarium**

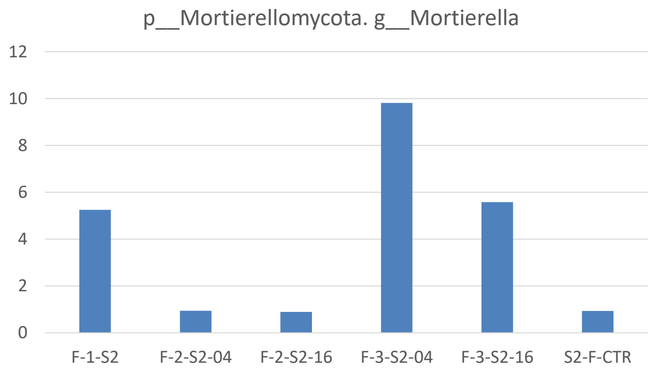
Géneros conocidos por su capacidad de solubilizar fosfato (Nelofer et al. 2016; Chadha et al. 2015; Naseer et al., 2019).

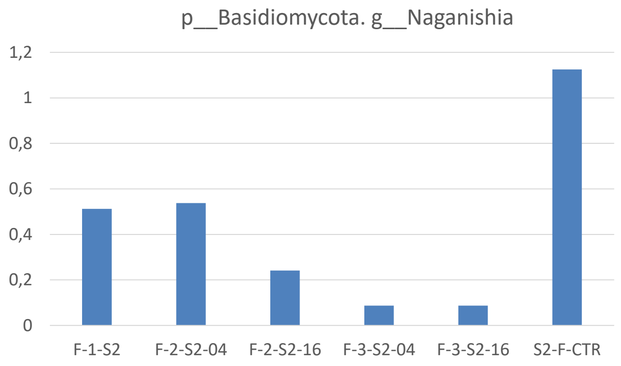
- **Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**
- **Microorganismo seleccionado para análisis de transferencia a suelo**

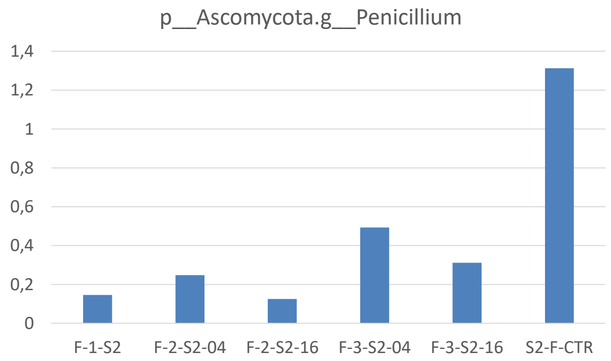
## TRANSFERENCIA DE MICROORGANISMOS DESDE LAS ENMIENDA S2 CTR A LOS SUELOS

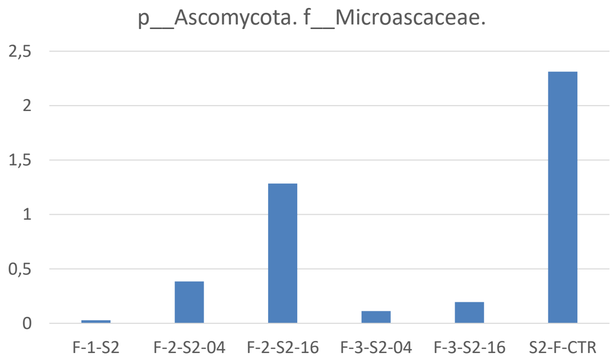


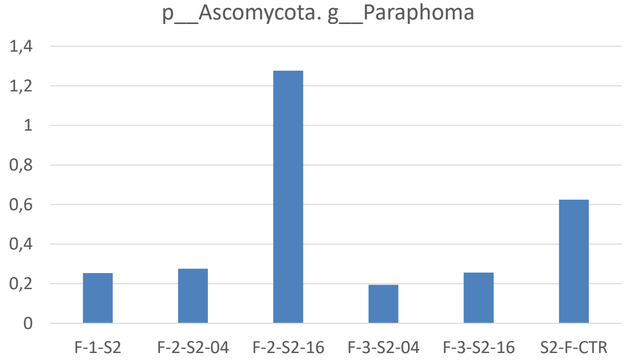



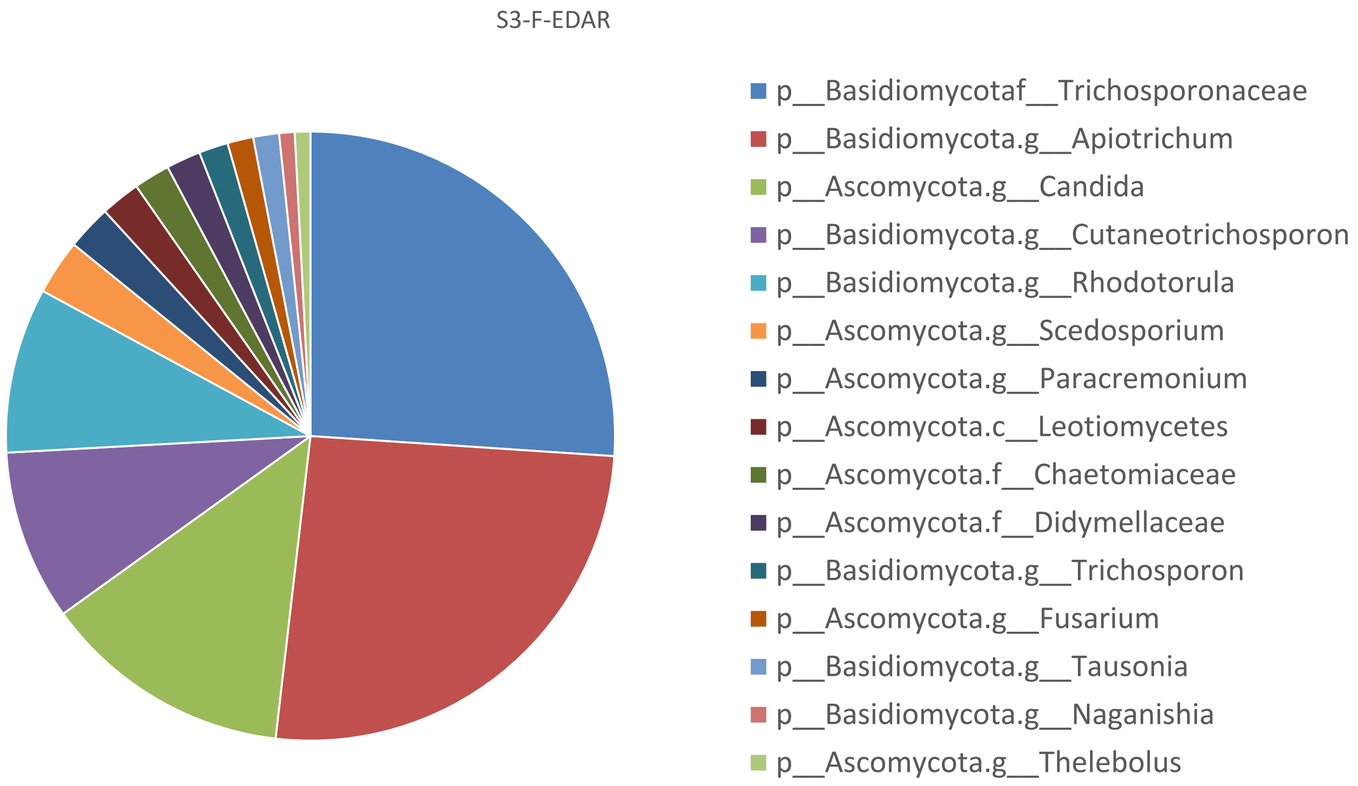




**Donde X-SY-Z.**
**X: Fecha muestreo (1,2,3)**
**Y: Parcela muestreo (1,2,3)**
**Z: Densidad enmienda Kg/m² (4,16)**

- **En el caso de los hongos encontramos casos de transferencia como las Miroascaceae. No ocurría para las bacterias**
- **La estacionalidad influye en la abundancia de los microorganismos**




**Chaetomiaceae**

Biomarcador en suelos enmendados (Dang et al., 2021), actúan como descomponedores de materia orgánica compleja (Paula et al., 2020).

**Trichosporon**

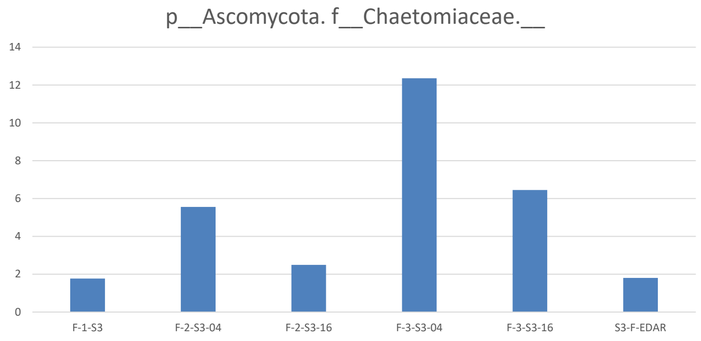
Representantes involucrados en degradación de contaminantes (Santos et al., 2001). También usado en frutos postcosecha como antagonistas en el control de enfermedades (Niurka et al., 2007).

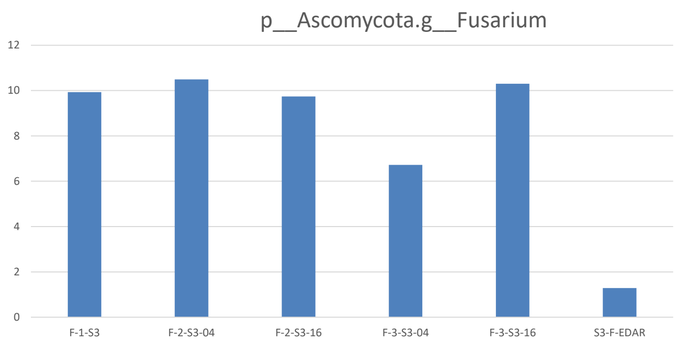
**Fusarium**

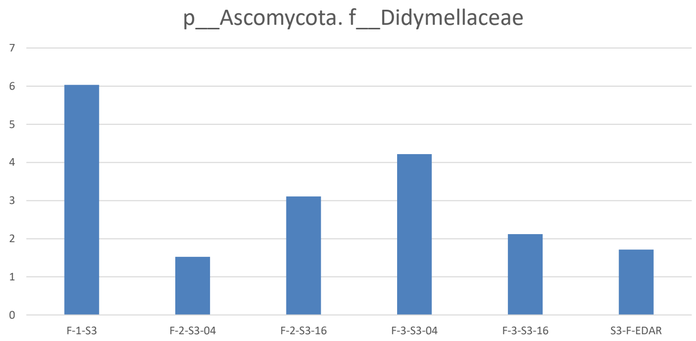
Especies asociadas a plantas medicinales (Devi et al., 2020).

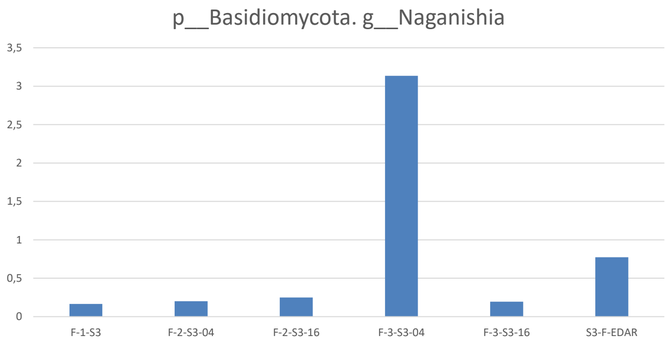
- **Microorganismo con actividad fertilizante o promotora crecimiento vegetal**
- **Microorganismo seleccionado para análisis de transferencia a suelo**

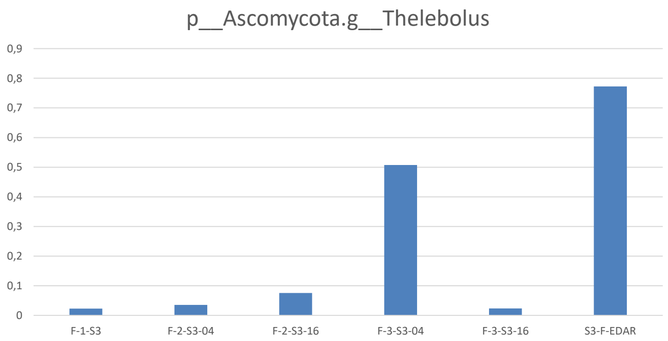
## TRANSFERENCIA DE MICROORGANISMOS DESDE LAS ENMIENDA S3 EDAR (T) A LOS SUELOS




**Donde X-SY-Z.**

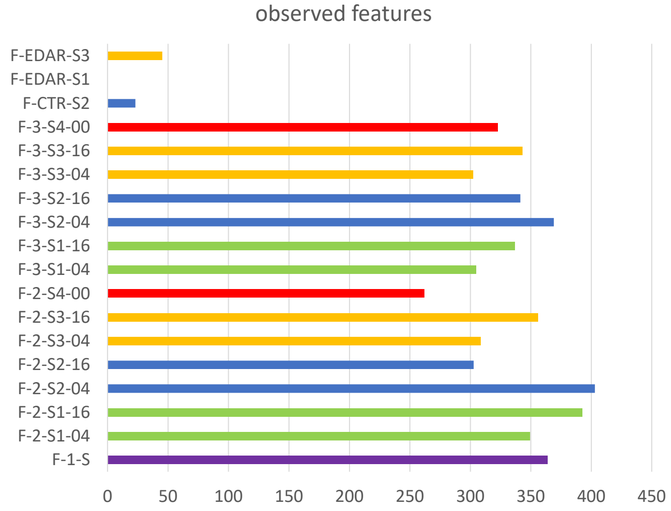
**X:** Fecha muestreo (1,2,3)

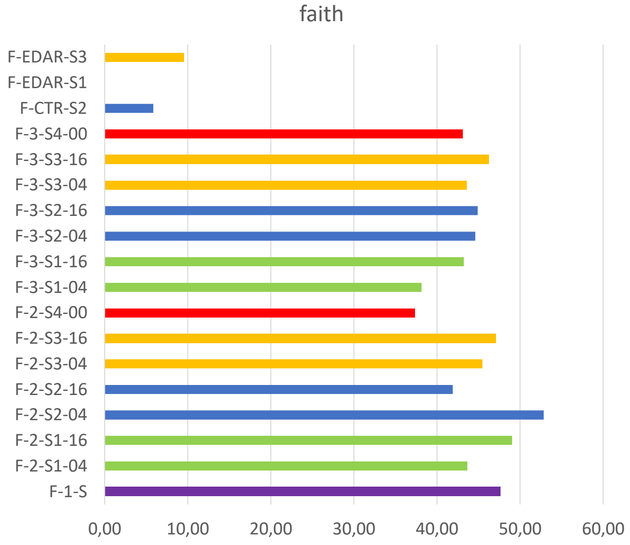
**Y:** Parcela muestreo (1,2,3)

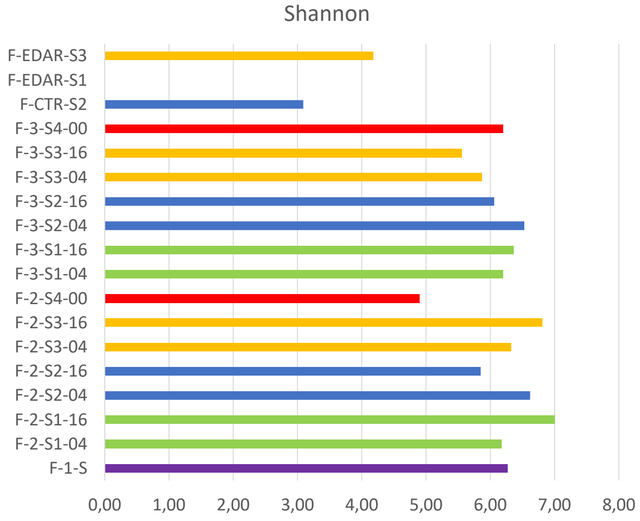
**Z:** Densidad enmienda Kg/m² (4,16)

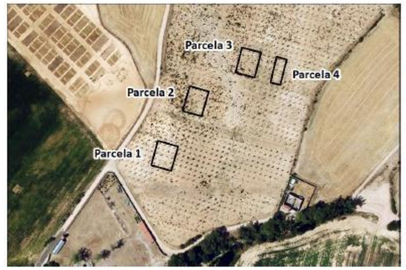
- La transferencia no es fácilmente identificable
- No hay patrones definidos

## INDICES DE DIVERSIDAD




**Donde X-SY-Z.**

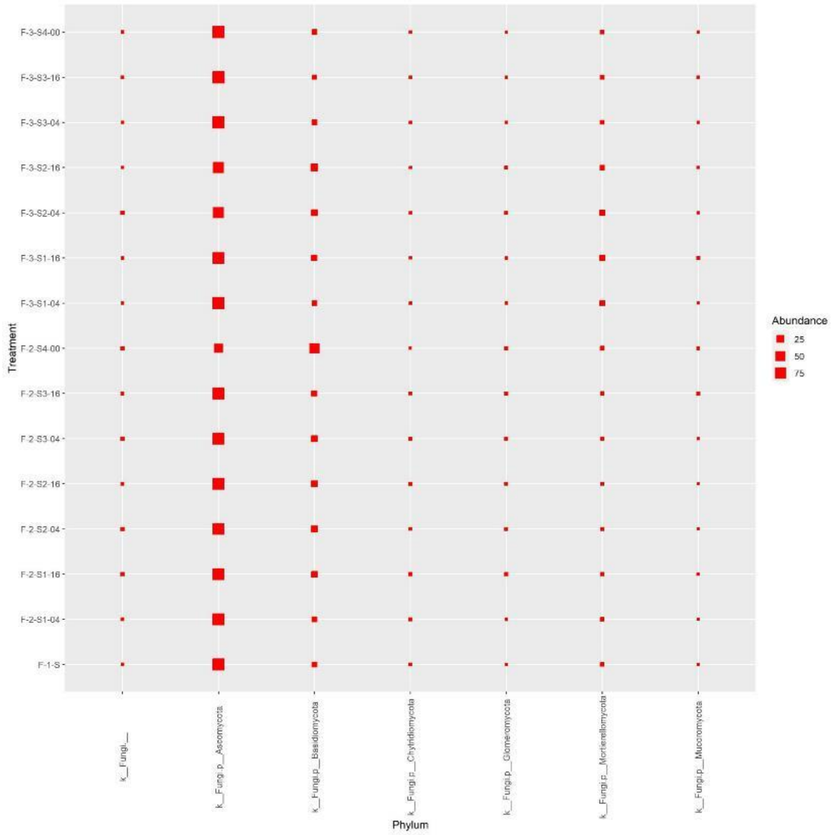
**X:** Fecha muestreo (1,2,3)

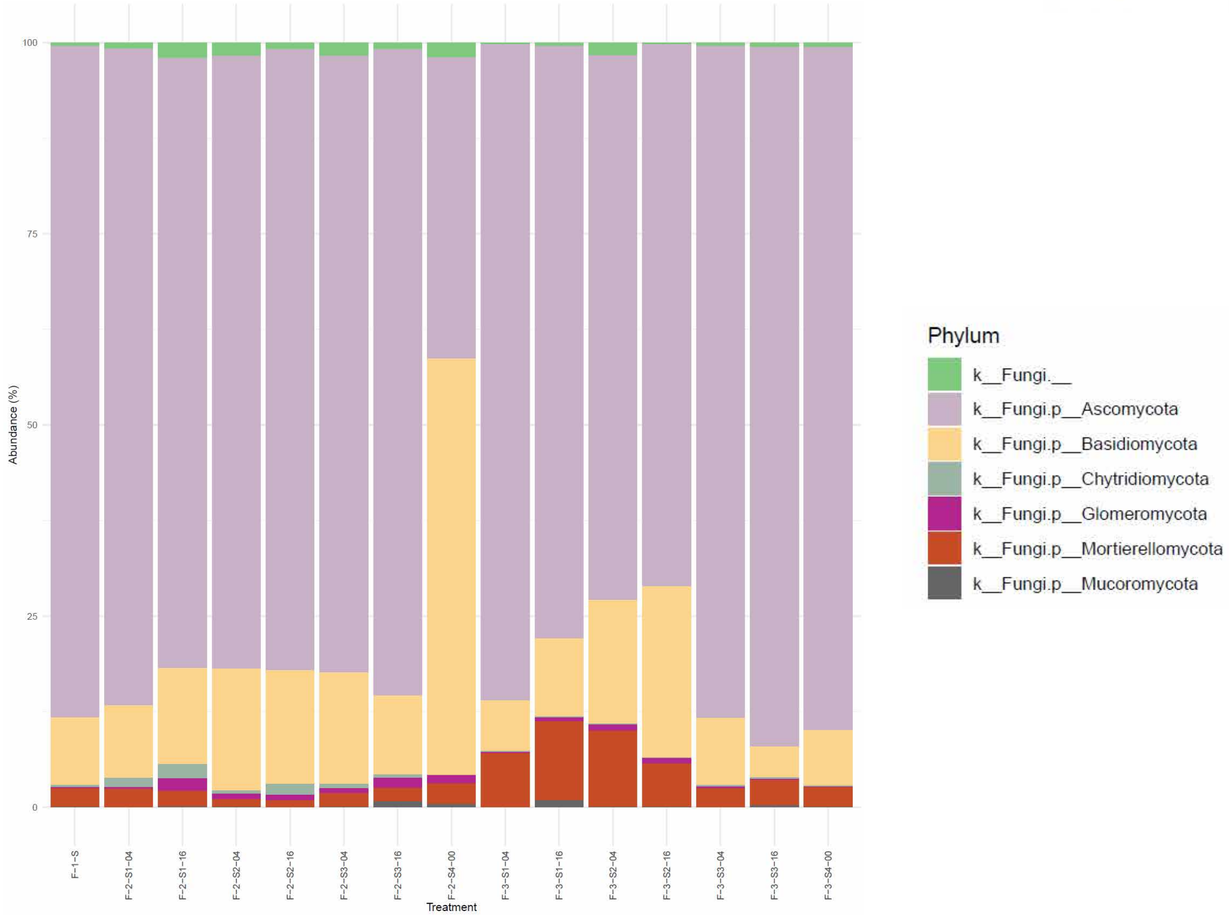
**Y:** Parcela muestreo (1,2,3)

**Z:** Densidad enmienda Kg/m2 (4,16)

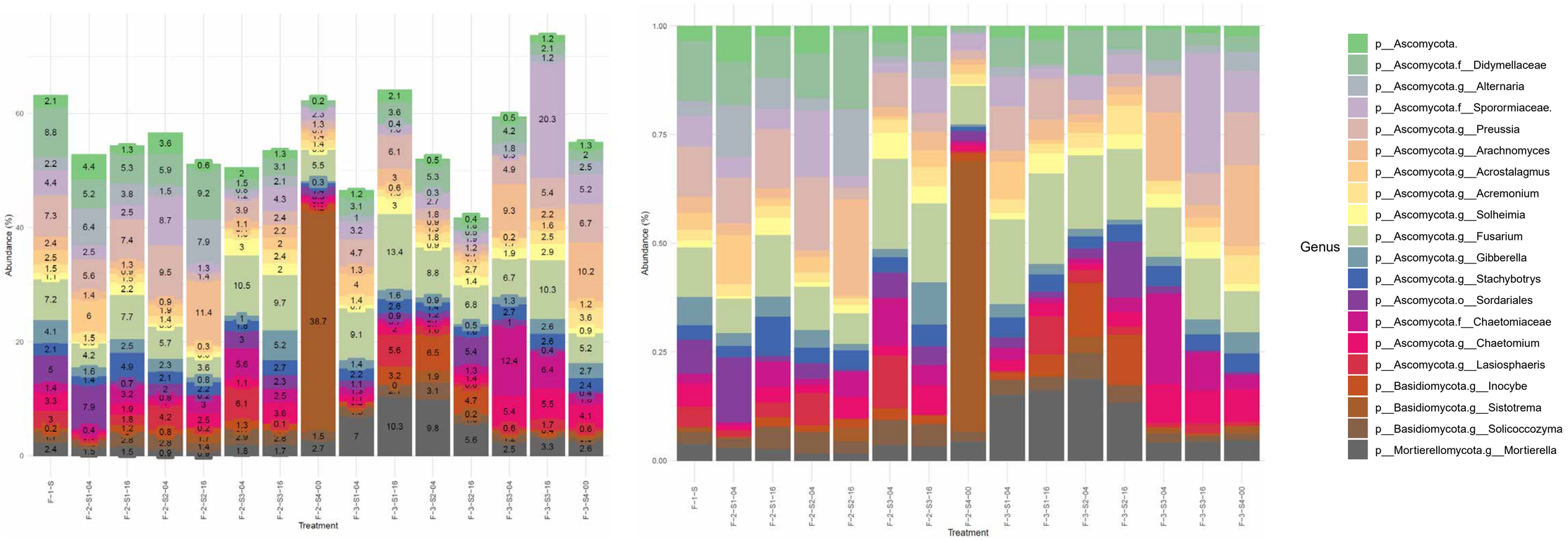
- CTR < EDAR S3. EDAR S1 tuvo poco ADN fúngico para calcular índices.
- En los suelos enmendados con CTR la diversidad era mayor a 4 kg/m² que a 16 kg/m²
- Al contrario, las de EDAR aumentan más la diversidad a mayor concentración (16 kg/m²)

## FILOS FÚNGICOS



## GÉNEROS MÁS ABUNDANTES



## GÉNEROS INDICADORES EDAR S1 (H)

| EDAR S1 FECHA 2 | Group stat | F-2-S1-04 p.value | #sps. | 6 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | | | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Glomerellales.f__Plectosphaerellaceae.g__Acrostalagmus | 0.876 | 0.0044 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Microascales.f__Microascaceae.g__Scedosporium | 0.874 | 0.0044 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Tremellomycetes.o__Tremellales.f__Rhynchogastremataceae.g__Papiliotrema | 0.79 | 0.0044 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Hypocreales.f__Hypocreales_fam_Incertae_sedis.g__Sarocladium | 0.787 | 0.0092 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Capnodiales.f__Cladosporiaceae.g__Cladosporium | 0.73 | 0.0254 | * | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Tremellomycetes.o__Filobasidiales.f__Filobasidiaceae.g__Filobasidium | 0.714 | 0.0213 | * | |
| | Group stat | F-2-S1-16 p.value | #sps. | 5 |
| **16 kg / m²** | | | | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Tremellomycetes.o__Filobasidiales.f__Filobasidiaceae.g__Naganishia | 0.862 | 0.0056 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Onygenales.f__unidentified.g__unidentified | 0.789 | 0.0211 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Pleosporales_fam_Incertae_sedis.g__Dokmaia | 0.708 | 0.0161 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Hypocreales.f__Stachybotryaceae.g__Stachybotrys | 0.654 | 0.0313 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Sporormiaceae.g__unidentified | 0.633 | 0.0466 | * | |

| EDAR S1 FECHA 3 | Group stat | F-3-S1-04 p.value | #sps. | 3 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | | | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Microascales.f__Microascaceae.g__Scedosporium | 0.876 | 0.0055 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.__.__.__ | 0.824 | 0.0055 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Leotiomycetes.o__Thelebolales.f__Pseudeurotiaceae.g__Pseudeurotium | 0.631 | 0.0459 | * | |
| | Group stat | F-3-S1-16 p.Value | #sps. | 4 |
| **16 kg / m²** | | | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Onygenales.f__unidentified.g__unidentified | 0.898 | 0.0048 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.__.__.__.__ | 0.78 | 0.017 | * | |
| k__Fungi.p__Mucoromycota.c__Mucoromycetes.o__Mucorales.f__Mucoraceae.g__Apophysomyces | 0.76 | 0.0097 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Thelephorales.f__Thelephoraceae.__ | 0.721 | 0.0162 | * | |

## GÉNEROS INDICADORES CTR S2

| CTR S2 FECHA 2 | Group | F-2-S2-04 | #sps. | 3 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Cantharellales.f__Tulasnellaceae.g__Epulorhiza | 0.993 | 0.0046 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Leotiomycetes.o__Helotiales.f__Helotiaceae.g__Tetracladium | 0.691 | 0.0253 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Sordariales.f__Sordariales_fam_Incertae_sedis.g__Ramophialophora | 0.586 | 0.045 | * | |
| | Group | F-2-S2-16 | #sps. | 4 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Onygenales.f__Arachnomycetaceae.g__Arachnomyces | 0.867 | 0.0047 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Onygenales.f__Gymnoascaceae.__ | 0.828 | 0.0047 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Pezizomycetes.o__Pezizales.f__Pyronemataceae.g__Geopora | 0.695 | 0.0102 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Pezizomycetes.o__Pezizales.f__Pyronemataceae.g__Pustularia | 0.663 | 0.0342 | * | |

| CTR S2 FECHA 3 | Group | F-3-S2-04 | #sps. | 11 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.__.__.__.__.__ | 0.859 | 0.005 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Cantharellales.f__Cantharellales_fam_Incertae_sedis.g__Sistotrema | 0.798 | 0.005 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Leotiomycetes.o__Helotiales.f__Helotiaceae.g__Tetracladium | 0.761 | 0.0148 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Eurotiales.f__Trichocomaceae.g__Talaromyces | 0.713 | 0.005 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Cantharellales.f__Tulasnellaceae.g__Epulorhiza | 0.697 | 0.0207 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Pleosporales_fam_Incertae_sedis.g__Dokmaia | 0.691 | 0.0097 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Chaetothyriales.f__Herpotrichiellaceae.g__Exophiala | 0.672 | 0.0259 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Hypocreales.f__Bionectriaceae.g__Gliomastix | 0.67 | 0.0369 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Leotiomycetes.o__Helotiales.f__Hyaloscyphaceae.g__Cistella | 0.663 | 0.0311 | * | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Tremellomycetes.o__Filobasidiales.f__Piskurozymaceae.g__Solicoccozyma | 0.654 | 0.0208 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Cucurbitariaceae.g__Pyrenochaeta | 0.602 | 0.0098 | ** | |
| | Group | F-3-S2-16 | #sps. | 5 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Pezizomycetes.o__Pezizales.f__Pyronemataceae.g__Geopora | 0.825 | 0.0059 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Pezizomycetes.o__Pezizales.f__Pyronemataceae.g__Pustularia | 0.785 | 0.0059 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Microbotryomycetes.o__Leucosporidiales.f__unidentified.g__unidentified | 0.682 | 0.005 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Coniochaetales.f__Coniochaetaceae.g__Coniochaeta | 0.672 | 0.0342 | * | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Geminibasidiomycetes.o__Geminibasidiales.f__Geminibasidiaceae.g__Geminibasidium | 0.56 | 0.0351 | * | |

## GÉNEROS INDICADORES EDAR S3(T)

| EDAR S3 FECHA 2 | Group | F-2-S3-04 | #sps. | 3 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Sordariales.f__Chaetomiaceae.__ | 0.653 | 0.0247 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Hypocreales.f__Clavicipitaceae.g__Metarhizium | 0.638 | 0.0168 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Morosphaeriaceae.g__Acrocalymma | 0.634 | 0.0111 | * | |
| | Group | F-2-S3-16 | #sps. | 10 |
| **16 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Onygenales.f__Onygenales_fam_Incertae_sedis.g__Spiromastix | 0.879 | 0.0064 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Pleosporales_fam_Incertae_sedis.g__Polyschema | 0.851 | 0.0064 | ** | |
| k__Fungi.p__Mucoromycota.c__Mucoromycetes.o__Mucorales.f__Mucoraceae.g__Apophysomyces | 0.779 | 0.0282 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Sordariales.f__Lasiosphaeriaceae.__ | 0.694 | 0.0354 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Lophiotremataceae.g__Lophiotrema | 0.67 | 0.0392 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Hypocreales.f__Hypocreales_fam_Incertae_sedis.g__Acremonium | 0.658 | 0.0092 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Eurotiales.f__Aspergillaceae.g__Aspergillus | 0.657 | 0.0327 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Periconiaceae.g__Periconia | 0.656 | 0.0217 | * | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Agaricales.f__Stephanosporaceae.g__Lindtneria | 0.647 | 0.0323 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Microascales.f__Microascaceae.g__Wardomycopsis | 0.622 | 0.0351 | * | |

| EDAR S3 FECHA 3 | Group | F-3-S3-04 | #sps. | 2 |
|---|---|---|---|---|
| **4 kg / m²** | stat | p.value | | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Sordariales.f__Lasiosphaeriaceae.g__Schizothecium | 0.778 | 0.0371 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Sporormiaceae.g__unidentified | 0.621 | 0.0496 | * | |

## GÉNEROS INDICADORES CONTROL S4

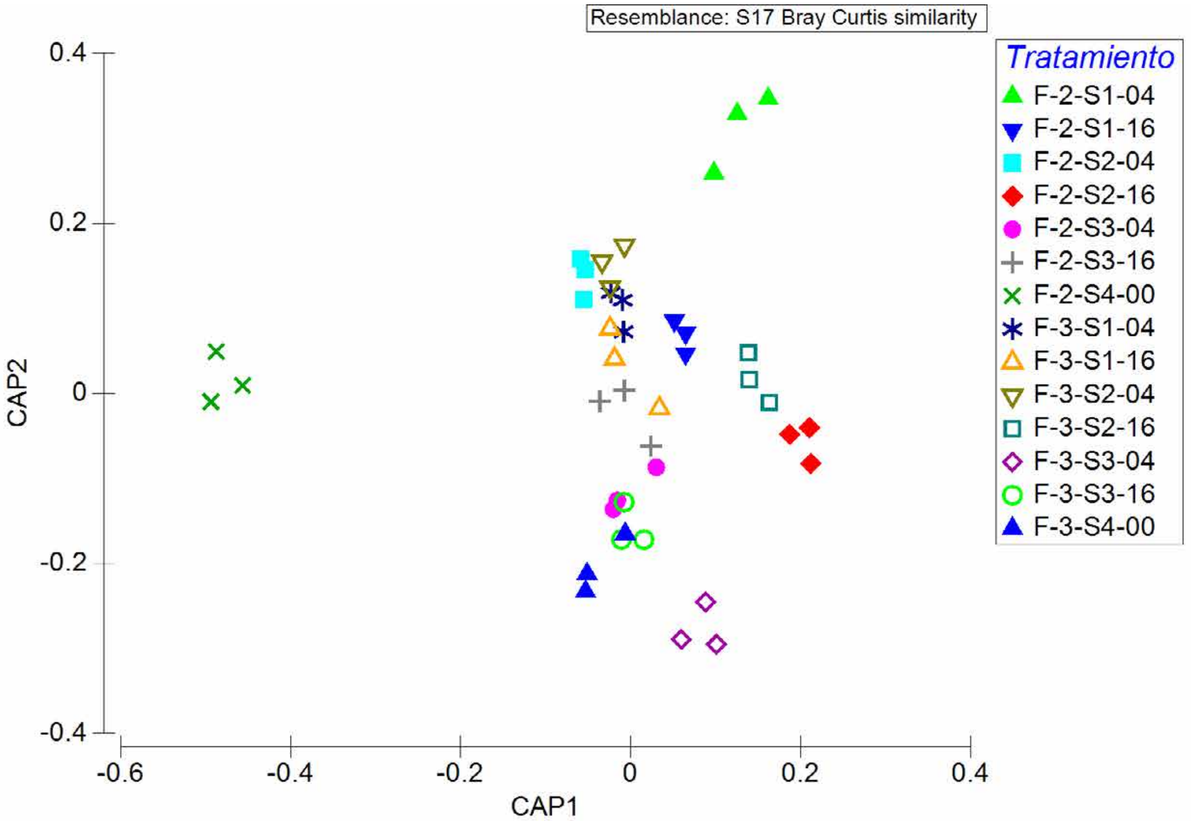
| CONTROL S4 FECHA 2 | Group stat | F-2-S4-00 p.value | #sps. | 6 |
|---|---|---|---|---|
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Cantharellales.f__Cantharellales_fam_Incertae_sedis.g__Sistotrema | 0.987 | 0.0048 | ** | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Thelephorales.f__Thelephoraceae.g__Pseudotomentella | 0.886 | 0.0048 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Hypocreales.__.__ | 0.848 | 0.0048 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Leotiomycetes.o__Thelebolales.f__Pseudeurotiaceae.g__Pseudeurotium | 0.778 | 0.0147 | * | |
| k__Fungi.p__Basidiomycota.c__Agaricomycetes.o__Boletales.f__Paxillaceae.g__Paxillus | 0.698 | 0.0252 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Chaetothyriales.f__Herpotrichiellaceae.g__Exophiala | 0.669 | 0.0284 | * | |

| CONTROL S4 FECHA 3 | Group stat | F-3-S4-00 p.value | #sps. | 4 |
|---|---|---|---|---|
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.__.__.__ | 0.815 | 0.0061 | ** | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Eurotiomycetes.o__Onygenales.f__Onygenales_fam_Incertae_sedis.g__Chrysosporium | 0.79 | 0.0313 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Sordariomycetes.o__Microascales.f__Microascaceae.g__Microascus | 0.769 | 0.0124 | * | |
| k__Fungi.p__Ascomycota.c__Dothideomycetes.o__Pleosporales.f__Pleosporaceae.g__Alternaria | 0.618 | 0.0226 | * | |

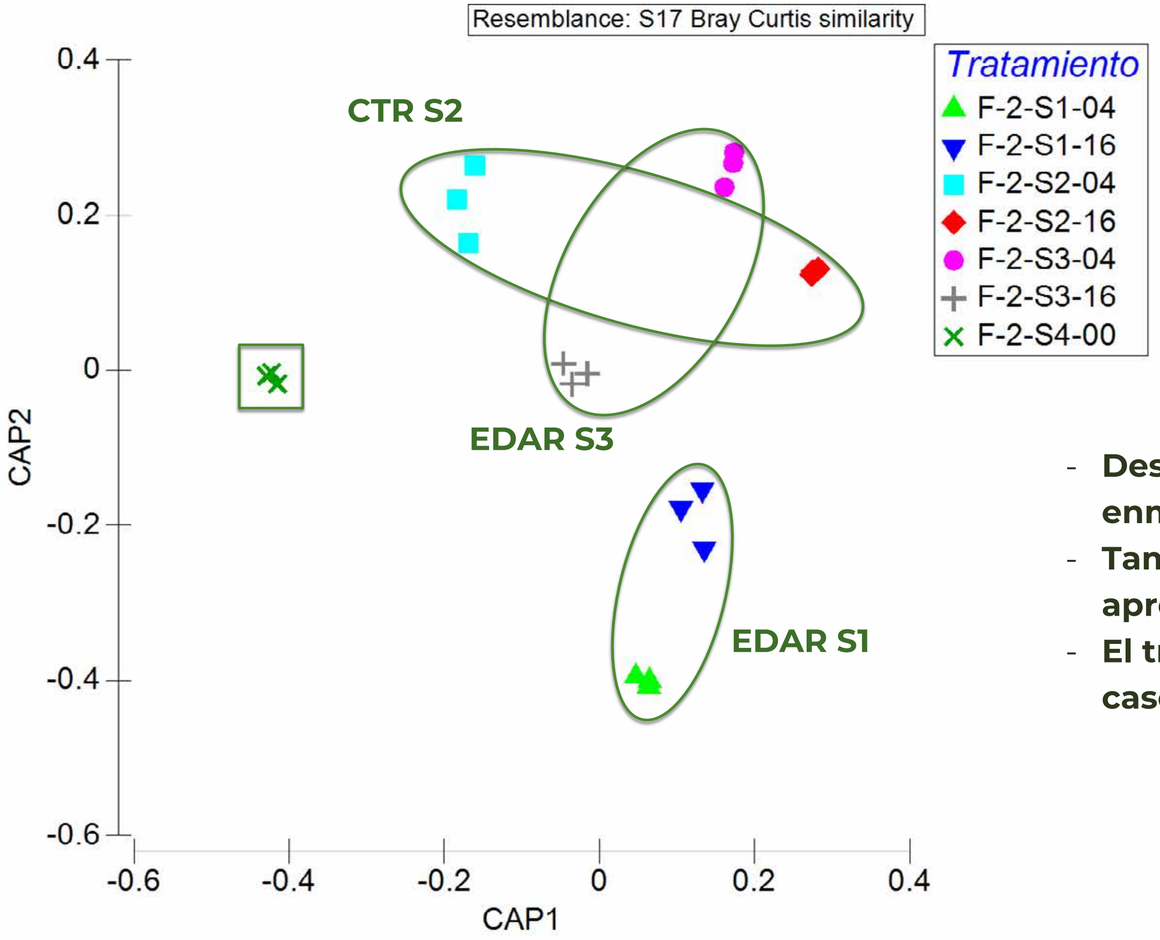
| FECHA | DOSIS | EDAR S1 (H) | CTR S2 | EDAR S3 (T) | Control (0 kg / m²) |
|---|---|---|---|---|---|
| 2 | 4 kg /m² | 6 | 3 | 3 | 6 |
| | 16 kg /m² | 5 | 4 | 10 | |
| 3 | 4 kg /m² | 3 | 11 | 2 | 4 |
| | 16 kg /m² | 4 | 5 | 0 | |

- La influencia en los hongos de mayor a menor ha sido CTR S2 (23), EDAR S1 (18) y EDAR S3 (15). En el control se contabilizaron 10
- La enmiendas EDAR redujeron su su influencia entre las dos fechas (11 a 7 en S1 y 13 a 2 en S3). En cambio la enmienda CTR ocurrió lo contrario (7 a 16).
- Lo anterior puede indicar un consumo más rápido de las enmiendas de EDAR, que se caracterizan por presentar una materia orgánica más lábil y fácilmente consumible por los microorganismos.

## ANÁLISIS DE SEMEJANZAS ENTRE COMUNIDADES.

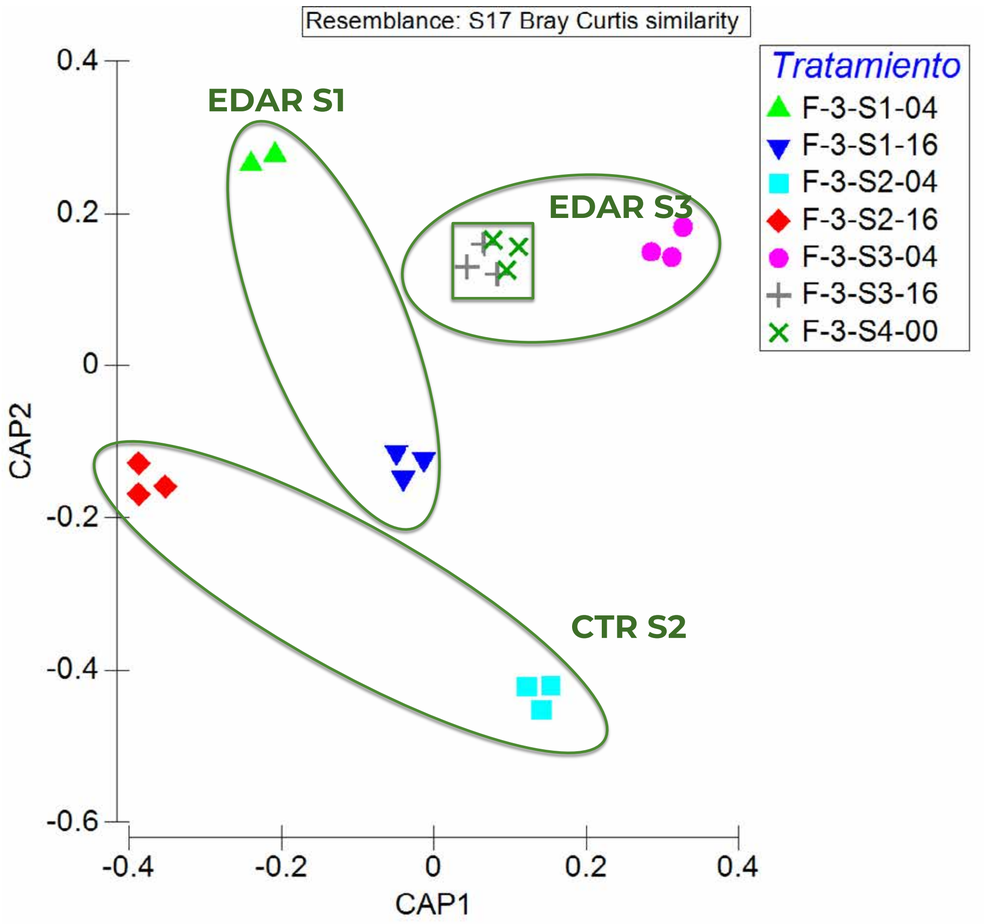


## ANÁLISIS DE SEMEJANZAS ENTRE COMUNIDADES. FECHA 2.




- **Desde el punto de vista de las comunidades fúngicas todas las enmiendas produjeron cambios apreciables en los suelos.**
- **También las diferentes concentraciones resultaron en cambios apreciables en las comunidades.**
- **El tratamiento de la EDAR S1 fue el que más diferencias produjo en este caso.**

## ANÁLISIS DE SEMEJANZAS ENTRE COMUNIDADES. FECHA 3.




- **Al igual que para las bacterias, las muestras tratadas con EDAR S3 seguían mostrándose más parecida a los suelos control, no habiendo diferencias con las de 16 kg/m²**
- **Las muestras tratadas con EDAR S1 se colocan en una posición intermedia entre los otros tratamientos.**
- **Finalmente, el tratamiento CTR S2 fue el que resulto en comunidades fúngicas más diferentes.**

# CONCLUSIONES

- **DIVERSIDAD MICROBIOLÓGICA SUELOS > APORTES ORGÁNICOS.** Los procesos de compostaje selecciona determinados taxones que son capaces de soportar las condiciones extremas de temperatura, pH y de óxido reducción que ocurren durante el compostaje.
- Suelos con alta diversidad dificultan el establecimiento de microorganismos heredados desde las enmiendas, debido a procesos de competencia con los organismos ya presentes y más adaptados.
- Sin embargo, los aportes de nutrientes por las enmiendas **pueden favorecer a medio-largo plazo diferencias en las comunidades de microorganismos** debido al aumento en la fertilidad de los suelos.

## BACTERIAS

- **Se observó un GRADIENTE DIVERSIDAD BACTERIANO:** CTR S2 < EDAR S1 (H) < EDAR (T).
- **DIVERSIDAD:** 16 kg/m$^2$ > 4 kg/m$^2$
- **TAXONES FAVORECIDOS:** A los 3 meses EDAR S1 (H)> CTR S2 > EDAR S3 (T). A los 6 meses disminuyeron las diferencias con el suelo control.
- **SEMEJANZA COMUNIDADES:** EDAR S3(T) más similar a suelos control S4. Es decir, produjeron menos cambios en los microrganismos bacterianos.

## HONGOS

- **El GRADIENTO DIVERSIDAD FÚNGICO:** CTR S2 < EDAR S3 (T). EDAR S1(H) tuvo poco ADN fúngico para calcular índices.
- **DIVERSIDAD.** CTR S2 aumentó la diversidad más a 4 kg/m$^2$ que a 16 kg/m$^2$. Por otro lado, las enmiendas EDAR aumentaron más la diversidad a mayor concentración
- **TAXONES FAVORECIDOS:** Sin embargo, EDAR S1 (H) si favoreció más taxones que EDAR S3 (T), pero destacó aún más el CTR S2. Esto debió ser debido al aporte de nutrientes, más que a efectos de herencia de microorganismos.
  - Las enmiendas EDAR redujeron su influencia entre las dos fechas (3 y 6 meses), mientras que CTR ocurrió lo contrario, aumentó al final del estudio.
  - Lo anterior puede indicar un consumo más rápido de las enmiendas de EDAR: Presentan materia orgánica más lábil y fácilmente consumible por microorganismos.
- **SEMEJANZAS COMUNIDADES: Hubo cambios entre las fechas de 3 y 6 meses**
  - A los 3 meses: Suelos con enmiendas EDAR S1 los más diferentes del control
  - A los 6 meses: Suelos con CTR S2 el más diferenciado.
  - Al igual que en el caso de las bacterias, que el tratamiento EDAR S3 resultó en los suelos menos diferenciados del control al final del estudio.

https://ecoval-sudoe.eu/

# BIBLIOGRAFÍA DE INTERÉS BACTERIAS


Cania, B., Vestergaard, G., Krauss, M., Fliessbach, A., Schloter, M., Schulz, S., 2019. A long-term field experiment demonstrates the influence of tillage on the bacterial potential to produce soil structure-stabilizing agents such as exopolysaccharides and lipopolysaccharides. Environ. Microbiomes 14, 1–14. https://doi.org/10.1186/S40793-019-0341-7/FIGURES/4

Dorjey, S., Sharma, R., 2017. Plant Growth Promoting Rhizobacteria Pseudomonas: A Review. Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci 6, 1335–1344. https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.607.160

Evtushenko, L.I., Ariskina, E. V., 2015. Nocardioidaceae. **Bergey's** Man. Syst. Archaea Bact. 1–18. https://doi.org/10.1002/9781118960608.FBM00042

Gagliano, M.C., Braguglia, C.M., Petruccioli, M., Rossetti, S., 2015. Ecology and biotechnological potential of the thermophilic fermentative Coprothermobacter spp. FEMS Microbiol. Ecol. 91, 18. https://doi.org/10.1093/FEMSEC/FIV018

Gautam, A., Sekaran, U., Guzman, J., Kovács, P., Hernandez, J.L.G., Kumar, S., 2020. Responses of soil microbial community structure and enzymatic activities to long-term application of mineral fertilizer and beef manure. Environ. Sustain. Indic. 8, 100073. https://doi.org/10.1016/J.INDIC.2020.100073

Khan, N., Maymon, M., Hirsch, A., 2017. Combating Fusarium Infection Using Bacillus-Based Antimicrobials. Microorganisms 75. https://doi.org/10.3390/microorganisms5040075

Ki, B.M., Kim, Y.M., Jeon, J.M., Ryu, H.W., Cho, K.S., 2018. Characterization of odor emissions and microbial community structure during degradation of pig carcasses using the soil burial-composting method. Waste Manag. 77, 30–42. https://doi.org/10.1016/j.wasman.2018.04.043

Konappa, N.M., Maria, M., Uzma, F., Krishnamurthy, S., Nayaka, S.C., Niranjana, S.R., Chowdappa, S., 2016. Lactic acid bacteria mediated induction of defense enzymes to enhance the resistance in tomato against Ralstonia solanacearum causing bacterial wilt. Sci. Hortic. (Amsterdam). 207, 183–192. https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2016.05.029

Kulichevskaya, I.S., Ivanova, A.A., Suzina, N.E., Dedysh, S.N., Rijpstra, W.I.C., Damste, J.S.S., 2016. Paludisphaera borealis gen. nov., sp. nov. a hydrolytic planctomycete from northern wetlands , and proposal of Isosphaeraceae fam . nov . Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 837–844. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000799

Kumari, A., Kumar Patel, A., Banjare, U., Pandey, K.D., 2020. Growth promoting characteristics of endophytic bacteria isolated from costus igneus plant. Plant Arch. 20, 2991–3001.

Li, F., Chen, L., Zhang, J., Yin, J., Huang, S., 2017. Bacterial community structure after long-term organic and inorganic fertilization reveals important associations between soil nutrients and specific taxa involved in nutrient transformations. Front. Microbiol. 8, 187. https://doi.org/10.3389/FMICB.2017.00187/BIBTEX

Li, J., Chen, Y., Qin, X., Cao, A., Lu, A., 2022. Impact of Biochar on Rhizosphere Bacterial Diversity Restoration Following Chloropicrin Fumigation of Planted Soil. Int. J. Environ. Res. Public Health 19. https://doi.org/10.3390/IJERPH19042126

Meena, K.K., Bitla, U.M., Sorty, A.M., Singh, D.P., Gupta, V.K., Wakchaure, G.C., Kumar, S., 2020. Mitigation of Salinity Stress in Wheat Seedlings Due to the Application of Phytohormone-Rich Culture Filtrate Extract of Methylotrophic Actinobacterium Nocardioides sp. NIMMe6. Front. Microbiol. 11, 2091. https://doi.org/10.3389/FMICB.2020.02091/BIBTEX

Mghazli, N., Sbabou, L., Hakkou, R., Ouhammou, A., El Adnani, M., Bruneel, O., 2021. Description of Microbial Communities of Phosphate Mine Wastes in Morocco, a Semi-Arid Climate, Using High-Throughput Sequencing and Functional Prediction. Front. Microbiol. 12, 1767. https://doi.org/10.3389/FMICB.2021.666936/BIBTEX

Miralles, I., Ortega, R., Comeau, A.M., 2021. Functional and Taxonomic Effects of Organic Amendments on the Restoration of Semiarid Quarry Soils. mSystems 6. https://doi.org/10.1128/MSYSTEMS.00752-21/SUPPL_FILE/MSYSTEMS.00752-21-SD001.XLSX

Miralles, I., Soria, R., Lucas-Borja, M.E., Soriano, M., Ortega, R., 2020. Effect of biocrusts on bacterial community composition at different soil depths in Mediterranean semi-arid ecosystems. Sci. Total Environ. 733, 138613.

Naseer, I., Ahmad, M., Nadeem, S.M., Ahmad, I., Najm-ul-Seher, Zahir, Z.A., 2019. Biofertilizers for Sustainable Agriculture and Environment, Agrobios Indian Publications.

Ramírez, P.B., Fuentes-Alburquenque, S., Díez, B., Vargas, I., Bonilla, C.A., 2020. Soil microbial community responses to labile organic carbon fractions in relation to soil type and land use along a climate gradient. Soil Biol. Biochem. 141. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2019.107692

Rodríguez-Berbel, N., Soria, R., Ortega, R., Bastida, F., Miralles, I., 2021. Quarry restoration treatments from recycled waste modify the physicochemical soil properties, composition and activity of bacterial communities and priming effect in semi-arid areas. Sci. Total Environ. 774, 145693. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.145693

Sánchez-Marañón, M., Miralles, I., Aguirre-Garrido, J.F., Anguita-Maeso, M., Millán, V., Ortega, R., García-Salcedo, J.A., Martínez-Abarca, F., Soriano, M., 2017. Changes in the soil bacterial community along a pedogenic gradient. Sci. Rep. 7, 1–11.

Santoyo, G., del Orozco-Mosqueda, M.C., Govindappa, M., 2012. Mechanisms of biocontrol and plant growth-promoting activity in soil bacterial species of Bacillus and Pseudomonas: a review. https://doi.org/10.1080/09583157.2012.694413 22, 855–872. https://doi.org/10.1080/09583157.2012.694413

Shin, S.G., Koo, T., Lee, J., Han, G., Cho, K., Kim, W., Hwang, S., 2016. Correlations between bacterial populations and process parameters in four full-scale anaerobic digesters treating sewage sludge. Bioresour. Technol. 214, 711–721. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2016.05.021

Singh, G., Katoch, A., Razak, M., Kitchlu, S., Goswami, A., Katoch, M., 2017. Bioactive and biocontrol potential of endophytic fungi associated with Brugmansia aurea Lagerh. FEMS Microbiol Lett. 364, 1–26. https://doi.org/10.1093/femsle/fnx194

Verma, P., Yadav, A.N., Khannam, K.S., Kumar, S., Saxena, A.K., Suman, A., 2016a. Molecular diversity and multifarious plant growth promoting attributes of Bacilli associated with wheat (Triticum aestivum L.) rhizosphere from six diverse agro-ecological zones of India. J. Basic Microbiol. 56, 44–58. https://doi.org/10.1002/JOBM.201500459

Verma, P., Yadav, A.N., Khannam, K.S., Kumar, S., Saxena, A.K., Suman, A., 2016b. Molecular diversity and multifarious plant growth promoting attributes of Bacilli associated with wheat (Triticum aestivum L.) rhizosphere from six diverse agro-ecological zones of India. J. Basic Microbiol. 56, 44–58. https://doi.org/10.1002/JOBM.201500459

Xu, J., Xu, X., Han, Y., Sheng, S., Meng, Q., Wang, Z., Liu, W., Di, L., 2019. Evaluation of a novel thermophilic nitrifying Bacillaceae species Aliibacillus thermotolerans BM62T promoting nitrogen retention in livestock manure compost. Environ. Prog. Sustain. Energy 39, e13357. https://doi.org/10.1002/EP.13357

Xue, L., Ren, H., Li, S., Leng, X., Yao, X., 2017. Soil bacterial community structure and co-occurrence pattern during vegetation restoration in karst rocky desertification area. Front. Microbiol. 8, 2377.

Yergaliyev, T., Alexander-Shani, R., Dimeretz, H., Pivonia, S., Bird, D.M., Rachmilevitch, S., Szitenberg, A., 2020. The bacterial community structure dynamics in Meloidogyne incognita infected roots and its role in worm-microbiome interactions. bioRxiv 2020.03.25.007294. https://doi.org/10.1101/2020.03.25.007294

# BIBLIOGRAFÍA DE INTERÉS HONGOS


Akyol, Ç., Ince, O., Ince, B., 2019. Crop-based composting of lignocellulosic digestates: Focus on bacterial and fungal diversity. Bioresour. Technol. 288. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.121549

Berthelot, C., Leyval, C., Foulon, J., Chalot, M., Blaudez, D., 2016. Plant growth promotion, metabolite production and metal tolerance of dark septate endophytes isolated from metal-polluted poplar phytomanagement sites. FEMS Microbiol. Ecol. 92. https://doi.org/10.1093/FEMSEC/FIW144

Dang, Q., Wang, Y., Xiong, S., Yu, H., Zhao, X., Tan, W., Cui, D., Xi, B., 2021. Untangling the response of fungal community structure, composition and function in soil aggregate fractions to food waste compost addition. Sci. Total Environ. 769, 145248. https://doi.org/10.1016/J.SCITOTENV.2021.145248

Devi, R., Kaur, T., Kour, D., Rana, K.L., Yadav, A., Yadav, A.N., 2020. Beneficial fungal communities from different habitats and their roles in plant growth promotion and soil health. Microb. Biosyst. 5, 21–47. https://doi.org/10.21608/MB.2020.32802.1016

Diánez Martínez, F., Santos, M., Carretero, F., Marín, F., 2016. Trichoderma saturnisporum, a new biological control agent. J. Sci. Food Agric. 96, 1934–1944. https://doi.org/10.1002/JSFA.7301

Galitskaya, P., Biktasheva, L., Saveliev, A., Grigoryeva, T., Boulygina, E., Selivanovskaya, S., 2017. Fungal and bacterial successions in the process of co-composting of organic wastes as revealed by 454 pyrosequencing. PLoS One 12, e0186051.

Guigón-López, C., Guerrero-Prieto, V., Lanzuise, S., Lorito, M., 2014. Enzyme activity of extracellular protein induced in Trichoderma asperellum and T. longibrachiatum by substrates based on Agaricus bisporus and Phymatotrichopsis omnivora. Fungal Biol. 118, 211–221. https://doi.org/10.1016/j.funbio.2013.11.012

Jiang, X., Deng, L., Meng, Q., Sun, Y., Han, Y., Wu, X., Sheng, S., Zhu, H., Ayodeji, B., Uzoamaka Egbeagu, U., Xu, X., 2020. Fungal community succession under influence of biochar in cow manure composting. Environ. Sci. Pollut. Res. 27, 9658–9668. https://doi.org/10.1007/s11356-019-07529-1

Jurado, M., López, M.J., Suárez-Estrella, F., Vargas-García, M.C., López-González, J.A., Moreno, J., 2014. Exploiting composting biodiversity: Study of the persistent and biotechnologically relevant microorganisms from lignocellulose-based composting. Bioresour. Technol. 162, 283–293.

Li, Q., Chai, S., Li, Y., Huang, J., Luo, Y., Xiao, L., Liu, Z., 2018. Biochemical components associated with microbial community shift during the pile-fermentation of primary dark tea. Front. Microbiol. 9. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01509

Malik, Z., Ahmad, M., Abassi, G.H., Dawood, M., Hussain, A., Jamil, M., 2017. Agrochemicals and Soil Microbes: Interaction for Soil Health. Springer, Cham, pp. 139–152. https://doi.org/10.1007/978-3-319-47744-2_11

Meng, X., Liu, B., Xi, C., Luo, X., Yuan, X., Wang, X., Zhu, W., Wang, H., Cui, Z., 2018. Effect of pig manure on the chemical composition and microbial diversity during co-composting with spent mushroom substrate and rice husks. Bioresour. Technol. 251, 22–30.

Naseer, I., Ahmad, M., Nadeem, S.M., Ahmad, I., Najm-ul-Seher, Zahir, Z.A., 2019. Biofertilizers for Sustainable Agriculture and Environment, Agrobios Indian Publications.

Niurka, A., Valle, V., Gerardo, M., Hernández-lauzardo, A.N., Bautista-baños, S., Gerardo, M., Valle, V., Nacional, I.P., Productos, C.D.D. De, Postal, A., Isidro, Y.S., Cp, M., Hernández-rodríguez, A., Habana, U. De, 2007. Uso de Microorganismos Antagonistas en el Control de Enfermedades Postcosecha en Frutos. Rev. Mex. Fitopatol. 25, 66–74.

Paula, F.S., Tatti, E., Thorn, C., Abram, F., Wilson, J., **O'Flaherty**, V., 2020. Soil prokaryotic community resilience, fungal colonisation and increased cross-domain co-occurrence in response to a plant-growth enhancing organic amendment. Soil Biol. Biochem. 149, 107937.

Tagawa, M., Tamaki, H., Manome, A., Koyama, O., Kamagata, Y., 2010. Isolation and characterization of antagonistic fungi against potato scab pathogens from potato field soils. FEMS Microbiol. Lett. 305, 136–142. https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2010.01928.x

Vujanovic, V., 2021. Tremellomycetes Yeasts in Kernel Ecological Niche: Early Indicators of Enhanced Competitiveness of Endophytic and Mycoparasitic Symbionts against Wheat Pathobiota. Plants 2021, Vol. 10, Page 905 10, 905. https://doi.org/10.3390/PLANTS10050905

You, Y.H., Yoon, H., Kang, S.M., Woo, J.R., Choo, Y.S., Lee, I.J., Shin, J.H., Kim, J.G., 2013. Cadophora malorum Cs-8-1 as a new fungal strain producing gibberellins isolated from Calystegia soldanella. J. Basic Microbiol. 53, 630–634. https://doi.org/10.1002/JOBM.201200002

# Gracias por su atención

“Las opiniones vertidas en esta publicación, son de exclusiva responsabilidad del autor que las emite. La Comisión Europea y las Autoridades del Programa no se hacen responsables del uso que pueda hacerse de la información contenida en el mismo.”