

DIVERSIDAD MICROBIOLÓGICA Y FUNCIONALIDAD EDÁFICA EN SUELOS BAJO ESPECIES FORESTALES EN LA PROVINCIA DE LOS RÍOS, ECUADOR

MICROBIOLOGICAL DIVERSITY AND SOIL FUNCTIONALITY IN SOILS UNDER FOREST SPECIES IN LOS RÍOS PROVINCE, ECUADOR

Molina Zamora Lady Diana ^{1*}

¹ Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Maestría en Manejo Forestal Sostenible, Ecuador, Quevedo.
ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-0146-2868>. Correo: ladymolina215@gmail.com

Villanueva Morán Ivanna Anabella ²

² Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Maestría en Manejo Forestal Sostenible, Ecuador, Quevedo.
ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-9843-9444>. Correo: ivannamorán21@gmail.com

Calero Cedeño Dany Isidro ³

³ Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Maestría en Manejo Forestal Sostenible, Ecuador, Quevedo.
ORCID: <https://orcid.org/0009-0003-1089-0000>. Correo: danycalero70@gmail.com

Muñoz Vélez César Alexander ⁴

⁴ Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Maestría en Manejo Forestal Sostenible, Ecuador, Quevedo.
ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-4219-2137>. Correo: cesaralexandermu@outlook.es

Valencia Ferrin Jorge Luis ⁵

⁵ Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Maestría en Manejo Forestal Sostenible, Ecuador, Quevedo.
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5536-4472>. Correo: jorgeluisv43@hotmail.com

* Autor para correspondencia: ladymolina215@gmail.com

Resumen

El objetivo de esta investigación fue caracterizar los microorganismos edáficos asociados a cuatro plantaciones forestales de la provincia de Los Ríos, Ecuador: *Triplaris cumingiana*, *Tectona grandis*, *Gmelina arborea* y *Ochroma pyramidale*. Las muestras de suelo fueron recolectadas durante la época lluviosa, entre

diciembre de 2024 y marzo de 2025, a una profundidad de 0-20 cm. El diseño experimental incluyó cuatro tratamientos y tres repeticiones. Se evaluaron poblaciones bacterianas y fúngicas, así como grupos funcionales proteolíticos, amilolíticos y amonificantes. Los datos fueron transformados a Log10 y analizados mediante ANOVA y prueba de Tukey ($p < 0,05$). Los resultados mostraron diferencias significativas en las poblaciones microbianas según el tipo de plantación forestal. *Ochroma pyramidale* presentó la mayor diversidad fúngica y el crecimiento del género *Penicillium* en la dilución 10^{-5} . Las mayores poblaciones proteolíticas se registraron en *Gmelina arborea* y *Tectona grandis*, mientras que *Gmelina arborea* presentó la mayor actividad amilolítica y *Tectona grandis* destacó por la abundancia de microorganismos amonificantes. Los resultados evidencian la influencia de las especies forestales sobre la dinámica y funcionalidad microbiana del suelo.

Palabras clave: Especies arbóreas, hongos, bacterias, medios de cultivo

Abstract

The objective of this study was to characterize the soil microorganisms associated with four forest plantations in Los Ríos Province, Ecuador: Triplaris cumingiana, Tectona grandis, Gmelina arborea, and Ochroma pyramidale. Soil samples were collected during the rainy season, between December 2024 and March 2025, at a depth of 0–20 cm. The experimental design included four treatments and three replicates. Bacterial and fungal populations, as well as proteolytic, amylolytic, and ammonifying functional groups, were evaluated. Data were transformed to Log10 and analyzed using ANOVA and Tukey's test ($p < 0.05$). The results showed significant differences in microbial populations according to plantation type. Ochroma pyramidale presented the highest fungal diversity and the presence of the genus Penicillium at the 10^{-5} dilution. The highest proteolytic populations were recorded in Gmelina arborea and Tectona grandis, while Gmelina arborea showed the greatest amylolytic activity and Tectona grandis exhibited the highest abundance of ammonifying microorganisms. These findings demonstrate the influence of forest species on soil microbial dynamics and functionality.

Keywords: Tree species, fungi, bacteria, culture media

Fecha de recibido: 04/02/2026

Fecha de aceptado: 25/03/2026

Fecha de publicado: 20/05/2026

Introducción

La deforestación tropical constituye actualmente uno de los principales problemas ambientales a escala mundial, debido a sus efectos negativos sobre la biodiversidad, los ciclos biogeoquímicos y la estabilidad de los ecosistemas, además de generar importantes repercusiones económicas y sociales a largo plazo (Saavedra, 2023). En este contexto, las plantaciones forestales representan una alternativa estratégica para disminuir la

presión sobre los bosques naturales, satisfacer la creciente demanda de productos maderables y contribuir a la conservación ambiental mediante sistemas de producción sostenibles.

En Ecuador, los ecosistemas forestales enfrentan una intensa presión antrópica asociada a la expansión agrícola, explotación maderera, desarrollo industrial y crecimiento poblacional, factores que han contribuido significativamente a la pérdida y degradación de los bosques (Barros, 2024). Particularmente en la región amazónica, la expansión petrolera iniciada en la década de 1970 provocó procesos acelerados de deforestación, alteración ecológica y transformación social de las comunidades locales. Frente a esta problemática, el establecimiento de plantaciones forestales comerciales ha adquirido relevancia como mecanismo para reducir la explotación de bosques primarios y promover el desarrollo económico sostenible.

Entre estas especies destacan *Tectona grandis*, *Gmelina arborea*, *Ochroma pyramidale* y *Triplaris cumingiana*, debido a su importancia comercial y adaptación a las condiciones tropicales del litoral ecuatoriano. El suelo constituye un sistema dinámico y complejo que alberga una elevada diversidad biológica. Un solo gramo de suelo puede contener millones de microorganismos responsables de procesos esenciales como la descomposición de materia orgánica, formación de humus, ciclaje de nutrientes y mantenimiento de la fertilidad del suelo (Tigrero et al., 2026). La microbiota edáfica participa activamente en los ciclos biogeoquímicos y en la disponibilidad de nutrientes para las plantas, desempeñando un papel fundamental en la productividad y estabilidad de los ecosistemas forestales.

Los microorganismos del suelo comprenden bacterias, hongos, actinomicetos, algas, protozoarios y otros grupos microbianos pertenecientes a diferentes dominios biológicos (Velásquez et al., 2024). Estos organismos intervienen en procesos de mineralización, inmovilización y reciclaje de nutrientes, además de influir directamente sobre la estructura y calidad del suelo. Debido a su rápida respuesta frente a cambios físicos, químicos y biológicos del ambiente, las comunidades microbianas han sido ampliamente utilizadas como bioindicadores de la salud del suelo y del estado de conservación de los ecosistemas (Ros et al., 2024).

En este sentido, el estudio de la diversidad y funcionalidad de los microorganismos edáficos asociados a plantaciones forestales permite comprender las interacciones entre las especies arbóreas y la microbiota del suelo, aportando información relevante para el manejo sostenible de sistemas forestales tropicales. Por ello, la presente investigación tuvo como objetivo caracterizar las poblaciones microbianas y los principales grupos funcionales presentes en suelos bajo cuatro especies forestales en la provincia de Los Ríos, Ecuador.

Materiales y métodos

Área de estudio y diseño del muestreo

La investigación se realizó en plantaciones forestales ubicadas en la provincia de Los Ríos, Ecuador, durante la época lluviosa comprendida entre los meses de diciembre y marzo de 2024. Se evaluaron cuatro especies forestales: *Triplaris cumingiana* Fisher y Meyer (Fernán Sánchez), *Tectona grandis* Linn. F. (Teca), *Gmelina arborea* Roxb (Melina) y *Ochroma pyramidale* (Cav. ex Lam.) Urban (Balsa). Las muestras de suelo fueron recolectadas utilizando una pala de desfonde a una profundidad de 0-20 cm. En cada sitio de muestreo se recolectaron diez muestras compuestas por tres submuestras, las cuales fueron almacenadas en refrigeración a 5 °C por un periodo no mayor a 96 horas antes de su análisis microbiológico.

Para el análisis microbiológico, cada muestra de suelo fue procesada de manera independiente mediante diluciones seriadas hasta 10^{-7} . El recuento de bacterias se realizó utilizando Agar Peptona (AP), incubando las cajas Petri entre 24 y 48 horas a 24°C . Para los hongos se utilizó Agar Extracto de Malta (AEM) al 2% suplementado con antibióticos, incubándose durante 5 a 6 días (Guzmán et al., 2015). Las poblaciones microbianas fueron expresadas en unidades formadoras de colonias y propágulos fúngicos por gramo de suelo seco.

La evaluación de los grupos funcionales microbianos incluyó microorganismos proteolíticos, amonificantes y amilolíticos, utilizando el método del Número Más Probable (NMP). Para ello se emplearon medios de cultivo específicos y periodos de incubación diferenciados para bacterias y hongos. Además, la identificación de microorganismos se realizó mediante características morfológicas, tinción de Gram, prueba de catalasa y observación microscópica de estructuras fúngicas utilizando claves taxonómicas especializadas.

El experimento se estructuró bajo un diseño completamente al azar con cuatro tratamientos y tres repeticiones, donde cada tratamiento correspondió al suelo de una plantación forestal diferente. Los datos obtenidos fueron transformados a Log_{10} y sometidos a análisis de varianza (ANOVA) utilizando el programa estadístico Rstudio para Windows. Cuando se detectaron diferencias estadísticas significativas, se aplicó la prueba de comparación de medias de Tukey con un nivel de significancia de $p < 0,05$.

Resultados y discusión

Abundancia y diversidad de hongos y bacterias que están asociados a cuatro plantaciones forestales en la provincia de Los Ríos, Ecuador

Abundancia bacteriana

El análisis de varianza (ANOVA) evidenció diferencias estadísticas significativas en la abundancia bacteriana entre los suelos de las especies forestales evaluadas. El suelo asociado a *Triplaris cumingiana* presentó la mayor abundancia bacteriana, alcanzando un valor aproximado de $6,1 \text{ Log}_{10} \text{ UFC g}^{-1}$ de suelo, seguido por *Gmelina arborea* con $5,8 \text{ Log}_{10} \text{ UFC g}^{-1}$ de suelo. Ambos tratamientos compartieron el mismo grupo estadístico (“a”), indicando que no existieron diferencias significativas entre ellos. Por otro lado, los suelos de *Ochroma pyramidale* y *Tectona grandis* registraron las menores poblaciones bacterianas, con valores cercanos a $3,1$ y $2,9 \text{ Log}_{10} \text{ UFC g}^{-1}$ de suelo, respectivamente, perteneciendo al grupo estadístico (“b”). Estos resultados sugieren que las especies forestales influyen de manera significativa sobre la abundancia de bacterias edáficas, posiblemente debido a diferencias en la calidad de la hojarasca, disponibilidad de nutrientes y aporte de materia orgánica al suelo (Figura 1).

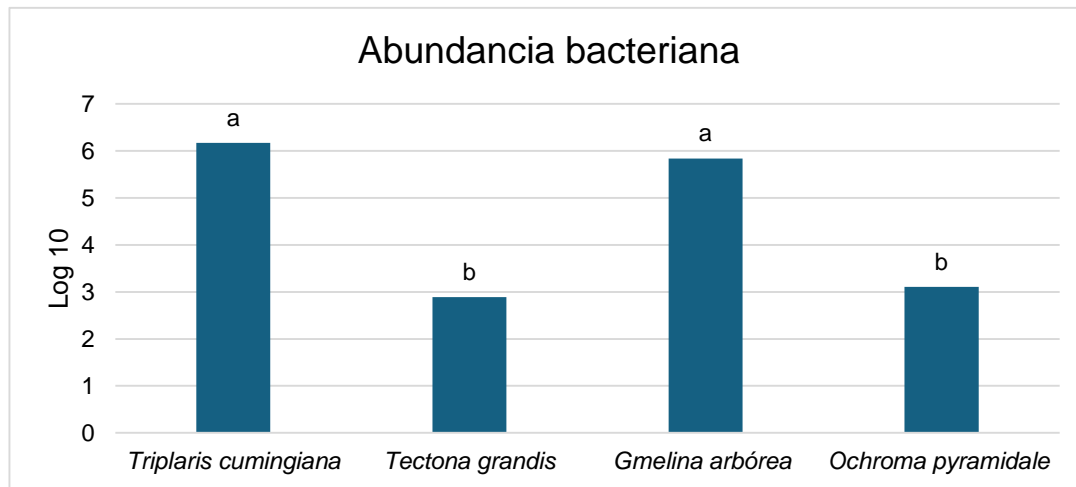


Figura 1. Abundancia bacteriana en suelos bajo cuatro diferentes plantaciones forestales, a las 48 horas después de la inoculación.

Abundancia fúngica

El análisis de varianza (ANOVA) de los datos transformados a Log10 evidenció diferencias estadísticas significativas en abundancia fúngica entre los tratamientos evaluados. A las 48 horas de incubación, el suelo correspondiente a *Ochroma pyramidale* (T4) presentó la mayor cantidad de propágulos fúngicos, con un valor de 5,13 Log10, superando a los demás tratamientos. Los tratamientos correspondientes a *Tectona grandis* (T2), *Triplaris cumingiana* (T1) y *Gmelina arborea* (T3) registraron valores de 4,10; 3,61 y 3,39 Log10, respectivamente, sin presentar diferencias estadísticas significativas entre ellos.

A las 96 horas de incubación, la población fúngica mantuvo una tendencia similar a la observada a las 48 horas, evidenciándose nuevamente diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos. El mayor valor se registró en el tratamiento correspondiente a *Ochroma pyramidale*, con 4,96 Log10 de propágulos fúngicos (Figura 2). Estos resultados sugieren que las condiciones edáficas asociadas a esta especie forestal favorecen el desarrollo y establecimiento de comunidades fúngicas más abundantes.

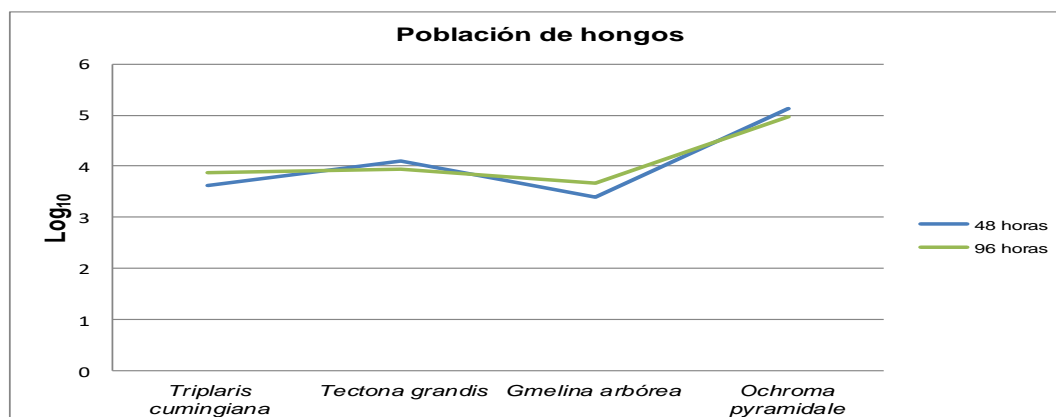


Figura 2. Abundancia fúngica en suelos bajo cuatro diferentes plantaciones forestales, a las 48 y 96 horas después de la inoculación.

Perfil bioquímico y caracterización morfológica de comunidades microbianas asociadas a plantaciones forestales

El perfil bioquímico y la caracterización morfológica de las colonias bacterianas y fúngicas aisladas se presentan en la Figura 3. La tinción de Gram evidenció diferencias en la composición bacteriana entre los sistemas forestales evaluados. Los suelos bajo plantaciones de *Tectona grandis* y *Gmelina arborea* mostraron una mayor proporción de bacterias Gram positivas, con valores de 70 % y 67 %, respectivamente. En contraste, en los suelos asociados a *Ochroma pyramidale* y *Triplaris cumingiana* predominó la presencia de bacterias Gram negativas, con porcentajes de 46 % y 45 %, respectivamente.

En cuanto a la actividad enzimática evaluada mediante la prueba de catalasa, la mayoría de las colonias aisladas presentó reacción positiva en todos los tratamientos. Los mayores porcentajes de actividad catalasa se registraron en los suelos de *Tectona grandis* (72 %), seguido de *Triplaris cumingiana* (68 %), *Gmelina arborea* (67 %) y *Ochroma pyramidale* (59 %). La elevada actividad catalasa observada sugiere comunidades microbianas con alta actividad metabólica y capacidad de tolerar estrés oxidativo, características comúnmente asociadas a microorganismos adaptados a ambientes con intensa descomposición de materia orgánica y elevada actividad biológica.

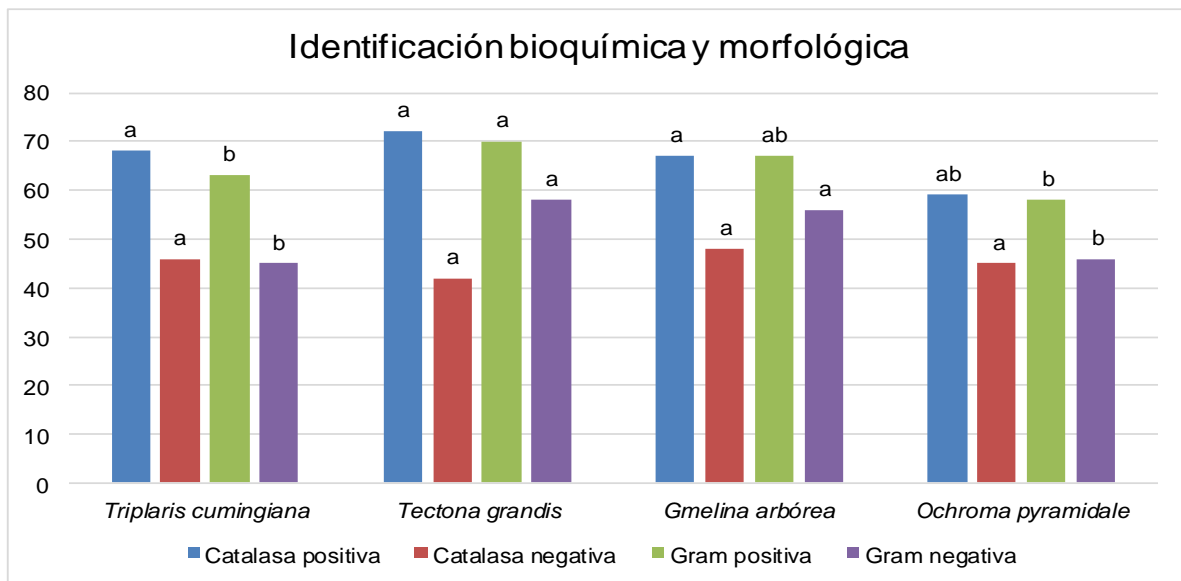


Figura 3. Perfil bioquímico y caracterización morfológica de colonias bacterianas y fúngicas aisladas de suelos bajo cuatro plantaciones forestales comerciales, evaluadas mediante tinción de Gram y prueba de catalasa.

Identificación de hongos del suelo de cuatro plantaciones forestales

Mediante el uso de claves taxonómicas especializadas se identificaron diversos géneros fúngicos presentes en los suelos de los cuatro sistemas de producción forestal evaluados. El suelo asociado a la plantación de *Ochroma pyramidale* presentó la mayor diversidad y abundancia de géneros fúngicos aislados, evidenciando una comunidad microbiana más heterogénea en comparación con los demás tratamientos. En contraste, el suelo bajo *Tectona grandis* registró la menor cantidad de hongos identificados. Estas diferencias podrían estar

relacionadas con variaciones en la composición de la materia orgánica, características fisicoquímicas del suelo y tipo de residuos vegetales aportados por cada especie forestal.

Tabla 1. Diversidad de géneros de hongos encontrados en los suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Plantaciones forestales comerciales	<i>Ambrosiella</i>	<i>Aspergillus</i>	<i>Cephalosporium</i>	<i>Cladosporium</i>	<i>Diplosporium</i>	<i>Epicocum</i>	<i>Idriella</i>	<i>Monilia</i>	<i>Paecilomyces</i>	<i>Penicillium</i>	<i>Phialophora</i>	<i>Rizopus</i>	<i>Stachybotris</i>	<i>Trichoderma</i>
<i>Triplaris cumingiana</i>	x		x				x	x	x	x		x	x	
<i>Tectona grandis</i>		X		x		x					x	x		x
<i>Gmelina arborea</i>	x		x		X	x		x	x	x	x			
<i>Ochroma pyramidale</i>	x	X	x		X	x	x	x	x	x		x	x	x

Principales grupos funcionales bacterianos en cuatro plantaciones forestales

Bacterias proteolíticas

De los sistemas de producción evaluados, el análisis ANOVA determinó la existencia de diferencias estadísticas significativas entre tratamientos, distinguiéndose dos grupos. Los tratamientos *G. arborea* (3,926 Log10) y *T. grandis* (3,748 Log10) fueron los que mostraron las poblaciones más altas, pero se comportaron estadísticamente iguales. Por otra parte, los tratamientos *O. pyramidale* (3,382 Log10) y *T. cumingiana* (2,736 Log10) se comportaron estadísticamente idénticos pero diferentes a los dos anteriores, y mostraron las poblaciones más bajas (figura 4).

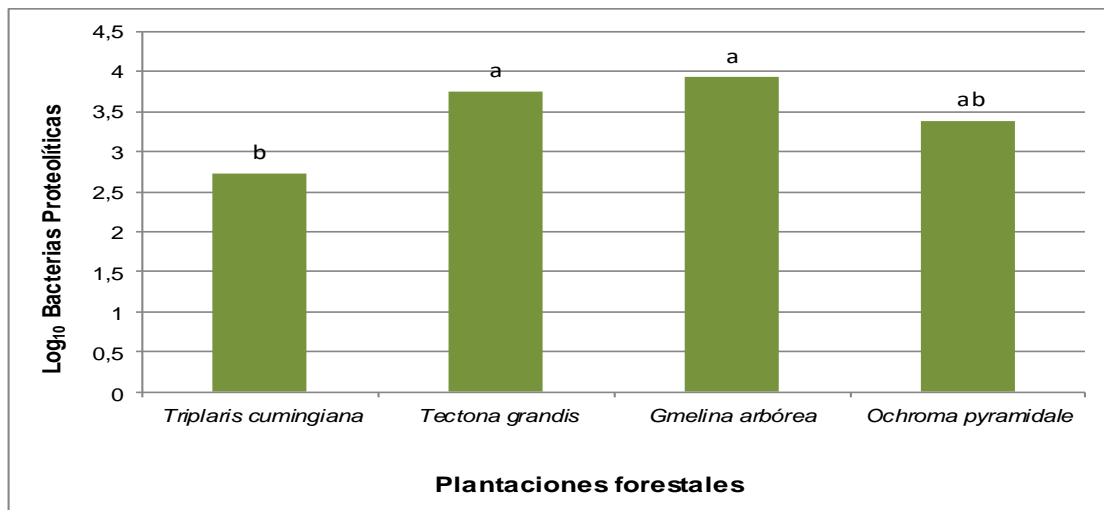


Figura 4. Bacterias proteolíticas, aisladas desde suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Bacterias amilolíticas

El análisis de varianza (ANOVA) evidenció diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos evaluados para las poblaciones bacterianas amilolíticas. El suelo bajo la plantación de *Gmelina arborea* presentó la mayor población bacteriana amilolítica, con un valor de 4,787 Log10, diferenciándose estadísticamente del tratamiento correspondiente a *Tectona grandis*, el cual registró la menor población con 3,721 Log10 (Figura 5). Estos resultados sugieren que las condiciones edáficas asociadas a *Gmelina arborea* favorecen una mayor actividad microbiana relacionada con la degradación de compuestos amiláceos.

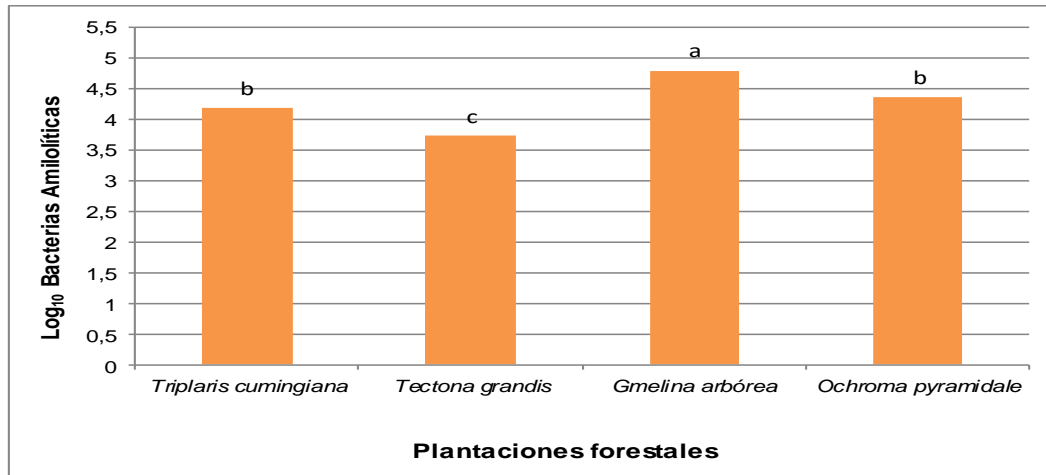


Figura 5. Bacterias amilolíticas, aisladas desde suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Bacterias amonificantes

La Figura 6 muestra las poblaciones bacterianas amonificantes presentes en los suelos de las cuatro plantaciones forestales evaluadas. El análisis de varianza (ANOVA) evidenció diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos. El suelo bajo la plantación de *Tectona grandis* presentó la mayor población bacteriana amonificante, con un valor de 6,981 Log10, superando estadísticamente a los demás tratamientos. Por su parte, los suelos asociados a *Ochroma pyramidale* y *Triplaris cumingiana* registraron valores de 5,382 y 5,354 Log10, respectivamente, sin diferencias estadísticas significativas entre ellos. En contraste, la menor población bacteriana amonificante se observó en el suelo bajo *Gmelina arborea*, con un valor de 4,173 Log10. Estos resultados indican que las condiciones edáficas asociadas a *Tectona grandis* favorecen una mayor actividad microbiana relacionada con los procesos de amonificación y transformación del nitrógeno en el suelo.

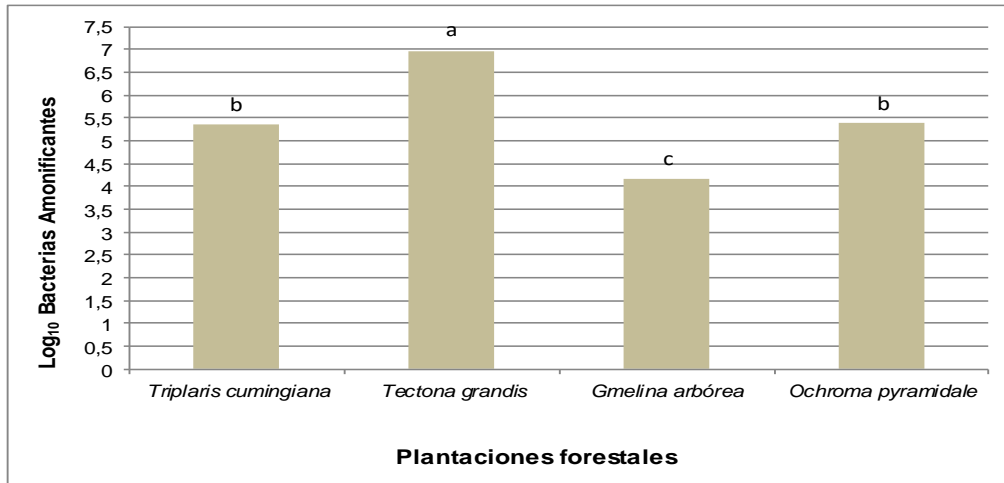


Figura 6. Bacterias amonificantes, aisladas desde suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Hongos proteolíticos

Los datos obtenidos de la población fúngica proteolítica encontrada en suelos de los sistemas de producción muestreados y analizados mediante el ANOVA demostraron diferencias estadísticas significativas entre tratamientos. El tratamiento suelo procedente de una plantación de *G. arborea* mostró ser superior estadísticamente frente a los demás tratamientos (5,712 Log₁₀), mientras que la menor población fúngica (3,721 Log₁₀) se obtuvo en el tratamiento suelo procedente de *T. grandis*, aunque estadísticamente fue similar a *O. pyramidale* y *T. cumingiana* (figura 7).

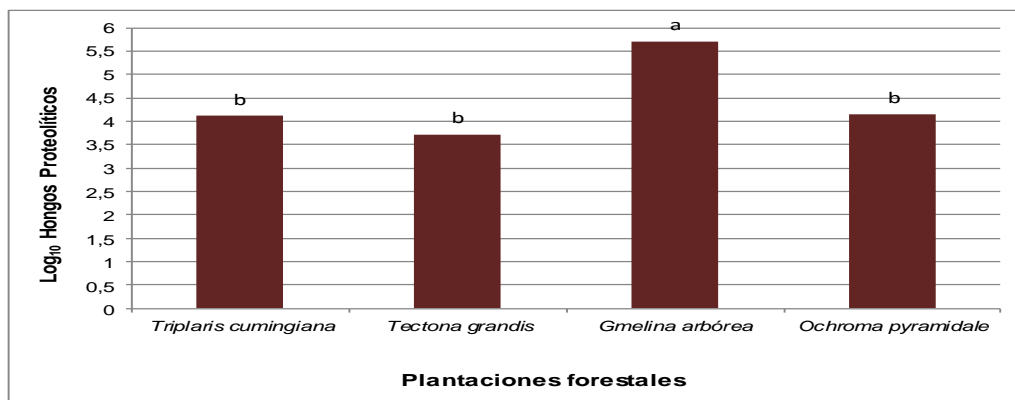


Figura 7. Hongos proteolíticos, aislados desde suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Hongos amilolíticos

La Figura 8 presenta las poblaciones fúngicas amilolíticas registradas en los suelos de las diferentes plantaciones forestales comerciales evaluadas. El análisis de varianza (ANOVA) evidenció diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos. El suelo bajo la plantación de *Gmelina arborea* presentó la mayor población fúngica amilolítica, con un valor de 5,252 Log₁₀, mostrando superioridad estadística respecto a los demás tratamientos. En contraste, la menor población fúngica amilolítica se registró en el suelo asociado a *Ochroma pyramidale*, con un valor de 3,012 Log₁₀. Estos resultados sugieren que las condiciones

edáficas generadas por *Gmelina arborea* favorecen el desarrollo de microorganismos fúngicos con capacidad de degradar compuestos amiláceos presentes en la materia orgánica del suelo.

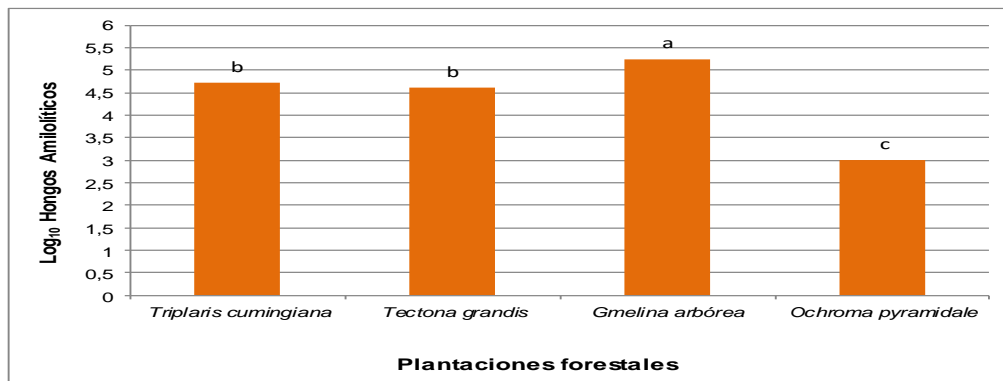


Figura 8. Hongos amilolíticos, aislados desde suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Hongos amonificantes

La Figura 9 muestra las poblaciones fúngicas amonificantes presentes en los suelos bajo los diferentes sistemas de producción forestal evaluados. El análisis de varianza (ANOVA) evidenció diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos. El suelo asociado a *Tectona grandis* presentó la mayor población fúngica amonificante, con un valor de 5,827 Log₁₀, diferenciándose estadísticamente de los demás tratamientos. Por el contrario, la menor población fúngica amonificante se registró en el suelo bajo *Gmelina arborea*, con un valor de 3,595 Log₁₀. Estos resultados indican que las condiciones edáficas generadas por *Tectona grandis* podrían favorecer una mayor actividad microbiana relacionada con los procesos de amonificación y mineralización del nitrógeno orgánico en el suelo.

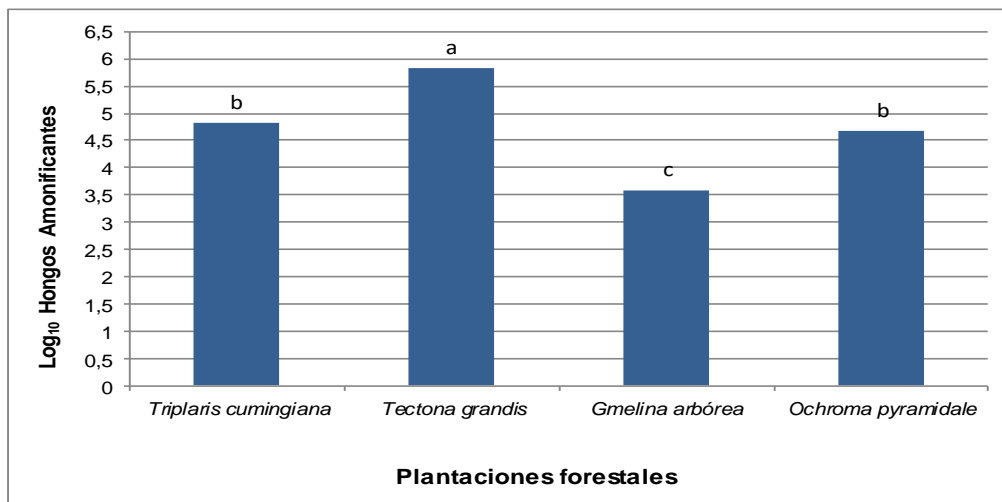


Figura 9. Hongos amonificantes, aislados desde suelos de cuatro plantaciones forestales comerciales.

Discusión

Los resultados obtenidos evidenciaron que las especies forestales ejercen una influencia significativa sobre la abundancia y funcionalidad de las comunidades microbianas del suelo. Según Coy (2017), las mayores poblaciones bacterianas registradas en los suelos bajo *Gmelina arborea* podrían estar asociadas a una mayor incorporación de residuos orgánicos fácilmente degradables y a condiciones edáficas favorables para el desarrollo microbiano. Diversos estudios han demostrado que la calidad de la hojarasca, el contenido de carbono orgánico y la disponibilidad de nutrientes modifican la composición y actividad de las comunidades bacterianas y fúngicas en ecosistemas forestales tropicales (Vallejo, 2013).

La elevada diversidad y abundancia fúngica observada en los suelos asociados a *Ochroma pyramidale* sugiere que esta especie forestal genera condiciones microambientales favorables para el establecimiento de comunidades fúngicas saprófitas. Estudios realizados en bosques tropicales han señalado que las comunidades fúngicas responden rápidamente a variaciones en la calidad de la materia orgánica, humedad y disponibilidad de nutrientes, desempeñando un papel clave en la descomposición de residuos vegetales y en el reciclaje de carbono y nitrógeno (Murugan *et al.*, 2014). Asimismo, la presencia de *Penicillium* en altas diluciones podría indicar una elevada capacidad competitiva y adaptación ecológica de este género en ambientes con disponibilidad limitada de sustratos, aunque algunos representantes del género también han sido reportados como potenciales fitopatógenos oportunistas (Bonner *et al.*, 2020).

La predominancia de bacterias Gram positivas en los suelos bajo *Tectona grandis* y *Gmelina arborea* podría estar relacionada con una mayor estabilidad ecológica y disponibilidad de compuestos orgánicos complejos. Las bacterias Gram positivas poseen paredes celulares más resistentes y mayor capacidad de tolerar condiciones ambientales adversas, por lo que suelen predominar en ecosistemas forestales con elevada acumulación de materia orgánica y procesos avanzados de descomposición. De igual manera, la elevada actividad catalasa registrada en todos los tratamientos evidencia comunidades microbianas metabólicamente activas y con capacidad de respuesta frente al estrés oxidativo generado durante los procesos de degradación orgánica y respiración microbiana (Lan *et al.*, 2022).

Las mayores poblaciones de microorganismos proteolíticos y amilolíticos observadas en *Gmelina arborea* reflejan una intensa actividad de degradación de compuestos orgánicos nitrogenados y carbohidratos complejos presentes en el suelo. De acuerdo con Gupta (2022) estos grupos funcionales participan activamente en la mineralización de nutrientes y en la disponibilidad de carbono para otros microorganismos y plantas. Investigaciones recientes indican que la composición de las comunidades microbianas y la expresión funcional de genes relacionados con los ciclos biogeoquímicos están fuertemente influenciadas por el tipo de vegetación y la calidad de los residuos orgánicos incorporados al suelo (Xu *et al.*, 2026).

Por otra parte, la elevada abundancia de microorganismos amonificantes en los suelos bajo *Tectona grandis* sugiere una mayor intensidad en los procesos de transformación del nitrógeno orgánico hacia formas minerales disponibles (Vasilyeva *et al.*, 2024). La dinámica de las comunidades microbianas involucradas en el ciclo del nitrógeno constituye un componente esencial para el funcionamiento ecológico y la fertilidad de los ecosistemas forestales tropicales. En este contexto, Mora *et al.* (2025) señalan que las interacciones entre especies arbóreas, microbiota edáfica y disponibilidad de nutrientes determinan cambios significativos en la estructura microbiana y en los procesos de reciclaje de nutrientes del suelo.

Conclusiones

Las diferentes especies forestales evaluadas influyeron significativamente sobre la composición, abundancia y funcionalidad de las comunidades microbianas del suelo. *Gmelina arborea* presentó las mayores poblaciones bacterianas y una elevada actividad de microorganismos proteolíticos y amilolíticos, mientras que *Tectona grandis* destacó por registrar la mayor abundancia de microorganismos amonificantes y una mayor proporción de bacterias Gram positivas y actividad catalasa. Por otra parte, *Ochroma pyramidale* mostró la mayor diversidad y población fúngica, además de la presencia del género *Penicillium* en altas diluciones, lo que podría asociarse con potencial comportamiento patogénico bajo condiciones de baja competencia microbiana. En conjunto, los resultados evidencian que las características edáficas y el tipo de cobertura forestal ejercen una influencia directa sobre la dinámica microbiológica del suelo, afectando procesos fundamentales relacionados con el reciclaje de nutrientes y la funcionalidad ecológica de los ecosistemas forestales.

Referencias

- Barros, C. (2024). Estado actual de la cobertura arbórea de Ecuador y sus regiones naturales. Oportunidades para mejorar los programas de conservación. *Investigatio*, (21).
- Bonner, M. T., Allen, D. E., Brackin, R., Smith, T. E., Lewis, T., Shoo, L. P., & Schmidt, S. (2020). Tropical rainforest restoration plantations are slow to restore the soil biological and organic carbon characteristics of old growth rainforest. *Microbial Ecology*, 79(2), 432-442.
- Coy, V. A. (2017). Identificación de hongos y bacterias asociados al tejido vascular de fustes enfermos de melina (*Gmelina arborea* Roxb) en plantaciones ubicadas en los municipios de Guamo, Armero, Guayabal, Espinal y Venadillo en el departamento del Tolima.
- Gupta, R. (2022). Mineralization of soil carbon, nitrogen, and phosphorus and role of nanofertilizers in soil fertility and plant growth. *Structure and functions of pedosphere*, 393-409.
- Guzmán, Á. M., Zambrano Pazmiño, D. E., Rivera Fernández, R. D., Rondón, A. J., Silva, M. L., & Pérez Quintana, M. (2015). Aislamiento y selección de bacterias autóctonas de Manabí-Ecuador con actividad celulolítica. *Cultivos Tropicales*, 36(1), 7-16.
- Lan, G., Yang, C., Wu, Z., Sun, R., Chen, B., & Zhang, X. (2022). Network complexity of rubber plantations is lower than tropical forests for soil bacteria but not for fungi. *Soil*, 8(1), 149-161.
- Mora, N. C. H., López, M. V., Pérez, J. C. B., Chavarría, J. D. M., Arbeláez, N., Agudelo, C. C. H., ... & Pérez, J. D. M. C. (2025). Comunidades y diversidad biológica en sistemas agrícolas y agroforestales.
- Murugan, R., Beggi, F., & Kumar, S. (2014). Belowground carbon allocation by trees, understory vegetation and soil type alter microbial community composition and nutrient cycling in tropical Eucalyptus plantations. *Soil Biology and Biochemistry*, 76, 257-267.

- Ros, M., Medrano, L., Alguacil, M. D. M., Alejandre, J., Río, G. D., Sacristán, D., ... & Pascual, J. A. (2024). Bioindicadores para el monitoreo de la biodiversidad y los servicios ecosistémicos del suelo. *Ciencia del suelo*, 42(2), 226-235.
- Saavedra, J. A. S. (2023). Impacto de la deforestación en la pérdida del hábitat de vida silvestre amenazada en la Amazonía. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinaria*, 7(2), 915-935.
- Tigrero, S. S., Ramírez-Vargas, D., & Cruzatty, L. G. (2026). El compostaje en agroecología: Efectos sobre la estructura del suelo, la disponibilidad de nutrientes y los microorganismos beneficiosos. *Scientia Agropecuaria*, 17(1), 211-225.
- Vallejo, V. E. (2013). Importancia y utilidad de la evaluación de la calidad de suelos mediante el componente microbiano: experiencias en sistemas silvopastoriles. *Colombia forestal*, 16(1), 83-99.
- Vasilyeva, G. K., Strijakova, E. R., & Ortega-Calvo, J. J. (2024). Remediation of soils polluted by oil industries. *Soil Remediation Science and Technology*, 191-234.
- Velázquez, A., Quiñones-Aguilar, E. E., Gutiérrez-Vázquez, E., Gómez-Dorantes, N., Rincón-Enríquez, G., & López-Pérez, L. (2024). Los Microorganismos del Suelo y su Relación Eterna con las Plantas: Soil Microorganisms and their Eternal Relationship with Plants. *Biotechnología y Sustentabilidad*, 9(1), 56-68.
- Xu, H., Guo, J., Chen, C., Pang, Z., Zhang, G., Zhang, W., ... & Shao, X. (2026). Metagenomics reveals the functional profiles of soil microorganisms and nutrient cycling under long-term grass vegetation cropping. *Current Research in Microbial Sciences*, 100583.