UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO
FACULTAD DE CIENCIA E INGENIERÍA EN ALIMENTOS Y BIOTECNOLOGÍA
CARRERA DE BIOTECNOLOGÍA

Tema: Desarrollo de una comunidad microbiana sintética para inducir tolerancia a la sequía en papa *(Solanum tuberosum)*.

Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, previo la obtención del Título de Ingenieros Biotecnólogos, otorgado por la Universidad Técnica de Ambato, a través de la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología.

Autores: Karen Adriana Gavilanes Caluña

Luis Francisco Palacio Viteri

Tutor: Mg. Manoella Alejandra Sánchez Garnica

Ambato – Ecuador

Julio – 2025

APROBACIÓN DEL TUTOR

Mg. Manoella Alejandra Sánchez Garnica

CERTIFICA:

Que el presente Informe Final del Trabajo de Titulación ha sido prolijamente revisado. Por lo tanto, autorizo la presentación de este Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación el mismo que responde a las normas establecidas en el Reglamento de Títulos y Grados de la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología.

Ambato, 20 de junio de 2025



Mg. Manoella Alejandra Sánchez Garnica

0604079871

TUTOR

AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

Nosotros, Karen Adriana Gavilanes Caluña y Luis Francisco Palacio Viteri, manifestamos que los resultados obtenidos en el presente Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, previo a la obtención del título de Ingenieros Biotecnólogos, son absolutamente originales, auténticos y personales; a excepción de las citas bibliográficas.





Karen Adriana Gavilanes Caluña

1850425040

Luis Francisco Palacio Viteri

1805436720

AUTORES

DERECHOS DEL AUTOR

Autorizamos a la Universidad Técnica de Ambato, para que haga de este Informe Final del Trabajo de Titulación o parte de él, un documento disponible para su lectura consulta y procesos de investigación, según las normas de la Institución.

Cedemos los Derechos en línea patrimoniales de nuestro Informe Final del Trabajo de Titulación, con fines de difusión pública, además aprobamos la reproducción de este, dentro de las regulaciones de la Universidad, siempre y cuando esta reproducción no suponga una ganancia económica y se realice respetando nuestros derechos de autor.





Karen Adriana Gavilanes Caluña

1850425040

Luis Francisco Palacio Viteri

1805436720

AUTORES

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL DE GRADO

Los suscritos Profesores Calificadores, aprueban el presente Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, el mismo que ha sido elaborado de conformidad con las disposiciones emitidas por la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología de la Universidad Técnica de Ambato.

Para constancia firman:

Firmado electrónicamente por:
LORENA DE LOS ANGELES NUNEZ VILLACIS
Validar únicamente con FirmaEC

Presidente del Tribunal

Firmado electrónicamente por:
HELENA MARITZA DE LA TORRE OLVERA
Validar únicamente con FirmaEC

Dra. Helena Maritza De La Torre Olvera

1309651998

Firmado electrónicamente por:
GABRIELA ELENA VIZUETE FIALLOS
Validar únicamente con FirmaEC

Mg. Gabriela Elena Vizuete Fiallos

1715956213

Ambato, 07 de julio de 2025

DEDICATORIA

"Todo lo que somos es gracias a quienes nos sostienen cuando creemos que no podemos más."

*A **Dios** y mi **Patrono San Juan Bautista**, por ser mi guía en cada paso.*

*A **mis padres**, porque siempre me dieron más, aun cuando no tenían. Porque su amor, sus esfuerzos y su ejemplo han sido la base sobre la que hoy se construye este logro.*

*A mi **mamá**, por su amor sin límites, por cada palabra de aliento y cada abrazo que me devolvió el ánimo. Gracias por tus oraciones, por ser mi refugio, mi impulso y mi mayor inspiración.*

*A mi **papá**, quien me enseñó que el esfuerzo no se grita, se demuestra. Tus valores están grabados en cada paso que di, y tu mirada de orgullo ha sido una recompensa que no cambio por nada.*

*A mi **hermano**, compañero de vida y espejo de mi historia. Gracias por tus palabras cuando más las necesitaba, por darme aliento sin pedirlo, por ser faro y abrigo. Eres prueba viva de que los hermanos son regalos que la vida nos da para siempre.*

"Este logro no es solo mío, es nuestro. Seguiré creciendo, por ustedes y por mí."

Dios le pague.

¡Lo logramos!

Con todo mi corazón-

Karen Gavilanes Caluña.

DEDICATORIA

"Aunque el universo sea inmenso, cada alma tiene un propósito. Estamos aquí para dejar una huella, hacer el bien y confiar en que Dios nos guía en cada paso."

A Dios, por ser mi guía y fortaleza constante.

A mis padres, mis hermanas, mis sobrinas, mis abuelitos y mis tíos, por su amor incondicional, su fe en mí y su compañía en cada paso.

Por y para ustedes, que siempre creyeron en mi camino, incluso cuando yo dudaba.

— Con todo mi amor y gratitud.

Luis Francisco Palacio Viteri

AGRADECIMIENTO

*A **Dios** y a **San Juan Bautista,** gracias por darme fuerza cuando creí rendirme.*

*A ti Mamá, **Pacífica Caluña**, gracias por estar siempre, incluso en silencio, cuidando cada uno de mis pasos, preocupándote cuando ni siquiera yo lo hacía por mí. Cada madrugada que me viste estudiar sin descansar, cada lágrima que recogiste sin juzgarme, todo eso está presente en estas páginas. Esta tesis es tan tuya como mía, porque tú también la luchaste conmigo, desde el corazón.*

*A ti Papá, **Javier Gavilanes**, gracias por ser ese pilar firme en mi vida. Tu ejemplo de trabajo, honestidad y entrega ha sido una escuela silenciosa que me formó sin necesidad de discursos. Siempre has estado ahí, alentándome a seguir, incluso cuando las circunstancias no eran fáciles. Admiro tu capacidad de sacrificarte por nosotros sin pedir nada a cambio. Esta meta alcanzada es también tu logro, papá.*

*A ti Hermano **Maury,** gracias por ser mi apoyo en este camino. Siempre estuviste ahí con un concejo, que me recordaba que no estaba sola a pesar de la distancia. Has sido una fuente de inspiración sin que lo sepas, porque ver tu esfuerzo, tus luchas y tu forma de salir adelante me motivó a dar lo mejor de mí. Gracias a ti y a **Giss** por celebrarme sin envidia, por impulsarme sin exigirme, y por estar orgullosos de mis logros como si fueran suyos. Su cariño ha sido un abrigo cálido en esta travesía.*

*A mi tutora, **Mg. Alejandra Sánchez,** gracias por guiarme con paciencia y dedicación. Su acompañamiento académico y humano fue clave en este proceso y en mi crecimiento personal y profesional. Valoro profundamente su confianza, sus consejos y su apoyo constante.*

*A mi amiga incondicional **Fer**, gracias por llegar a mi vida y compartir conmigo cada emoción, desde la alegría hasta la tristeza. Eres sin duda la amistad mas bonita que la uni me ha regalado, te quiero infinitamente.*

*A mis amigos, **Alan**, **Marce**, **Bruno** por hacer más ligera esta etapa y por formar parte de esta historia.*

*A un ser **especial** gracias por formar parte de este gran sueño en mi corazón. En otra vida lo celebramos juntos gordo.*

AGRADECIMIENTO

A Dios, primero y siempre. Porque sin Él nada de esto sería posible

*A **Sandy**, mi mami por estar siempre a mi lado en cada acierto y cada error, por ser la mejor madre que la vida me pudo regalar. Gracias por formarme con tanto amor, junto a mi papi, para ser una persona de bien, por enseñarme a luchar con el corazón y por ser, sin duda, la mujer más valiente y fuerte que conozco. A **Luis**, mi papi, mi ejemplo de esfuerzo, amor y constancia. Por estar ahí en los días difíciles con una palabra, un abrazo, una mirada que decía "tú puedes". Gracias por hacer tantos sacrificios, por nunca soltarme la mano y por ser mi motor más fuerte junto a mi mami. Los amo con mi vida.*

*A mis hermanas, **Maru** y **Masu**, por ser mi compañía incondicional, mi risa en medio del cansancio, por estar en cada etapa. A mis sobrinas, **Pasita** y **Lita**. Porque con solo verlas sonreír sé que la vida tiene momentos hermosos por los que vale la pena esforzarse. Ustedes le dan un brillo especial a mi vida y son parte esencial de este logro. A mis abuelitos, **Turra** y **Papilucho**, gracias por estar siempre con una sonrisa, por sus palabras y por su amor y cariño. A mi **abuelita Rosita**, por su ternura, por siempre creer en mí y darme tanto amor. Y a mi **abuelito Gonzalo**, aunque no tuve la dicha de conocerlo, sé que me acompaña. A mis tíos **Juancalos**, **Pauly**, y a mi prima **Paula Camila**, gracias por estar presentes siempre con ese cariño sencillo pero constante que me ha hecho sentir acompañado. A mi **tía Rosita**, gracias por estar siempre pendiente, por su apoyo genuino y su forma tan cálida de acompañarme.*

*A **Paula**, quien fue mi compañera en este camino, gracias por ser la mejor compañía que pude haber tenido en esta travesía, por su guía, su paciencia, por las risas, por los llantos, por los enojos, por siempre haber estado cuando más lo necesitaba, por motivarme a ser mejor y demostrarme que "Al que cree, todo le es posible". Gracias por tu apoyo incondicional.*

*A mi tutora, **Msc. Alejandra Sanchez**. Gracias por confiar en mí, por darme la oportunidad de ser parte de este proyecto que me permitió crecer, aprender y descubrir nuevas capacidades. Por su guía constante, su apoyo firme y su dedicación en cada etapa de este proceso.*

*A mis amigos **Joel, Alex, Fabri, Richi** y **Chris**, por estar ahí en todas mis versiones: alegre, estresado, cansado. Su amistad ha sido un regalo en este proceso.*

*A quienes ya no están físicamente, pero siguen vivos en mi corazón: mis bisabuelitos **Michita** y **Pachito**. Gracias por haber dejado en esta vida un legado de amor. Se que me acompañan desde el cielo y celebran este logro conmigo, orgullosos, como lo estarían si estuvieran aquí.*

*A todos los que fueron parte de esta aventura. **Con mucho cariño y gratitud.***

ÍNDICE GENERAL DE CONTENIDOS

APROBACIÓN DEL TUTOR ii
AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN iii
DERECHOS DEL AUTOR iv
APROBACIÓN DEL TRIBUNAL DE GRADO v
DEDICATORIA vi
DEDICATORIA vii
AGRADECIMIENTO viii
AGRADECIMIENTO ix
ÍNDICE GENERAL DE CONTENIDOS ix
ÍNDICE DE TABLAS xii
ÍNDICE DE FIGURAS xiii
ÍNDICE DE ECUACIONES xiv
ÍNDICE DE ANEXOS xv
RESUMEN EJECUTIVO xvi
ABSTRACT xvii
CAPÍTULO I.- MARCO TEÓRICO 1
1.1. Antecedentes investigativos 1
1.1.1. Justificación 1
1.1.2. Estrés Abiótico en plantas 2
1.1.3. Sequía 3
1.1.4. Respuesta de las plantas agrícolas al estrés hídrico 4
1.1.4.1. Interacción planta – microbio 4
1.1.4.2. Respuesta fisiológica de las plantas 4
1.1.4.3. Respuesta fisiológica de la papa 5
1.1.5. Cultivo de papa 7
1.1.5.1. Historia 7
1.1.5.2. Clasificación Taxonómica 11
1.1.5.3. Problemas Asociados 11
1.1.5.4. Estadísticas de perdida de papa por sequía 12
1.1.6. Comunidades microbianas para la inducción de tolerancia a la sequía en la agricultura 13
1.2. Objetivos 15
1.2.1. Objetivo general 15
1.2.2. Objetivos específicos 15

2. CAPÍTULO II.- METODOLOGÍA 16
2.1. Materiales 16
2.2. Métodos 17
2.2.1. Obtención de la comunidad microbiana sintética a partir de suelos con historial de sequía 17
2.2.1.1. Selección de la comunidad microbiana sintética 18
2.2.1.2. Caracterización metagenómica 19
2.2.2. Ensayar la comunidad microbiana sintética obtenida en plantas de papa a nivel de invernadero 19
2.2.2.1. Preparación de sustratos de cultivo 19
2.2.2.2. Crecimiento de los cultivos de papa 20
2.2.2.3. Inoculación de la comunidad microbiana sintética 20
2.2.2.4. Establecimiento de los ensayos experimentales 20
2.2.2.5. Condiciones de cultivo 21
2.2.2.6. Seguimiento y evaluación 21
2.2.3. Estimar la tolerancia a la sequía mediante el análisis de parámetros fisiológicos de las plantas ensayadas 22
2.2.3.1. Contenido de agua en la planta 22
2.2.3.2. Humedad del suelo 23
2.2.3.3. Contenido de prolina 23
2.2.3.4. Medición de la recuperación 24
3. CAPÍTULO III.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN 25
3.1. Comunidad microbiana sintética 25
3.2. Abundancia relativa de la comunidad sintética 26
3.3. Cultivo de papa a nivel de invernadero 28
3.4. Análisis de Tratamientos 32
3.5. Contenido de agua 36
3.6. Humedad del suelo 45
3.7. Contenido de prolina 55
3.8. Recuperación 57
3.9. Análisis final de rizosfera 61
4. CAPÍTULO IV.- CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES 71
4.1. CONCLUSIONES 71
4.2. RECOMENDACIONES 72
5. MATERIAL DE REFERENCIA 73
Referencias bibliográicas 73
ANEXOS 85

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. *Características morfológicas de la papa super chola.* 9
Tabla 2. *Clasificación taxonómica de la papa super chola.* 11
Tabla 3. *Principales enfermedades que afectan al cultivo de papa.* 11
Tabla 4. *Materiales de laboratorio.* 16
Tabla 5. *Diseño experimental propuesto para los tratamientos.* 21
Tabla 6.*Comparaciones múltiples de Tukey entre tratamientos para porcentaje de agua.* 43
Tabla 7. *Comparaciones múltiples de Tukey entre tratamientos para humedad del suelo.* 53
Tabla 8. *Índices de alfa diversidad.* 64
Tabla 9. *ASV con abundancia de los tratamientos*. 67

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. *Contenido relativo de agua (RWC).* 6
Figura 2. *Propiedades nutritivas de la planta.* 7
Figura 3. *Representación gráfica de la variedad de papa super chola.* 9
Figura 4. *Representación gráfica de una planta sana y una afectada por sequía.* ... 10
Figura 5. *Obtención del pellet de la comunidad microbiana sintética*. 25
Figura 6. *Abundancia Relativa presente en la comunidad microbiana sintética.* 26
Figura 7. *Crecimiento del cultivo de papa a nivel de invernadero*. 29
Figura 8. *Plantas de papa en su estado final del tratamiento.* 32
Figura 9. *Grafica lineal de datos de los Tratamientos aplicados a las plantas de papa.* 36
Figura 10. *Porcentaje de agua en los tejidos foliares de las plantas de papa.* 39
Figura 11. *Gráfico de cajas del porcentaje de agua por tratamiento.* 41
Figura 12. *Grafica lineal de datos de los Tratamientos aplicados a las plantas de papa.* 45
Figura 13. *Porcentaje de humedad del suelo de las plantas de papa.* 47
Figura 14. *Diagrama de cajas referente al porcentaje de humedad del suelo.* 49
Figura 15. *Contenido de prolina de cada tratamiento.* 55
Figura 16. *Representación de la recuperación de hojas al final del tratamiento.* 57
Figura 17. *Biomasa promedio de plantas de papa recuperadas luego del estrés hídrico.* 59
Figura 18. *Resultados del análisis metagenómico de la rizosfera de las plantas.* 62

ÍNDICE DE ECUACIONES

(Ecuación 1). Contenido de Agua. 22
(Ecuación 2). Humedad del suelo. 23
(Ecuación 3). Porcentaje de recuperación. 24

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. *ASV con abundancia presente en la SynCom.* 85
Anexo 2. *ASVs de la prueba metagenómica realizada a los tratamientos.* 86
Anexo 3. *Tabla de datos relacionados al ANOVA.* 115
Anexo 4. *Tabla de datos relacionados al ANOVA***.** 116
Anexo 5. *Biomasa de las plantas recuperadas.* 116

RESUMEN EJECUTIVO

La agricultura enfrenta una creciente amenaza debido a la intensificación de eventos de sequía, que afectan hasta el cincuenta y cinco por ciento de la producción agrícola mundial y generan pérdidas superiores a diez mil millones de dólares anuales. En este contexto, el cultivo de papa, base alimentaria en la región andina, resulta altamente vulnerable a condiciones de estrés hídrico, especialmente en zonas afectadas como Ecuador, donde se han registrado pérdidas económicas considerables. Frente a esta problemática, el presente trabajo tuvo como objetivo desarrollar una comunidad microbiana sintética a partir de suelos con historial de sequía, capaz de inducir tolerancia al déficit hídrico en plantas de papa. Para ello, se extrajeron microorganismos del suelo y se conformó un cóctel bacteriano que fue caracterizado mediante un análisis metagenómico. Posteriormente, se inoculó este consorcio en plantas de papa cultivadas en invernadero, bajo condiciones controladas de riego y sequía, mediante un diseño experimental completamente aleatorizado. Los resultados revelaron que las plantas inoculadas presentaron mayor retención de agua foliar, mayor contenido de prolina, una recuperación más eficiente tras la rehidratación y mejor desarrollo estructural en comparación con los controles sin microorganismos. Se concluye que la aplicación de comunidades microbianas adaptadas representa una alternativa biotecnológica sostenible que mejora la tolerancia al estrés hídrico y promueve el crecimiento vegetal, lo cual permite reducir el uso de insumos agroquímicos y aumentar la resiliencia del cultivo de papa frente al cambio climático.

PALABRAS CLAVES

Papa, sequía, microbioma del suelo, tolerancia al estrés abiótico, biotecnología agrícola.

ABSTRACT

Agriculture faces a growing threat due to the intensification of drought events, which affect up to fifty-five percent of global agricultural production and generate losses exceeding ten billion dollars annually. In this context, potato, a staple food in the Andean region, is highly vulnerable to water stress conditions, especially in affected areas such as Ecuador, where considerable economic losses have been recorded. In response to this problem, the overall objective of this study was to develop a synthetic microbial community from soils with a history of drought, capable of inducing tolerance to water deficits in potato plants. To this end, microorganisms were extracted from the soil, and a bacterial cocktail was formed that was metagenomically characterized. This consortium was then inoculated into potato plants grown in a greenhouse under controlled irrigation and drought conditions using a completely randomized experimental design. The results revealed that the inoculated plants had higher leaf water retention, higher proline content, more efficient recovery after rehydration, and better structural development than the controls without microorganisms. The application of adapted microbial communities represents a sustainable biotechnological alternative that improves water stress tolerance and promotes plant growth, thereby reducing the use of agrochemical inputs and increasing the resilience of potato crops to climate change.

Keywords:

Potatoes, drought, soil microbiome, abiotic stress tolerance, agricultural biotechnology.

CAPÍTULO I.- MARCO TEÓRICO

1.1. Antecedentes investigativos

1.1.1. Justificación

La intolerancia a la sequía es uno de los principales desafíos que enfrenta la agricultura global, agravado por el cambio climático. Este fenómeno afecta al 55% de la producción agrícola mundial, generando pérdidas estimadas en $10 mil millones anuales **(FAO, 2024).** En plantas sensibles, la sequía reduce la capacidad de absorber agua y nutrientes, lo que lleva a un menor desarrollo, productividad limitada y vulnerabilidad ante otros factores de estrés. Las técnicas tradicionales para mitigar estos impactos, como la selección de variedades resistentes y la gestión hídrica eficiente, son costosas y, en muchos casos, inaccesibles para los pequeños productores **(Monteros, 2017).** Por tanto, es crucial buscar soluciones innovadoras que aborden esta problemática de manera sostenible.

En este contexto, las comunidades microbianas del suelo se han destacado como una solución prometedora. Estos microorganismos beneficiosos tienen la capacidad de mejorar la tolerancia de las plantas al estrés hídrico al incrementar la disponibilidad de agua y nutrientes, producir metabolitos beneficiosos y activar rutas metabólicas que refuerzan la respuesta al estrés **(Finkel et al., 2020).** Por ejemplo, investigaciones han demostrado que la aplicación de consorcios microbianos puede aumentar la resistencia al estrés hídrico en cultivos como el maíz, al optimizar su capacidad de absorción de agua **(Guevara, 2021).** Además, estas comunidades ayudan a fortalecer la estructura del suelo, promoviendo su resistencia frente a condiciones extremas como la sequía (Pedraza et al., 2010; Bécquer **Granados, 2022).**

La papa, es un cultivo esencial en las regiones andinas, y es particularmente vulnerable a la sequía. Se han reportado disminuciones de hasta el 50% en su rendimiento durante períodos de sequía severa, estas pérdidas no solo amenazan la seguridad alimentaria, sino también la economía de los pequeños agricultores que dependen de este cultivo.
Por ello, esta investigación propone el desarrollo de una comunidad microbiana sintética que combine microorganismos específicos para inducir tolerancia a la sequía en este cultivo. Este enfoque busca no solo reducir los impactos negativos de la sequía

en la papa, sino también fomentar prácticas agrícolas más sostenibles, resilientes y adaptadas a las condiciones climáticas actuales **(Zurita Silva et al., 2019).**

1.1.2. Estrés Abiótico en plantas

Según estudios se estima que el crecimiento acelerado de la población mundial para el año 2100 incrementará a 10,900 millones, cifras que representan un gran desafío para la producción de alimentos sostenibles, incrementando la demanda global a un 50%. En este contexto, la producción de cultivos se enfrenta a diversos fenómenos globales del estrés ambiental como el estrés abiótico, ya que, las plantas no pueden desplazarse, por lo tanto están fijadas a sufrir consecuencias del estrés abiótico **(Tambussi, 2019)**, donde según la **FAO (2024)** alrededor del 96,5% de las tierras rurales mundiales se ven afectadas por estreses abióticos. Razón por la cual es de suma importancia transformar las prácticas agrícolas tradicionales por innovaciones ecológicas y sostenibles **(Rajput et al., 2021).**

El estrés abiótico es cualquier factor ambiental externo capaz de limitar el crecimiento productividad de las plantas, bloqueando su metabolismo, crecimiento o desarrollo **(Imran et al., 2021).** Cuando las plantas se ven afectadas por el estrés abiótico activan su mecanismo de defensa o deben adaptarse para sobrevivir. Dentro de un ambiente cambiante constantemente, existen diferentes factores adversos o tipos de estrés como el calor, que es el aumento de temperatura por encima de los niveles óptimos, dando como consecuencia estrés térmico, ocasionando un choque térmico y con ello dañando la planta, alterando su equilibrio celular y frenando su crecimiento, por lo cual es una amenaza global para la agricultura (Fernández, 2018).

El frío, en cambio ocurre cuando las temperaturas recaen sobre los niveles óptimos de la planta, pero por encima del punto de congelación (0°C), afectando el metabolismo, la fotosíntesis, la respiración y absorción de agua y nutrientes **(Osses, 2022)**. La salinidad y la sequía, son considerados estreses devastadores, los cuales reducen el rendimiento económico de los cultivos causando alteraciones bioquímicas y fisiológicas **(Rajput et al., 2021)**. La contaminación por metales pesados (MH), y metaloides como Cr, Cd, Ni, Zn, As y Hg son los contaminantes más comunes, ya que

su liberación excesiva impacta negativamente la productividad de las tierras agrícolas **(Imran et al., 2021).**

1.1.3. Sequía

La sequía representa una gran amenaza provocada por el estrés ambiental, afectando negativamente al rendimiento de los cultivos. Dichos cambios están directamente relacionados con demanda de agua y el suministro hídrico, provocando condiciones de escasez de agua, donde las plantas están expuesta de forma directa ya que, no tiene la capacidad de moverse para buscar recursos cuando se vuelven limitada el agua y su alimento como tal, provocando un daño representativo a la producción agrícola **(Imran et al., 2021).**

Existen diferentes factores que influyen en el resultado de los efectos del estrés por sequía, uno de ellos es la capacidad que posee el suelo para retener agua y las pérdidas de evapotranspiración. Varias investigaciones se han centrado en este caso de estudio, demostrando que la sequía afecta negativamente reduciendo el rendimiento de cultivos importantes como lo son la papa **(Rajput et al., 2021).**

Los principales efectos causados por este estrés, se ven evidenciados en una mala germinación, menor crecimiento de las plántulas, reducción de la fotosíntesis, así como la disminución de hojas, perdidas de peso seco y fresco. Un claro ejemplo de los efectos de la sequía se pude evidenciar en Brasil en el estado de Panamá, donde atravesaron una sequía de 45 días teniendo como consecuencia que la cosecha de soja fue reducida al 80% **(Atehortúa, 2024).** Las plantas responden a la sequía adoptando mecanismos fisiológicos como el cierre de estomas para disminuir la pérdida de agua, así como la reducción de la transpiración. Además, inducen cambios en su expresión genética que aumentan su tolerancia al estrés por sequía, permitiéndoles sobrevivir en condiciones extremas **(R. G. Osses et al., 2022).**

En este contexto, la sequía representa un desafío creciente para la agricultura, ya que puede reducir considerablemente el rendimiento de los cultivos mediante diversos efectos fisiológicos y metabólicos. Los cambios climáticos que agravan la variabilidad

de las precipitaciones y la escasez de agua intensifican este problema. Para mitigar sus efectos, es fundamental comprender los mecanismos de adaptación de las plantas y promover estrategias agrícolas que fortalezcan la resiliencia de los cultivos frente a la sequía **(Finkel et al., 2020).**

1.1.4. Respuesta de las plantas agrícolas al estrés hídrico

1.1.4.1. Interacción planta – microbio

Las comunidades microbianas juegan un papel fundamental en la tolerancia al estrés hídrico en cultivos agrícolas como la papa. La interacción entre los microorganismos del suelo y las raíces de las plantas genera un ambiente dinámico conocido como rizósfera, donde diversas formas microbianas se desarrollan activamente y en equilibrio **(Richardson et al., 2009).** Esta relación simbiótica resulta particularmente relevante en el contexto actual, donde el cambio climático intensifica las condiciones de sequía, afectando aproximadamente al 55% de la producción agrícola mundial **(FAO, 2021).**

Las comunidades microbianas del suelo, que incluyen bacterias y hongos, pueden clasificarse según sus funciones en tres grupos principales: degradadores de residuos orgánicos, bacterias promotoras del crecimiento vegetal, y microorganismos antagonistas de patógenos radiculares. Algunos de estos microorganismos, denominados endofíticos, colonizan internamente los tejidos de las raíces y desarrollan actividades que promueven el crecimiento y la protección vegetal **(Barea et al., 2005).**

1.1.4.2. Respuesta fisiológica de las plantas

Existen dos tipos de respuesta al estrés por sequía, a largo plazo y a corto plazo. A largo plazo consiste en el impacto negativo y se refiere a todos los procesos de interrupción de los ciclos fisiológicos de hojas/raíces, cambios en los tiempos de madurez y pérdidas de rendimiento. Por otro lado, en las reacciones a corto plazo se ven involucrados cambios en la conductividad estomática, el potencial hídrico a través de los tejidos, los movimientos de absorción de agua y nutrientes de las raíces, la presión de turgencia y la composición bioquímica **(Oguz et al., 2022).**

Además, las plantas al verse afectadas por el estrés hídrico emiten diversas repuestas fisiológicas, a nivel celular como también de todo el organismo, convirtiéndose así al estrés hídrico predominante como un fenómeno complejo **(Kumar et al., 2018)**. Algunas de sus respuestas es la disminución del tamaño de las hojas, la extensión de los tallos, la proliferación radicular, altera las relaciones hídricas de las plantas reduciendo la eficiencia del uso del agua **(Farooq et al., 2009)**. Sin embargo, las plantas muestran diferentes mecanismos de respuesta ante la sequía, mismos que lo conocemos a continuación:

1.1.4.3. Respuesta fisiológica de la papa

Bajo la influencia del estrés por sequía, la primera respuesta fisiológica de la papa es reducir la transpiración mediante los estomas. Esto significa que el cierre estomático temprano y la reducción de la pérdida de agua en el cuerpo de la planta son los mecanismos de defensa más importantes contra la sequía en la papa. Por otra parte, el cierre estomático afecta a procesos fisiológicos y bioquímicos como la reducción del contenido de agua en la hoja, el contenido de clorofila, la fragmentación del cloroplasto, el intercambio de gases, el intercambio de iones entre raíces y brotes y la fotosíntesis. Por tanto, todos estos procesos y acontecimientos fisiológicos afectan directa o indirectamente a la actividad fotosintética **(Oguz et al., 2022).**

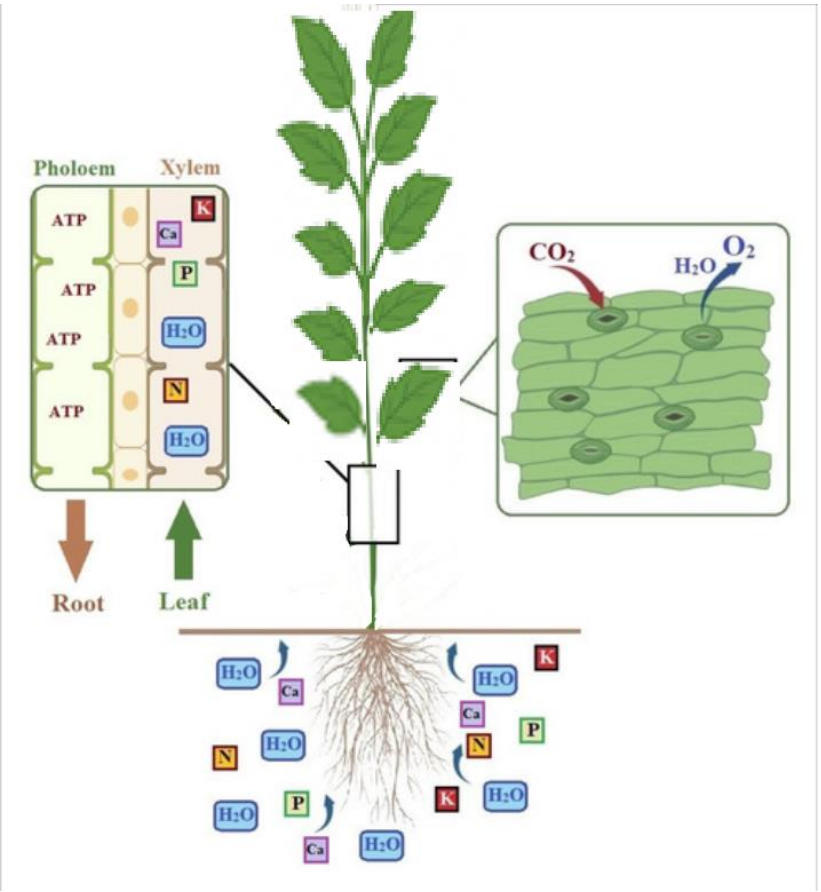
Las plantas regulan el movimiento de gases y agua a través de los estomas del tejido foliar. El cierre estomático debido a la sequía interfiere en la disponibilidad de CO2, que es esencial para la fotosíntesis. La menor absorción de CO2 por las plantas está directamente relacionada con una menor actividad fotosintética. El cierre estomático en condiciones de déficit hídrico provoca una reducción de la transpiración, lo que también limita la absorción de nutrientes del suelo a través de las raíces y su transferencia a la parte superior de la planta **Figura 1 (Gervais et al., 2021).**

El contenido relativo de agua (RWC) es otra característica fisiológica importante que afecta el potencial hídrico de las hojas, la resistencia estomática, la tasa de transpiración y las relaciones hídricas de la planta. El contenido relativo de agua se considera un indicador del estado hídrico de la planta, que regula la actividad

metabólica en los tejidos. El contenido relativo de agua (RWC) se forma como resultado de la pérdida de agua por transpiración y la absorción radicular **Figura 1**. El potencial hídrico foliar, importante para la supervivencia de la planta y los procesos fotosintéticos, está estrechamente relacionado con el cierre estomático y el crecimiento celular **(Zhang et al., 2018).**

Figura 1

Contenido relativo de agua (RWC).



Nota. Los estomas son los encargados del proceso de transpiración foliar, intercambio de gases, transporte de agua y nutrientes desde el suelo. El transporte del agua dentro de la planta depende de la perdida de agua por transpiración en las hojas y de su absorción por las raíces. Mediante estas raíces la planta absorbe agua y compuestos disueltos, mismos que son trasladados hacia la parte superior de la planta mediante el xilema **(Oguz et al., 2022).**

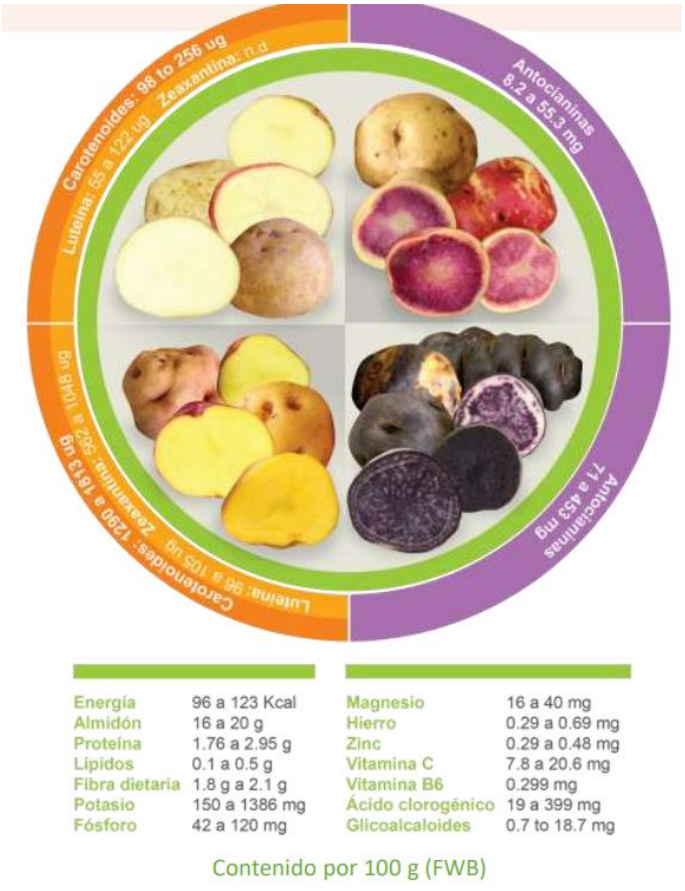
1.1.5. Cultivo de papa

1.1.5.1. Historia

El cultivo de papa se originó en el Nuevo Mundo, en América del Sur, el cultivo de papa comenzó hace unos 8000 años, y los conquistadores españoles durante el intercambio colombino introdujeron las papas en Europa. La papa es la base de la alimentación de la zona andina, tiene numerosas propiedades nutritivas **Figura 2** y un elevado rendimiento por hectárea que permite obtener una producción de energía digestible diaria comparable con los cereales **(Gu et al., 2024).**

Figura 2

Propiedades nutritivas de la planta.



*Nota***.** Las papas de pulpa amarilla son ricas en luteína y zeaxantina, asociadas a la prevención de enfermedades, y las papas de pulpa morada y roja son ricas en antocianinas **(INIAP, 2025).**

La papa actualmente se cultiva en 17 millones de hectáreas en todo el mundo y la producción mundial de papa representa 370 millones de toneladas y más de 1,500 millones de personas comen papas **(FAO, 2019).** En el ecuador es reconocida como uno de los cultivos principales el cual involucra más de 82 000 agricultores. La producción está orientada principalmente para consumo interno, aproximadamente el 81% se comercializa para consumo en fresco y las industrias utilizan el resto para procesamiento. La siembra y cosecha de papa se la realiza todo el año **(INIAP, 2025).**

Las temperaturas más favorables para el crecimiento vegetativo, se considera que la temperatura óptima es de 16 a 25 °C, el aumento de la temperatura en esta fase puede causar una alta tasa de respiración, marchitamiento fisiológico, actividad fotosintética reducida y un ciclo de vida más corto. Para la etapa de iniciación y crecimiento del tubérculo, se considera que la óptima es de 4 a 18 °C. La formación de tubérculos comienza entre 20 y 25 días después de la siembra, y las plantas producen flores de color blanco a púrpura que pueden caerse o no según las condiciones climáticas. Según el clima, el tipo de suelo y la variedad, las plantas requieren de 350 a 550 mm de agua durante su ciclo de vida. El aumento de la temperatura en la fase reproductiva puede resultar en un tubérculo más pequeño, una tasa de tuberización lenta y una fase reproductiva más corta que conduce a un menor rendimiento del tubérculo **(Sánchez et al., 2024).**

Además, se estima que, en Ecuador existen 52 variedades de papa, entre ellas sobresaliendo la papa super chola **Figura 3** por su demanda en el mercado y calidad del producto. Su tiempo de crecimiento es de 15 a 20 días, observando una maduración tardía a los (180-210) días **(INIAP, 2023).** Esta variedad es susceptible a enfermedades principalmente a la lancha (phytophthora infestans mont de bary), es medianamente resistente a roya (puccinia piitieriana P. Hennings), y tolerante al nematodo del quiste (globodera pallida stone behrens) **(Monteros, 2017)**. Tiene diferentes usos, en consumo fresco en sopas y puré, mientras que en consumo procesado papas fritas en forma de hojuela.

Figura 3

Representación gráfica de la variedad de papa super chola.



*Nota***.** Variedad más producida en Ecuador **(INIAP, 2023).**

Tabla 1

Características morfológicas de la papa super chola.

Características
Planta
- Hábito de crecimiento erecto
- Tallos pimentados
- Presencia de alas rectas y onduladas
Hojas
- Color verde intenso
- Diseccionadas
- Tres foliolos laterales
- Inter hojuelas
Floración
- Flor morada
- Forma de corola
Tubérculos
- Ojos superficiales

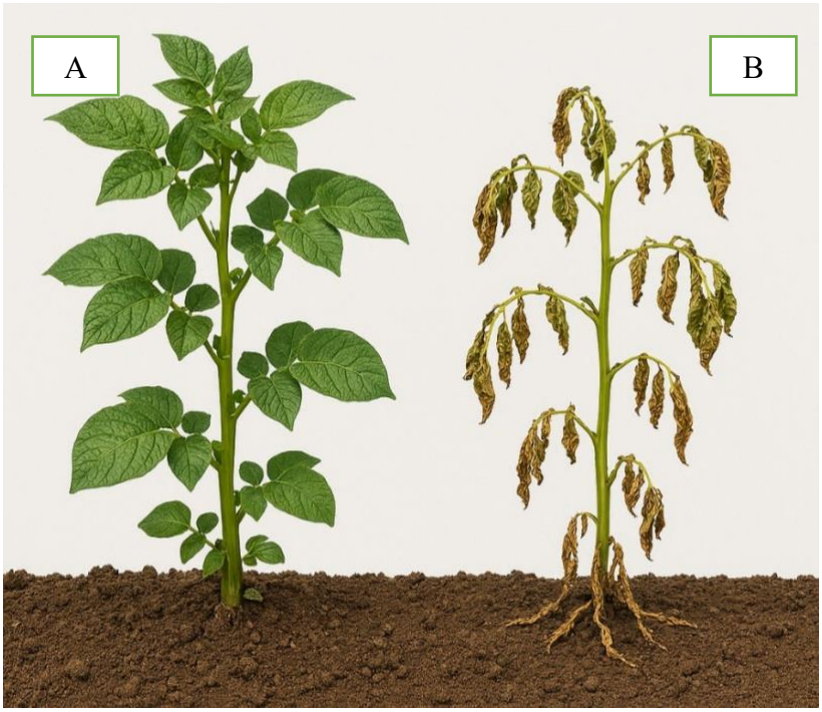
- Color rosado
- Color secundario blanco-crema

*Nota***.** Información recopilada de **(INIAP, 2023).**

La papa es un cultivo eficiente en el uso del agua, pero su sistema radicular poco profundo lo hace susceptible al estrés por sequía. La utilización de microorganismos benéficos representa una alternativa sostenible y económicamente viable frente al uso de agroquímicos, cuyo costo está ligado al precio del petróleo y puede tener impactos negativos sobre el ambiente **(Altieri & Nicholls, 2017).** Esta aproximación biotecnológica de bajo impacto contribuye al desarrollo de prácticas agro-tecnológicas sustentables y amigables con el ambiente, permitiendo mantener la productividad vegetal mientras se preserva la calidad del suelo **(Bürgmann et al., 2020).**

Figura 4

Representación gráfica de una planta sana y una afectada por sequía.



*Nota***.** Comparación de una planta de papa sana (A), con una planta de papa afectada por la sequía (B). *Nota***.** Autoría propia.

1.1.5.2. Clasificación Taxonómica

Tabla 2

Clasificación taxonómica de la papa super chola.

Taxonomía	Clasificación
Dominio	Eukarya
Reino	Plantae
Division (Filo)	Magnoliophyta
Clase	Magnoliopsida
Orden	Solanales
Familia	Solanaceae
Género	Solanum
Especie	Solanum tuberosum
Variedad	Super Chola

*Nota***.** Información recopilada de **(INIAP, 2023).**

1.1.5.3. Problemas Asociados

Varios factores bióticos y abióticos limitan la productividad de la papa, causando una reducción en el rendimiento potencial de la misma. Los factores bióticos que incluyen enfermedades causadas por hongos, bacterias, nematodos y virus **(Oguz et al., 2022)**.

Tabla 3

Principales enfermedades que afectan al cultivo de papa.

Enfermedades	Variedades	Perdida de rendimiento
Tizón tardío	Bellete	53,74
	Gudeine	71,50

Tizón temprano	Ndinc	Hasta un 58
Sarna polvorienta	Diacol Capiro	30
Sarna negra y chancreo del tallo	Diamante	18,13
Sarna común	Kexin No. 1	24,58
Marchitez bacteriana	Helan 7	34,9
Pierna negra y podredumbre blanda	BP1	39,57
Virus de enrollamiento de la hoja de la papa (PLRV)	Victoria Rey Sifra	91,8 84,8 22,1
Virus Y de la patata (PVY)	Victoria Rey Sifra	87,2 85,1 14,1

Nota. **(INIAP, 2023).**

El estrés abiótico también representa una seria amenaza para la productividad de la papa. Según estimaciones, causa hasta un 50% de pérdidas en el rendimiento promedio de diferentes cultivos en todo el mundo. Los investigadores discuten que los factores abióticos que influyen en la productividad de la papa incluyen la temperatura, la radiación solar, el fotoperiodo, la salinidad del suelo y la sequía **(Oguz et al., 2022)**.

1.1.5.4. Estadísticas de perdida de papa por sequía

Según datos del **MAG (2024),** las afecciones por el impacto de la sequía en Ecuador suman US$ 1.991.000 y 37.781 hectáreas tanto en daños parciales como totales, siendo el mayor porcentaje en perdidas parciales. Entre las principales

provincias afectadas por la sequía está, Cotopaxi, Galápagos, Azuay, Loja, Orellana, Santa Elena, Manabí, registrando un total de 11.105 productores impactados **(Forbes, 2024).**

Las sequías en Ecuador pueden provocar pérdidas importantes en el cultivo de papa, impactando tanto la producción como la economía del país. De acuerdo con un estudio de **CGSpace (2018),** los agricultores pueden llegar a perder en promedio hasta un 18% de su producción, y las pérdidas a lo largo de toda la cadena de valor podrían superar el 95%. Los cultivos más afectados son maíz suave, hortalizas, pasto, maíz duro, cebada, chocho, avena, cebada, cebolla blanca, papa y haba **(CIP, 2018).**

1.1.6. Comunidades microbianas para la inducción de tolerancia a la sequía en la agricultura

Uno de los factores que permiten alcanzar mayor competitividad en el mercado mundial de los productos agrícolas es la reducción del uso de agroquímicos, cuyo costo depende en gran medida del precio del petróleo y cuyo efecto puede tener impactos nocivos sobre el ambiente. La utilización de microorganismos benéficos ha tenido una amplia difusión en los últimos años, debido a su efecto positivo sobre el rendimiento de muchos cultivos en distintas situaciones y a la factibilidad de permitir desarrollar una agricultura orgánica sostenible.

La calidad del suelo es definida por su capacidad para funcionar en un marco de ecosistema natural o modificado, sostener la productividad vegetal y animal. La calidad del suelo está fuertemente influenciada por los procesos microbianos que en él ocurren, y éstos, relacionados con la diversidad; por tanto, es muy probable que el mantenimiento de la estructura de la comunidad microbiana tenga la capacidad de servir como indicador temprano y de gran sensibilidad de la degradación o empobrecimiento del suelo **(Abril, 2003).**

Los suelos supresivos son una herramienta eficiente en el manejo de enfermedades de origen edáfico, principalmente en agricultura agroecológica donde este tipo de control natural se desarrolla en mayor plenitud. Generalmente, la supresividad está basada en interacciones microbiológicas entre los patógenos y los antagonistas (comunidad

microbiana), es decir, posee la capacidad natural de limitar el desarrollo de patógenos que causan enfermedades en las plantas, actuando como una barrera contra plagas y enfermedades.

Las poblaciones microbianas del suelo están inmersas en un marco de interacción que afecta el desarrollo de las plantas y la calidad del suelo. Ellas están involucradas en actividades fundamentales que aseguran la estabilidad y productividad, tanto de los agroecosistemas como de los ecosistemas naturales.

Investigaciones estratégicas y aplicadas han demostrado el interés de ciertas actividades de cooperación microbiana para ser explotadas como una biotecnología de bajo impacto y costo para contribuir con prácticas agro-tecnológicas sustentables y amigables con el ambiente **(Richardson et al., 2009)**. Estas comunidades microbianas, compuestas por bacterias, hongos y otros microorganismos, pueden mejorar la salud del suelo y aumentar la tolerancia de las plantas al estrés hídrico.

Ha sido ampliamente demostrado que los microorganismos del suelo interactúan con las raíces de las plantas y constituyentes del suelo en la interfase raíz-suelo. Este gran conjunto de interacciones entre suelo, raíces y microorganismos da lugar al desarrollo de un ambiente dinámico conocido como rizósfera, donde una variedad de formas microbianas puede desarrollarse activamente y en equilibrio.

1.2. Objetivos

1.2.1. Objetivo general

Desarrollar una comunidad microbiana sintética para inducir tolerancia a la sequía en papa (*Solanum tuberosum).*

1.2.2. Objetivos específicos

- Obtener la comunidad microbiana sintética a partir de suelos con historial de sequía.

- Ensayar la comunidad microbiana obtenida en plantas de papa a nivel de invernadero.

- Estimar la tolerancia a la sequía mediante el análisis de parámetros fisiológicos de las plantas ensayadas.

2. CAPÍTULO II.- METODOLOGÍA

2.1. Materiales

El presente trabajo de titulación fue de tipo experimental, y se realizó en los laboratorios académicos de la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología de la Universidad Técnica de Ambato. En la siguiente **Tabla 4**, se presenta los equipos, reactivos y materiales fungibles que se usaron en el desarrollo de la investigación.

Tabla 4

Materiales de laboratorio.

Material	**Cantidad**
Reactivos	
Turba y Perlita	30 L
Tween 20%	50 ml
Solución de Sulfato de Magnesio 1M	2 L
Solución de Ninhidrina acida al 1.25%	3 g
Ácido acético	50 ml
Tolueno	250 ml
Suspensión del SynCom	500 ml
Etanol al 70%	3 L
Material Fungible	

Invernadero	1
Suelo con historial de sequia	5 kg
Semillas de papa	50 unidades
Agua destilada	50ml
Cajas Petri	50 unidades
Pipetas	2
Micropipetas	2
Frascos ámbar	5
Vaso de precipitación 50 y 100 mL	2
Papel industrial	1

Servicio	**Externo**
Secuenciación del gen 16S	5
Equipos	
Centrifuga	1
Caja refrigerada	1
Agitador	1
Espectrofotómetro	1
Balanza analítica	1
Cámara de flujo laminar	1
Incubadora	1
Autoclave	1
Microscopio	1
pH metro	1
Estufa	1

2.2. Métodos

2.2.1. Obtención de la comunidad microbiana sintética a partir de suelos con historial de sequía

El suelo utilizado para la obtención de los microorganismos fue el mismo empleado en la investigación desarrollada por **Sánchez-Garnica et al. (2024)**, proveniente de la parroquia Malchinguí, cantón Pedro Moncayo (0°01'56.7"N,

78°20'47.3"W). Las muestras fueron recolectadas del banco de suelos establecido en dicha investigación, ubicado en el cantón Quito. Durante el proceso de transporte, se conservaron en una caja refrigerada a 4 °C con el fin de preservar su integridad microbiológica hasta su llegada a los laboratorios de la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología.

Una vez en el laboratorio, el suelo fue dejado en reposo para su secado durante una semana. Posteriormente, se procedió a la molienda, a la eliminación de residuos orgánicos y materiales rocosos, y al tamizaje del suelo. Este proceso permitió obtener una muestra homogénea y libre de impurezas, apta para el aislamiento de la comunidad microbiana sintética.

2.2.1.1. Selección de la comunidad microbiana sintética

Se realizó un lavado del suelo con el objetivo de aislar los microorganismos presentes, constituyendo este cóctel microbiano el inóculo inicial para el desarrollo de la comunidad microbiana sintética. El procedimiento se llevó a cabo siguiendo la metodología propuesta por **Walker et al. (2023)**, con modificaciones adaptadas al presente estudio. A continuación, se detallan los pasos realizados:

- Se preparó una solución de sulfato de magnesio anhidro ($MgSO_4$) al 0,1 M, disolviendo 24 gramos del compuesto en 130 ml de agua destilada, utilizando un vaso de precipitación de 250 ml. Posteriormente, la solución se transfirió a un matraz aforado de 2 litros y se completó el volumen con agua destilada hasta alcanzar los 2 litros. Finalmente, se agitó vigorosamente para asegurar su completa disolución y homogeneidad.
- Para el lavado del suelo, se utilizaron 10 gramos de suelo previamente tamizado, los cuales fueron mezclados con 250 ml de la solución de $MgSO_4$ preparada. Esta mezcla se agitó durante 20 minutos para asegurar la liberación de los microorganismos adheridos a las partículas del suelo. Luego, se dejó en reposo por 20 minutos. Como resultado, se diferenciaron tres fases: una fase sólida en el fondo, una fase de suspensión intermedia y una fase superficial.

- Utilizando una micropipeta de 1000 µl, se extrajo cuidadosamente la fase de suspensión, la cual se distribuyó en 50 tubos Eppendorf de 1,5 ml.
- Los tubos fueron centrifugados a 4000 rpm durante 10 minutos.
- Finalmente, se extrajo el sobrenadante de cada tubo y se transfirió a tubos Falcon de 50 ml, separándolo del pellet microbiano que contenía la biomasa celular concentrada.

2.2.1.2. Caracterización metagenómica

Una vez obtenida la comunidad microbiana sintética (SynCom), se procedió a su caracterización metagenómica con el objetivo de determinar su diversidad y abundancia taxonómica. Para este análisis, se realizó la secuenciación del gen 16S rRNA del ADN microbiano, proceso que fue llevado a cabo por la empresa especializada Biosequence, contratada para tal fin.

2.2.2. Ensayar la comunidad microbiana sintética obtenida en plantas de papa a nivel de invernadero

Para evaluar el efecto de la comunidad microbiana sintética en plantas de bajo condiciones controladas de invernadero, se siguió la metodología propuesta por **Carrión et al. (2019),** con modificaciones que consiste en lo siguiente:

2.2.2.1. Preparación de sustratos de cultivo

Se prepararon sustratos específicos para el crecimiento de plantas de papa, utilizando una mezcla de turba y perlita en proporción 3:1. Con el objetivo de eliminar cualquier presencia de microorganismos nativos que pudieran interferir con la evaluación de la comunidad microbiana sintética, los sustratos fueron esterilizados en autoclave en dos ciclos consecutivos, garantizando así condiciones controladas y libres de contaminantes microbiológicos.

2.2.2.2. Crecimiento de los cultivos de papa

A los dos meses y 12 días después de la siembra, las plantas alcanzaron el desarrollo de cinco hojas verdaderas, criterio que se utilizó como indicador fenológico para proceder con la inoculación del cóctel microbiano previamente preparado. Durante este periodo, los cultivos se mantuvieron en condiciones controladas de invernadero, con parámetros estables de temperatura, humedad y ventilación. El riego se aplicó cada dos días, utilizando 50 ml de solución nutritiva Hoagland por planta, lo que favoreció un crecimiento vigoroso y homogéneo de las plántulas.

2.2.2.3. Inoculación de la comunidad microbiana sintética

Una vez preparados los sustratos y establecido el cultivo de papa en condiciones de invernadero, se procedió a realizar la inoculación de la comunidad microbiana sintética (SynCom). Esta se llevó a cabo mediante la adición directa del cóctel microbiano al sustrato, en una proporción del 10% respecto al volumen total del medio de cultivo, lo que correspondió a 10 ml del cóctel por planta.

2.2.2.4. Establecimiento de los ensayos experimentales

Los ensayos fueron preparados y establecidos en condiciones controladas de invernadero. Se incluyeron tratamientos control sin inoculación de la comunidad microbiana sintética, con el fin de permitir la comparación directa de los efectos generados por la presencia del consorcio microbiano.

Se empleó un diseño experimental DCA (diseño completamente aleatorizado) el cual evaluó un solo factor de estudio que es el tipo de tratamiento microbiano. Es decir, se evaluó la influencia de la inoculación microbiana SynCom (con comunidad microbiana y sin comunidad microbiana) en la tolerancia a la sequía de plantas de papa bajo condiciones controladas (sequía y riego continuo).

- **Combinaciones para el diseño experimental DCA:**

Las combinaciones que se realizaron dentro del diseño experimental son las siguientes:

Planta A: Planta de papa

T1: Planta A con microorganismo con sequía

T2: Planta A sin microorganismo con sequía

T3: Planta A con microorganismo con riego

T4: Planta A sin microorganismo con riego

Tabla 5

Diseño experimental propuesto para los tratamientos.

Tratamiento	Microorganismos	Riego
1	Con SynCom	Sequía
2	Con SynCom	Riego
3	Sin SynCom	Sequía
4	Sin SynCom	Riego

2.2.2.5. Condiciones de cultivo

Las plantas de papa fueron cultivadas bajo condiciones de invernadero controladas manteniéndose parámetros constantes de temperatura, humedad relativa, riego y nutrición. Se mantuvo estas condiciones de manera homogénea entre los diferentes tratamientos para poder atribuir los efectos observados a la inoculación de la SynCom.

2.2.2.6. Seguimiento y evaluación

Durante el crecimiento de las plantas, se realizaron evaluaciones periódicas pasando un día para determinar el efecto de la SynCom. Esto incluyó:

- Mediciones de crecimiento
- Análisis de parámetros fisiológicos
- Determinación de la tolerancia a la sequía

2.2.1.3 Análisis de la comunidad microbiana

Al finalizar los ensayos, se analizó la composición y estructura de la SynCom en las plantas inoculadas. Esto se realizó mediante técnicas de secuenciación de ADN, procedimiento que se envió a realizar en la empresa Biosequence, donde se extrajo el ADN, se amplificó y secuenció el gen 16S.

2.2.3. Estimar la tolerancia a la sequía mediante el análisis de parámetros fisiológicos de las plantas ensayadas

Para estimar la tolerancia a la sequía de las plantas de papa inoculadas con la SynCom, se analizaron los siguientes parámetros fisiológicos:

2.2.3.1. Contenido de agua en la planta

Este procedimiento se llevó a cabo siguiendo la metodología propuesta por **Zavala et al. (2022),** con modificaciones adaptadas al presente estudio. La determinación del contenido de agua en las plantas de papa se realizó mediante los siguientes pasos:

- Se recolectaron muestras de tejido vegetal (hojas o partes aéreas) de las plantas experimentales.
- Inmediatamente después de la recolección, se determinó el peso fresco utilizando una balanza analítica**.**
- Las muestras se colocaron en cajas Petri con agua destilada y se mantuvieron en hidratación durante 24 horas. Transcurrido ese tiempo, se registró el peso hidratado.
- Posteriormente, las muestras fueron secadas en una estufa a 60 °C hasta alcanzar peso constante, registrándose este como peso seco.
- Finalmente, se calculó el contenido de agua utilizando la fórmula:

$$contenido\ de\ agua\ \%: \frac{Peso\ fresco - Peso\ seco}{Peso\ hidratado - peso\ seco} * 100$$

(Ecuación 1)

2.2.3.2. Humedad del suelo

Se midió el contenido de agua en el sustrato de cultivo como un parámetro esencial para evaluar la capacidad de las plantas inoculadas con la SynCom de optimizar el uso del agua disponible en el suelo. Para ello, se utilizó el método gravimétrico con la formula expuesta, el cual permitió registrar de manera continua la cantidad de agua retenida en el sustrato durante y después de la aplicación de estrés hídrico controlado, con ello se observó si las plantas tratadas con la comunidad microbiana son capaces de regular el consumo de agua, evitando una rápida deshidratación del suelo **(Venegas et al., 2020**).

$$Humedad\ del\ suelo\ \%: \frac{(Peso\ humedo - Peso\ seco)}{Peso\ \ seco} * 100$$

(Ecuación 2)

2.2.3.3. Contenido de prolina

La cuantificación de prolina se realizó siguiendo la metodología descrita por **Herrera et al. (2018),** con modificaciones. Misma que consiste en los siguientes pasos:

- Se pesaron 0,5 g de tejido fresco (hoja) y se trituraron en 5 ml de ácido acético**.**
- La mezcla obtenida fue centrifugada a 10,000 rpm por 10 minutos.
- El sobrenadante se mezcló con ninhidrina en partes iguales y se calentó a 100 °C durante 1 hora para permitir la reacción cromogénica.
- Luego se dejó enfriar y se añadió tolueno para extraer la fase colorida resultante.
- Finalmente, la absorbancia de la solución orgánica se midió a 520 nm utilizando un espectrofotómetro, determinándose así la concentración de prolina presente en la muestra.

2.2.3.4. Medición de la recuperación

La recuperación de las plantas posterior a un período de sequía fue evaluada mediante un proceso de rehidratación controlada, con el objetivo de observar cambios en parámetros fisiológicos visibles, como la turgencia foliar y el reinicio del crecimiento tras la aplicación de agua. Este procedimiento permitió comparar el porcentaje de recuperación entre plantas inoculadas con la comunidad microbiana sintética (SynCom) y los tratamientos control sin inoculación. La metodología se centró en determinar si las plantas tratadas con microorganismos presentaban una mayor capacidad para restablecer su funcionalidad fisiológica y estructural tras el estrés hídrico, siguiendo el protocolo propuesto por **Venegas et al. (2020)**, con modificaciones. Mismo que consiste en los siguientes pasos:

Rehidratación de las plantas

- Se aplicaron 10ml de solución nutritiva Hoagland a cada planta para garantizar uniformidad en el proceso de rehidratación.

Evaluación de la recuperación después de la rehidratación

- Las plantas fueron evaluadas 24 horas después de la rehidratación**.**

Criterios de recuperación:

- Se realizó una evaluación visual del estado foliar, clasificando las hojas como "turgentes" (recuperadas) o "marchitas" (no recuperadas).
- Posteriormente, se contabilizó el número de plantas con hojas turgentes y se calculó el porcentaje de recuperación en relación con el total de plantas tratadas.

Cálculo del porcentaje de recuperación

- Se utilizó la siguiente fórmula:

$$Porcentaje\ de\ Recuperacion = \frac{(Numero\ de\ plantas\ recuperadas)}{(Numero\ total\ de\ plantas)} x100$$

(Ecuación 3)

3. CAPÍTULO III.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Comunidad microbiana sintética

En la siguiente **Figura 5** se muestra el suelo con historial de sequía utilizado para la extracción de la comunidad microbiana sintética.

Figura 5

Obtención del pellet de la comunidad microbiana sintética.



Nota. **(A)** Suelo tomado de la parroquia Malchinguí, Cantón Pedro Moncayo (0°01'56.7"N 78°20'47.3"W. **(B)** Pellet microbiano obtenido tras el proceso de centrifugación del lavado del suelo tratado con historial de sequía.

El suelo representa uno de los ecosistemas más biodiversos del planeta, albergando hasta 10^{10} células microbianas por gramo de suelo seco y más de 10,000 especies microbianas diferentes (**Buritaca H et al., 2017**). El hallazgo del pellet microbiano obtenido tras el proceso de separación, centrifugado a 4000rpm durante 10 minutos, y concentración de biomasa a partir de muestras de suelo, constituye una evidencia directa de la elevada diversidad microbiana presente en el suelo analizado **(Roy et al., 2019).** La obtención del pellet es posible debido a que, durante la centrifugación, las células microbianas suspendidas en el sobrenadante son arrastradas por la fuerza centrífuga hacia el fondo del tubo, formando una masa compacta **(Naylor et al., 2018).** Su apariencia opaca y densa es indicativa de una cantidad significativa de biomasa viva o intacta.

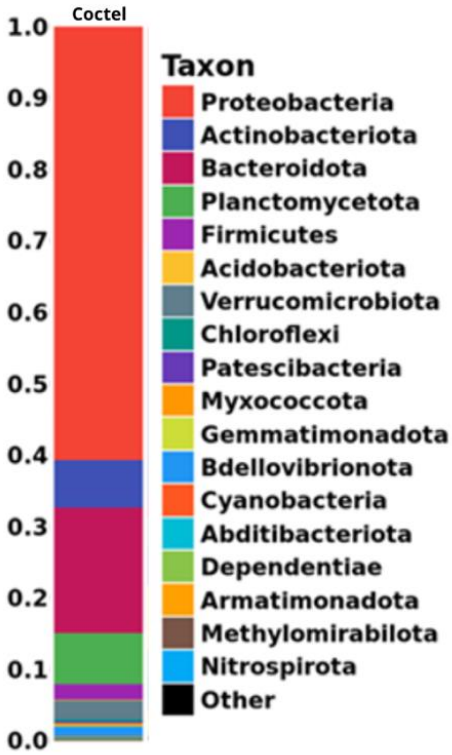
Varios estudios han validado la eficacia de la centrifugación para concentrar microrganismo del suelo. Tal y como describe el autor **Zhalnina et al., (2018)** en su estudio, en el que logró recuperar una fracción microbiana viable mediante centrifugación a 6000 rpm durante 5 minutos, obteniendo un sedimento o pellet con aproximadamente 10^9 microorganismos. Esto demuestra que los resultados son coherentes con los hallazgos de estudios anteriores, aunque la velocidad de la centrífuga varía a 4000 rpm por 10 minutos, los resultados obtenidos son fiables y vitales. Además, la centrifugación diferencial ha demostrado ser eficaz para separar los microorganismos no filamentosos del suelo, lo que permite la formación de pellets representativos de la comunidad microbiana presente **(Frene et al., 2018).**

3.2. Abundancia relativa de la comunidad sintética

En la **Figura 6** se muestra la abundancia relativa presente en el pellet anteriormente obtenido el cual conforma la SymCon. Esta figura muestra la composición taxonómica en la comunidad microbiana sintética, clasificada por filo.

Figura 6

Abundancia Relativa presente en la comunidad microbiana sintética.



*Nota***.** Abundancia relativa de filos bacterianos presentes en la comunidad microbiana sintética secuenciadas por análisis del gen 16S rRNA.

Se puede identificar una predominancia en el filo perteneciente a *Proteobacteria* con 7461 ASV, una alta proporción perteneciente a *Bacteroidota* con *2154* ASV*, Planctomycetota* con 887 ASV, *Actinobacteriota* con 831 ASV, Verrumicrobiota con 309 ASV, Firmicutes con 260 ASV*;* una baja proporción en *Bdellovibrionota* con 176 ASV*, Myxococcota* con 47 ASV*, Chloroflexi* con 39 ASV*, Patescibacteria* con 29 ASV*, Abditibacteriota* con 24 ASV*, Armatimonadota* con 22 ASV*, Acidobacteriota* con 20 ASV; y escasa proporción en *Gemmatimonadota* con 14 ASV*, Cyanobacteria* con 8 ASV. (Ver **Anexo 1).**

La SynCom analizada contiene una estructura microbiana dominada por *Proteobacterias* (7461 AVS) reportadas principalmente en suelos agrícolas y naturales como promotoras del crecimiento vegetal (PGP) y por sus funciones como la fijación de nitrógeno (BNF), solubilización de fosforo y tolerancia a estrés abiótico **(Tripathi et al., 2020).** La *Proteobacteria* es muy diversa y tiene cinco clases, pero las más comunes presentes en la SynCom son Alpha, Beta, Gamma. Dentro de ello los géneros *Rhizobium*, *Pseudomonas*, *Azospirillum* y *Enterobacter*, son reportados por su capacidad de inducir cambios en la fisiología vegetal como la acumulación de osmolitos, síntesis de ácido abscísico (ABA), y activación de rutas antioxidantes (Ver **Anexo 2) (Glick, 2012; Finkel et al., 2020).**

En segundo orden, la comunidad presenta una proporción relevante de ***Bacteroidota*** (2154 ASV), filos cuya función primaria se centra en la mineralización de compuestos orgánicos complejos **(Thomas et al., 2011).** Su presencia es particularmente beneficiosa en suelos ricos en materia orgánica, como ocurre en ambientes agrícolas andinos con residuos de cosechas previas. Aunque menos resistentes que las *Actinobacteriota* frente a la sequía, *Bacteroidota* aporta versatilidad funcional en suelos húmedos o tras eventos de riego, mejorando la biodisponibilidad de carbono y fósforo para las plantas. Esta capacidad metabólica es crítica en el contexto de cultivos como la papa, cuyo desarrollo vegetativo y formación de tubérculos requieren altos niveles de fósforo asimilable **(Calıskan et al., 2022).**

Por otro lado, dentro de la comunidad microbiana el filo de *Actinobacteriota* (831 ASV) representa un componente resiliente, el cual también es muy común en suelos. Este filo está altamente reportado especialmente por su tolerancia a condiciones de

sequía prolongada sobreviviendo a condiciones ambientales adversas al presentar el metabolismo oligotrófico, es decir, que sobreviven con pocos nutrientes **(Delgado-Baquerizo et al., 2016).** En particular, el género *Streptomyces* es el más común de este filo, y ha sido identificado como bioestimulante en cultivos de papa, debido a que tiene la capacidad de estimular la producción de auxinas induciendo formación de raíces laterales y extensas, permitiendo así que la planta tenga acceso a mayor profundidad del suelo donde todavía puede haber disponibilidad de agua durante la sequía; también tiene la capacidad de acumulación de prolina y otros osmolitos, los cuales la planta acumula para retener agua y mantener turgencia celular durante estrés hídrico. **(Yadav et al., 2021).** Estas adaptaciones lo hacen fundamental para mantener la funcionalidad edáfica durante periodos de baja humedad.

Los filos complementarios de la comunidad son los *Planctomycetota* (887 ASV), *Firmicutes* (260 ASV) y *Verrucomicrobiota* (309 ASV), mismos que contribuyen a capacidades secundarias como la mejora del suelo, estabilización de la comunidad microbiana bajo condiciones extremas de temperatura y humedad, como también la degradación de compuestos nitrogenados **(Berg et al., 2020).** La baja existencia de filos como *Chloroflexi*, *Myxococcota* o *Patescibacteria*, aunque está limitada, puede ser de gran importancia funcional específicamente para la interacción planta-microbio.

3.3. Cultivo de papa a nivel de invernadero

En la **Figura 7**, se muestra el desarrollo gráfico del crecimiento de las plantas de papa durante los principales 25 días. Donde se evidencia las diferentes etapas, de emergencia, brotación y expansión foliar con sus respectivos tiempos.

Figura 7

Crecimiento del cultivo de papa a nivel de invernadero.



*Nota***.** Resultado del proceso de crecimiento de la papa en diferentes etapas. **A)** Representación inicial de la siembra: turba, perlita y semilla de papa. **B)** Observación del primer brote. **C)** Brotación de plántulas. **D)** Crecimiento apical y brotación de hojas. **E)** Hojas reales y definidas.

La **Figura 3** es la representación del mismo, el cual indica el inicio hasta la formación de las hojas verdaderas. **A)** representa el día 0 donde se identificó únicamente el sustrato mezcla de turba, perlita y la semilla de papa sin signos de germinación. **B)** esta fase inicia en el día 10, donde se puede observar el primer brote indicando, donde el embrión rompe la cobertura del tubérculo y migra hacia la superficie del suelo. **C)** inicia en el día 15 con la brotación de plántulas, el brote sobrepasa el sustrato y marca así el inicio del crecimiento aéreo. **D)** en esta etapa ya existe un desarrollo foliar observando un estado inicial de crecimiento apical y manifestación de hojas. **E)** Dentro de esta fase ya se identifica un crecimiento de hojas definido y la presencia de hojas reales fisiológica mente funcionales.

Este proceso es entendido mediante la fisiología del desarrollo de la planta. Donde gracias a la acumulación de fitohormonas como el ácido giberélico y citocininas se da inicio a la regulación del brote, así como también, con la temperatura óptima, que en este caso es de 13°C, en un tiempo de 10 días estimulando así la elongación celular y la división de los tejidos de tratamiento **(Shah et al., 2023)**. Sin embargo, este proceso se ve afectado por la influencia de factores como el cambio de temperatura y disponibilidad de agua. La actividad enzimática también juega un papel importante en la regulación de los brotes de la plántula, donde la amilasa e invertasa proporciona respuestas por la disponibilidad de agua y oxígeno en el sustrato **(González Fernández & Molina Córdoba, 2011).** Mientras que para el desarrollo de hojas reales está relacionado con el momento en que las plantas inician su proceso de fotosíntesis, llevando a cabo este proceso de los 25 días en adelante **(Gervais et al., 2021).**

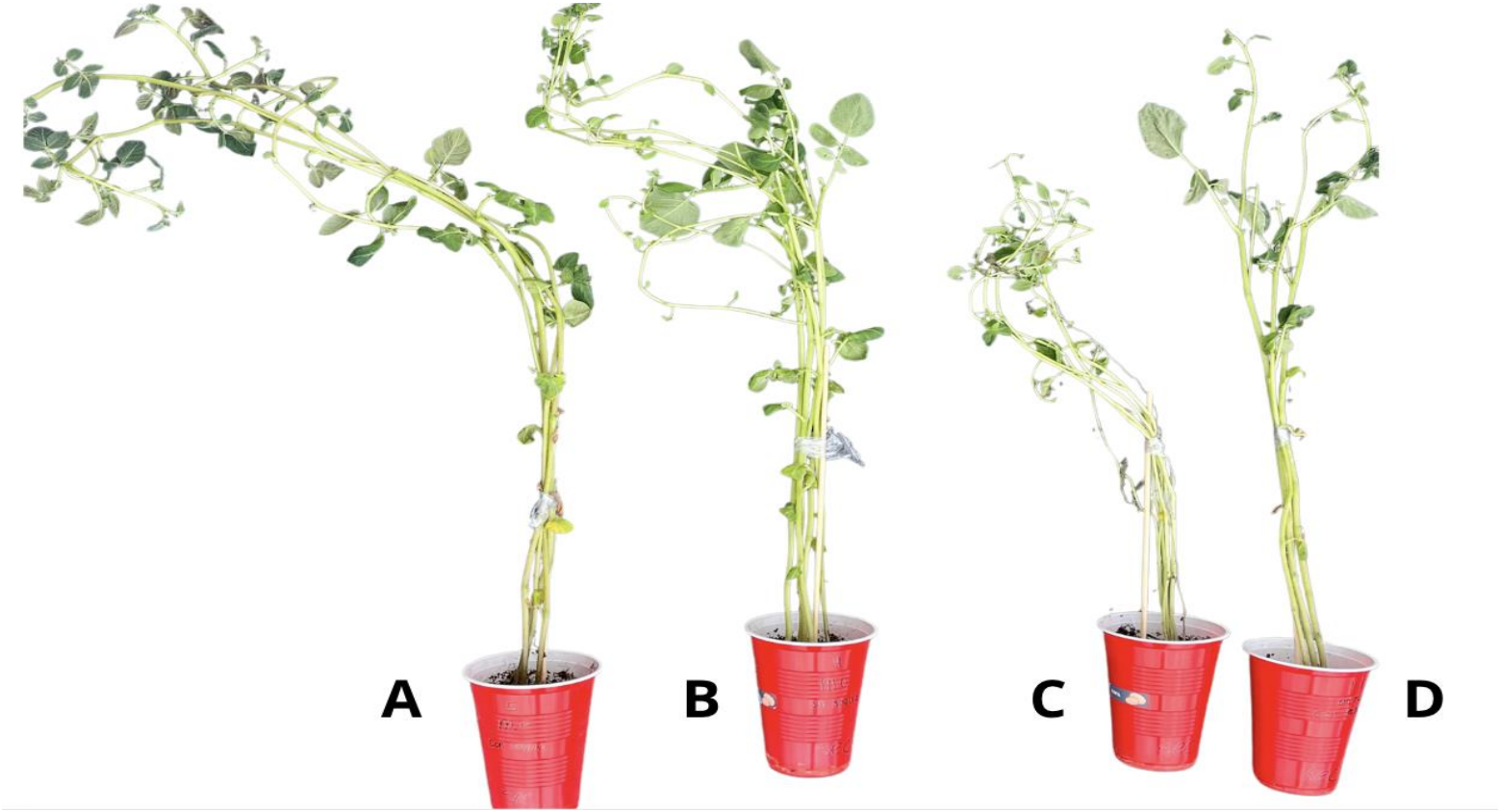
Por otro lado, el autor **Teixeira et al. (2019),** expone en su investigación que este proceso tiene lógica con varios estudios, haciendo énfasis en que, si cumple con las condiciones óptimas, se desarrolla un proceso predecible dentro de 20 días, y para ello es importante tener en cuenta la temperatura optima en un rango de 15 a 22°C, una luminosidad de 12horas al día y disponibilidad de agua. Datos que, al ser comparados con los resultados de la presente investigación, podemos evidenciar que existe total coherencia. Sin embargo, en el estudio expuesto por el autor **Nasir (2022),** sugiere que cada etapa del desarrollo de la planta debe tener diferente temperatura, y principalmente en la etapa de iniciación del tubérculo, donde es considerado que la

temperatura óptima sea de 4 a 18°C. Los resultados obtenidos de la formación de hojas reales en un tiempo estimado de 20 días con iniciación del metabolito fotosintético activo fueron coincidentes con **INIAP (2023)**, quien además hace énfasis en que, al tener condiciones contraladas a nivel de invernadero favorece en su totalidad la velocidad de crecimiento del cultivo. Misma información que podemos corroborar con nuestros datos obtenidos, ya que estos factores han sido controlados y de esta forma el rango de tiempo de crecimiento de la papa en todo su desarrollo ha sido favorable.

3.4.Análisis de Tratamientos

Figura 8

Plantas de papa en su estado final del tratamiento.



*Nota***. (A)** Tratamiento con SynCom con sequía, **(B)** Tratamiento con SynCom y con riego, **(C)** Tratamiento sin SynCom y con riego, **(D)** Tratamiento sin SynCom y con sequía.

La imagen permite observar la respuesta diferencial de las plantas de papa ante las diversas combinaciones experimentales de condiciones de riego y la presencia o ausencia de la SynCom, evidenciando los efectos fisiológicos asociados a cada tratamiento. Las plantas A y B, que fueron inoculadas de la SynCom, se ven más desarrolladas y estructuralmente firmes en comparación con las plantas C y D, que no recibieron inoculación de SynCom. La planta B (con riego y con SynCom) destaca por su mayor número de hojas, color verde intenso y tallos bien formados. La planta A (con SynCom y riego) conserva una estructura aceptable, aunque un poco más caída. En cambio, las plantas C y D muestran síntomas de estrés: menos hojas, tallos débiles y un color más pálido. La planta D (en sequía y sin SynCom) es la más afectada. Esta imagen de los tratamientos permite ver de forma clara que la combinación de agua y microorganismos fue la más beneficiosa, mientras que la falta de ambos produjo los resultados más negativos.

Lo que se observa en estos resultados tiene mucho que ver con cómo los microorganismos ayudan a las plantas a crecer y a defenderse del estrés. Cuando hay agua disponible, los microorganismos benefician a la planta ayudándola a absorber mejor los nutrientes, a crecer con más fuerza y a distribuir mejor sus recursos. En situaciones de sequía, también cumplen un papel importante: activan mecanismos dentro de la planta para que conserve agua, como producir sustancias que protegen sus células y cierran los estomas para evitar que se deshidrate **(Zhang et al., 2023; Roychoudhury et al., 2023).**

Los tratamientos que no recibieron microorganismos, como C y D, dependen solo de sus propios mecanismos de defensa, que son limitados. Aunque la planta C tenía riego, no logró desarrollarse tan bien como la planta A, que sí tenía microorganismos. Esto demuestra que el agua por sí sola no basta; el apoyo microbiano mejora significativamente la forma en que la planta aprovecha ese recurso **(Goswami & Deka, 2020; Liu et al., 2025).** En el caso de la planta D, la falta de agua y de microorganismos simplemente la dejó sin recursos para defenderse. En este contexto, también resulta determinante la base genética de la planta, ya que condiciona su capacidad de activar o modular respuestas fisiológicas frente al estrés abiótico. La expresión de genes relacionados con la tolerancia a la sequía como aquellos que codifican para acuaporinas, enzimas antioxidantes o proteínas LEA (Late

Embryogenesis Abundant) puede variar significativamente entre variedades. En este estudio, la interacción con la SynCom pudo haber actuado como un estímulo epigenético o como modulador transcripcional que potenció dicha expresión. Por ejemplo, genes vinculados a la síntesis de osmolitos, como la prolina, o a la regulación estomática, pueden estar más activos en presencia de señales bioquímicas emitidas por los microorganismos. Así, la genética no solo define el umbral de respuesta, sino también la eficiencia con la que la planta incorpora los beneficios ofrecidos por la microbiota, lo que sugiere que un enfoque combinado entre biotecnología microbiana y selección genética podría optimizar aún más la resiliencia del cultivo de papa ante el estrés hídrico **(Kamath et al., 2023; Roychoudhury et al., 2023).**

La comparación entre las cuatro plantas deja muy claro que los microorganismos no solo ayudan cuando hay sequía. La planta B es el mejor ejemplo: con agua y microorganismos, creció más fuerte, más verde y con más hojas. La planta A, aunque no tenía riego, pudo sostenerse gracias al apoyo microbiano, ya que, promueven el desarrollo vegetal mediante la síntesis de fitohormonas como AIA, giberelinas y ácido abscísico, que regulan el crecimiento y la tolerancia al estrés **(Zhang et al., 2023; Roychoudhury et al., 2023).** Además, facilitan la expresión de genes asociados a la homeostasis osmótica y el transporte de agua. En cambio, la planta C, que sí tenía agua, pero no microorganismos, no alcanzó el mismo desarrollo, lo que confirma que los beneficios del riego se aprovechan mejor cuando hay una buena comunidad microbiana en el suelo. Y la planta D, sin ninguno de los dos factores, apenas pudo mantenerse ya que reduce al mínimo su metabolismo, cierra estomas, detiene el crecimiento y prioriza la conservación celular. Esto coincide con lo que han dicho muchos estudios: los microorganismos mejoran el rendimiento del cultivo en todo tipo de condiciones, no solo en las más difíciles **(Vargas et al., 2021; Kamath et al., 2023).**

Desde otro punto de vista, esto tiene una gran importancia, ya que no siempre es posible tener acceso constante al riego, y los cambios climáticos hacen que los periodos secos sean cada vez más impredecibles. Sin embargo, estudios demuestran que, bajo condiciones de sequía, la actividad microbiana puede verse limitada, reduciendo la secreción de compuestos bioactivos, debido que cuando la humedad del suelo desciende por debajo del 20 %, la eficacia de los microorganismos rizosféricos

se reduce drásticamente **(Xu et al., 2022; Liu et al., 2025),** lo cual puede explicar la menor turgencia y desarrollo foliar en la planta.

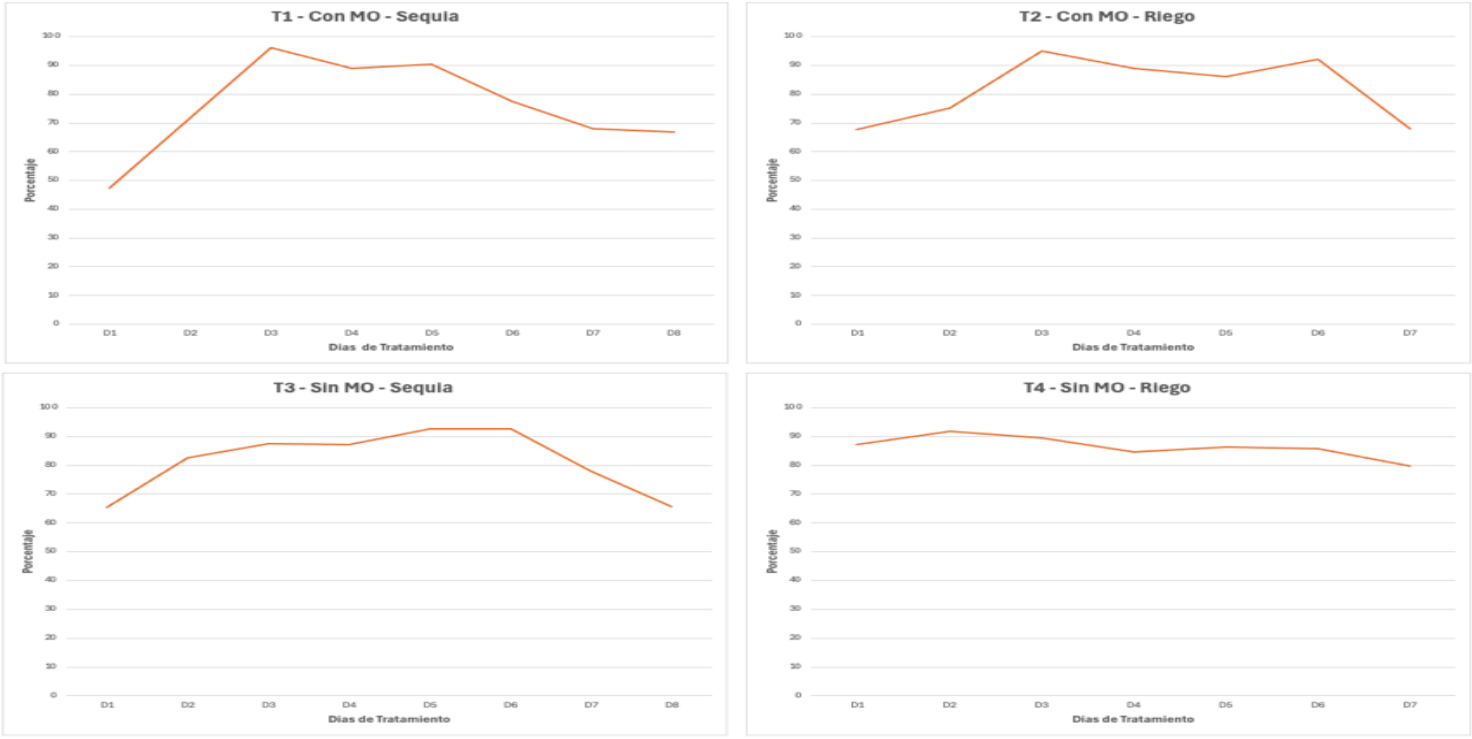
Estos resultados concuerdan con lo reportado por **Sandhya et al. (2020)** quienes demostraron que la efectividad de los consorcios microbianos depende de la humedad del suelo, siendo más eficientes en condiciones óptimas de riego. Asimismo, **Vargas et al. (2021)** afirman que los microorganismos no reemplazan las condiciones adecuadas de cultivo, sino que potencian el crecimiento cuando existe disponibilidad mínima de agua.

3.5.Contenido de agua

En la **Figura 9** se presentan los resultados de las evaluaciones periódicas realizadas durante 8 días para los siguientes tratamientos:

Figura 9

Gráfica lineal de datos de los Tratamientos aplicados a las plantas de papa.



*Nota***.** T1: tratamiento con SynCom y con sequía. T2: tratamiento con SynCom y con riego. T3: sin SynCom y con sequía. T4: tratamiento sin SynCom y con riego.

Las gráficas muestran el comportamiento del contenido de agua en las hojas de papa durante el ensayo para los cuatro tratamientos. En T1 se observa un aumento progresivo hasta el día 3, con una meseta sostenida hasta el día 5, seguido de un descenso. T2 muestra un patrón similar, pero con mayor estabilidad, alcanzando valores altos hasta el día 6 antes de caer. T3, aunque sin microorganismos, presenta un ascenso continuo hasta el día 5, pero con una caída más brusca. T4 mantiene valores relativamente constantes, aunque con una leve disminución progresiva. En conjunto, los tratamientos con microorganismos (T1 y T2) logran mejores niveles en los primeros días, y los tratamientos con riego (T2 y T4) mantienen mayor estabilidad. La menor retención hídrica se presenta en T1 y T3 a partir del día 6, coincidiendo con la fase más prolongada de sequía.

La diferencia en los perfiles de las curvas refleja el impacto que tienen tanto los microorganismos como el riego sobre la fisiología hídrica de la planta. En los tratamientos con SynCom (T1 y T2), las bacterias promotoras del crecimiento vegetal probablemente estimularon la síntesis de compuestos del suelo y su rizosfera como exopolisacáridos, ácidos orgánicos, sideróforos y enzimas hidrolíticas, las cuales ayudan a retener agua, además de facilitar una mayor absorción de nutrientes a través de una mejora en el desarrollo radicular **(Glick, 2020; Zhang et al., 2023)**. T2, que combina SynCom y riego, muestra el mejor rendimiento, ya que la microbiota pudo mantenerse activa gracias a la humedad disponible. En cambio, en T1, la sequía reduce progresivamente la actividad microbiana y con ello el soporte fisiológico que la planta venía recibiendo. T3 y T4, sin SynCom, muestran respuestas propias de la fisiología básica de la planta: cierta capacidad de adaptación inicial que no logra sostenerse a lo largo del tiempo **(Roychoudhury et al., 2023; Ahmad et al., 2022).**

El comportamiento de las curvas confirma que los tratamientos con microorganismos permiten a la planta mantener un contenido de agua más alto en los primeros días, incluso bajo condiciones de sequía. Esto refuerza la idea de que las comunidades microbianas no solo promueven el crecimiento, sino que también activan mecanismos que aumentan la resistencia temporal al estrés. En el caso de T2, el riego prolonga esta protección, haciendo que la planta se mantenga estable por más tiempo. Varios estudios han demostrado que cuando se combinan SynCom con riego, las plantas no solo toleran mejor los cambios ambientales, sino que aprovechan mejor los recursos

disponibles **(Liu et al., 2025; Goswami & Deka, 2020)**. T1 también confirma que la inoculación de SynCom puede hacer una diferencia, aunque limitada por la falta de agua.

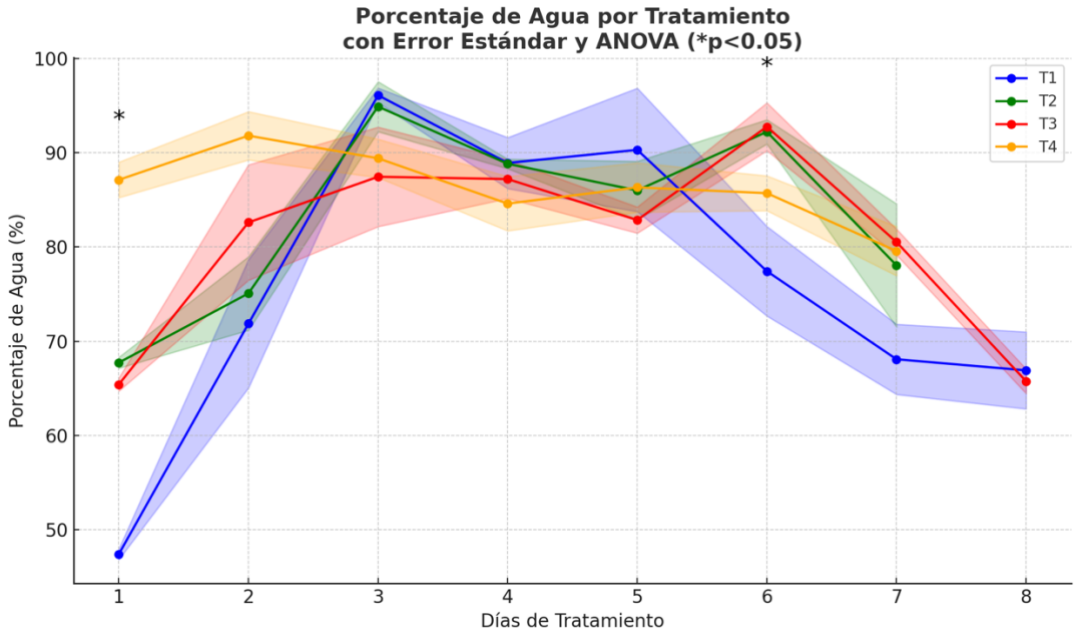
Los tratamientos sin SynCom, especialmente T3, dejan en evidencia las limitaciones fisiológicas de la planta cuando enfrenta la sequía sola. Aunque al principio logra compensar, su respuesta se debilita rápidamente. T4, pese a la ausencia de microorganismos, muestra cierta estabilidad, pero no supera el rendimiento de T2. Esto sugiere que el riego asegura una base, pero no alcanza a compensar totalmente la ausencia de soporte biológico. La combinación de riego y SynCom (T2) es claramente la más eficiente. Para sistemas agrícolas donde la sostenibilidad es clave, integrar bioinoculantes junto a una gestión hídrica eficiente puede ser una estrategia práctica y efectiva. Esta sinergia ya ha sido documentada en otros cultivos como trigo, tomate y maíz **(Zhou et al., 2023; Kamath et al., 2023),** y su aplicabilidad en papa podría traducirse en mejores rendimientos y un uso más racional del agua.

El contenido de agua es un parámetro sensible a las condiciones de estrés y manejo fisiológico, siendo particularmente relevante en estudios de respuesta a bioproductos, bioestimulantes o condiciones de cultivo variables **(Kramer y Boyer, 1995).** Aplicar ANOVA permite aislar el efecto del tratamiento del ruido experimental o de la variabilidad natural de las muestras. Esta metodología se basa en el supuesto de que la varianza total puede descomponerse en una parte explicada por el tratamiento y otra por el error. Según **Montgomery (2013),** cuando el valor F es significativamente alto, como en este caso, indica que la variabilidad entre grupos es mayor que la variabilidad dentro de los grupos, lo que sugiere un efecto real del tratamiento.

A continuación, en la **Figura 10** se presenta la evolución del porcentaje de agua en los tejidos foliares de las plantas de papa bajo los cuatro tratamientos experimentales aplicados durante ocho días, diferenciando la influencia del riego y la inoculación con SynCom.

Figura 10

Porcentaje de agua en los tejidos foliares de las plantas de papa.



*Nota***.** La figura muestra la variación diaria del porcentaje de agua en las hojas de papa para los tratamientos T1 (Con SynCom - Sequía), T2 (Con SynCom - Riego), T3 (Sin SynCom - Sequía) y T4 (Sin SynCom - Riego). Las líneas representan el promedio diario y las áreas sombreadas corresponden al error estándar de la media. Los asteriscos (*) indican diferencias estadísticamente significativas entre tratamientos según ANOVA ($p < 0.05$). Ver **anexo 3,** incluye la prueba post-hoc Tukey para cada punto de tiempo. Se observa que los tratamientos con riego (T2 y T4) mantienen niveles de hidratación más estables, mientras que T1 y T3 presentan mayores fluctuaciones, especialmente a partir del día 6. T2 destaca como el tratamiento más eficiente para preservar la hidratación foliar, evidenciando una sinergia positiva entre la actividad microbiana y la disponibilidad hídrica.

La figura muestra la evolución del contenido de agua en el suelo durante ocho días de tratamiento bajo cuatro condiciones experimentales: T1 (Con SynCom - Sequía), T2 (Con SynCom - Riego), T3 (Sin SynCom - Sequía) y T4 (Sin SynCom - Riego). Se observaron diferencias notables en el comportamiento de los tratamientos a lo largo del tiempo, tanto en valores medios como en su variabilidad, representada mediante el error estándar. A través de un análisis de varianza (ANOVA) aplicado por día, se

identificaron diferencias estadísticamente significativas en los días 1 y 6 ($p < 0.05$), marcados con un asterisco en la gráfica.

Durante el día 1, T1 y T3 (ambos en sequía) presentaron los valores más bajos, con un contenido de agua menor al 70 %, mientras que T2 y T4 (tratamientos con riego) superaron ese umbral. Este resultado sugiere que el riego tuvo un efecto inmediato sobre la disponibilidad hídrica en el suelo. La literatura respalda este comportamiento: el riego regular favorece una mejor distribución de agua en el perfil del suelo, evitando la rápida evaporación que ocurre en suelos desnudos o sin cobertura orgánica **(Caravaca et al., 2005; Vanlauwe et al., 2015).**

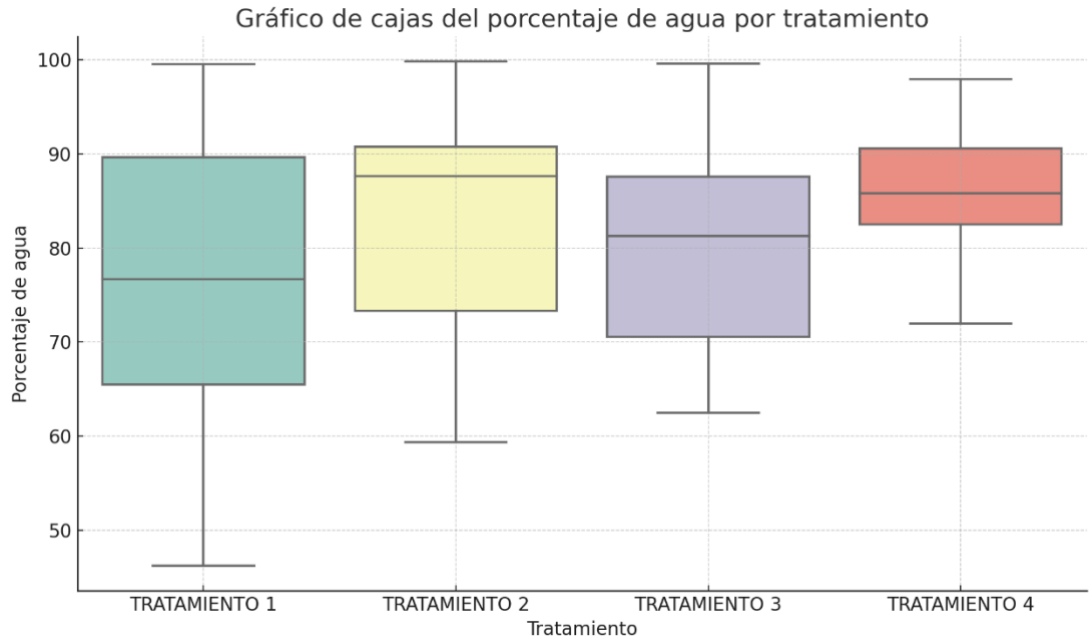
En los días intermedios (D3 a D5), todos los tratamientos se estabilizaron, con diferencias menos marcadas. No obstante, se mantiene la tendencia donde los tratamientos con riego (especialmente T2) muestran menor variabilidad entre réplicas. Esto sugiere que el uso combinado de materia orgánica y riego no solo aumenta el contenido de agua, sino que también contribuye a su uniformidad. La materia orgánica mejora la capacidad del suelo para retener agua gracias a su alta porosidad y contenido coloidal, actuando como esponja frente a cambios bruscos de humedad **(Quintela et al., 2019).**

En el día 6, se volvió a observar una diferencia significativa entre los tratamientos. T1 presentó una disminución notable del contenido de agua, mientras que T2 y T4 conservaron niveles más estables. Este resultado confirma que la ausencia de riego limita la capacidad del suelo para mantener la humedad a medida que avanza el tiempo, incluso si se cuenta con enmiendas orgánicas. Estos hallazgos coinciden con lo reportado por **Puglisi et al. (2014),** quienes señalaron que el efecto de la materia orgánica es más efectivo cuando se combina con un manejo hídrico adecuado.

A lo largo del ensayo, el tratamiento T2 (Con SynCom - Riego) se mantuvo consistentemente por encima de los demás, con menor variabilidad y mayores niveles de humedad. Este resultado lo posiciona como el tratamiento más eficiente para conservar agua en el suelo, validando estrategias agrícolas sostenibles que integran el uso de compost o residuos orgánicos junto con un programa de riego racional **(Altieri & Nicholls, 2020).**

Figura 11

Gráfico de cajas del porcentaje de agua por tratamiento.



*Nota***.** La distribución del porcentaje de agua por tratamiento se evaluó mediante un gráfico de cajas, donde se observan las variaciones estadísticas de los datos recolectados en cuatro tratamientos distintos. El eje horizontal identifica los tratamientos: Tratamiento 1 (Con SynCom - Sequía), Tratamiento 2 (Con SynCom - Riego), Tratamiento 3 (Sin SynCom - Sequía) y Tratamiento 4 (Sin SynCom - Riego), mientras que el eje vertical cuantifica el porcentaje de agua contenido en las muestras analizadas. Visualmente, cada caja representa el rango intercuartílico (IQR), es decir, el 50% central de los datos, mientras que las líneas horizontales (bigotes) muestran el rango de dispersión y los posibles valores atípicos.

Se aprecia que tratamiento 1 (Con SynCom - Sequía) muestra una menor mediana y menor variabilidad en comparación con los demás tratamientos. En contraste, tratamiento 4 (Sin SynCom - Riego) exhibe la mayor mediana y una dispersión más amplia, lo que sugiere un mayor porcentaje de agua en las muestras tratadas bajo esta condición. Tratamiento 2 2 (Con SynCom - Riego), y tratamiento 3 (Sin SynCom - Sequía) presentan medianas similares, pero el rango intercuartílico y los valores extremos indican diferencias en la variabilidad interna. No se observan valores atípicos

extremos, lo que implica una distribución relativamente homogénea dentro de cada grupo. Esta representación gráfica refuerza la hipótesis de que existen diferencias entre tratamientos, lo que justifica la necesidad de un análisis estadístico inferencial como ANOVA y Tukey para corroborar la significancia de dichas diferencias.

La distribución del agua en tejidos vegetales es un parámetro fisiológico que refleja las condiciones del entorno y el efecto de tratamientos experimentales en el metabolismo celular **(Kramer & Boyer, 1995).** El contenido de agua puede variar por factores como disponibilidad hídrica, mecanismos de retención osmótica y tipo de tratamiento aplicado **(Taiz et al., 2015).** Este estudio revela gráficamente cómo diferentes condiciones de tratamiento inciden en la capacidad de retención hídrica, una propiedad estrechamente vinculada con la funcionalidad celular, especialmente en el contexto de estrés abiótico.

El uso de gráficos de cajas es una herramienta estadística útil para representar la dispersión y simetría de datos biológicos **(Zar, 2010).** En estudios de fisiología vegetal, esta herramienta permite visualizar rápidamente diferencias entre tratamientos antes de aplicar pruebas inferenciales. Según Gómez et al. **(2012),** esta visualización puede guiar hipótesis sobre mecanismos fisiológicos subyacentes, como la acumulación de solutos compatibles o la regulación estomática, los cuales afectan directamente la hidratación celular.

Desde una perspectiva técnica, la heterogeneidad observada en los tratamientos sugiere una respuesta diferencial de las muestras al tratamiento aplicado, probablemente asociada a la manipulación experimental **(Bates et al., 2015).** Este patrón justifica el análisis ANOVA como paso siguiente, para evaluar si las diferencias son estadísticamente significativas y no producto del azar.

La visualización gráfica de la distribución de los porcentajes de agua por tratamiento permite generar hipótesis concretas sobre la eficacia de cada tratamiento para modificar la retención hídrica en los tejidos vegetales estudiados. En particular, la diferencia entre tratamiento 1 y tratamiento 4 plantea una pregunta importante sobre los mecanismos de acción específicos que podrían estar implicados en tal cambio. Es posible que tratamientos más intensivos o con mayor interacción bioquímica (por

ejemplo, uso de sustancias osmoprotectoras o cambios en el pH del medio) estén mejorando la capacidad de retención de agua.

No obstante, la simple visualización no permite establecer conclusiones definitivas. La diferencia en mediana puede ser estadísticamente no significativa si la variabilidad dentro de los grupos es elevada. Por ello, aunque el gráfico sugiere que tratamiento 4 tiene un efecto potencialmente superior en la hidratación, se requiere validación mediante pruebas estadísticas como ANOVA y Tukey. También es relevante considerar factores experimentales que pudieron incidir en los resultados, como errores sistemáticos de medición o diferencias en el manejo post-tratamiento de las muestras.

Tabla 6

Comparaciones múltiples de Tukey entre tratamientos para porcentaje de agua.

Grupo 1	Grupo 2	Diferencia de medias	Valor p ajustado	Límite inferior	Límite superior	Significancia
T1	T2	7,381	0,0877	-0,7209	15,4829	FALSO
T1	T3	4,697	0,4031	-3,1302	12,5242	FALSO
T1	T4	**10,489**	**0,0055**	**- 2,387**	**18,5909**	**VERDADERO**
T2	T3	-2,684	0,8236	10,7859	5,4179	FALSO
T2	T4	3,108	0,7678	-5,2597	11,4756	FALSO
T3	T4	5,792	0,2495	-2,3099	13,8939	FALSO

*Nota***.** Solo la comparación entre T1 (Con SynCom - Sequía) y T4 (Sin SynCom - Riego) presentó diferencias estadísticamente significativas ($p < 0.05$), lo cual se indica en **negrita**. Se muestran las diferencias de medias, los valores de p ajustados, y los intervalos de confianza al 95 % para cada comparación. Esta diferencia evidencia que, incluso en ausencia de riego, la inoculación con SynCom puede generar un impacto positivo en el contenido de agua en comparación con tratamientos con riego, pero sin apoyo de la SynCom.

De las seis comparaciones posibles entre tratamientos, solo una fue estadísticamente significativa ($p < 0.05$): T1 vs T4, con una diferencia de medias de 10.49 % y un valor

p ajustado de 0.0055. Esto indica que el tratamiento T4 (Sin MO - Riego) retuvo significativamente más agua que T1 (Con MO - Sequía), confirmando el efecto dominante del riego sobre la humedad del suelo, incluso en ausencia de materia orgánica. Los intervalos de confianza (2.39 % a 18.59 %) refuerzan esta diferencia, ya que no incluyen el cero.

Este hallazgo sugiere que el aporte hídrico fue más determinante que la incorporación de materia orgánica en la retención de agua durante los días del experimento. Aunque la materia orgánica puede mejorar la capacidad de retención del suelo, su efecto depende en gran medida de la disponibilidad de agua. **Puglisi et al. (2014**), explican que, en condiciones secas, la eficacia de las enmiendas orgánicas se reduce drásticamente, ya que no hay suficiente humedad para activar su capacidad de retención. Por tanto, es comprensible que T1, aunque enmendado con SynCom, no lograra mantener los niveles de humedad observados en T4, donde sí hubo riego.

Las demás comparaciones (T1 vs T2, T1 vs T3, T2 vs T3, T2 vs T4 y T3 vs T4) no fueron estadísticamente significativas. Esto no implica que no existan diferencias prácticas o tendencias; por ejemplo, T2, que combina riego y SynCom, mostró valores consistentemente altos de humedad y baja variabilidad, lo cual es deseable en términos agronómicos. Sin embargo, la variabilidad interna de los datos (error estándar) pudo haber limitado la detección estadística de estas diferencias. Estudios como los de **Caravaca et al. (2005)** y **Gómez-Muñoz et al. (2017**) destacan que el efecto de la materia orgánica sobre la humedad del suelo es más evidente cuando se sostiene en el tiempo y se combina con un régimen hídrico estable.

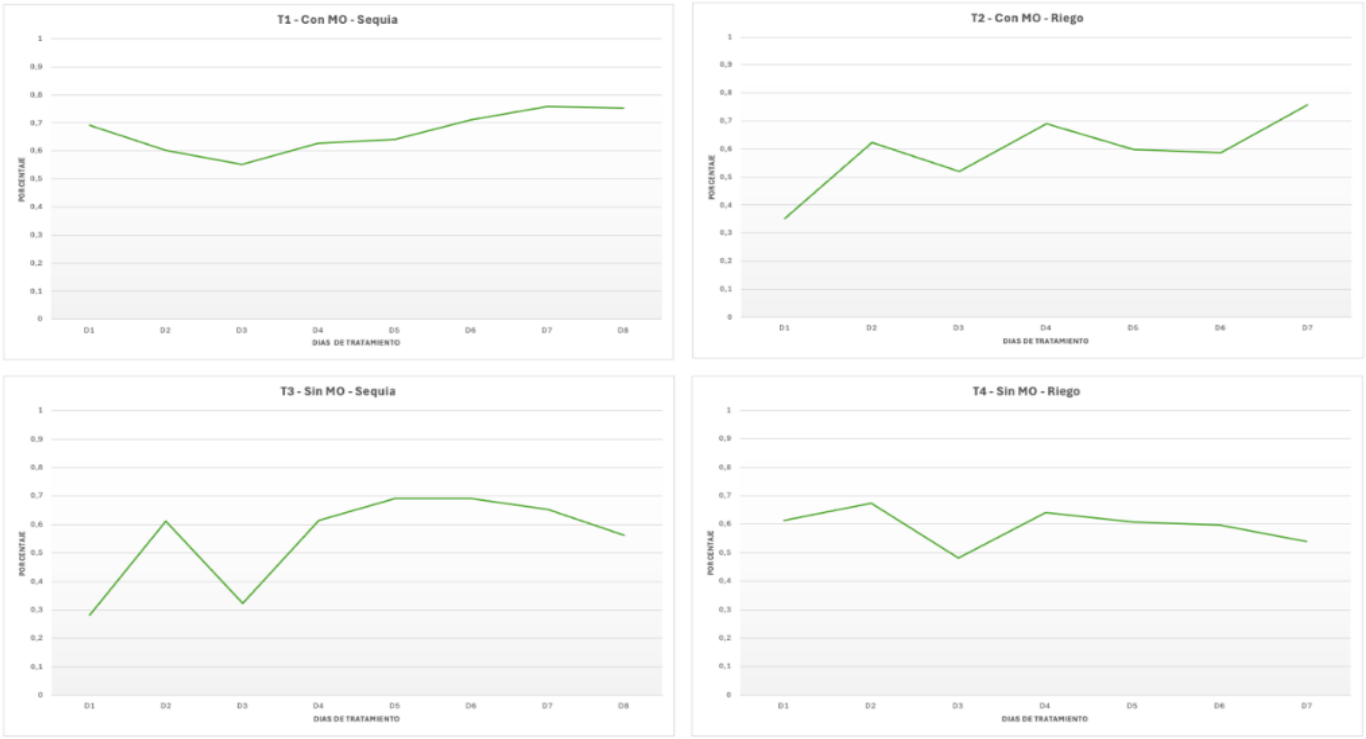
La prueba de Tukey confirma que el riego, aún sin enmiendas orgánicas, tiene un impacto claro y positivo en la retención de humedad del suelo, superando significativamente al tratamiento con SynCom pero sin agua. Esto resalta la importancia de un manejo hídrico eficiente y refuerza la necesidad de integrar prácticas que aseguren una mínima provisión de agua, especialmente en condiciones de estrés hídrico. Aunque la materia orgánica sigue siendo un componente clave para la salud del suelo, su efecto es condicionado por la presencia de agua, lo cual debe considerarse en el diseño de sistemas de cultivo sostenibles.

3.6. Humedad del suelo

En la siguiente **Figura 12** se presentan los resultados de las evaluaciones periódicas realizadas durante 8 días para los siguientes tratamientos:

Figura 12

Grafica lineal de datos de los Tratamientos aplicados a las plantas de papa.



*Nota***.** T1: tratamiento con SynCom y con sequía. T2: tratamiento con SynCom y con riego. T3: sin SynCom y con sequía. T4: tratamiento sin SynCom y con riego.

Las gráficas muestran el comportamiento de la humedad del suelo en los cuatro tratamientos a lo largo de los días del ensayo. En el tratamiento T1 (con SynCom + sequía), los valores iniciales fueron moderados, pero disminuyeron de forma constante hasta estabilizarse en un nivel bajo. En T2 (con SynCom + riego), se observa una mayor variabilidad con incrementos intermitentes, pero manteniendo una tendencia general más alta que T1. En T3 (sin SynCom + sequía), los datos reflejan una fuerte oscilación, con picos bruscos y descensos, lo que indica inestabilidad en la retención de humedad. Finalmente, en T4 (sin SynCom + riego), se registra una curva más estable, aunque con valores más bajos que T2, sugiriendo que el riego fue efectivo para mantener cierto nivel de humedad, pero no tan eficiente como cuando estuvo acompañado de microorganismos. A simple vista, la mejor retención se observó en T2, seguida por T4, mientras que T3 mostró los cambios más abruptos.

La dinámica de la humedad en el suelo está influenciada tanto por la presencia de agua como por la capacidad del sustrato y la actividad biológica para retenerla. La SynCom del tratamiento T2 contribuyen a mejorar la estructura del suelo mediante la producción de exopolisacáridos, compuestos que aumentan la capacidad de retención de agua y reducen la pérdida por evaporación **(Sandhya et al., 2020).** Esta acción, sumada al aporte del riego, permitió conservar mejor la humedad en comparación con T4, donde no hubo inoculación de SynCom. En condiciones de sequía (T1 y T3), el suelo perdió humedad rápidamente, pero en T1 la presencia de SynCom retardó esta pérdida gracias a su interacción con la materia orgánica y el sistema **radicular (Ahmad et al., 2022)**. T3, sin SynCom ni riego, no mostró capacidad de retención, y su oscilación refleja una falta de regulación en el sistema suelo-planta. Estos resultados coinciden con lo descrito por **Zhang et al. (2023),** quienes señalan que los suelos con microbiota activa presentan una mayor estabilidad hídrica en cultivos.

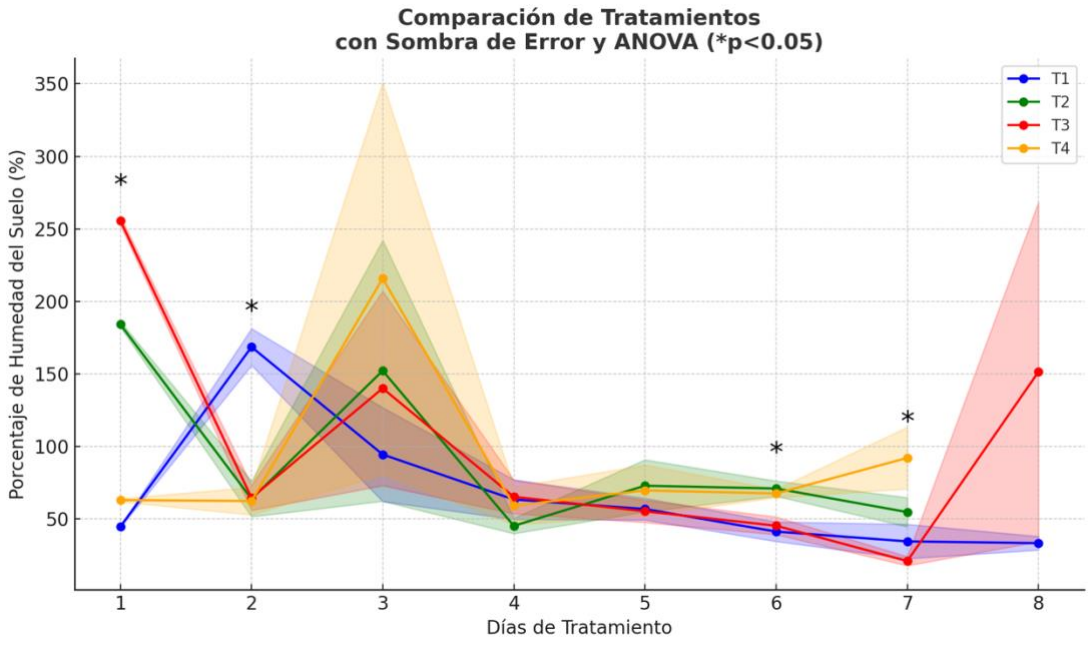
Los datos permiten ver con claridad que la SynCom no solo apoya a la planta, sino que también mejora la calidad del suelo en términos de humedad. El tratamiento T2, que combinó riego con SynCom, logró mantener un porcentaje de humedad más alto y con menor fluctuación. Esta estabilidad es clave en cultivos como la papa, que dependen de una humedad constante en el sustrato para un crecimiento radicular efectivo. En T1, aunque no hubo riego, los microorganismos ayudaron a retener la poca humedad disponible por más tiempo, lo que sugiere que su aplicación es útil incluso en

escenarios donde el acceso al agua es limitado **(Vargas et al., 2021).** En contraste, el comportamiento errático de T3 refleja la fragilidad de un sistema sin ningún tipo de soporte: ni hídrico ni biológico. El rendimiento de T4, aunque mejor que T3, no alcanza el de T2, lo cual refuerza la idea de que el agua sola no garantiza la conservación óptima de la humedad si el suelo carece de vida microbiana. Esto es importante para sistemas agrícolas que buscan eficiencia hídrica, no basta con regar, también es necesario que el suelo tenga las condiciones para retener y distribuir ese recurso. Estudios recientes recomiendan integrar bioinoculantes para mejorar la porosidad, la estructura del suelo y su capacidad de almacenamiento de agua, lo que a su vez reduce la frecuencia de riego y mejora la productividad general **(Mataranyika et al., 2022; Zhou et al., 2023)**. En definitiva, esta comparación muestra la SynCom es un factor clave en el manejo del agua a nivel del suelo, no solo de la planta.

A continuación, en la **Figura13** se muestra la evolución del porcentaje de humedad del suelo durante los ocho días del experimento, bajo los distintos tratamientos aplicados. Se incluyen los márgenes de error y los resultados del análisis de varianza (ANOVA) para detectar diferencias significativas entre grupos.

Figura 13

Porcentaje de humedad del suelo de las plantas de papa.



*Nota***.** La gráfica muestra el comportamiento del porcentaje de humedad del suelo en los tratamientos T1 (Con SynCom - Sequía), T2 (Con SynCom - Riego), T3 (Sin SynCom - Sequía) y T4 (Sin SynCom - Riego) a lo largo de ocho días. Las líneas representan el valor promedio diario, y las áreas sombreadas corresponden al error estándar de cada grupo. Los asteriscos (*) indican los días en los que se observaron diferencias estadísticamente significativas entre tratamientos según ANOVA ($p < 0.05$), específicamente en los días 1, 2, 6 y 7. Ver **Anexo 4**, se evidencia una mayor estabilidad hídrica en T2 y T4, tratamientos con riego, mientras que T3 presenta la mayor variabilidad, probablemente asociada a la ausencia tanto de riego como de inoculación microbiana. El tratamiento T1, aunque sin riego, mantuvo niveles más constantes que T3, lo que sugiere que la SynCom contribuyó parcialmente a conservar la humedad en condiciones de sequía.

En los primeros días (D1 y D2), se observó una marcada separación entre los tratamientos, especialmente en el día 1, donde T3 mostró un valor inusualmente alto, posiblemente debido a retención inicial de agua en ausencia de riego, o una respuesta inicial asociada a la estructura del sustrato sin materia orgánica. A partir del día 3, los tratamientos con riego (T2 y T4) comenzaron a estabilizarse y mostrar valores más constantes, lo que indica que la aplicación continua de agua logró mantener niveles adecuados de humedad. Este comportamiento concuerda con lo reportado por **Caravaca et al. (2005),** quienes indican que la presencia de riego constante permite una distribución homogénea de la humedad, favoreciendo la estabilidad del sistema.

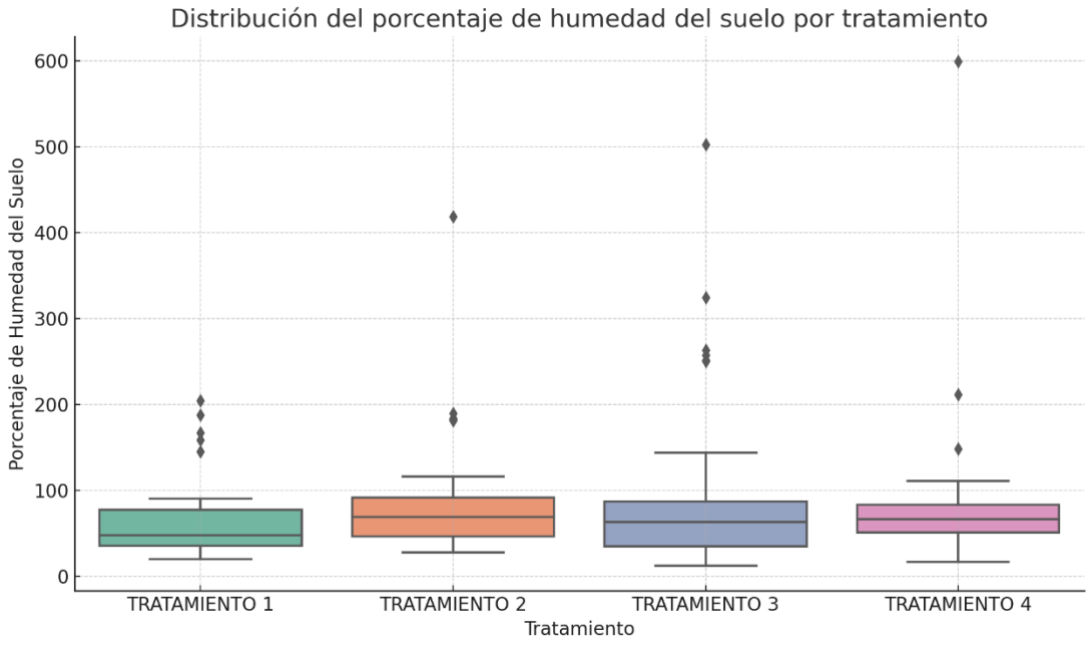
Por otro lado, los tratamientos bajo sequía (T1 y T3) mostraron una tendencia general a la reducción de humedad, especialmente evidente en los días finales del experimento. En T1, se observó una menor pérdida de humedad comparado con T3, lo que puede atribuirse a la capacidad de la materia orgánica para retener agua en el suelo. La literatura señala que la materia orgánica mejora la porosidad y capacidad de retención hídrica, reduciendo la pérdida por evaporación **(Gómez-Muñoz et al., 2017; Quintela et al., 2019).** Esto explicaría por qué, aunque ambos tratamientos estuvieron sin riego, T1 mantuvo mejores condiciones que T3.

El análisis ANOVA (**Anexo 4**) confirmó diferencias significativas entre tratamientos en los días 1, 2, 6 y 7. Esto indica que los efectos de los tratamientos no fueron uniformes en el tiempo, y que los contrastes se hicieron más evidentes en momentos puntuales del ensayo. Estos hallazgos respaldan lo propuesto por **Altieri y Nicholls (2020),** quienes destacan la importancia de considerar interacciones temporales en el análisis de sistemas agrícolas complejos, ya que la respuesta a un tratamiento no es lineal ni inmediata.

Desde una perspectiva práctica, el tratamiento T2 (Con SynCom - Riego) fue el más eficiente, con niveles de humedad estables y bajos errores entre réplicas. Esta combinación se presenta como la más efectiva para mantener condiciones favorables en el suelo, y es coherente con principios agroecológicos que promueven el uso de enmiendas orgánicas junto con manejo hídrico controlado para garantizar un suelo activo y funcional **(Vanlauwe et al., 2015).** Por el contrario, T3 resultó el menos eficiente, reflejando que la ausencia de ambos factores limita la capacidad del suelo para mantener niveles adecuados de humedad.

Figura 14

Diagrama de cajas referente al porcentaje de humedad del suelo.



*Nota***.** La distribución del porcentaje de humedad del suelo por tratamiento se evaluó mediante un gráfico de cajas, donde se observan las variaciones estadísticas de los datos recolectados en cuatro tratamientos distintos. El eje horizontal identifica los tratamientos: Tratamiento 1 (Con SynCom - Sequía), Tratamiento 2 (Con SynCom - Riego), Tratamiento 3 (Sin SynCom - Sequía) y Tratamiento 4 (Sin SynCom - Riego), mientras que el eje vertical cuantifica el porcentaje de humedad registrado en el sustrato de cada muestra. Visualmente, cada caja representa el rango intercuartílico (IQR), es decir, el 50 % central de los datos, mientras que las líneas horizontales (bigotes) muestran el rango de dispersión y los puntos individuales indican valores atípicos.

El diagrama de cajas generado a partir de los datos del porcentaje de humedad del suelo revela la distribución estadística de las mediciones realizadas en los cuatro tratamientos experimentales. Cada caja representa el rango intercuartílico, que abarca el 50 % central de los datos, mientras que la línea dentro de la caja señala la mediana de cada tratamiento. Los bigotes se extienden hasta 1.5 veces el rango intercuartílico, indicando la dispersión de los datos, y los puntos individuales fuera de los bigotes representan posibles valores atípicos. A primera vista, se observa que los tratamientos 2 y 3 tienen medianas visiblemente superiores en comparación con los tratamientos 1 y 4, lo que sugiere un mayor porcentaje de humedad del suelo bajo esas condiciones. Además, el tratamiento 3 presenta una caja más alargada, indicando mayor variabilidad en los datos.

Por otro lado, el tratamiento 4, aunque con una mediana ligeramente superior a la del tratamiento 1, muestra un rango intercuartílico más estrecho y bigotes más cortos, lo que refleja menor variabilidad interna. El tratamiento 1 destaca por tener la menor mediana y la distribución más compacta, lo que sugiere mayor homogeneidad entre las muestras. Aunque el gráfico evidencia diferencias entre las medianas, los rangos amplios de los bigotes y la superposición entre cajas sugieren que estas diferencias pueden no ser estadísticamente significativas, en línea con lo reportado en el análisis de varianza (ANOVA), donde no se encontró significancia entre tratamientos. Esta visualización, por tanto, ofrece una representación clara de las tendencias y la dispersión de los datos, útil para apoyar la interpretación de las pruebas estadísticas formales.

El gráfico de cajas es una herramienta estadística esencial para visualizar la distribución y variabilidad de los datos en estudios experimentales, especialmente en ciencias agrícolas y del suelo. Permite identificar diferencias en tendencia central, simetría, amplitud y posibles valores extremos entre tratamientos **(Zar, 2010).** Su utilidad en estudios de humedad del suelo ha sido ampliamente reconocida, ya que esta variable presenta alta heterogeneidad tanto espacial como temporal, influenciada por características como textura, estructura y contenido orgánico del **suelo (Brady & Weil, 2017)**. En este estudio, el uso del diagrama de cajas permite explorar visualmente la consistencia de los datos y evaluar la presencia de patrones relacionados con la retención de agua en cada tratamiento.

El tratamiento 3, que muestra mayor mediana y rango intercuartílico, podría reflejar una mejor capacidad de retención hídrica, potencialmente asociada a un aumento de la porosidad del suelo o a un tratamiento con bioestimulantes, como han sugerido trabajos similares en los que se aplicaron compost y materiales orgánicos **(García-Orenes et al., 2010)**. Por su parte, los tratamientos 1 y 4, con distribuciones más compactas, podrían estar asociados a suelos con menor capacidad de almacenamiento o tratamientos que no modificaron sustancialmente la estructura del suelo **(Hillel, 2004)**.

Esta herramienta también permite verificar la homogeneidad de las muestras, un requisito previo para la aplicación del ANOVA. Según **Quinn y Keough (2002)**, la identificación de asimetrías o datos atípicos a través de este gráfico ayuda a decidir si se requieren transformaciones adicionales o el uso de pruebas estadísticas no paramétricas. En estudios recientes, se ha reportado el uso exitoso de boxplots en la evaluación del impacto de distintas prácticas agrícolas sobre la humedad del suelo, confirmando su relevancia para la interpretación de resultados experimentales **(Gómez et al., 2012).**

La visualización obtenida mediante el gráfico de cajas permite una comparación clara y directa de las distribuciones de humedad del suelo entre los tratamientos evaluados. Aunque los tratamientos 2 y 3 muestran medianas superiores y mayor dispersión, esta diferencia no fue confirmada como estadísticamente significativa por el ANOVA, resultado que es común en estudios con alta variabilidad edáfica. Esta situación ha sido

documentada por **Moreno et al. (2011)**, quienes observaron que la heterogeneidad interna de las muestras puede ocultar efectos reales del tratamiento. **Zhang et al. (2018)** también reportaron que los cambios en humedad inducidos por prácticas de manejo son difíciles de detectar sin muestreos repetidos o intensivos.

Además, **García-González et al. (2016)** sugieren que la resolución espacial y la precisión del diseño son determinantes para captar diferencias reales entre grupos. En el presente estudio, la superposición de los bigotes entre tratamientos indica que la variabilidad interna fue suficientemente alta como para diluir cualquier diferencia entre medianas. Este fenómeno ha sido observado por **Lentz y Lehrsch (2012)**, quienes advierten que incluso diferencias agronómicamente relevantes pueden no alcanzar significancia estadística si el diseño no está bien estratificado. **Ritchie et al. (2007)** proponen, en estos casos, el uso de análisis de series temporales o sensores de humedad en continuo para mejorar la sensibilidad de las mediciones.

Por otro lado, **Carrillo-Rivera et al. (2002)** destacan que la estacionalidad también influye en los resultados de humedad, lo cual puede haber sido un factor en el presente experimento si las mediciones no fueron realizadas en condiciones estables. En línea con esto, **Lázaro et al. (2009)** recomiendan la aplicación de modelos de simulación hidrológica para contextualizar la variabilidad observada. También es pertinente considerar las aportaciones de **Blanco-Canqui y Lal (2008),** quienes resaltan que los efectos de enmiendas o bioinsumos pueden manifestarse de forma acumulativa, por lo que experimentos de corta duración tienden a subestimar los impactos reales sobre la humedad del suelo.

Aunque el gráfico de cajas revela tendencias importantes en la retención de agua entre tratamientos, la ausencia de diferencias significativas sugiere que los efectos, si existen, fueron sutiles o encubiertos por la variabilidad del entorno. Estos resultados coinciden con investigaciones de **Fuentes et al. (2012) y González-Sánchez et al. (2008),** quienes recomiendan el uso combinado de análisis gráficos, estadísticas y datos de sensores para obtener conclusiones más robustas. Este enfoque integrador resulta clave para interpretar correctamente los resultados y orientar futuros ensayos experimentales con mayor capacidad de detección.

Tabla 7

Comparaciones múltiples de Tukey entre tratamientos para humedad del suelo.

Grupo 1	Grupo 2	Diferencia de medias	Valor p ajustado	Límite inferior	Límite superior	Significancia
T1	T2	24,8753	0,7133	-36,1863	85,9370	FALSO
T1	T3	32,6829	0,4746	-26,3083	91,6740	FALSO
T1	T4	22,8191	0,7644	-38,2425	83,8808	FALSO
T2	T3	7,8075	0,9872	-53,2541	68,8692	FALSO
T2	T4	-2,0562	0,9998	-65,1204	61,0080	FALSO
T3	T4	-9,8637	0,9748	-70,9254	51,1980	FALSO

*Nota***.** La tabla presenta los resultados de la prueba de comparaciones múltiples de Tukey aplicada al porcentaje de humedad del suelo entre los cuatro tratamientos experimentales: T1 (Con SynCom - Sequía), T2 (Con SynCom - Riego), T3 (Sin SynCom - Sequía) y T4 (Sin SynCom - Riego). Se muestran las diferencias de medias, los valores de p ajustados, y los intervalos de confianza al 95 % para cada comparación. Ninguna de las combinaciones evaluadas presentó diferencias estadísticamente significativas ($p > 0.05$), lo cual se indica en la columna como "FALSO". Esto sugiere que, pese a las diferencias numéricas observadas entre tratamientos, la alta variabilidad interna y la dispersión de los datos impidieron confirmar efectos diferenciados en términos estadísticos. Este resultado coincide con la visualización obtenida en el gráfico de cajas, donde se evidencian numerosos valores atípicos y un amplio rango de dispersión en todos los tratamientos.

La comparación entre T1 (Con SynCom - Sequía) y T3 (Sin SynCom - Sequía) arrojó una diferencia de medias de aproximadamente 32.68, pero con un valor p de 0.47, lo

cual impide rechazar la hipótesis nula de igualdad entre tratamientos. De manera similar, el contraste entre T2 (Con SynCom - Riego) y T4 (Sin SynCom - Riego), que conceptualmente representa el efecto de la materia orgánica bajo riego, tampoco mostró una diferencia significativa ($p \approx 1.00$).

Estos resultados sugieren que, a pesar de las tendencias observadas en los promedios de humedad a lo largo del tiempo, la variabilidad entre réplicas dentro de cada tratamiento fue suficientemente alta como para impedir detectar diferencias estadísticas claras. Este comportamiento puede deberse a varios factores. Por un lado, la distribución del agua en el suelo no siempre es homogénea, lo que puede generar variaciones importantes entre unidades experimentales, aun bajo condiciones similares **(Caravaca et al., 2005).** Por otro lado, la respuesta del suelo a tratamientos con y sin materia orgánica puede depender de múltiples propiedades fisicoquímicas que no fueron controladas en este estudio, como textura, compactación o presencia de agregados estables **(Quintela et al., 2019).**

Desde otro punto de vista, el hecho de que las diferencias no sean estadísticamente significativas no invalida la posible relevancia práctica de los resultados. En estudios de manejo del suelo, pequeñas variaciones en la retención de humedad pueden tener efectos importantes en la dinámica microbiana, la eficiencia de absorción radicular o la disponibilidad de nutrientes **(Altieri y Nicholls, 2020).** Además, es importante destacar que el análisis estadístico se realizó considerando todos los días del experimento de forma conjunta. Es posible que los efectos diferenciales de los tratamientos se expresen más claramente en momentos específicos, como sí se evidenció en el análisis ANOVA por día, donde hubo significancia puntual en D1, D2, D6 y D7.

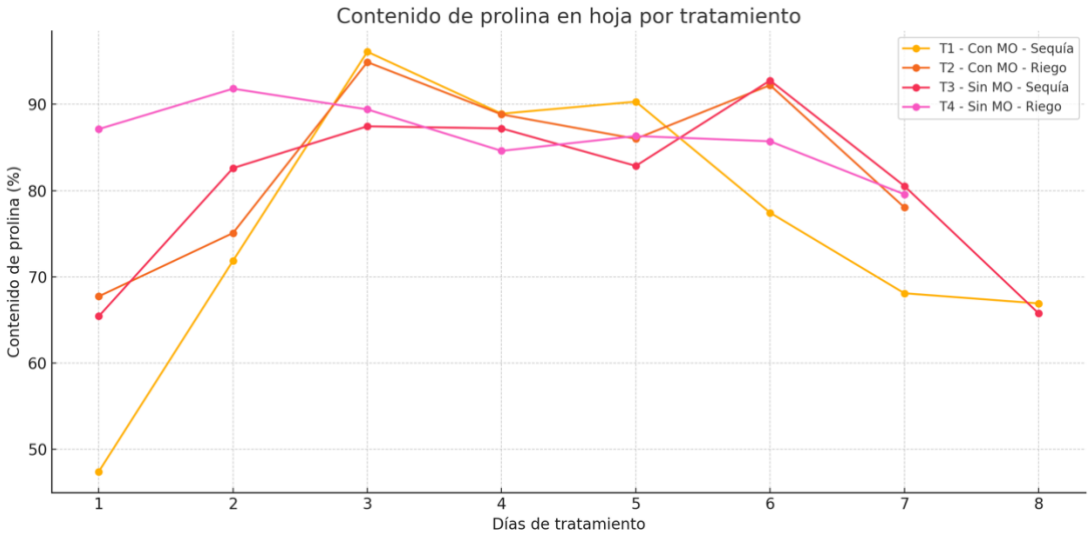
La prueba de Tukey debe interpretarse con cautela. Si bien no se detectaron diferencias estadísticamente significativas globales entre tratamientos, los patrones de comportamiento observados, en conjunto con el análisis temporal, apoyan la idea de que el uso combinado de riego y materia orgánica (T2) es más eficiente para mantener la humedad del suelo. La falta de significancia puede atribuirse más a la dispersión interna de los datos que a la ausencia real de efecto.

3.7. Contenido de prolina

La siguiente **Figura 15** representa la evolución del contenido de prolina en hojas de plantas de papa durante ocho días de tratamiento, con el fin de evaluar la respuesta fisiológica frente al estrés hídrico y la influencia de la SynCom.

Figura 15

Contenido de prolina de cada tratamiento.



*Nota***.** La figura muestra la dinámica del contenido de prolina (%) en hojas de plantas de papa bajo cuatro condiciones experimentales: T1 (Con SynCom - Sequía), T2 (Con SynCom - Riego), T3 (Sin SynCom - Sequía) y T4 (Sin SynCom - Riego). Se observa que los tratamientos con microorganismos (T1 y T2) presentan un aumento más rápido y sostenido en la acumulación de prolina durante los primeros días del ensayo, en comparación con los tratamientos sin inoculación.

Las gráficas de contenido de prolina muestran una tendencia general al aumento durante los primeros días del ensayo en los cuatro tratamientos, con picos en los días 3 a 5, seguidos de un descenso paulatino hacia el día 7. En T1, se observa una acumulación destacada de prolina, alcanzando su punto más alto en el día 3 (~96 %) y manteniéndose elevada hasta el día 5. T2 también muestra un aumento sostenido, con valores muy altos entre los días 3 y 6. En T3, la prolina se acumula más lentamente, con un pico en el día 6 (~93 %), aunque con mayor variabilidad. T4 mantiene valores

altos de manera más estable, pero sin grandes fluctuaciones. En conjunto, los tratamientos con microorganismos (T1 y T2) registran una mayor acumulación de prolina en etapas tempranas, mientras que los tratamientos sin SynCom presentan un aumento más tardío o más estable.

La prolina es un aminoácido que las plantas acumulan como respuesta al estrés, principalmente para proteger sus células frente a la deshidratación. Su aumento está relacionado con mecanismos de defensa fisiológica que ayudan a mantener la integridad celular, estabilizar proteínas y regular el balance osmótico. En los tratamientos con microorganismos, este proceso ocurre de forma más rápida y eficiente, ya que muchas bacterias promotoras del crecimiento vegetal estimulan directamente las rutas que regulan la producción de prolina, incluso antes de que el daño por sequía se instale por completo **(Zhang et al., 2023; Roychoudhury et al., 2023).** Además, los microorganismos también modulan la expresión de genes relacionados con el estrés abiótico, lo que permite a la planta anticipar y amortiguar sus efectos **(Ahmad et al., 2022).** Los datos muestran que la presencia de SynCom acelera esta respuesta, especialmente en T1, mientras que en los tratamientos sin SynCom, como T3 y T4, la acumulación ocurre más tarde o de forma más dispersa.

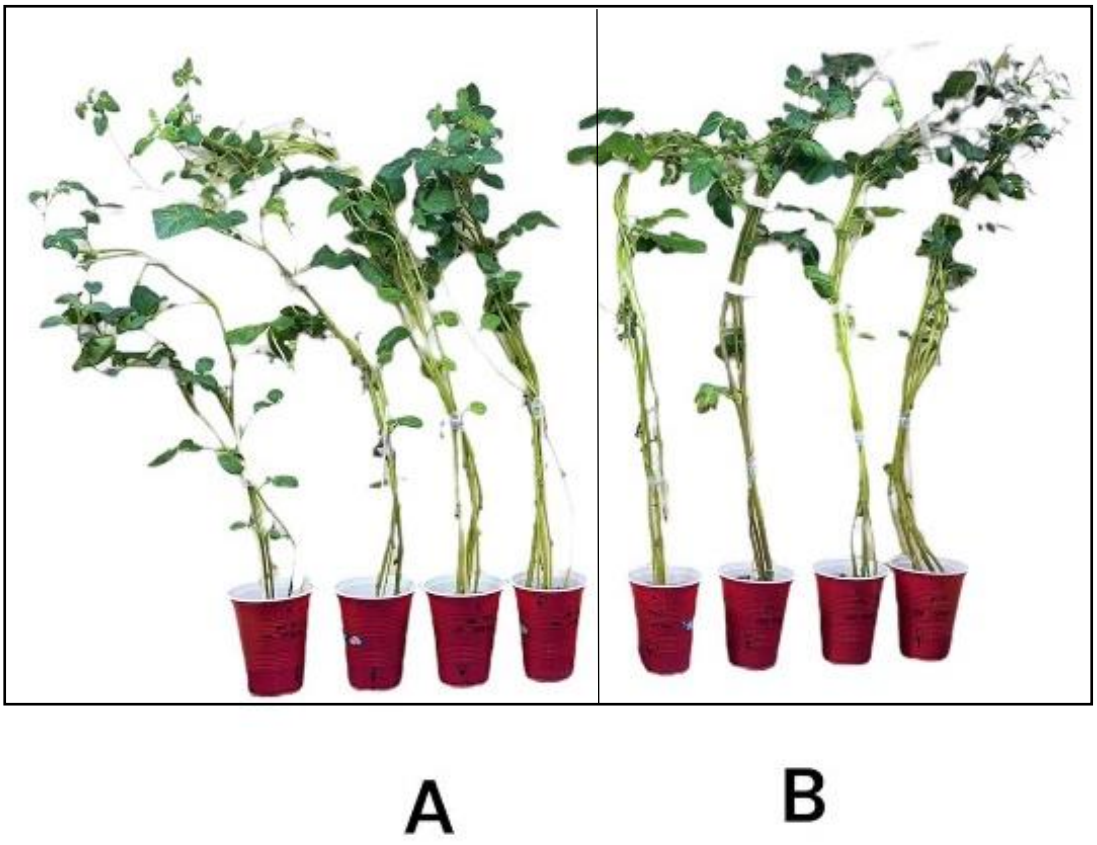
El patrón de acumulación de prolina sugiere que los tratamientos con SynCom no solo ayudan a la planta a crecer, sino que también preparan su sistema de defensa frente al estrés. En T1, la planta sometida a sequía activó rápidamente la síntesis de prolina gracias a la presencia de microorganismos, lo que probablemente le permitió conservar más agua y resistir mejor las condiciones adversas. T2 también mostró un aumento temprano, a pesar de contar con riego, lo que indica que la señalización microbiana se activa incluso en condiciones no críticas. En cambio, en T3, sin SynCom y bajo sequía, la acumulación fue más lenta y desordenada, lo que evidencia que la planta reaccionó tarde y sin una regulación clara. T4 mantuvo un nivel alto de prolina, pero más estable, posiblemente como una respuesta constante a la falta de apoyo microbiano, aunque con riego disponible. Esto coincide con trabajos que reportan que el “priming” inducido por microorganismos permite a las plantas anticipar el estrés y responder con mayor eficiencia **(Gervais et al., 2021; Kamath et al., 2023).**

3.8. Recuperación

En la **Figura 16** se muestra el estado visual de las hojas de plantas de papa al final del periodo experimental, luego de ser sometidas a condiciones de sequía y rehidratación bajo distintos tratamientos microbianos.

Figura 16

Representación de la recuperación de hojas al final del tratamiento.



*Nota***.** Planta A) Sin SynCom y sin riego; B) Con microorganismo y sin riego.

La imagen muestra la recuperación de plantas de papa tras un periodo de estrés hídrico y posterior rehidratación. Todas las plantas fueron cultivadas bajo condiciones de sequía; sin embargo, el grupo A fue inoculado con SynCom, mientras que el grupo B no recibió inoculación de la SynCom. Tras la rehidratación, las plantas del grupo A presentan mayor turgencia foliar, coloración verde uniforme y menor grado de marchitez, en comparación con las del grupo B, lo que sugiere un efecto positivo de la SynCom en la recuperación estructural y funcional post-estrés.

La capacidad de una planta para recuperarse después de un evento de estrés hídrico depende de múltiples factores fisiológicos, incluyendo la turgencia celular, el contenido de agua relativo (RWC), la elasticidad de las membranas y la integridad fotosintética. Las plantas inoculadas con microorganismos benéficos, como los presentes en comunidades sintéticas SynCom, pueden activar mecanismos que favorecen la recuperación post-sequía. Estos incluyen la síntesis de osmolitos como prolina, que ayuda a retener agua celular, la producción de ácido abscísico (ABA) que regula el cierre estomático, y la expresión de genes relacionados con proteínas de choque térmico, acuaporinas y antioxidantes **(Zhang et al., 2023; Roychoudhury et al., 2023).** Además, microorganismos como *Pseudomonas*, *Azospirillum* y *Streptomyces* pueden inducir resistencia sistémica adquirida (ISR) que fortalece la homeostasis durante la rehidratación **(Glick, 2012; Vurukonda et al., 2016).**

La imagen evidencia con claridad que las plantas tratadas con la comunidad microbiana sintética presentan una mejor recuperación foliar, lo que se refleja en la presencia de hojas turgentes, verdes y funcionales. Este efecto puede explicarse por la acción de los microorganismos en la rizósfera que, durante el estrés y posterior rehidratación, facilitan una reabsorción más eficiente de agua a través de raíces con mayor capacidad osmótica, inducida por fitohormonas como las auxinas y giberelinas **(Goswami & Deka, 2020).** Además, estos microorganismos favorecen la expresión de genes que codifican acuaporinas, esenciales para el restablecimiento del flujo hídrico interno tras el riego **(Sandhya et al., 2020).** Por el contrario, las plantas que no fueron inoculadas dependen únicamente de su capacidad fisiológica natural para sobrevivir, la cual se ve rápidamente superada cuando el estrés hídrico es severo o

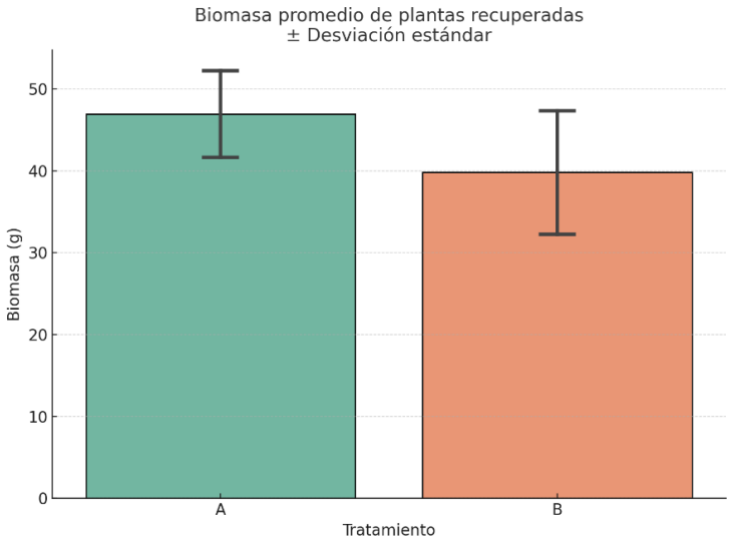
prolongado, como lo demuestra la pérdida de turgencia, la senescencia foliar y la necrosis apical visible en varias de estas plantas.

La literatura coincide en que los bioinoculantes microbianos no solo son útiles como fertilizantes ecológicos, sino también como estrategias biotecnológicas clave para enfrentar el cambio climático, ya que permiten a los cultivos mantener una funcionalidad fisiológica más estable en condiciones impredecibles **(Xu et al., 2022; Finkel et al., 2020).** En el contexto del cultivo de papa, especie sensible a la sequía y con sistema radicular superficial, este tipo de apoyo microbiológico puede marcar la diferencia entre una planta que sobrevive y una que completa su ciclo productivo con éxito. Estos resultados respaldan la hipótesis de que la integración de comunidades microbianas adaptadas no solo mejora el rendimiento, sino también la resiliencia fisiológica post-estrés, validando su aplicación en sistemas agrícolas vulnerables a la escasez hídrica.

Como complemento a la evaluación visual de recuperación de las plantas tras la rehidratación, a continuación, en la **Figura 16** se presenta la biomasa aérea promedio obtenida, con el objetivo de evaluar cuantitativamente el grado de recuperación fisiológica inducido por la inoculación con SynCom.

Figura 17

Biomasa promedio de plantas de papa recuperadas luego del estrés hídrico.



*Nota***.** La figura muestra la biomasa aérea fresca (g) de plantas de papa tratadas con SynCom y sin SynCom, tras ser sometidas a estrés por sequía y rehidratadas posteriormente. Las barras representan el promedio de cada tratamiento, y las líneas indican la desviación estándar. El análisis ANOVA no arrojó diferencias estadísticamente significativas entre grupos ($F = 1.78$; $p = 0.231$), aunque se observó una tendencia a mayor biomasa en el grupo con SynCom. Ver **Anexo 5**

El gráfico compara visualmente la biomasa promedio obtenida en plantas tratadas con SynCom (A) frente a aquellas que no recibieron inoculación de la SynCom (B). Se observa que las plantas del grupo A alcanzaron una biomasa media mayor (~47 g) en comparación con el grupo B (~40 g). Asimismo, el grupo B presentó mayor variabilidad en sus datos, como lo refleja la longitud de su barra de error. Aunque esta diferencia no fue estadísticamente significativa según el ANOVA ($p = 0.231$), el patrón visual sugiere un efecto positivo del tratamiento microbiano en la recuperación estructural post-sequía.

La biomasa aérea es un indicador fisiológico directo del estado de recuperación de la planta tras un evento de estrés. En condiciones de rehidratación, las plantas que han sido previamente tratadas con microorganismos promotores del crecimiento (PGPR), como los presentes en la SynCom, muestran una mayor capacidad para retomar el crecimiento vegetativo **(Glick, 2012; Vurukonda et al., 2016).** Esto se debe a que los PGPR inducen mecanismos como la producción de fitohormonas (auxinas, giberelinas), la acumulación de osmolitos compatibles (prolina), la regulación de acuaporinas, y la síntesis de antioxidantes que aceleran la restauración del equilibrio hídrico y metabólico **(Zhang et al., 2023; Roychoudhury et al., 2023).** La reactivación rápida del metabolismo tras la rehidratación permite a la planta reiniciar procesos de elongación celular y expansión foliar, lo cual se traduce en una mayor biomasa.

Aunque el análisis estadístico ANOVA no arrojó una diferencia significativa ($F = 1.78$; $p = 0.231$) (**Anexo 5**), los datos muestran una tendencia clara a mayor biomasa en plantas tratadas con SynCom. Este patrón sugiere que la inoculación microbiana contribuyó a una recuperación más efectiva tras el estrés por sequía. Investigaciones previas han reportado resultados similares: por ejemplo, **Finkel et al. (2020) y Vargas**

et al. (2021) demostraron que comunidades microbianas funcionales no solo mitigan los efectos del estrés hídrico, sino que también promueven la regeneración post-estrés al activar respuestas fisiológicas relacionadas con la absorción de agua y nutrientes.

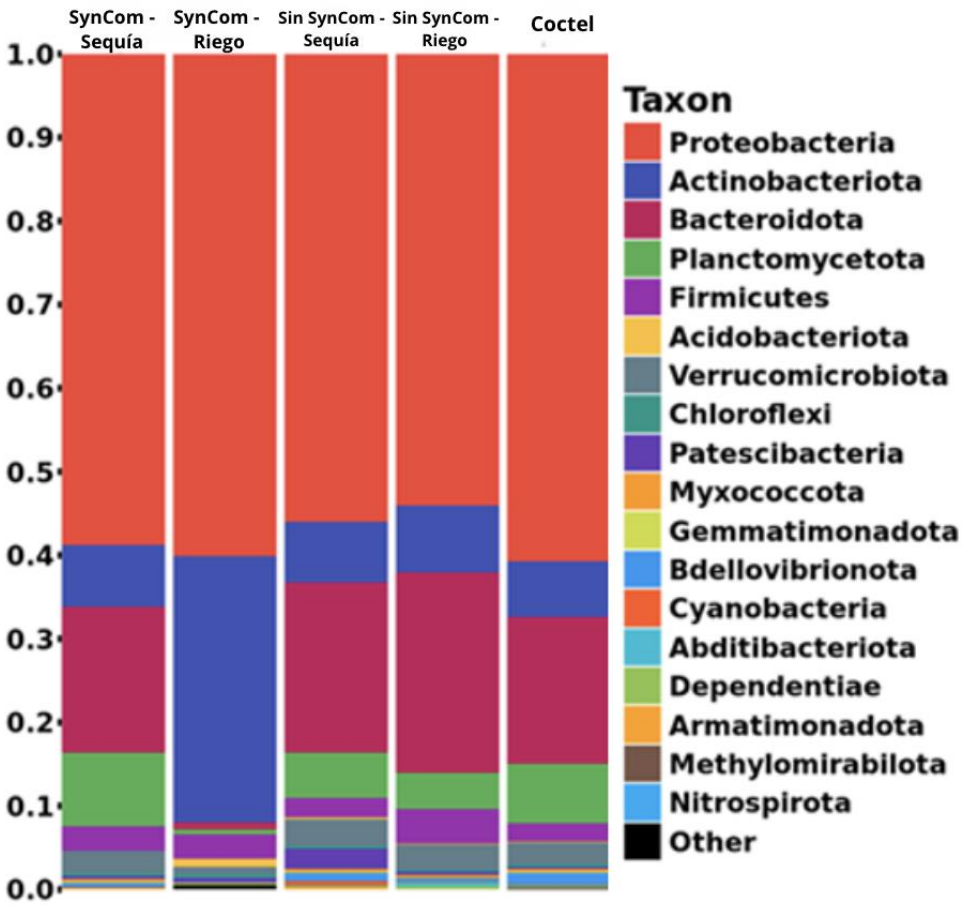
El hecho de que no se observara una diferencia estadísticamente significativa puede estar asociado al tamaño de muestra limitado o a la variabilidad biológica entre réplicas, algo que ha sido reportado también por **Liu et al. (2025)** en estudios con PGPR bajo condiciones controladas. A pesar de ello, el patrón observado coincide con las teorías que afirman que los consorcios microbianos mejoran la estabilidad metabólica de las plantas, permitiéndoles sostener un crecimiento más uniforme y resiliente en ambientes hostiles.

3.9. Análisis metagenómico de la rizosfera.

A continuación, en la **Figura 17** se presenta la composición relativa de los filos bacterianos presentes en las rizósferas de plantas de papa luego de ser sometidas a diferentes tratamientos, así como en el cóctel microbiano original (SynCom). Esta visualización permite comparar la estructura microbiana resultante bajo condiciones de riego y sequía, con o sin inoculación, evidenciando los efectos del ambiente sobre la persistencia y adaptación de la comunidad inoculada.

Figura 18

Resultados del análisis metagenómico de la rizosfera de las plantas.



*Nota***.** Abundancia relativa de filos bacterianos presentes en los diferentes tratamientos secuenciadas por análisis del gen 16S rRNA.

La figura muestra la composición relativa de comunidades bacterianas a nivel de filo en diferentes tratamientos y en el coctel original. El tratamiento Con SynCom – Sin riego mantiene una composición muy similar al coctel original, con predominancia de *Proteobacteria*, seguida por *Actinobacteriota*, *Bacteroidota* y *Planctomycetota*, lo que indica una colonización estable bajo condiciones de sequía. En contraste, el tratamiento Con SynCom – Con riego presenta un perfil alterado, con menor proporción de *Actinobacteriota* y mayor representación de *Bacteroidota* y otros filos secundarios. Esta diferencia sugiere que el riego modifica la estructura de la comunidad microbiana inoculada. Por su parte, los tratamientos sin SynCom (Sin

SynCom con riego, y sin SynCom sin riego) presentan comunidades más divergentes respecto al coctel original, con mayor variabilidad en filos menores y menor coherencia general.

Desde el punto de vista microbiológico, estos cambios reflejan la interacción dinámica entre la comunidad inoculada y el ambiente edáfico. Bajo sequía, los microorganismos del coctel tienen ventaja competitiva debido a sus rasgos adaptativos como tolerancia a la desecación, metabolismo oligotrófico y capacidad de formar biofilms protectores **(Timm et al., 2016).** Esto favorece la estabilidad de filos como *Actinobacteriota* y *Proteobacteria*. Sin embargo, en condiciones de riego, la humedad incrementa la actividad biológica del suelo, estimula la competencia con la microbiota nativa y favorece la proliferación de grupos copiotróficos como *Bacteroidota* **(Fierer et al., 2007).** Este fenómeno de selección ambiental dependiente de la humedad puede reestructurar la comunidad introducida y modificar su dominancia funcional.

En conjunto, los resultados evidencian que el coctel actúa como una comunidad flexible, cuya estructura final depende del entorno en el que se establece. Mientras que la sequía permite conservar su configuración original, el riego desencadena un proceso de reorganización comunitaria. Esto respalda lo reportado por **Zhalnina et al. (2018)** y **Finkel et al. (2020),** quienes señalan que la humedad modifica los patrones de exudación radicular y, por tanto, el nicho microbiano. Además, se valida lo indicado por **Niu et al. (2017)**, al demostrar que los bioinoculantes no son entes fijos, sino sistemas biológicos que interactúan con el microbioma residente y responden activamente a las condiciones físico-químicas del suelo. Así, la efectividad del coctel no depende únicamente de su composición inicial, sino de su capacidad para integrarse y adaptarse al ecosistema agrícola al que se aplica.

Tabla 8

Índices de alfa diversidad.

Compartimento	Tratamiento	Microorganismo	LDepth	Richness	Chao1	Shannon	invSimpson	Evenness
Rizosfera	Riego	Sin SynCom	10.33455	642	664.01538	5.280609	51.5098525	0.81685170
Rizosfera	Riego	Con SynCom	9.417842	239	240.2	4.015363	23.8825766	0.73320374
Rizosfera	Sequía	Con SynCom	10.36274	709	730.69014	5.618265	103.892982	0.85593799
Rizosfera	Sequía	Sin SynCom	10.29066	659	672.04545	5.576094	97.6502997	0.85908674
SynCom	Coctel_MO	Cocktail	10.09773	631	641	5.441398	77.6394009	0.84398014

*Nota***.** La tabla presenta los valores de diversidad alfa obtenidos a partir del análisis metagenómico de comunidades bacterianas en distintos tratamientos y compartimentos. La columna "Compartment" indica el origen de la muestra (rizósfera o extracto del cóctel microbiano). "Treatment" describe la condición hídrica del experimento (riego o sequía), mientras que "Microorganism" señala si se aplicó o no la comunidad microbiana. "Experiment" identifica el ensayo correspondiente (A para plantas en invernadero, B para el cóctel original). "LDepth" representa la profundidad promedio de lectura por muestra. "Richness" y "Chao1" estiman la riqueza de especies; "Shannon" mide diversidad considerando abundancia y equidad; "invSimpson" refleja la dominancia de especies; y "Evenness" indica cuán equitativamente están distribuidas las especies en la comunidad.

La tabla resume los índices de diversidad microbiana obtenidos en diferentes tratamientos de rizosfera y extracto microbiano. El índice Chao1, que estima la riqueza de especies (ASVs), fue más alto en la rizosfera de plantas bajo sequía con microorganismos (730.7), seguido por la rizosfera en sequía sin microorganismos (672.0). El valor más bajo se observó en plantas regadas con microorganismos (240.2). En el índice Shannon, que mide tanto la riqueza como la equidad en la abundancia, se encontraron valores más homogéneos, pero igualmente elevados en el tratamiento de sequía con SymCom (5.61) y en el extracto microbiano (5.44). El tratamiento con el menor valor fue nuevamente el de plantas regadas con SymCom (4.01). Esto sugiere que la mayor diversidad microbiana, tanto en cantidad como en distribución equitativa, se alcanza en condiciones de estrés hídrico, especialmente cuando se inoculan microorganismos.

Los índices Chao1 y Shannon son herramientas clave para evaluar la complejidad de las comunidades microbianas. Chao1 se enfoca en la riqueza estimada de especies, incluyendo aquellas poco abundantes o no detectadas directamente. Un valor más alto indica una comunidad más diversa en términos de presencia de diferentes taxones. Por otro lado, Shannon combina riqueza y equidad, reflejando tanto cuántas especies hay como cómo se distribuyen en abundancia. La mayor diversidad observada bajo sequía con SymCom sugiere que la combinación de estrés hídrico y estímulo microbiano puede promover comunidades más complejas y resilientes. Según **Zhang et al. (2023),** la sequía puede seleccionar por microorganismos con funciones específicas de adaptación, y cuando se aplican bioinoculantes compatibles, se incrementa aún más la diversidad funcional.

Glick (2020), también explica que algunos microorganismos inducen cambios en la rizosfera que favorecen la colonización por otros miembros beneficiosos. Estudios como los de **Santoyo et al. (2021)** y **Goswami & Deka (2020)** apoyan esta idea, destacando que ciertos consorcios microbianos no compiten entre sí, sino que se complementan, elevando la riqueza total. La menor diversidad en condiciones de riego con SynCom podría deberse a una reducción de presión selectiva, donde algunos grupos dominan sin dar espacio a una comunidad más equilibrada.

Estos resultados respaldan la hipótesis de que la inoculación microbiana en condiciones de estrés no solo apoya a la planta, sino que también modifica positivamente la estructura de la comunidad del suelo. El tratamiento con mayor diversidad, tanto en Chao1 como en Shannon, fue la rizosfera bajo sequía con SymCom, lo cual coincide con estudios recientes que indican que ambientes desafiantes pueden promover comunidades más robustas cuando se aplican microorganismos adaptados **(Roychoudhury et al., 2023; Kamath et al., 2023).**

Además, el extracto microbiano en sí mostró alta diversidad, lo que sugiere que el cóctel utilizado tenía un perfil funcional amplio, capaz de integrarse en diferentes ambientes rizosféricos. Por el contrario, la reducción en los índices cuando hubo riego con SymCom refleja una posible pérdida de complejidad, ya que el ambiente no desafiante favorece dominancias microbianas, reduciendo la equidad entre especies. Este tipo de dinámica ha sido reportada en ensayos con suelos bien irrigados, donde algunos géneros como *Pseudomonas* desplazan a otros más sensibles **(Beneduzi et al., 2022).**

En general, las muestras SynCom - sequía, Sin SynCom - sequía y Sin SynCom- riego, correspondientes a plantas tratadas bajo condiciones de sequía, presentan una estructura microbiana similar al cóctel original, con clara dominancia de *Proteobacteria* (rojo), seguida por *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Planctomycetota* y otros filos minoritarios. Esta similitud sugiere que, en ambientes de estrés hídrico, la SynCom mantiene su integridad estructural al conservar los principales filos presentes en la comunidad original, posiblemente porque estos microorganismos están adaptados a condiciones de baja disponibilidad hídrica y elevada presión osmótica.

Sin embargo, en la muestra correspondiente al tratamiento con SynCom bajo condiciones de riego (T2), se observa una modificación en la proporción relativa de varios filos en comparación con el cóctel original. Aunque *Proteobacteria* sigue siendo dominante, se registra una reducción notable en *Actinobacteriota* y un aumento relativo de *Bacteroidota* y otros filos secundarios. Este cambio puede explicarse por la influencia del ambiente húmedo sobre la dinámica de colonización microbiana. A diferencia del entorno seco, el riego crea un microambiente más activo biológicamente y con mayor disponibilidad de nutrientes, lo que favorece a microorganismos de

crecimiento rápido (copiotróficos), como los *Bacteroidota*, y reduce la ventaja competitiva de filos más tolerantes al estrés, como *Actinobacteriota* **(Delgado-Baquerizo et al., 2016; Fierer et al., 2007).**

Desde el punto de vista ecológico, esto refleja un proceso de selección ambiental post-inoculación, donde la SynCom no se mantiene inalterada, sino que su estructura se adapta a las condiciones del hospedero y del ambiente rizosférico. Así, aunque la composición inicial (coctel), SynCom-riego revela una comunidad reorganizada, posiblemente por interacción con la microbiota nativa, la señalización de la planta hospedera y la disponibilidad de agua. Estos resultados refuerzan la noción de que los bioinoculantes no actúan como agentes fijos, sino como sistemas dinámicos cuya funcionalidad final depende tanto de su composición como del contexto ambiental en el que se aplican **(Finkel et al., 2020; Zhang et al., 2023).**

Tabla 9

ASV con abundancia de los tratamientos.

Filo	ASV	Género/ Familia	Compartimento	Tratamiento	Abundancia
Proteobacteria	ASV1	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	1416
Proteobacteria	ASV1	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	1402
Proteobacteria	ASV2	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	1312
Proteobacteria	ASV1	*Pseudomonas*	extract	Coctel_MO	949
Proteobacteria	ASV15	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	813
Bacteroidota	ASV3	*Flavobacterium*	rhizosphere	drought	697

Proteobacteria	ASV1	*Pseudomonas*	rhizosphere	drought	684
Proteobacteria	ASV1	*Pseudomonas*	rhizosphere	drought	670
Proteobacteria	ASV4	*Pseudomonas*	rhizosphere	drought	537
Proteobacteria	ASV6	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	462
Proteobacteria	ASV2	*Pseudomonas*	extract	Coctel_MO	376
Proteobacteria	ASV6	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	335
Bacteroidota	ASV27	*Flavobacterium*	extract	Coctel_MO	331
Proteobacteria	ASV45	*Pseudomonas*	rhizosphere	watered	307
Bacteroidota	ASV23	*Flavobacterium*	rhizosphere	drought	279

*Nota***.** La tabla muestra los resultados de abundancia relativa de los principales ASV (Amplicon Sequence Variants) identificados mediante análisis metagenómico, en diferentes condiciones de tratamiento. La columna "Filo" indica el grupo taxonómico al que pertenece cada microorganismo. "ASV" corresponde al identificador específico asignado a cada variante de secuencia detectada. "Género/Familia" representa el nivel taxonómico más específico identificado (en este caso, el género). "Compartimento" señala el lugar de origen de la muestra microbiana, como la rizósfera (zona de raíces) o el extracto (cóctel original aplicado). "Tratamiento" indica si la muestra proviene de plantas bajo riego (watered), sequía (drought), o directamente del cóctel microbiano (Coctel_MO). Finalmente, "Abundancia" representa la cantidad relativa de veces que se detectó cada ASV, lo que refleja su presencia dentro de la comunidad microbiana bajo cada condición.

La tabla muestra los ASVs más representativos encontrados en las muestras de rizosfera y extracto microbiano durante los tratamientos con riego y sequía. Destaca con claridad la predominancia del género *Pseudomonas*, presente de forma abundante tanto en plantas regadas como en las sometidas a sequía, así como en el cóctel microbiano aplicado. El ASV1 aparece con valores notablemente altos, superando los 1400 conteos en condiciones de riego en la rizosfera, y cerca de 950 en el extracto utilizado. Otros ASVs como ASV2, ASV4, ASV6 y ASV45 también corresponden a *Pseudomonas* y mantienen alta representación, en especial en ambientes con humedad.

Paralelamente, miembros del filo *Bacteroidota*, representados por *Flavobacterium* (ASV3, ASV23 y ASV27), aparecen mayoritariamente en condiciones de sequía o en el extracto, aunque con menor abundancia relativa. Este perfil evidencia un patrón de colonización diferencial, donde las bacterias asociadas a condiciones más húmedas presentan mayor proliferación, mientras que algunas también persisten bajo estrés hídrico, lo que podría estar relacionado con funciones específicas de resiliencia.

La fuerte presencia del género *Pseudomonas* en todas las condiciones del ensayo es un indicador clave de su relevancia ecológica y funcional en el sistema planta-suelo. Estas bacterias son conocidas por su capacidad de colonizar eficientemente la rizosfera, estimular el crecimiento vegetal y producir metabolitos que mejoran la tolerancia a diversos tipos de estrés, incluida la sequía **(Beneduzi et al., 2022; Santoyo et al., 2021).** En particular, especies como *P. fluorescens* y *P. putida* han sido ampliamente estudiadas por su capacidad para generar compuestos como sideróforos, ACC desaminasa y exopolisacáridos, que ayudan a las plantas a modular el estrés osmótico y mantener el crecimiento en condiciones adversas **(Glick, 2020; Goswami & Deka, 2020).**

La alta abundancia en las plantas regadas sugiere un entorno favorable para su actividad metabólica, mientras que su persistencia bajo sequía revela una adaptabilidad funcional. Por otro lado, la detección de *Flavobacterium* en condiciones de sequía indica una posible contribución en la descomposición de materia orgánica y liberación de compuestos disponibles para la planta, roles que han sido observados en suelos áridos y semiáridos **(He et al., 2023; Yuan et al., 2021)**. En conjunto, el

perfil observado en los ASVs sugiere que tanto *Pseudomonas* como *Flavobacterium* participan activamente en el soporte fisiológico de la papa bajo distintos escenarios hídricos.

La composición microbiana detectada reafirma el papel central de ciertas bacterias como *Pseudomonas* en la promoción del crecimiento vegetal y la respuesta adaptativa frente al estrés hídrico. Su alta abundancia en plantas regadas coincide con múltiples estudios que destacan su eficiencia en ambientes húmedos donde pueden expresar todo su potencial metabólico, incluyendo la producción de fitohormonas y la mejora en la captación de nutrientes **(Liu et al., 2025; Zhou et al., 2023).**

Sin embargo, su persistencia en condiciones de sequía, aunque en menor proporción, también ha sido reportada como un rasgo adaptativo relevante. Algunos estudios han demostrado que cepas de *Pseudomonas* pueden sobrevivir en ambientes secos formando biofilms protectores o alterando su metabolismo para mantenerse activas **(Xu et al., 2020; Bharti et al., 2021)**. La presencia de *Flavobacterium* en ambientes secos complementa esta funcionalidad, ya que estos organismos suelen estar asociados a la degradación de compuestos orgánicos complejos, lo cual libera nutrientes clave para la planta cuando su absorción está comprometida **(Kamath et al., 2023).**

Estudios como los de **Yuan et al. (2021)** y **Zhang et al. (2023)** resaltan que consorcios microbianos mixtos, que incluyan tanto productores de metabolitos como degradadores de materia orgánica, ofrecen una ventaja competitiva para el cultivo bajo estrés. Esto refuerza la importancia del diseño racional de cócteles microbianos como el usado en este estudio, que debería priorizar la inclusión de géneros funcionalmente complementarios y resistentes a la variabilidad hídrica. Además, trabajos recientes plantean que el uso de SynComs puede mejorar la resiliencia de los cultivos no solo en términos fisiológicos, sino también estructurales, al fortalecer la rizosfera como un entorno activo y dinámico **(Mataranyika et al., 2022; Roychoudhury et al., 2023).**

4. CAPÍTULO IV.- CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

4.1. CONCLUSIONES

- El presente estudio confirma que la SynCom puede funcionar como herramienta biotecnológica valiosa para enfrentar el estrés hídrico en cultivos sensibles como la papa**,** no solo mitigando daños fisiológicos durante la sequía, sino también acelerando los procesos de recuperación tras la rehidratación.

- El análisis metagenómico de la diversidad microbiana reveló que la estructura taxonómica de la SynCom es sensible a las condiciones ambientales en las que se aplica. En tratamientos con sequía, la comunidad microbiana se mantuvo estructuralmente más cercana al cóctel original, dominada por *Proteobacteria*, *Actinobacteriota* y *Bacteroidota*, mientras que en presencia de riego se observó una redistribución de filos, reflejo de una reorganización ecológica posiblemente inducida por la competencia microbiana y las condiciones fisicoquímicas de la rizósfera. Esto confirma que la funcionalidad de los bioinoculantes no solo depende de su composición inicial, sino de su interacción dinámica con el ambiente y la microbiota nativa del suelo.

- La inoculación con una comunidad microbiana sintética (SynCom) mejoró la recuperación fisiológica de plantas de papa sometidas a estrés hídrico, reflejada en mayor contenido de agua en hojas, mayor acumulación de prolina y mayor biomasa aérea, en comparación con plantas sin inoculación. Siendo así, una estrategia biotecnológica viable para mejorar la tolerancia a la sequía en papa, especialmente en contextos agrícolas con limitaciones hídricas.

4.2. RECOMENDACIONES

- Dado que la comunidad microbiana sintética mostró un efecto positivo en la tolerancia al estrés hídrico, se recomienda aplicar este tipo de bioinoculantes en regiones con alta variabilidad climática, como una estrategia biotecnológica para mejorar la resiliencia del cultivo sin depender exclusivamente del riego o fertilizantes químicos.

- Aunque el cóctel microbiano conservó su estructura en condiciones controladas, es recomendable realizar estudios metagenómicos también en campo abierto para verificar que los microorganismos aplicados se integran adecuadamente al suelo real y mantienen su funcionalidad en ambientes variables.

- Aislar y caracterizar individualmente los microorganismos componentes de la SynCom**,** con el fin de determinar cuáles cepas aportan los mayores beneficios en condiciones de sequía o bajo riego controlado.

- Debido a que la inoculación con SynCom promovió el crecimiento de brotes y hojas reales en la papa, se recomienda explorar su uso en otros cultivos que también dependen de un crecimiento apical vigoroso, como el tomate, el maíz o el ají. Estos ensayos permitirán comprobar si los beneficios observados en papa pueden replicarse y adaptarse a otros sistemas agrícolas.

5. MATERIAL DE REFERENCIA

Referencias bibliográficas

Ahmad, M., Zahir, Z. A., Asghar, H. N., & Asghar, M. (2022). *Comparative effectiveness of plant growth-promoting rhizobacteria and compost for improving growth, physiology and yield of maize under drought stress*. *Environmental and Experimental Botany*, 194, 104733. https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2021.104733

Ahmad, M., Zahir, Z. A., Aslam, Z., Khalid, M., Naveed, M., & Yasin, G. (2022). *Role of PGPR in improving plant growth and stress tolerance. Frontiers in Plant Science, 13*, 875774. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.875774

Altieri, M. A., & Nicholls, C. I. (2017). *Agroecología: única esperanza para una agricultura sustentable en América Latina. Revista Agroecología*, 12(1), 10–24.

Altieri, M. A., & Nicholls, C. I. (2020). *Agroecología: Bases científicas para una agricultura sustentable*. CLACSO. https://doi.org/10.2307/j.ctvn96g3p

Atehortúa, D. (2024). *Análisis sobre las consecuencias de la sequía en el canal de panamá y las exportaciones de bienes desde colombia*. Ágora Revista Virtual de Estudiantes. https://ojs.tdea.edu.co/index.php/agora/article/view/1705

Barka, E. A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Klenk, H. P., ... & Clement, C. (2016). *Taxonomy, physiology, and natural products of Actinobacteria. Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 80(1), 1–43. https://doi.org/10.1128/MMBR.00019-15

Beneduzi, A., Ambrosini, A., & Passaglia, L. M. P. (2022). *Microorganisms in plant growth promotion*. Springer.

Beneduzi, A., Ambrosini, A., & Passaglia, L. M. P. (2022). *Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR): Their potential as biofertilizer.* In *Microorganisms in Plant Growth Promotion*. Springer.

Bharti, N., Yadav, D., Barnawal, D., Maji, D., & Kalra, A. (2021). *PGPR as stress modulators in rhizosphere: Mechanisms and applications. Microbiological Research, 245*, 126678. https://doi.org/10.1016/j.micres.2021.126678

Blanco-Canqui, H., & Lal, R. (2008). *Soil and crop response to harvesting corn residues for biofuel production*. Geoderma, 141(3–4), 355–362. https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2007.06.012

Brady, N. C., & Weil, R. R. (2017). *The Nature and Properties of Soils* (15th ed.). Pearson.

Bürgmann, H., Meier, C., Bunge, M., Widmer, F., & Zeyer, J. (2020). *Effects of model root exudates on structure and activity of a soil microbial community. Soil Biology and Biochemistry*, 37(4), 871–882. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2004.10.032

Calıskan, M. E., Bakhsh, A., & Jabran, K. (2022). *Potato Production Worldwide. Academic Press.*

Caravaca, F., Hernández, M. T., & Roldán, A. (2005). *Improvement of soil enzymatic activities and biological fertility by plant residues in a semiarid environment. Applied Soil Ecology*, 30(3), 211–220. https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2005.03.001

Carrillo-Rivera, J. J., Cardona, A., & Edmunds, W. M. (2002). *Origin of groundwater in the Basin of Mexico: Regional groundwater flow and implications for water management*. Hydrogeology Journal, 10(5), 563–577. https://doi.org/10.1007/s10040-002-0226-2

CMS, A. (s. f.). *A US$ 8,7 millones ascienden afectaciones agropecuarias por incendios forestales y sequías. Forbes Ecuador.* Recuperado 22 de abril de

2025, de https://www.forbes.com.ec/negocios/a-us-87-millones-ascienden-afectaciones-agropecuarias-incendios-forestales-sequias-n60153

Farooq, M., Wahid, A., Kobayashi, N., Fujita, D., & Basra, S. M. A. (2009). *Plant Drought Stress: Effects, Mechanisms and Management.* En E. Lichtfouse, M. Navarrete, P. Debaeke, S. Véronique, & C. Alberola (Eds.), Sustainable Agriculture (pp. 153-188). Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-90-481-2666-8_12

Fernández, M. E. (s. f.). *Bosques y plantaciones frente a sequías y olas de calor: los desafíos de una silvicultura "climáticamente inteligente" para adaptar los sistemas productivos al cambio climático.*

Finkel, O. M., Castrillo, G., Herrera Paredes, S., Salas González, I., & Dangl, J. L. (2020). *Understanding and exploiting plant beneficial microbes. Current Opinion in Plant Biology*, 56, 1–8. https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.01.002

Fisher, R. A. (1925). *Statistical Methods for Research Workers*. Oliver and Boyd.

Frene, N., Li, T., Paulson, J. N., & Pop, M. (2018). *A guided tour of metagenomics*. In *Nature Reviews Microbiology*, 16, 145–159. https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.161

Fuentes, M., Hidalgo, C., Etchevers, J. D., De León, F., & Guerrero, A. (2012). *Impact of conservation agriculture on soil organic carbon and biological properties in maize-based systems in southern Mexico*. Soil and Tillage Research, 124, 62–71. https://doi.org/10.1016/j.still.2012.05.006

García-González, I., Lobo, A., Castañeda, C., & Herrero, J. (2016). *Evaluating soil moisture spatial variability at different scales using ground data and remote sensing*. Agricultural Water Management, 176, 121–133. https://doi.org/10.1016/j.agwat.2016.05.013

García-Orenes, F., Roldán, A., Mataix-Solera, J., Cerdà, A., Campoy, M., Arcenegui, V., & Caravaca, F. (2010). *Soil structural stability and erosion rates influenced by agricultural management practices in a semi-arid Mediterranean agro-*

ecosystem. Soil Use and Management, 26(4), 432–439. https://doi.org/10.1111/j.1475-2743.2010.00358.x

Gervais, G., Khan, M. A., & Smith, D. L. (2021). *Microbial priming of plant defense under drought conditions. Frontiers in Plant Science, 12*, 699761. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.699761

Gervais, T., Creelman, A., Li, X.-Q., Bizimungu, B., De Koeyer, D., & Dahal, K. (2021a). *Potato Response to Drought Stress: Physiological and Growth Basis.* Frontiers in Plant Science, 12. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.698060

Glick, B. R. (2020). *Beneficial Plant-Bacterial Interactions (2nd ed.).* Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-030-44368-9

Glick, B. R. (2020). *Plant growth-promoting bacteria: Mechanisms and applications. Scientifica*, 2020, 963403. https://doi.org/10.1155/2020/963403

Gómez-Muñoz, B., Hinojosa, M. B., García-Ruíz, R., & Carreira, J. A. (2017). *Microbial response to organic amendments in a Mediterranean agricultural soil: Variations in biomass and enzyme activities. Applied Soil Ecology*, 113, 96–104. https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2016.12.009

Gómez, E., Ferreras, L., & Toresani, S. (2012). *Visualización estadística para la investigación agropecuaria: herramientas para el análisis exploratorio de datos*. Revista de la Facultad de Agronomía, 111(1), 83–91.

Gómez, K. A., & Gómez, A. A. (1984). *Statistical Procedures for Agricultural Research* (2nd ed.). Wiley.

González Fernández, J., & Molina Córdoba, M. (2011). *Estudio de los factores que afectan la hidrólisis enzimática y el proceso fermentativo para la producción de alcohol a partir de papa (solanum tuberosum).* Revista Ingeniería, 16(1). https://doi.org/10.15517/ring.v16i1.642

González-Sánchez, E. J., Ordóñez-Fernández, R., Carbonell-Bojollo, R., Veroz-González, O., & Gil-Ribes, J. A. (2008). *Meta-analysis on atmospheric carbon*

capture in Spain through the use of conservation agriculture. Soil and Tillage Research, 99(1), 1–12. https://doi.org/10.1016/j.still.2007.12.009

Goswami, D., & Deka, S. (2020). *Plant growth-promoting rhizobacteria: Mechanisms and applications in agriculture. Pedosphere, 30*(1), 40–61. https://doi.org/10.1016/S1002-0160(20)60002-0

Goswami, D., & Deka, S. (2020*). Plant growth-promoting rhizobacteria–alleviators of abiotic stresses in soil: A review*. *Pedosphere*, 30(1), 40–61. https://doi.org/10.1016/S1002-0160(19)60810-7

Goswami, D., & Deka, S. (2020). *Plant growth-promoting rhizobacteria: Mechanisms and applications in agriculture. Pedosphere, 30*(1), 40–61. https://doi.org/10.1016/S1002-0160(20)60002-0

He, J., Yu, G., Yang, J., & Li, Z. (2023). *Flavobacterium and soil nutrient cycling under drought conditions. Applied Soil Ecology, 190*, 104867. https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2023.104867

Herrera, J., Salamanca, C. P., & Ortíz, P. (2018). *Técnicas bioquímicas para la determinación de compuestos compatibles en plantas*. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 20(1), 80–89.

Hillel, D. (2004). *Introduction to Environmental Soil Physics*. Elsevier Academic Press.

Imran, Q. M., Falak, N., Hussain, A., Mun, B. G., & Yun, B. W. (2021). *Abiotic stress in plants; stress perception to molecular response and the role of biotechnological tools in stress resistance. Agronomy*, 11(8), 1579. https://doi.org/10.3390/agronomy11081579

Imran, Q. M., Falak, N., Hussain, A., Mun, B.-G., & Yun, B.-W. (2021). *Abiotic Stress in Plants; Stress Perception to Molecular Response and Role of Biotechnological Tools in Stress Resistance.* Agronomy, 11(8), Article 8. https://doi.org/10.3390/agronomy11081579

Jones, H. G. (2014). *Plants and Microclimate: A Quantitative Approach to Environmental Plant Physiology* (3rd ed.). Cambridge University Press.

Kamath, K., Gade, R., Gopalakrishnan, S., & Sharma, M. (2023). *Understanding microbial interactions and synergism under abiotic stress.* Symbiosis, *91*(3), 151–166. https://doi.org/10.1007/s13199-023-00968-9

Kamath, K., Gade, R., Gopalakrishnan, S., & Sharma, M. (2023). *Understanding microbial interactions and synergism under abiotic stress. Symbiosis, 91*(3), 151–166. https://doi.org/10.1007/s13199-023-00968-9

Kamath, N., Rajkumar, M., & Freitas, H. (2023). *Beneficial microorganisms: Key players in plant growth under drought and salt stress*. *Rhizosphere*, 27, 100646. https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2023.100646

Kumar, S., Sachdeva, S., Bhat, K. V., & Vats, S. (2018). *Plant Responses to Drought Stress: Physiological, Biochemical and Molecular Basis.* En S. Vats (Ed.), Biotic and Abiotic Stress Tolerance in Plants (pp. 1-25). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-10-9029-5_1

Lal, R. (2004). *Soil Carbon Sequestration Impacts on Global Climate Change and Food Security*. Science, 304(5677), 1623–1627. https://doi.org/10.1126/science.1097396

Lambers, H., Chapin III, F. S., & Pons, T. L. (2008). *Plant Physiological Ecology* (2nd ed.). Springer. https://doi.org/10.1007/978-0-387-78341-3

Lázaro, R., Rodrigo, F. S., Gutiérrez, L., Domingo, F., & Puigdefábregas, J. (2009). *Analysis of a 30-year rainfall record (1967–1997) in semiarid SE Spain for implications on vegetation dynamics and environmental change*. Journal of Arid Environments, 74(1), 1–10. https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2009.06.011

Lenth, R. V. (2001). *Some practical guidelines for effective sample size determination*. The American Statistician, 55(3), 187–193. https://doi.org/10.1198/000313001317098149

Lentz, R. D., & Lehrsch, G. A. (2012). *Net effects of organic carbon amendments on soil erosion by irrigation: A review*. Journal of Environmental Quality, 41(4), 1076–1089. https://doi.org/10.2134/jeq2011.0411

Liu, C., Wang, J., Liu, Y., Yang, B., Wang, D., & Wang, Y. (2025). *Synthetic microbial communities for improving crop productivity and resilience to drought. Frontiers in Microbiology*, 16, 1032445. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1032445

Liu, H., Chen, W., Zhang, X., Liu, Y., & Wang, Q. (2025). *PGPR improve water use efficiency and biomass in crops. Plant Growth Regulation, 105*(3), 567–581. https://doi.org/10.1007/s10725-024-00976-z

López-Bucio, J., Nieto-Jacobo, M. F., Ramírez-Rodríguez, V., & Herrera-Estrella, L. (2000). *Organic acid metabolism in plants: from adaptive physiology to biotechnology. Biotechnology Advances*, 18(2), 89–120. https://doi.org/10.1016/S0734-9750(99)00023-9

Mataranyika, G. G., Mabhaudhi, T., & Modi, A. T. (2022). *Harnessing microbial diversity for drought-resilient agriculture. Frontiers in Sustainable Food Systems, 6*, 1002797. https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.1002797

Mataranyika, G. G., Mabhaudhi, T., & Modi, A. T. (2022). *Harnessing microbial diversity for drought-resilient agriculture. Frontiers in Sustainable Food Systems, 6*, 1002797. https://doi.org/10.3389/fsufs.2022.1002797

Monteros, C. (2017). INIAP-Josefina: *Nueva variedad de papa con tolerancia a la sequía.* Revista Latinoamericana de la Papa, 21(1), 39-54.

Montgomery, D. C. (2013). *Design and Analysis of Experiments* (8th ed.). Wiley.

Moreno, B., García-Rodríguez, S., Benítez, E., & Ruiz, P. (2011). *Assessing the influence of environmental and management factors on soil organic carbon stocks: A study in Mediterranean olive groves*. Agriculture, Ecosystems & Environment, 142(3–4), 273–280. https://doi.org/10.1016/j.agee.2011.06.007

Naylor, D., DeGraaf, S., Purdom, E., & Coleman-Derr, D. (2018). *Drought and host selection influence bacterial community dynamics in the grass root microbiome. ISME Journal*, 11(12), 2691–2704. https://doi.org/10.1038/ismej.2017.118

Oguz, M. C., Aycan, M., Oguz, E., Poyraz, I., & Yildiz, M. (2022a). *Drought Stress Tolerance in Plants: Interplay of Molecular, Biochemical and Physiological Responses in Important Development Stages.* Physiologia, 2(4), Article 4. https://doi.org/10.3390/physiologia2040015

Osses, R. G., Masciarelli, O. A., Quiroga, M., & Pedranzani, H. E. (2022). *Mitigación del estrés abiótico en Digitaria eriantha Steudel cvs. Sudafricana y Mejorada INTA por asociación con Azospirillum brasilense cepas Az39 e ipdC. En Mecanismos de respuestas al estrés abiótico en digitaria eriantha: Aspectos fisiológicos, bioquímicos y biotecnológicos.* Universidad Nacional de San Luis. https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/205163

Plauborg, F., Mollerup, M., & Jensen, C. R. (2010). *Effect of drip irrigation strategies on water productivity and nitrate leaching in vegetable production*. Agricultural Water Management, 98(3), 537–544. https://doi.org/10.1016/j.agwat.2010.09.002

Puglisi, E., Pascazio, S., & Vischetti, C. (2014). *Organic matter amendment and microbial functioning in soil: A review*. *Soil Biology and Biochemistry*, 75, 45–52. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2014.03.015

Quinn, G. P., & Keough, M. J. (2002). *Experimental Design and Data Analysis for Biologists*. Cambridge University Press. https://doi.org/10.1017/CBO9780511806384

Quintela, C., Pérez, N., & López, A. (2019). *Materia orgánica y retención hídrica en suelos agrícolas. Revista Ciencia del Suelo*, 37(2), 101–110.

Rajput, V. D., Minkina, T., Kumari, A., Harish, Singh, V. K., Verma, K. K., Mandzhieva, S., Sushkova, S., Srivastava, S., & Keswani, C. (2021). *Coping*

with the Challenges of Abiotic Stress in Plants: New Dimensions in the Field Application of Nanoparticles. Plants, 10(6), Article 6. https://doi.org/10.3390/plants10061221

Richardson, A. E., Barea, J. M., McNeill, A. M., & Prigent-Combaret, C. (2009). *Acquisition of phosphorus and nitrogen in the rhizosphere and plant growth promotion by microorganisms*. *Plant and Soil*, 321(1-2), 305–339. https://doi.org/10.1007/s11104-009-9895-2

Ritchie, J. T., Alocilja, E. C., & Suleiman, A. A. (2007). *Estimating soil moisture impacts on crop production using the DSSAT model*. Agricultural Water Management, 93(1–2), 1–9. https://doi.org/10.1016/j.agwat.2007.06.001

Roychoudhury, A., Ghosh, S., & Sengupta, D. N. (2023). *Plant molecular responses to drought stress and role of PGPR. Trends in Plant Science, 28*(3), 234–249. https://doi.org/10.1016/j.tplants.2022.10.005

Roychoudhury, A., Ghosh, S., & Sengupta, D. N. (2023). *Plant molecular responses to drought stress and role of PGPR. Trends in Plant Science, 28*(3), 234–249. https://doi.org/10.1016/j.tplants.2022.10.005

Roychoudhury, A., Tripathi, D. K., Deshmukh, R., & Chakraborty, K. (2023). *Drought-responsive microbial interactions and bioinoculants: Enhancing plant performance. Plant Stress*, 3, 100071. https://doi.org/10.1016/j.stress.2023.100071

Ruxton, G. D., & Beauchamp, G. (2008). *Time for some a priori thinking about post hoc testing*. Behavioral Ecology, 19(3), 690–693. https://doi.org/10.1093/beheco/arn020

Sánchez-Correa, M. del S., Reyero-Saavedra, M. del R., Jiménez-Nopala, G. E., Piña, M. M., Ortiz-Montiel, J. G., Sánchez-Correa, M. del S., Reyero-Saavedra, M. del R., Jiménez-Nopala, G. E., Piña, M. M., & Ortiz-Montiel, J. G. (2024). *High-Temperature Effect on Plant Development and Tuber Induction and Filling in Potato (Solanum tuberosum L.). En Abiotic Stress in*

Crop Plants—Ecophysiological Responses and Molecular Approaches. IntechOpen. https://doi.org/10.5772/intechopen.114336

Sandhya, V., Ali, S. Z., Grover, M., Reddy, G., & Venkateswarlu, B. (2020). *Drought adaptation with microbial inoculants: Mechanisms and impact on soil structure*. *Plant Physiology Reports, 25*(4), 502–513. https://doi.org/10.1007/s40502-020-00510-3

Sandhya, V., Ali, S. Z., Grover, M., Reddy, G., & Venkateswarlu, B. (2020). *Drought stress tolerance in crop plants: Role of beneficial microbes.* In *Rhizotrophs: Plant Growth Promotion to Bioremediation* (pp. 133–150). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-13-8426-0_6

Santoyo, G., Moreno-Hagelsieb, G., Orozco-Mosqueda, M. C., & Glick, B. R. (2021). *Pseudomonas: A versatile plant growth-promoting rhizobacteria*. *Environmental Microbiology Reports, 13*(5), 761–775. https://doi.org/10.1111/1758-2229.12962

Sanz-Cobena, A., Sánchez-Martín, L., García-Torres, L., & Vallejo, A. (2014). *Gaseous emissions of N2O and NO and NO3− leaching from urea applied with urease and nitrification inhibitors to a maize crop*. Agriculture, Ecosystems & Environment, 189, 64–74. https://doi.org/10.1016/j.agee.2014.03.030

Shah, S. H., Islam, S., Mohammad, F., & Siddiqui, M. H. (2023). *Gibberellic Acid: A Versatile Regulator of Plant Growth, Development and Stress Responses.* Journal of Plant Growth Regulation, 42(12), 7352-7373. https://doi.org/10.1007/s00344-023-11035-7

Sokal, R. R., & Rohlf, F. J. (2012). *Biometry: The Principles and Practice of Statistics in Biological Research* (4th ed.). W. H. Freeman.

Taiz, L., Zeiger, E., Møller, I. M., & Murphy, A. (2015). *Plant Physiology and Development* (6th ed.). Sinauer Associates.

Tambussi, E. A. (2005). *Fotosíntesis, fotoprotección, productividad y estrés abiótico: Algunos casos de estudio.* En Tesis Doctorals—Departament—Biologia

Vegetal. Universitat de Barcelona. https://diposit.ub.edu/dspace/handle/2445/36093

Teixeira, P. J. P., Colaianni, N. R., Fitzpatrick, C. R., & Dangl, J. L. (2019). *Beyond pathogens: Microbiota interactions with the plant immune system.* Current Opinion in Microbiology, 49, 7-17. https://doi.org/10.1016/j.mib.2019.08.003

Thomas, F., Hehemann, J. H., Rebuffet, E., Czjzek, M., & Michel, G. (2011). Environmental and gut Bacteroidetes: The food connection. *Frontiers in Microbiology*, 2, 93. https://doi.org/10.3389/fmicb.2011.00093

Tripathi, L., Ntui, V. O., & Tripathi, J. N. (2020). *CRISPR/Cas9-based genome editing of banana for disease resistance.* Current Opinion in Plant Biology, 56, 118-126. https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.05.003

Vanlauwe, B., Wendt, J., & Giller, K. E. (2015). *Sustainable intensification and the African smallholder farmer*. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 8, 15–22. https://doi.org/10.1016/j.cosust.2014.07.002

Vargas, L., Santa Brígida, A. B., Mota Filho, J. P., de Carvalho, T. S., & Gomes, E. A. (2021). *Microbial communities in agriculture under drought: understanding ecological interactions for crop improvement. Microbiological Research*, 250, 126754. https://doi.org/10.1016/j.micres.2021.126754

Venegas, J., Soto, R., & Garrido, M. (2020). *Evaluación fisiológica de la recuperación de plantas de papa sometidas a estrés hídrico*. *Agro Sur*, 48(1), 25–32. https://doi.org/10.4206/agrosur.2020.v48n1-03

Wang, Y., Wang, M., Liu, L., Wang, Y., & Liu, R. (2022). *Enhancing drought tolerance in potato with bacterial consortia: physiological and molecular mechanisms. Plant Physiology and Biochemistry*, 179, 38–46. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2022.01.006

Xu, Z., Shao, J., Li, X., Wu, J., & Chen, W. (2020). *Biofilm-forming PGPR and their role in drought resistance. Soil Biology & Biochemistry, 144*, 107784. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107784

Yuan, H., Zhou, J., Li, X., & Huang, G. (2021). *Soil microbial community response to long-term drought. Frontiers in Microbiology, 12*, 707295. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.707295

Zar, J. H. (2010). *Biostatistical Analysis* (5th ed.). Pearson.

Zhalnina, K., Louie, K. B., Hao, Z., Mansoori, N., da Rocha, U. N., Shi, S., ... & Firestone, M. K. (2018). *Dynamic root exudate chemistry and microbial substrate preferences drive patterns in rhizosphere microbial community assembly*. *Nature Microbiology*, 3(4), 470–480. https://doi.org/10.1038/s41564-018-0129-3

Zhang, H., Wu, P., Zhao, X., & Cheng, X. (2018). *Spatiotemporal variations in soil moisture and the influencing factors in a semiarid agricultural watershed*. Journal of Hydrology, 556, 159–173. https://doi.org/10.1016/j.jhydrol.2017.11.026

Zhang, S., Xu, X., Sun, Y., Zhang, J., & Li, C. (2018). *Influence of drought hardening on the resistance physiology of potato seedlings under drought stress.* Journal of Integrative Agriculture, 17(2), 336-347. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(17)61758-1

Zhang, Y., Wang, W., & Chen, L. (2023). *Microbial mediation of plant response to drought stress. Environmental and Experimental Botany, 206*, 105179. https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2023.105179

Zhou, X., Wu, F., Deng, Y., & Ma, Z. (2023). *Microbiome engineering for agricultural resilience under climate stress. Nature Microbiology, 8*, 197–208. https://doi.org/10.1038/s41564-022-01266-y

Zhou, Y., Yang, H., Zhang, L., & Zhao, Y. (2023). *Engineered microbial communities improve plant drought tolerance by regulating rhizosphere signaling*. *Science of the Total Environment*, 880, 163201. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.163201

ANEXOS

Anexo 1

ASV con abundancia presente en la SynCom.

Filo	Total de ASV
Proteobacteria	7461
Bacteroidota	2154
Planctomycetota	887
Actinobacteriota	831
Verrucomicrobiota	309
Firmicutes	260
Bdellovibrionota	176
Myxococcota	47
Chloroflexi	39
Patescibacteria	29
Abditibacteriota	24
Armatimonadota	22
Acidobacteriota	20
Gemmatimonadota	14
Sumerlaeota	12
Cyanobacteria	8
Fibrobacterota	7

Anexo 2

ASVs de la prueba metagenómica realizada a los tratamientos.

Filo	ASV	Género/Familia	Compartimento	Tratamiento	Abundancia
Proteobacteria	ASV1	Pseudomonas	rhizosphere	watered	1416
Proteobacteria	ASV1	Pseudomonas	rhizosphere	watered	1402
Proteobacteria	ASV2	Pseudomonas	rhizosphere	watered	1312
Proteobacteria	ASV1	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	949
Proteobacteria	ASV15	Pseudomonas	rhizosphere	watered	813
Bacteroidota	ASV3	Flavobacterium	rhizosphere	drought	697
Proteobacteria	ASV1	Pseudomonas	rhizosphere	drought	684
Proteobacteria	ASV1	Pseudomonas	rhizosphere	drought	670
Proteobacteria	ASV4	Pseudomonas	rhizosphere	drought	537
Proteobacteria	ASV6	Pseudomonas	rhizosphere	watered	462
Proteobacteria	ASV2	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	376
Proteobacteria	ASV6	Pseudomonas	rhizosphere	watered	335
Bacteroidota	ASV27	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	331

Proteobacteria	ASV45	Pseudomonas	rhizosphere	watered	307
Bacteroidota	ASV23	Flavobacterium	rhizosphere	drought	279
Proteobacteria	ASV10	Sphingomonas	rhizosphere	drought	267
Proteobacteria	ASV106	Pseudomonas	rhizosphere	watered	264
Proteobacteria	ASV21	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	253
Bacteroidota	ASV3	Flavobacterium	rhizosphere	drought	244
Proteobacteria	ASV7	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	242
Proteobacteria	ASV4	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	231
Proteobacteria	ASV22	Pseudomonas	rhizosphere	watered	230
Proteobacteria	ASV7	Pseudomonas	rhizosphere	drought	226
Proteobacteria	ASV24	Pseudomonas	rhizosphere	watered	223
Proteobacteria	ASV2	Pseudomonas	rhizosphere	watered	222
Bacteroidota	ASV34	Flavobacterium	rhizosphere	drought	219
Bacteroidota	ASV47	Flavobacterium	rhizosphere	drought	217
Proteobacteria	ASV4	Pseudomonas	rhizosphere	watered	199
Proteobacteria	ASV7	Pseudomonas	rhizosphere	watered	193
Proteobacteria	ASV94	Pseudomonas	rhizosphere	watered	186
Proteobacteria	ASV8	Kaistia	extract	Coctel_MO	163
Proteobacteria	ASV24	Pseudomonas	rhizosphere	watered	159

Bacteroidota	ASV3	Flavobacterium	rhizosphere	watered	145
Proteobacteria	ASV2	Pseudomonas	rhizosphere	drought	142
Bacteroidota	ASV67	Flavobacterium	rhizosphere	watered	141
Actinobacteriota	ASV13	Streptomyces	extract	Coctel_MO	140
Proteobacteria	ASV43	Pseudomonas	rhizosphere	drought	132
Proteobacteria	ASV6	Pseudomonas	rhizosphere	drought	132
Bacteroidota	ASV50	Flavobacterium	rhizosphere	drought	130
Proteobacteria	ASV80	Pseudomonas	rhizosphere	watered	122
Proteobacteria	ASV134	Pseudomonas	rhizosphere	watered	106
Proteobacteria	ASV22	Pseudomonas	rhizosphere	drought	106
Actinobacteriota	ASV13	Streptomyces	rhizosphere	drought	101
Proteobacteria	ASV8	Kaistia	rhizosphere	drought	99
Proteobacteria	ASV10	Sphingomonas	extract	Coctel_MO	93
Proteobacteria	ASV35	Pseudomonas	rhizosphere	drought	93
Proteobacteria	ASV2	Pseudomonas	rhizosphere	drought	88
Bacteroidota	ASV108	Flavobacterium	rhizosphere	drought	85
Actinobacteriota	ASV13	Streptomyces	rhizosphere	drought	85
Proteobacteria	ASV8	Kaistia	rhizosphere	drought	81

Proteobacteria	ASV4	Pseudomonas	rhizosphere	drought	77
Proteobacteria	ASV8	Kaistia	rhizosphere	watered	77
Proteobacteria	ASV98	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	76
Bacteroidota	ASV139	Flavobacterium	rhizosphere	drought	75
Proteobacteria	ASV68	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	70
Bacteroidota	ASV3	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	69
Proteobacteria	ASV98	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	66
Proteobacteria	ASV145	Kaistia	rhizosphere	watered	66
Bacteroidota	ASV173	Flavobacterium	rhizosphere	watered	65
Proteobacteria	ASV104	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	64

Proteobacteria	ASV85	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	64
Proteobacteria	ASV95	Mesorhizobium	extract	Coctel_MO	63
Proteobacteria	ASV35	Pseudomonas	rhizosphere	watered	63
Firmicutes	ASV92	Paenibacillus	rhizosphere	drought	62
Proteobacteria	ASV107	Sphingomonas	rhizosphere	drought	60
Proteobacteria	ASV65	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	59
Bacteroidota	ASV148	Flavobacterium	rhizosphere	watered	58
Proteobacteria	ASV219	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	55
Firmicutes	ASV543	Lactiplantibacillus	rhizosphere	watered	54

Proteobacteria	ASV43	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	53
Proteobacteria	ASV68	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	53
Proteobacteria	ASV116	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	53
Proteobacteria	ASV35	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	52
Proteobacteria	ASV65	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	50
Firmicutes	ASV240	Bacillus	rhizosphere	drought	50
Proteobacteria	ASV206	Pseudomonas	rhizosphere	drought	50
Bacteroidota	ASV111	Flavobacterium	rhizosphere	watered	50
Bacteroidota	ASV128	Flavobacterium	rhizosphere	watered	49
Bacteroidota	ASV23	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	49

Proteobacteria	ASV6	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	49
Proteobacteria	ASV107	Sphingomonas	rhizosphere	drought	48
Bacteroidota	ASV246	Flavobacterium	rhizosphere	drought	48
Proteobacteria	ASV625	Pseudomonas	rhizosphere	watered	47
Proteobacteria	ASV21	Pseudomonas	rhizosphere	drought	46
Bacteroidota	ASV332	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	46
Proteobacteria	ASV641	Pseudomonas	rhizosphere	watered	46
Proteobacteria	ASV190	Pseudomonas	rhizosphere	drought	45
Proteobacteria	ASV45	Pseudomonas	rhizosphere	drought	45
Bacteroidota	ASV202	Flavobacterium	rhizosphere	drought	44
Proteobacteria	ASV168	Pseudomonas	rhizosphere	drought	43
Proteobacteria	ASV35	Pseudomonas	rhizosphere	drought	43
Proteobacteria	ASV85	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	41
Proteobacteria	ASV104	Pseudomonas	rhizosphere	watered	39
Proteobacteria	ASV124	Pseudomonas	rhizosphere	drought	39

Proteobacteria	ASV116	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	38
Bacteroidota	ASV450	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	38
Proteobacteria	ASV135	Mesorhizobium	rhizosphere	drought	37
Proteobacteria	ASV65	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	36
Proteobacteria	ASV21	Pseudomonas	rhizosphere	drought	36
Firmicutes	ASV92	Paenibacillus	rhizosphere	drought	36
Proteobacteria	ASV785	Pseudomonas	rhizosphere	watered	36
Firmicutes	ASV327	Bacillus	rhizosphere	watered	36
Proteobacteria	ASV220	Pseudomonas	rhizosphere	drought	35
Proteobacteria	ASV155	Rhodopseudomonas	rhizosphere	drought	35

Firmicutes	ASV127	Paenibacillus	rhizosphere	drought	35
Proteobacteria	ASV230	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	34
Proteobacteria	ASV839	Pseudomonas	rhizosphere	watered	33
Bacteroidota	ASV415	Flavobacterium	rhizosphere	drought	33
Proteobacteria	ASV135	Mesorhizobium	extract	Coctel_MO	33
Bacteroidota	ASV128	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	32
Proteobacteria	ASV379	Sphingomonas	extract	Coctel_MO	32
Proteobacteria	ASV155	Rhodopseudomonas	rhizosphere	watered	32
Proteobacteria	ASV95	Mesorhizobium	rhizosphere	drought	32
Bacteroidota	ASV111	Flavobacterium	rhizosphere	drought	32
Proteobacteria	ASV275	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	31

Proteobacteria	ASV85	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	31
Firmicutes	ASV502	Tumebacillus	rhizosphere	watered	30
Proteobacteria	ASV94	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	30
Actinobacteriota	ASV13	Streptomyces	rhizosphere	watered	30
Bacteroidota	ASV156	Flavobacterium	rhizosphere	drought	29
Proteobacteria	ASV163	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	29
Bacteroidota	ASV345	Flavobacterium	rhizosphere	drought	29
Proteobacteria	ASV186	Pseudomonas	rhizosphere	watered	29
Proteobacteria	ASV220	Pseudomonas	rhizosphere	watered	29
Bacteroidota	ASV50	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	28
Proteobacteria	ASV311	Sphingomonas	extract	Coctel_MO	28
Proteobacteria	ASV948	Pseudomonas	rhizosphere	watered	28
Bacteroidota	ASV522	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	27

Proteobacteria	ASV21	Pseudomonas	rhizosphere	watered	27
Bacteroidota	ASV181	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	27
Actinobacteriota	ASV411	Streptomyces	rhizosphere	drought	27
Actinobacteriota	ASV165	Streptomyces	rhizosphere	drought	27
Actinobacteriota	ASV438	Streptomyces	extract	Coctel_MO	27
Proteobacteria	ASV95	Mesorhizobium	rhizosphere	drought	27
Bacteroidota	ASV421	Flavobacterium	rhizosphere	watered	26
Proteobacteria	ASV65	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	26
Actinobacteriota	ASV165	Streptomyces	rhizosphere	drought	26
Proteobacteria	ASV235	Rhodopseudomonas	rhizosphere	watered	26
Proteobacteria	ASV135	Mesorhizobium	rhizosphere	drought	26
Bacteroidota	ASV538	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	26
Bacteroidota	ASV156	Flavobacterium	rhizosphere	drought	26
Bacteroidota	ASV474	Flavobacterium	rhizosphere	watered	25

Proteobacteria	ASV95	Mesorhizobium	rhizosphere	watered	25
Proteobacteria	ASV168	Pseudomonas	rhizosphere	watered	25
Proteobacteria	ASV275	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	24
Actinobacteriota	ASV551	Streptomyces	rhizosphere	drought	24
Proteobacteria	ASV124	Pseudomonas	rhizosphere	watered	24
Firmicutes	ASV221	Bacillus	rhizosphere	watered	24
Bacteroidota	ASV111	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	24
Bacteroidota	ASV181	Flavobacterium	rhizosphere	drought	24
Bacteroidota	ASV387	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	24
Bacteroidota	ASV351	Flavobacterium	rhizosphere	watered	24
Proteobacteria	ASV208	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	24

Proteobacteria	ASV208	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	23
Proteobacteria	ASV209	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	23
Bacteroidota	ASV431	Flavobacterium	rhizosphere	watered	23
Bacteroidota	ASV621	Flavobacterium	rhizosphere	watered	22
Proteobacteria	ASV230	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	22
Proteobacteria	ASV471	Sphingomonas	extract	Coctel_MO	22
Proteobacteria	ASV155	Rhodopseudomonas	extract	Coctel_MO	21
Proteobacteria	ASV252	Allorhizobium-Neorhizobium-	rhizosphere	drought	21

		Pararhizobium-Rhizobium			
Proteobacteria	ASV6	Pseudomonas	rhizosphere	drought	21
Proteobacteria	ASV186	Pseudomonas	rhizosphere	drought	21
Proteobacteria	ASV708	Pseudomonas	rhizosphere	drought	20
Bacteroidota	ASV301	Flavobacterium	rhizosphere	watered	20
Proteobacteria	ASV22	Pseudomonas	rhizosphere	drought	20
Proteobacteria	ASV163	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	20
Actinobacteriota	ASV425	Streptomyces	rhizosphere	drought	20
Proteobacteria	ASV252	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	20
Bacteroidota	ASV658	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	20
Bacteroidota	ASV34	Flavobacterium	rhizosphere	watered	20

Proteobacteria	ASV1237	Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia	rhizosphere	watered	20
Proteobacteria	ASV24	Pseudomonas	rhizosphere	drought	19
Proteobacteria	ASV235	Rhodopseudomonas	rhizosphere	drought	19
Firmicutes	ASV395	Paenibacillus	rhizosphere	drought	19
Proteobacteria	ASV163	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	19
Firmicutes	ASV127	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	19
Bacteroidota	ASV630	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	19
Proteobacteria	ASV124	Pseudomonas	rhizosphere	drought	18
Firmicutes	ASV304	Paenibacillus	rhizosphere	drought	18
Proteobacteria	ASV584	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	18
Actinobacteriota	ASV100	Streptomyces	rhizosphere	drought	18
Proteobacteria	ASV68	Allorhizobium-Neorhizobium-	extract	Coctel_MO	18

		Pararhizobium-Rhizobium			
Proteobacteria	ASV801	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	18
Proteobacteria	ASV22	Pseudomonas	rhizosphere	watered	18
Firmicutes	ASV244	Paenibacillus	rhizosphere	drought	17
Bacteroidota	ASV156	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	17
Bacteroidota	ASV108	Flavobacterium	rhizosphere	drought	17
Firmicutes	ASV92	Paenibacillus	rhizosphere	watered	17
Proteobacteria	ASV639	Pseudomonas	rhizosphere	watered	17
Bacteroidota	ASV890	Flavobacterium	rhizosphere	watered	17
Bacteroidota	ASV202	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	17
Firmicutes	ASV1394	Bacillus	rhizosphere	watered	17
Proteobacteria	ASV209	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	17

Proteobacteria	ASV190	Pseudomonas	rhizosphere	watered	17
Firmicutes	ASV244	Paenibacillus	rhizosphere	drought	17
Bacteroidota	ASV595	Flavobacterium	rhizosphere	watered	16
Firmicutes	ASV92	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	16
Proteobacteria	ASV124	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	16
Bacteroidota	ASV50	Flavobacterium	rhizosphere	watered	16
Bacteroidota	ASV944	Flavobacterium	rhizosphere	watered	16
Bacteroidota	ASV539	Flavobacterium	rhizosphere	watered	16
Firmicutes	ASV1124	Paenibacillus	rhizosphere	drought	16
Firmicutes	ASV304	Paenibacillus	rhizosphere	watered	16
Proteobacteria	ASV1447	Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia	rhizosphere	watered	16
Actinobacteriota	ASV373	Streptomyces	rhizosphere	watered	16
Bacteroidota	ASV156	Flavobacterium	rhizosphere	watered	16
Proteobacteria	ASV691	Burkholderiales_unclassified	rhizosphere	watered	15

Firmicutes	ASV925	Bacillus	rhizosphere	watered	15
Bacteroidota	ASV181	Flavobacterium	rhizosphere	drought	15
Firmicutes	ASV889	Tumebacillus	rhizosphere	watered	15
Proteobacteria	ASV68	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	15
Firmicutes	ASV406	Paenibacillus	rhizosphere	drought	15
Proteobacteria	ASV107	Sphingomonas	extract	Coctel_MO	15
Firmicutes	ASV1530	Psychrobacillus	rhizosphere	watered	15
Proteobacteria	ASV583	Kaistia	rhizosphere	drought	15
Actinobacteriota	ASV165	Streptomyces	extract	Coctel_MO	15
Bacteroidota	ASV454	Flavobacterium	rhizosphere	drought	15
Firmicutes	ASV367	Paenibacillus	rhizosphere	drought	14
Firmicutes	ASV367	Paenibacillus	rhizosphere	drought	14
Proteobacteria	ASV116	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	14

Proteobacteria	ASV10	Sphingomonas	rhizosphere	drought	14
Firmicutes	ASV363	Paenibacillus	rhizosphere	drought	14
Proteobacteria	ASV7	Pseudomonas	rhizosphere	drought	14
Bacteroidota	ASV919	Flavobacterium	rhizosphere	watered	14
Proteobacteria	ASV380	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	14
Proteobacteria	ASV168	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	14
Proteobacteria	ASV145	Kaistia	extract	Coctel_MO	14
Bacteroidota	ASV148	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	14
Proteobacteria	ASV4	Pseudomonas	rhizosphere	watered	14
Actinobacteriota	ASV373	Streptomyces	extract	Coctel_MO	14
Proteobacteria	ASV209	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	14
Proteobacteria	ASV186	Pseudomonas	rhizosphere	drought	14
Proteobacteria	ASV80	Pseudomonas	rhizosphere	drought	14

Proteobacteria	ASV168	Pseudomonas	rhizosphere	drought	14
Firmicutes	ASV1626	Ammoniibacillus	rhizosphere	watered	14
Proteobacteria	ASV116	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	13
Proteobacteria	ASV145	Kaistia	rhizosphere	drought	13
Proteobacteria	ASV733	Azospirillum	rhizosphere	watered	13
Bacteroidota	ASV770	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	13
Proteobacteria	ASV471	Sphingomonas	rhizosphere	watered	13
Proteobacteria	ASV1719	Pseudomonas	rhizosphere	watered	13
Bacteroidota	ASV1035	Flavobacterium	rhizosphere	watered	13
Proteobacteria	ASV1721	Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia	rhizosphere	watered	13
Firmicutes	ASV1298	Paenibacillus	rhizosphere	drought	12
Bacteroidota	ASV50	Flavobacterium	rhizosphere	drought	12

Firmicutes	ASV406	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	12
Firmicutes	ASV854	Paenibacillus	rhizosphere	watered	12
Bacteroidota	ASV111	Flavobacterium	rhizosphere	drought	12
Proteobacteria	ASV94	Pseudomonas	rhizosphere	drought	12
Proteobacteria	ASV208	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	12
Proteobacteria	ASV753	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	12
Proteobacteria	ASV43	Pseudomonas	rhizosphere	watered	12
Proteobacteria	ASV94	Pseudomonas	rhizosphere	drought	11
Proteobacteria	ASV882	Sphingomonas	rhizosphere	drought	11
Proteobacteria	ASV380	Allorhizobium-Neorhizobium-	rhizosphere	watered	11

		Pararhizobium-Rhizobium			
Proteobacteria	ASV1036	Methylobacillus	rhizosphere	watered	11
Firmicutes	ASV390	Paenibacillus	rhizosphere	watered	11
Proteobacteria	ASV1081	Pseudomonas	rhizosphere	drought	11
Actinobacteriota	ASV100	Streptomyces	rhizosphere	drought	11
Bacteroidota	ASV1963	Flavobacterium	rhizosphere	watered	11
Firmicutes	ASV390	Paenibacillus	rhizosphere	drought	11
Actinobacteriota	ASV425	Streptomyces	rhizosphere	drought	11
Bacteroidota	ASV690	Flavobacterium	rhizosphere	watered	11
Bacteroidota	ASV1464	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	11
Proteobacteria	ASV134	Pseudomonas	rhizosphere	drought	11
Firmicutes	ASV244	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	11
Proteobacteria	ASV104	Pseudomonas	rhizosphere	drought	11
Proteobacteria	ASV1967	Methylobacterium-Methylorubrum	rhizosphere	watered	11
Proteobacteria	ASV311	Sphingomonas	rhizosphere	drought	11
Firmicutes	ASV985	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	11
Bacteroidota	ASV1968	Flavobacterium	rhizosphere	watered	11

Proteobacteria	ASV163	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	10
Bacteroidota	ASV27	Flavobacterium	rhizosphere	watered	10
Proteobacteria	ASV45	Pseudomonas	rhizosphere	watered	10
Proteobacteria	ASV788	Pseudomonas	rhizosphere	drought	10
Actinobacteriota	ASV100	Streptomyces	extract	Coctel_MO	10
Firmicutes	ASV845	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	10
Proteobacteria	ASV190	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	10
Proteobacteria	ASV206	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	10
Proteobacteria	ASV24	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	10
Bacteroidota	ASV454	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	10
Firmicutes	ASV1017	Paenibacillus	rhizosphere	drought	10
Bacteroidota	ASV128	Flavobacterium	rhizosphere	drought	10
Bacteroidota	ASV1015	Flavobacterium	rhizosphere	drought	10
Bacteroidota	ASV1072	Flavobacterium	rhizosphere	watered	10
Bacteroidota	ASV1073	Flavobacterium	rhizosphere	watered	10

Proteobacteria	ASV573	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	drought	9
Bacteroidota	ASV956	Flavobacterium	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV1082	Pseudomonas	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV1085	Sphingomonas	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV1010	Pseudomonas	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV683	Sphingomonas	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV862	Sphingomonas	rhizosphere	drought	9
Bacteroidota	ASV173	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	9
Firmicutes	ASV1020	Paenibacillus	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV220	Pseudomonas	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV224	Mesorhizobium	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV2206	Pseudomonas	rhizosphere	watered	9
Bacteroidota	ASV181	Flavobacterium	rhizosphere	watered	9
Proteobacteria	ASV116	Allorhizobium-Neorhizobium-	rhizosphere	watered	9

		Pararhizobium-Rhizobium			
Firmicutes	ASV127	Paenibacillus	rhizosphere	drought	9
Firmicutes	ASV390	Paenibacillus	rhizosphere	drought	9
Proteobacteria	ASV43	Pseudomonas	rhizosphere	drought	9
Bacteroidota	ASV301	Flavobacterium	rhizosphere	drought	9
Actinobacteriota	ASV2208	Streptomyces	rhizosphere	watered	9
Firmicutes	ASV341	Paenibacillus	rhizosphere	watered	8
Firmicutes	ASV1352	Paenibacillus	rhizosphere	drought	8
Firmicutes	ASV1355	Paenibacillus	rhizosphere	drought	8
Proteobacteria	ASV1535	Pseudomonas	rhizosphere	drought	8
Bacteroidota	ASV1993	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	8
Proteobacteria	ASV65	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	8
Proteobacteria	ASV22	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	8
Actinobacteriota	ASV532	Promicromonospora	rhizosphere	drought	8
Proteobacteria	ASV45	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	8

Bacteroidota	ASV804	Flavobacterium	rhizosphere	drought	8
Firmicutes	ASV341	Paenibacillus	rhizosphere	drought	8
Proteobacteria	ASV235	Rhodopseudomonas	extract	Coctel_MO	7
Proteobacteria	ASV104	Pseudomonas	rhizosphere	drought	7
Actinobacteriota	ASV165	Streptomyces	rhizosphere	watered	7
Proteobacteria	ASV584	Pseudomonas	rhizosphere	watered	7
Firmicutes	ASV1727	Paenibacillus	rhizosphere	drought	7
Firmicutes	ASV244	Paenibacillus	rhizosphere	watered	7
Proteobacteria	ASV208	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	7
Actinobacteriota	ASV373	Streptomyces	rhizosphere	drought	7
Actinobacteriota	ASV532	Promicromonospora	rhizosphere	watered	7
Proteobacteria	ASV252	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	7
Proteobacteria	ASV1536	Sphingomonas	rhizosphere	drought	7

Bacteroidota	ASV301	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	7
Firmicutes	ASV363	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	7
Bacteroidota	ASV1091	Flavobacterium	rhizosphere	drought	7
Proteobacteria	ASV1248	Pseudomonas	rhizosphere	drought	7
Firmicutes	ASV1400	Paenibacillus	rhizosphere	drought	7
Proteobacteria	ASV10	Sphingomonas	rhizosphere	watered	7
Firmicutes	ASV341	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	7
Bacteroidota	ASV421	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	7
Bacteroidota	ASV1552	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	7
Bacteroidota	ASV1553	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	7
Firmicutes	ASV367	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	6
Firmicutes	ASV2248	Paenibacillus	extract	Coctel_MO	6
Proteobacteria	ASV2721	Sphingomonas	rhizosphere	watered	6
Bacteroidota	ASV67	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	6
Firmicutes	ASV1615	Paenibacillus	rhizosphere	watered	6
Proteobacteria	ASV1076	Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia	extract	Coctel_MO	6
Proteobacteria	ASV134	Pseudomonas	extract	Coctel_MO	6

Actinobacteriota	ASV438	Streptomyces	rhizosphere	drought	6
Firmicutes	ASV1740	Bacillus	rhizosphere	drought	6
Firmicutes	ASV1455	Paenibacillus	rhizosphere	drought	6
Bacteroidota	ASV595	Flavobacterium	rhizosphere	drought	6
Proteobacteria	ASV209	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	rhizosphere	watered	6
Actinobacteriota	ASV100	Streptomyces	rhizosphere	watered	6
Actinobacteriota	ASV1299	Promicromonospora	rhizosphere	drought	6
Proteobacteria	ASV862	Sphingomonas	rhizosphere	drought	6
Firmicutes	ASV1951	Bacillus	rhizosphere	watered	6
Proteobacteria	ASV1860	Sphingomonas	rhizosphere	drought	6
Firmicutes	ASV395	Paenibacillus	rhizosphere	watered	5
Firmicutes	ASV1286	Paenibacillus	rhizosphere	drought	5
Bacteroidota	ASV2404	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	5
Proteobacteria	ASV1037	Pseudomonas	rhizosphere	watered	5
Bacteroidota	ASV148	Flavobacterium	rhizosphere	drought	5

Bacteroidota	ASV2246	Flavobacterium	extract	Coctel_MO	5
Bacteroidota	ASV351	Flavobacterium	rhizosphere	drought	5
Proteobacteria	ASV573	Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	5
Firmicutes	ASV1441	Paenibacillus	rhizosphere	watered	5
Proteobacteria	ASV235	Rhodopseudomonas	rhizosphere	drought	5
Firmicutes	ASV1521	Bacillus	rhizosphere	watered	5
Proteobacteria	ASV1526	Pseudomonas	rhizosphere	watered	5
Proteobacteria	ASV124	Pseudomonas	rhizosphere	watered	5
Firmicutes	ASV1849	Paenibacillus	rhizosphere	drought	5
Firmicutes	ASV1533	Paenibacillus	rhizosphere	drought	5
Actinobacteriota	ASV532	Promicromonospora	rhizosphere	drought	5
Firmicutes	ASV2984	Virgibacillus	rhizosphere	watered	5
Firmicutes	ASV2347	Bacillus	rhizosphere	watered	5
Proteobacteria	ASV163	Allorhizobium-Neorhizobium-Rhizobium	extract	Coctel_MO	5

Anexo 3

Tabla de datos relacionados al ANOVA.

Análisis de varianza de un factor

RESUMEN

Grupos	*Cuenta*	*Suma*	*Promedio*	*Varianza*
Fila 1	4	261,2992615	65,32481536	215,960888
Fila 2	4	270,1117299	67,52793248	245,05035
Fila 3	4	269,6427895	67,41069739	285,77448
Fila 4	4	269,7161124	67,42902811	323,696848
Fila 5	4	339,127103	84,78177576	121,894838
Fila 6	4	332,1873522	83,04683805	162,61958
Fila 7	4	283,391044	70,84776099	206,181508
Fila 8	4	330,8049317	82,70123292	83,8990547
Fila 9	4	366,429673	91,60741824	92,3528807
Fila 10	4	372,0320373	93,00800931	21,2193919
Fila 11	4	363,4250598	90,85626494	75,2705385
Fila 12	4	369,5948729	92,39871823	36,4307034
Fila 13	4	348,2029016	87,05072541	47,9266365
Fila 14	4	343,7843065	85,94607662	11,1886127
Fila 15	4	346,7767931	86,69419826	6,46378328
Fila 16	4	359,4953348	89,87383369	19,3451133
Fila 17	4	356,6285243	89,15713107	61,1540233
Fila 18	4	363,0915138	90,77287845	7,68854071
Fila 19	4	320,8874489	80,22186222	35,0916871
Fila 20	4	341,438682	85,35967051	90,8174387
Fila 21	4	342,8873299	85,72183248	62,2906935
Fila 22	4	362,8782126	90,71955314	88,6436442
Fila 23	4	328,5522863	82,13807156	116,655129
Fila 24	4	358,2735781	89,56839453	12,8010883
Fila 25	4	314,9484883	78,73712208	55,8688195
Fila 26	4	305,8922552	76,4730638	126,766697
Fila 27	4	283,9078424	70,9769606	122,598626
Fila 28	4	320,286201	80,07155024	23,9816947
Fila 29	2	141,4626986	70,73134929	11,3862359
Fila 30	2	132,1390554	66,06952772	26,1244579
Fila 31	2	119,8563741	59,92818707	51,0673631
Fila 32	2	137,2072496	68,60362481	3,7114256

ANÁLISIS DE VARIANZA

Origen de las variaciones	*Suma de cuadrados*	*Grados de libertad*	*Promedio de los cuadrados*	*F*	*Probabilidad*	*Valor crítico para F*
Entre grupos	10147,52415	31	327,3394887	3,44107316	2,9885E-06	1,581681317
Dentro de los grupos	8371,189347	88	95,12715167			
Total	18518,7135	119				

Anexo 4

Tabla de datos relacionados al ANOVA.

Análisis de varianza de un factor

RESUMEN

Grupos	*Cuenta*	*Suma*	*Promedio*	*Varianza*
Fila 1	4	564,3479045	141,0869761	10708,54801
Fila 2	4	535,1141714	133,7785428	9790,506183
Fila 3	4	541,7902364	135,4475591	9678,120687
Fila 4	4	549,0863835	137,2715959	10239,88489
Fila 5	4	377,1641597	94,29103992	1315,123815
Fila 6	4	381,9108001	95,47770003	2308,236934
Fila 7	4	330,9839004	82,7459751	6560,327086
Fila 8	4	348,0628094	87,01570234	2586,029196
Fila 9	4	428,6626167	107,1656542	4878,817457
Fila 10	4	1426,356748	356,5891869	46134,46027
Fila 11	4	438,0787196	109,5196799	5435,802747
Fila 12	4	117,463293	29,36582325	144,7981714
Fila 13	4	269,0695022	67,26737555	455,7828823
Fila 14	4	226,0976225	56,52440562	748,2615425
Fila 15	4	231,9247595	57,98118988	723,7116533
Fila 16	4	206,0718914	51,51797284	294,9742633
Fila 17	4	336,4319404	84,10798511	1221,074696
Fila 18	4	282,0029902	70,50074754	327,5892188
Fila 19	4	217,8986126	54,47465315	360,4432012
Fila 20	4	183,2247431	45,80618579	219,2250792
Fila 21	4	220,9174709	55,22936772	135,84011
Fila 22	4	223,0933434	55,77333586	139,5305555
Fila 23	4	242,3038593	60,57596483	292,5306112
Fila 24	4	215,2081216	53,8020304	784,4507832
Fila 25	4	247,1388632	61,78471579	3589,48859
Fila 26	4	204,350253	51,08756325	795,3097015
Fila 27	4	220,6375355	55,15938387	1482,861875
Fila 28	4	137,9831529	34,49578823	242,0604624
Fila 29	2	75,68573681	37,8428684	150,590311
Fila 30	2	529,6361017	264,8180508	112899,5251
Fila 31	2	60,30937501	30,1546875	32,31228704
Fila 32	2	73,42156348	36,71078174	19,34727704

ANÁLISIS DE VARIANZA

Origen de las variaciones	*Suma de cuadrados*	*Grados de libertad*	*Promedio de los cuadrados*	*F*	*Probabilidad*	*Valor crítico para F*
Entre grupos	491513,8759	31	15855,28632	2,919678597	4,67119E-05	1,581681317
Dentro de los grupos	477883,147	88	5430,490306			
Total	969397,0229	119				

Anexo 5

Biomasa de las plantas recuperadas.

Tratamientos	Biomasa (g)
A	50,99
A	41,15
A	53,27
A	42,24
B	32,01
B	32,65
B	48,83
B	45,73