

Fecha de recibido: 30-05-2025

Fecha de aceptado: 08-12-2025

DOI: 10.22490/21456453.9953

MICROORGANISMOS ASOCIADOS A LA RIZOSFERA DE PLANTAS DE CAFÉ: DIVERSIDAD, FUNCIONES Y PERSPECTIVAS PARA LA AGRICULTURA SOSTENIBLE

MICROORGANISMS ASSOCIATED WITH THE RHIZOSPHERE OF COFFEE PLANTS: DIVERSITY, ROLES AND PERSPECTIVES FOR SUSTAINABLE AGRICULTURE

David Alberto Portillo Benavides¹

Stephany Hurtado-Clopatosky²

Diego Andrés Abril Herrera³

Citación: Portillo Benavides D., Hurtado-Clopatosky S. y Abril Herrera D. (2026).
Microorganismos asociados a la rizosfera de plantas de café: diversidad, funciones y perspectivas
para la agricultura sostenible. *Revista de Investigación Agraria y Ambiental*, 17(2), 77-119.
<https://doi.org/10.22490/21456453.10040>

¹Magíster en Ciencias biológicas, Universidad de Cundinamarca, Fusagasugá,
Colombia. dportillo@ucundinamarca.edu.co

²Magíster en Ciencias Agrarias, Universidad de Cundinamarca, Fusagasugá, Colombia.
shurtadoc@ucundinamarca.edu.co

³Magíster en Ciencias Pecuarias, Universidad de Cundinamarca, Fusagasugá,
Colombia. adiego@ucundinamarca.edu.co

RESUMEN

Contextualización: La rizosfera, al ser un área de suelo muy cercana a la raíz, está directamente influenciada por las plantas que crecen en él y por los diferentes compuestos que exudan. El cultivo del café tuvo sus inicios entre los siglos XV y XVI, desde entonces es apreciado alrededor del mundo, y alcanza una producción estimada de 10 millones de toneladas. Esto requiere extensas áreas dedicadas a su producción que generan impactos significativos a nivel ambiental, económico y social.

Vacío de conocimiento: Aunque el café es de importancia agronómica y se cultiva en muchos países del mundo, el microbioma rizosférico ha sido poco explorado y hace falta una visión general de los factores que influyen sobre su composición, además, es importante caracterizar sus posibles funciones y aplicaciones para el manejo del cultivo.

Propósito: Con este trabajo se pretende analizar las dinámicas microbianas en la rizosfera de café y sus implicaciones en el manejo del cultivo, con miras al establecimiento de modelos de producción sostenibles.

Metodología: Se recopiló información del cultivo del café enfocada en los diferentes microorganismos presentes en su rizosfera. Mediante una revisión sistemática de documentos indexados en bases de datos científicas reconocidas, como Scopus, Scielo, Science Direct, SpringerLink y Web of Science, y a partir de los documentos seleccionados según los criterios establecidos, se realizó un análisis narrativo.

Resultados y conclusiones: Se analizaron los factores que influyen la diversidad de la población de microorganismos en la rizosfera del café, así como la especie de café establecida en el sitio, las condiciones geográficas, las características fisicoquímicas del suelo y el tipo de manejo del cultivo. Con estos resultados fue posible inferir que la composición de la población de microorganismos rizosféricos es modulada con un complejo conjunto de factores que regulan la interacción planta- microorganismos.

Palabras clave: microorganismo, nutrientes, bacteria, hongo, efectos de las actividades humanas.

ABSTRACT

Contextualization: The rhizosphere, being an area of soil very close to the root, is directly influenced by the plants growing in it and by the different compounds they exude. The cultivation of coffee began between the 15th and 16th centuries and has since been appreciated around the world, and reaching an estimated production of 10 million tons. This requires extensive areas dedicated to coffee production that generate significant environmental, economic and social impacts.

Knowledge gap: Although coffee cultivation is of agronomic importance and is grown in many countries around the world, the rhizospheric microbiome remains understudied and an overview of the factors that influence its composition is lacking. In addition, it is important to characterize its possible functions and applications for crop management.

Objective: To analyze the microbial dynamics in the rhizosphere of the coffee plant and its implications for crop management, with a view to establishing sustainable production models.

Methodology: Information was collected on coffee cultivation focusing on the different microorganisms present in its rhizosphere. A narrative analysis was performed through a systematic review of documents indexed in recognized scientific databases such as Scopus, Scielo, ScienceDirect, SpringerLink and Web of Science, and based on the documents selected according to the established criteria.

Results and conclusions: The factors that influence the diversity of the population of microorganisms in the rhizosphere of the coffee plant were analyzed, as well as the coffee species established at the site, the geographical conditions, the physicochemical characteristics of the soil and the type of crop management. Based on these results it was possible to infer that the composition of the rhizospheric microorganism population is modulated by a complex set of factors that regulate the plant-microorganism interactions.

Keywords: Microorganism, nutrients, bacteria, fungus, effects of human activities.

RESUMEN GRÁFICO

1. POSICIÓN GEOGRÁFICA

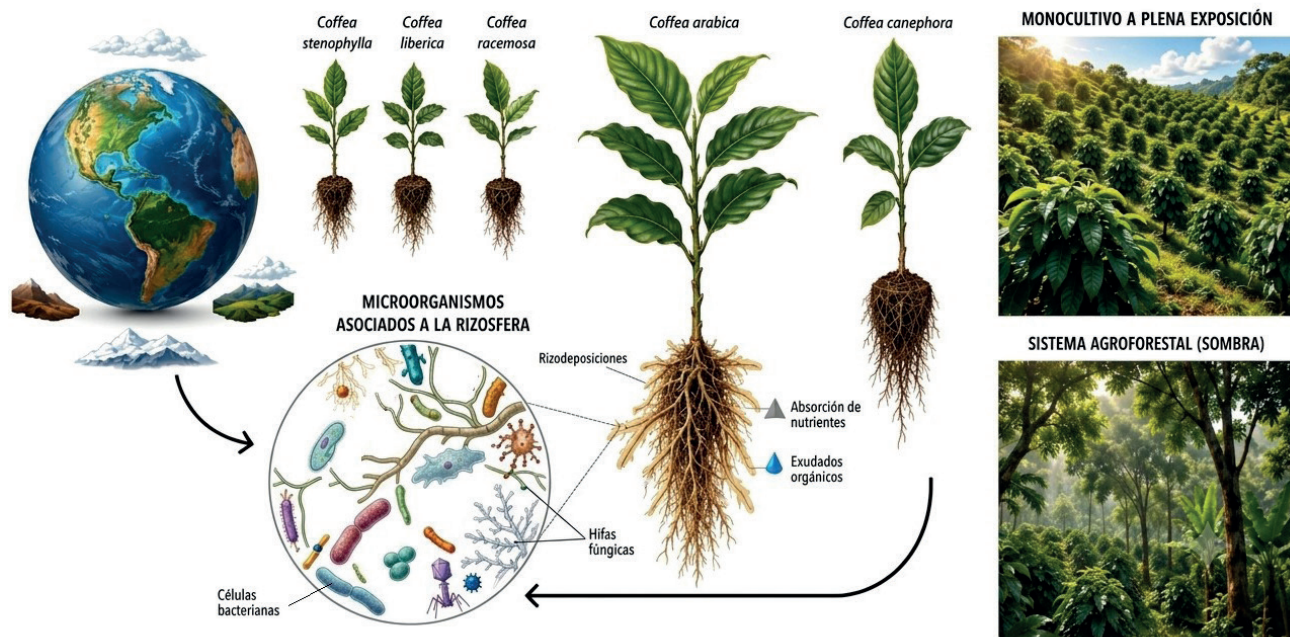
La altitud, el clima y el sitio determinan el desarrollo tanto de cultivo de café, como de los microorganismos, así como su interacción.

2. VARIEDAD

Cada variedad/genotipo de café presenta diferencias en su crecimiento, morfología y relación con la rizosfera.

3. TIPOS DE MANEJO

El manejo del cultivo afecta las condiciones edafoclimáticas y la configuración de la comunidad microbiana.



Fuente: autores.

1 INTRODUCCIÓN

El café es un cultivo ampliamente distribuido a nivel mundial, existen 103 especies en el género *Coffea* (Davis et al., 2006), en Colombia se destacan las variedades de *Coffea arabica*, *Coffea canephora* y *Coffea liberica* (Davis et al., 2006). Los productos obtenidos a partir de este cultivo tienen componentes como la cafeína, ácido cafeico, ácidos clorogénicos, cafestol, ácido ferúlico y kahweol, que exhiben propiedades antioxidantes, antiinflamatorias y anticancerígenas (Islam et al., 2018). Además, su uso se ha ampliado a diversas aplicaciones en

las industrias alimentaria, cosmética y farmacéutica (Patay et al., 2016). La economía relacionada con este sector se ha enfrentado a retos como la vulnerabilidad económica de los agricultores y las preocupaciones medioambientales, lo que ha provocado un aumento de la demanda de café sostenible (Silva et al., 2019). La sostenibilidad del café se ha convertido en un tema de investigación cada vez más importante, sobre todo en los principales países productores, como Brasil, Vietnam, Uganda y Colombia (Campos Trigo et al., 2021). El enfoque sostenible

relacionado con el uso de microorganismos en el cultivo ha tenido gran auge en los últimos años, puesto que se ha demostrado que estos pueden mejorar la productividad sin afectar el medio ambiente (Singh et al., 2020). Por lo tanto, comprender la ecología de la rizosfera y las interacciones entre plantas y microorganismos es crucial para desarrollar prácticas agrícolas sostenibles y técnicas de restauración ecológica (Halder & Sengupta, 2015).

El factor que puede tener una mayor influencia en la relación de los microorganismos y la plantas es la rizosfera. Esta es una región del suelo influenciada por las raíces, caracterizada por complejas interacciones bioquímicas entre plantas, suelo y microorganismos (Broeckling et al., 2019). Este es un espacio dinámico en el cual pueden influir diversos factores, como las especies vegetales, la arquitectura de las raíces, las propiedades del suelo y la diversidad microbiana (Broeckling et al., 2019). Las plantas modifican su rizosfera a través de la absorción de nutrientes, la exudación radicular y la rizodeposición, afectando las características químicas, físicas y biológicas del suelo (El-Shatnawi & Makhadmeh, 2001). Estos

cambios influyen en la composición y diversidad de la comunidad microbiana, que a su vez afecta al crecimiento, desarrollo y disponibilidad de nutrientes (Halder & Sengupta, 2015). Adicionalmente, el microbioma de la rizosfera puede afectar al equilibrio hormonal de las plantas, la actividad enzimática y la competencia con otras plantas (El-Shatnawi & Makhadmeh, 2001). Así mismo, se ha encontrado que el microbioma de la rizosfera puede contribuir a la sanidad de las plantas al combatir a los patógenos o mejorar la respuesta de defensa de estas (Li et al., 2021). Actualmente, se ha empezado a desarrollar una mayor cantidad de investigaciones en esta área; hasta el momento, se está empezando a generar un mayor interés en cultivos como el café, por tanto, hay poco conocimiento del microbioma en estas plantas. Este artículo tiene como objetivo hacer una revisión con los principales grupos de hongos y bacterias reportados en cultivos de café, además, del impacto que pueden llegar a tener el tipo de manejo en la diversidad y las perspectivas a futuro para impulsar el desarrollo de una agricultura productiva y sostenible en los cultivos de café.

2 MATERIALES Y MÉTODOS

Se recogió información actualizada sobre el cultivo del café que describe los principales microorganismos asociados a su rizosfera, su papel en la agricultura y el medio ambiente. Por medio de una revisión sistemática de documentos científicos presentes en bases de datos reconocidas, como Scopus

(54 registros), Scielo (4 registros), Science Direct (355 registros), Springer Nature Link (263 registros) y Web of Science (62 registros), utilizando como términos de búsqueda “Rhizosphere” AND “coffea”. Se consultaron textos en inglés y en español, estableciendo como criterios de selección: publicaciones

entre 2015 y 2025, acceso a texto completo y estudios sometidos a revisión por pares (Figura 1). A partir de los artículos seleccionados, se identificaron las regiones donde se han reportado investigaciones sobre esta temática, así como los géneros de hongos y bacterias con mayor abundancia. Con los datos recolectados se elaboraron matrices, que posteriormente fueron procesadas en la plataforma RStudio para la construcción de las figuras. Para la figura 2, se incluyeron 41

artículos (datos suplementarios 1) y se utilizó la librería ggplot para construir el mapa. Los mapas de calor se generaron a partir de los 20 géneros bacterianos y 20 fúngicos más abundantes registrados en los artículos, utilizando las librerías heatmap. Finalmente, con base en esta información, se discutieron las principales funciones y aplicaciones reportadas para los géneros de bacterias y hongos predominantes, así como su posible uso en el manejo del cultivo.

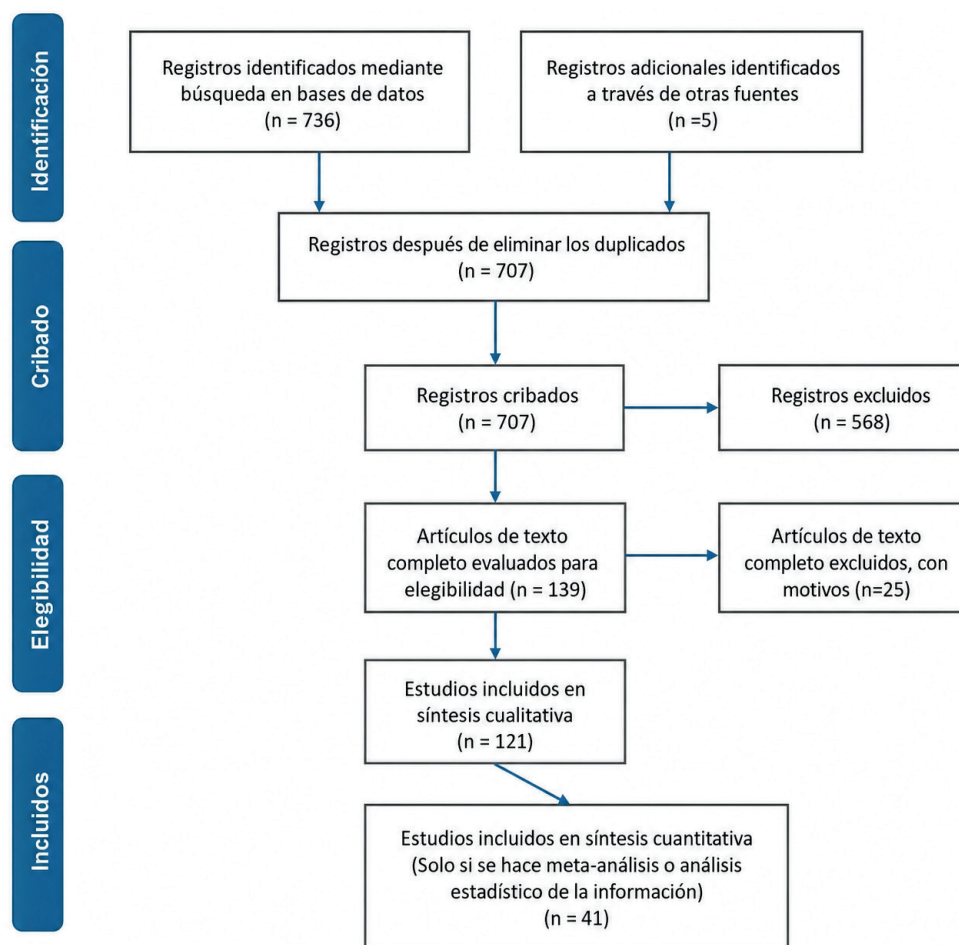


Figura 1. Diagrama de flujo Prisma 2009 para revisiones sistemáticas

Fuente: adaptado de Moher et al., 2009.

3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Regiones con investigaciones de la microbiota en el cultivo de café a nivel mundial

El café es uno de los cultivos de mayor impacto en la economía mundial. Esto ha llevado a que diversos países se especialicen en su producción, lo que a su vez ha impulsado un incremento significativo en las investigaciones relacionadas con este cultivo (Figura 2). Brasil se destaca como uno de los principales productores de café en el mundo, situación que se refleja en la abundancia de estudios científicos sobre este cultivo. De los artículos de investigación consultados, la mayoría provenían de este país, donde las investigaciones no solo abordan la composición de la comunidad microbiana, sino también el impacto de diferentes prácticas de cultivo en la diversidad y estructura microbiana (de Sousa et al., 2022; Araújo et al., 2020; de Sousa et al., 2023; Veloso et al., 2023; Andrade et al., 2023; Bresciani et al., 2024; Moreira et al.,

2018; Bullergahn et al., 2024; Al-Areqi et al., 2013; Kutos et al., 2024). Países como China (Zhao et al., 2018; Ge et al., 2023; Wang et al., 2023; Zhao et al., 2023; Sun et al., 2024; Wu et al., 2025), Colombia (Bez et al., 2023; Solis et al., 2023; Kutos et al., 2024; Ochoa-Henriquez et al., 2024), Indonesia (Kartika et al., 2019; Yusuf et al., 2021; Suharjono & Yuliatin, 2022; Hindersah et al., 2023; Farha et al., 2024), Etiopía (Muleta et al., 2021; Teshome et al., 2017; Bez et al., 2023), y México (Carrasco-Espinosa et al., 2022; Jasso-Arreola et al., 2025; Morales-Ruiz et al., 2025) reportan entre tres y seis investigaciones. Entre los países que reportan al menos un estudio se encuentran Vietnam (Duong et al., 2021; Tran et al., 2022), Burundi (Bez et al., 2023), Italia (Bez et al., 2023), Yemen (Al-Areqi et al., 2013), El Salvador (Rao et al., 2020; Kutos et al., 2024), Nicaragua (Jurburg et al., 2020), Filipinas (Navarro et al., 2023), Perú (Kutos et al., 2024), India (Kejela et al., 2016) y Mozambique (Tapaca et al., 2024).

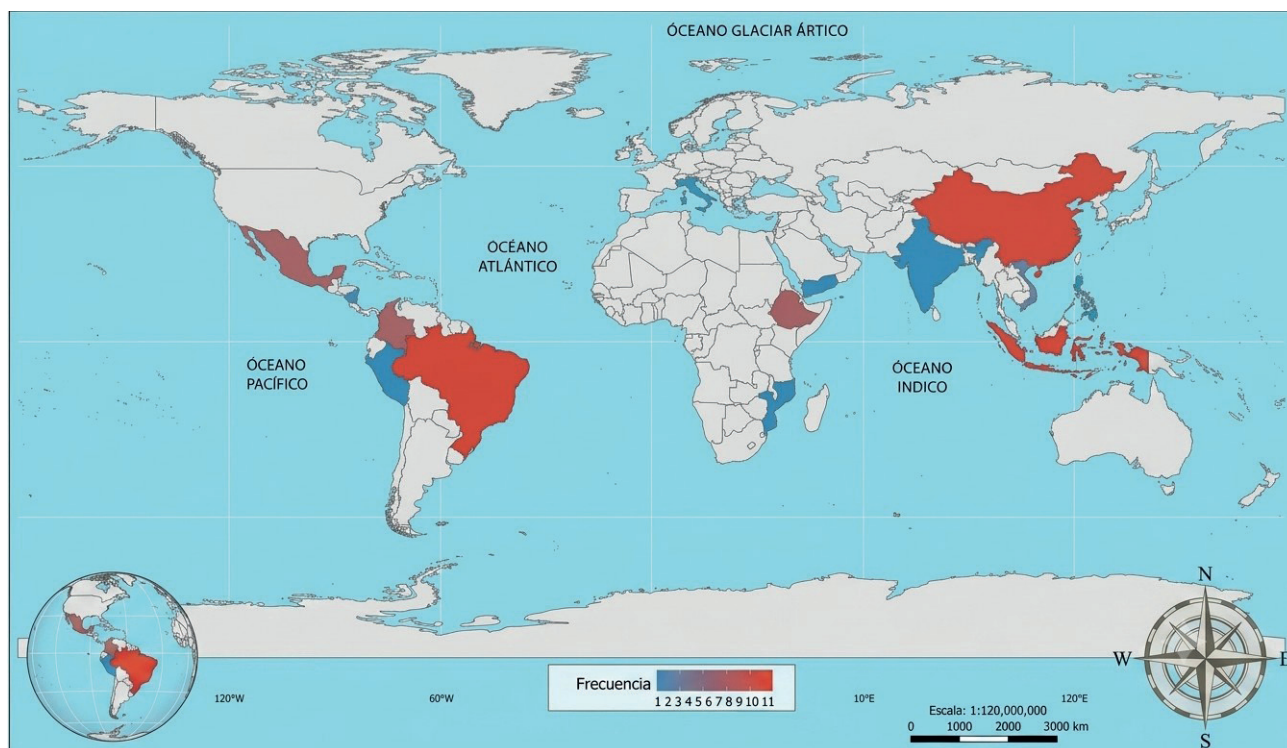


Figura 2. *HeatMaps* de la distribución de investigaciones realizadas en diferentes países a nivel mundial

Fuente: autores.

Microorganismos reportados para cultivos de café

El suelo se caracteriza por presentar una gran abundancia y diversidad de bacterias. Estas pueden analizarse mediante el aislamiento en medios de cultivo específicos o a través de estudios metataxonómicos y/o metagenómicos (Jan-Roblero et al., 2024; Shayanthan et al., 2022). Para la caracterización taxonómica de bacterias aisladas, se utiliza comúnmente el gen 16S rRNA, debido a su alta precisión para identificar organismos hasta el nivel de especie. En el caso de los hongos, el marcador más empleado es la región hipervariable ITS (Internal Transcribed Spacer); sin embargo, cuando se re-

quiere una clasificación más detallada, la región TEF1- α resulta más adecuada (Renzi et al., 2023; Oliveira et al., 2024).

En los análisis metataxonómicos, el gen más utilizado es también el 16S rRNA o algunas de sus regiones, como V3–V4. La información obtenida permite evaluar la estructura de la comunidad microbiana, así como los cambios en la diversidad alfa y beta (Jiang et al., 2021; Oliveira et al., 2022). Por su parte, los estudios metagenómicos han sido menos desarrollados, debido a su mayor costo. En este enfoque se secuencian todo el material genómico presente, lo que permite lograr una mayor resolución filogenética al utilizar múltiples marcadores moleculares y, adicionalmente, acceder a genes funcionales

con los cuales es posible reconstruir rutas metabólicas (Bekele et al., 2025). En la revisión realizada para este estudio, se encontró que el 66 % de los artículos (27 estudios) emplean la metataxonómica, mientras que el 34 % (14 estudios) analizan la microbiota a partir de aislamientos en laboratorio. Es importante destacar que ambas aproximaciones poseen enfoques distintos dentro de la ecología microbiana y ofrecen alcances biotecnológicos complementarios; por lo tanto, no existe una técnica “mejor” que otra, sino que su pertinencia depende de la pregunta de investigación.

Uno de los aspectos clave para estudiar la diversidad de la microbiota asociada a los cultivos de café es la especie vegetal evaluada. A nivel mundial, las especies de mayor relevancia comercial son *Coffea arabica* y *Coffea canephora* (Razafinarivo et al., 2013; Sattler et al., 2022). *C. arabica* concentra la mayoría de las investigaciones con un 53 %, seguida de *C. canephora* con un 24 %. Solo unos pocos estudios han analizado el impacto de la comunidad microbiana en otras especies (Andrade et al., 2023; Bez et al., 2023; de Sousa et al., 2023; Veloso et al., 2023). Otras especies en las que se han realizado investigaciones encaminadas a comprender la estructura de la comunidad bacteriana y fúngica incluyen *Coffea stenophylla*, *Coffea racemosa* y *C. liberica* (de Sousa et al., 2022; Navarro et al., 2023). Algunos trabajos han comparado cómo cambia la biodiversidad

microbiana de la rizosfera según la especie, considerando que esta puede variar en función de las características propias de la planta y de las condiciones ambientales del sitio de crecimiento (Brtnicky et al., 2021; Ling et al., 2022; Pantigoso et al., 2022).

La figura 3 muestra la variabilidad de los géneros bacterianos asociados a la rizosfera del café reportados en distintos países productores. Se observa que géneros como *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Mycobacterium* y *Sphingomonas* presentan una alta frecuencia en múltiples regiones, lo que sugiere que podrían constituir parte del núcleo microbiano rizosférico del café a escala global, dado su papel en procesos como la solubilización de nutrientes, la promoción del crecimiento vegetal y la supresión de patógenos (Walsh et al., 2019; Chopra et al., 2020; Asaf et al., 2020; Sutariati et al., 2020). En contraste, géneros como *Reyranella*, *Chujaibacter*, *Granulicella* o *Haliangium* aparecen de manera más localizada, lo que indica una fuerte influencia de factores edafoclimáticos, prácticas de manejo y condiciones agroecológicas en la composición microbiana (Kalam et al., 2020; Behnke et al., 2021; Villamil et al., 2021). En conjunto, estos patrones reflejan la complejidad y diversidad de la comunidad bacteriana rizosférica del café y subrayan la importancia de comprender estas interacciones para mejorar la salud del cultivo, la eficiencia nutricional y la sostenibilidad de los sistemas productivos.

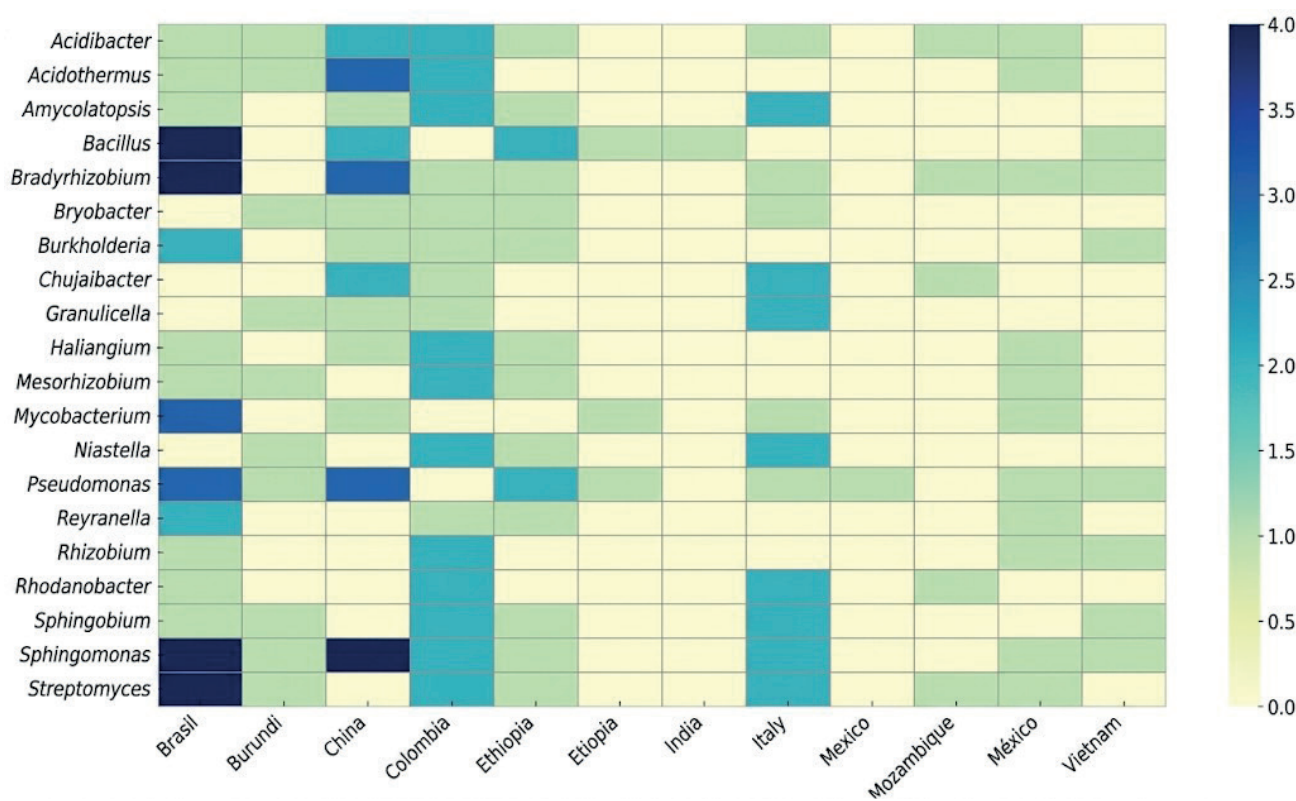


Figura 3. Diagrama de calor (*heatmap*) que muestra la frecuencia de reportes en la literatura consultada sobre géneros bacterianos detectados en distintos países productores de café

Fuente: autores.

Bacterias comunes en la rizosfera del café: diversidad funcional y ecológica

La rizosfera del café constituye un entorno microbiano altamente dinámico, donde interactúan comunidades bacterianas que contribuyen significativamente al reciclaje de nutrientes, la promoción del crecimiento vegetal y la protección frente a patógenos. En esta sección se presentan las características funcionales de los géneros bacterianos más comúnmente reportados en estudios sobre suelos rizosféricos asociados a este cultivo, enfatizando su diversidad metabólica y ecológica.

Bacterias involucradas en la movilización y transformación de nutrientes

Diversos géneros bacterianos presentes en la rizosfera del café participan activamente en la transformación y disponibilidad de nutrientes esenciales. *Acidothermus* se caracteriza por la producción de ácidos orgánicos, los cuales influyen directamente en la solubilización de minerales del suelo (Drever & Stillings, 1997; Richter et al., 2007). En un sentido similar, *Chujaibacter* ha sido reportado con alta capacidad para remover fósforo y nitrógeno en los sistemas donde habita; es un bacilo aerobio típico de suelos

cafetaleros, donde también se asocia a bajos valores de pH y altos contenidos de materia orgánica disuelta (Xin et al., 2021; Zhang et al., 2023b; Behnke et al., 2021; Villamil et al., 2021).

Por su parte, *Dyella* es un género de bacterias gramnegativas, aeróbicas y copiótrofas es decir, que proliferan en condiciones de alta disponibilidad de nutrientes, con un notable potencial celulolítico. Su actividad está estrechamente vinculada con la transformación de carbono y la formación de carbono orgánico disuelto, lo cual impacta la dinámica del carbono en los suelos rizosféricos (Guo et al., 2016; Weon et al., 2009; Su et al., 2020). De manera complementaria, *Edaphobaculum*, una bacteria gramnegativa estrictamente aerobia, ha sido reportada tanto en suelos de pasturas como de café. Este género es altamente sensible a los cambios ambientales, por lo que su reducción puede ser un indicador de fatiga en suelos agrícolas. Además, se ha descrito la presencia de genes funcionales asociados a ciclos biogeoquímicos (Cao et al., 2017; Kruczyńska et al., 2023; Zhao et al., 2022).

Dentro del filo Acidobacteria, el género *Granulicella* destaca por su metabolismo quimiorganótrofo y su capacidad de producir exopolisacáridos, lo que le permite adherirse a partículas del suelo y generar microambientes favorables para el crecimiento vegetal. Asimismo, produce ácido indolacético y sideróforos, compuestos asociados a la promoción del crecimiento de las plantas (Kalam et al., 2020; Oshkin et al., 2019; Costa et al., 2020).

Géneros asociados a la fijación y transformación del nitrógeno

El ciclo del nitrógeno en la rizosfera del café involucra una amplia gama de bacterias con diferentes estrategias metabólicas. Entre ellas, *Bradyrhizobium* y *Mesorhizobium* son ampliamente reconocidos por su capacidad de formar asociaciones simbióticas con leguminosas y fijar nitrógeno atmosférico (Jones et al., 2016; Sugawara et al., 2011; Vaninsberghe et al., 2015; Colombi et al., 2023; Zhang et al., 2023a). Además, *Mesorhizobium* presenta funciones complementarias, como la producción de ácido indolacético, sideróforos y la solubilización de potasio (Knežević et al., 2022; Menéndez et al., 2020; Muleta et al., 2021). *Rhizobium*, otro género simbiote, también desempeña un papel fundamental en la fijación biológica del nitrógeno. Estas bacterias pueden producir vitaminas, aminoácidos, sideróforos y auxinas, contribuyendo al desarrollo vegetal en diversos sistemas agrícolas (Mng'ong'o et al., 2023; Purwaningsih et al., 2021).

Por otro lado, *Rhodobacter* participa en procesos de desnitrificación, transformando los nitratos en óxidos de nitrógeno y reduciendo así la pérdida de este elemento hacia cuerpos de agua cercanos (Green et al., 2012; Kostka et al., 2012). A nivel de oxidación del amonio, *Nitrospira* cumple un papel esencial, ya que está asociada con la nitrificación en suelos agrícolas altamente fertilizados. Estas bacterias pertenecen al complejo comammox, responsable de la oxidación completa del amonio a nitrato (Han et al., 2017; Li et al., 2019; Lu et al., 2020).

Bacterias con potencial biocontrolador y actividad antimicrobiana

Algunas bacterias rizosféricas del café presentan características que las convierten en agentes de biocontrol contra hongos fitopatógenos o microorganismos competidores. El género *Amycolatopsis*, también dentro del filo Acidobacteria, produce compuestos antifúngicos con potencial de controlar *Fusarium graminearum* en ecosistemas tipo milpa en México (Khalil et al., 2017; Mertz & Yao, 1993; Cabrera et al., 2020). Chitinofaga, por su parte, posee hábitos quitinolíticos, degradando la quitina, principal componente de los hongos, y liberando moléculas nitrógenadas. Este proceso ha motivado su uso como agente de control biológico frente a hongos fitopatógenos (Sharma et al., 2020; Ahmad et al., 2022; Kim et al., 2023).

El género *Haliangium*, perteneciente al grupo de las mixobacterias, se caracteriza por su comportamiento depredador. Una especie representativa, *Haliangium ochraceum*, ha demostrado capacidad para inhibir el crecimiento de *Fusarium* en ensayos de laboratorio, lo que sugiere un rol potencial en el control natural de enfermedades radiculares (Groß et al., 2023; Petters et al., 2021). Asimismo, *Streptomyces* constituye un género relevante en el equilibrio microbiano del suelo. Estas bacterias, simbiotes de plantas y otros microorganismos, pueden dispersar sus esporas mediante bacterias grampositivas o negativas, integrándose en la red trófica rizosférica (Muok et al., 2021; Seipke et al., 2012). Algunas especies, como

Streptomyces lydicus, son capaces de limitar el daño causado por *Alternaria alternata* en cultivos de pepino (Wang et al., 2020).

Géneros promotores del crecimiento vegetal y degradadores de compuestos orgánicos

Otras bacterias se distinguen por sus múltiples funciones en la promoción del crecimiento vegetal y en la degradación de contaminantes. *Burkholderia*, además de establecer interacciones simbióticas con hongos, puede promover el crecimiento vegetal mediante una mayor disponibilidad de nutrientes. Algunos miembros de la familia Burkholderiaceae producen compuestos volátiles solubles que reprimen enfermedades del suelo (Stopnisek et al., 2016; Vila et al., 2016; de Oliveira-Longatti et al., 2015; Oliveira-Longatti et al., 2013; Cain et al., 2000; Carrión et al., 2018).

Entre los géneros con mayor diversidad metabólica se encuentra *Pseudomonas*, considerado modelo en estudios de promoción del crecimiento vegetal. Este género puede solubilizar fosfatos, captar potasio, producir biosurfactantes, sideróforos, fitohormonas, antibióticos y compuestos volátiles (Sah & Singh, 2016; Bautista-Cruz et al., 2019; Chopra et al., 2020; Sutariati et al., 2020). *Steroidobacter*, en cambio, interviene en los ciclos biogeoquímicos del suelo, y su abundancia puede aumentar tras la aplicación de residuos vegetales, especialmente de soja. Además, puede verse favorecido por metabolitos de bacterias Rhizobiales (Gu et al., 2017). El género *Nocardioides*, conformado por bacterias grampositivas de morfología

variable (cocos o bacilos), tiene un alto potencial para degradar contaminantes orgánicos, utilizándolos como fuentes de carbono o nitrógeno (Hwang et al., 2020; Yoon & Park, 2006; Ma et al., 2023; Zhang et al., 2021). Incluso se ha reportado que *Nocardioide carbamazepini* puede degradar compuestos farmacéuticos como el ibuprofeno (Benedek et al., 2022).

Sphingobium y *Sphingomonas* también desempeñan un papel importante en la degradación de compuestos fenólicos. *Sphingobium* puede catabolizar ácidos fenólicos aleloquímicos y glicoalcaloides esteroideos tóxicos presentes en raíces de tomate (Nakayasu et al., 2023), mientras que algunas especies de *Sphingomonas* son capaces de utilizar fluoreno como única fuente de carbono, degradar fenantreno y tolerar condiciones de estrés hídrico (Asaf et al., 2020; Zhou et al., 2016). Finalmente, el género *Mycobacterium* comprende especies predominantemente inocuas, aunque algunas pueden alcanzar cierto grado de patogenicidad incluso en ambientes del suelo (Walsh et al., 2019).

Géneros menos estudiados, pero con potencial funcional

A pesar de los numerosos reportes sobre bacterias rizosféricas en café, existen géneros de los que se conoce poco acerca de su función ecológica específica. Entre ellos se incluyen *Niastella*, *Dongia*, *Pedomicrobium*, *Puia* y *Thermosporothrix*. Las tres primeras son bacterias gramnegativas aerobias, aunque *Pedomicrobium* puede sobrevivir en condiciones microaerobias. *Niastella* y *Puia* presentan forma de bacilo, siendo la primera, móvil y la segunda, inmóvil, mientras que *Dongia* no forma esporas (Gebers, 1981; Kim et al., 2016; Lv et al., 2017; Weon et al., 2006; Yabe et al., 2016). Por su parte, *Thermosporothrix* es una bacteria grampositiva formadora de esporas con micelio aéreo, encontrada en hojas en descomposición del suelo. Se ha reportado su capacidad para hidrolizar polisacáridos como celulosa, xileno, quitina y almidones (Yabe et al., 2016).

Tabla 1.

Géneros de bacterias identificados en cultivos de café mediante aproximaciones metagenómicas y sus funciones reportadas o potenciales

Función	Género	Referencias
Movilización y transformación de nutrientes	<i>Acidothermus</i>	Drever & Stillings, 1997; Richter et al., 2007.
	<i>Chujaibacter</i>	Xin et al., 2021; Zhang et al., 2023b; Behnke et al., 2021; Villamil et al., 2021.
	<i>Dyella</i>	Guo et al., 2016; Weon et al., 2009; Su et al., 2020.
	<i>Edaphobaculum</i>	Cao et al., 2017; Kruczyńska et al., 2023; Zhao et al., 2022.
	<i>Granulicella</i>	Kalam et al., 2020; Oshkin et al., 2019; Costa et al., 2020.

Función	Género	Referencias
Fijación y trans-formación del nitrógeno	<i>Bradyrhizobium</i>	Jones et al., 2016; Sugawara et al., 2011; Vaninsberghe et al., 2015; Colombi et al., 2023; Zhang et al., 2023a.
	<i>Mesorhizobium</i>	Knežević et al., 2022; Menéndez et al., 2020; Muleta et al., 2021.
	<i>Rhizobium</i>	Mng'ong'o et al., 2023; Purwaningsih et al., 2021.
	<i>Rhodobacter</i>	Green et al., 2012; Kostka et al., 2012.
	<i>Nitrospira</i>	Han et al., 2017; Li et al., 2019; Lu et al., 2020.
Biocontrolador y actividad antimicrobiana	<i>Amycolatopsis</i>	Khalil et al., 2017; Mertz & Yao 1993; Cabrera et al., 2020.
	<i>Chitinophaga</i>	Sharma et al., 2020; Ahmad et al., 2022; Kim et al., 2023.
	<i>Haliangium</i>	Groß et al., 2023; Petters et al., 2021.
	<i>Streptomyces</i>	Muok et al., 2021; Seipke et al., 2012; Wang et al., 2020.
Promotores del crecimiento vegetal y degradadores de compuestos orgánicos	<i>Burkholderia</i>	Stopnisek et al., 2016; Vila et al., 2016; de Oliveira-Longatti et al., 2015; Oliveira-Longatti et al., 2013; Cain et al., 2000; Carrión et al., 2018.
	<i>Pseudomonas</i>	Sah & Singh, 2016; Bautista-Cruz et al., 2019; Chopra et al., 2020; Sutariati et al., 2020.
	<i>Steroidobacter</i>	Gu et al., 2017.
	<i>Nocardioide</i>	Benedek et al., 2022; Hwang et al., 2020; Ma et al., 2023; Yoon & Park, 2006; Zhang et al., 2021.
	<i>Sphingobium</i>	Nakayasu et al., 2023.
	<i>Sphingomonas</i>	Asaf et al., 2020; Zhou et al., 2016.

Fuente: autores.

Hongos

El análisis metagenómico del microbioma de la rizosfera de plantas de café ha permitido identificar una comunidad fúngica diversa, compuesta principalmente por hongos de los filos Ascomycota, Basidiomycota y Mucoromycota. Dentro de esta comunidad se encontraron tanto géneros de reconocida utilidad agrícola, como *Trichoderma* y *Rhizoglyphus*, así como hongos fitopatógenos, entre ellos *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Gibbe-*

rella, *Phoma* y *Pestalotiopsis* (Ochoa-Henriquez et al., 2024; de Sousa et al., 2022; Jurburg et al., 2020). Entre los géneros detectados, *Mortierella* se destaca por su presencia frecuente, siendo el género más reportado para los países analizados (Figura 4). También se reportó una presencia relevante de *Penicillium*, *Metarhizium*, *Trichoderma*, *Fusarium* y *Aspergillus* (Afridi et al., 2024; Gomes et al., 2024; Mulatu et al., 2022; Wu et al., 2025).

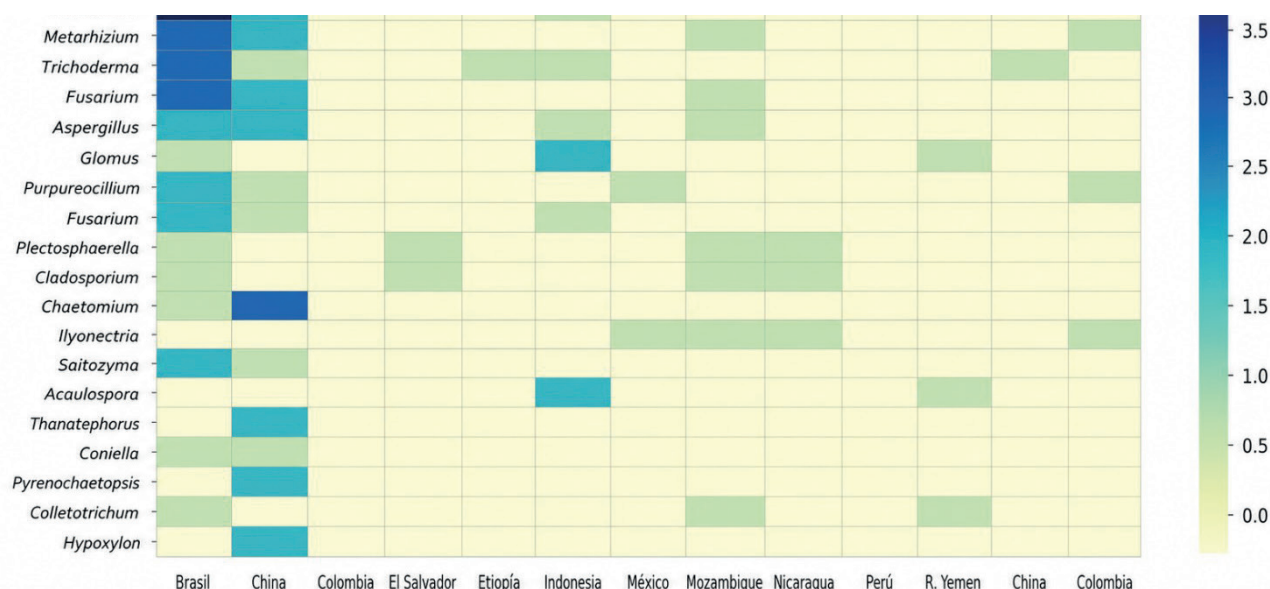


Figura 4. Diagrama de calor (*heatmap*) que muestra la frecuencia de reportes en la literatura consultada sobre géneros fúngicos detectados en distintos países productores de café

Fuente: autores.

Fusarium es un género ampliamente distribuido en suelos agrícolas y se caracteriza por adoptar distintos estilos de vida, que van desde formas saprofíticas, patógenas, hasta endofíticas. Especies como *Fusarium oxysporum* y *Fusarium xylarioides* han sido documentadas como causantes de la marchitez en cafetos. En particular, *F. xylarioides* presenta dos razas, una de ellas asociada a *C. canephora* y la otra a *C. arabica* (Bertrand et al., 2002; Olal et al., 2019). Además de su implicación en la marchitez vascular, *F. oxysporum* se ha vinculado a la enfermedad conocida como raíz corchosa, en la que actúa en asociación con *Meloidogyne arabica*, generando condiciones que derivan en elevada mortalidad de plantas bajo condiciones de campo (Bertrand et al., 2002).

Aspergillus es el sexto género con mayor número de reportes (Figura 4); dentro de este género se encuentran varias especies cuyos roles funcionales aún no se han establecido. Sin embargo, investigaciones recientes indican que *Aspergillus niger* puede influir en el crecimiento de plántulas de café mediante mecanismos alternativos a la solubilización de fósforo, que es su función más documentada. Este efecto fue observado incluso en condiciones donde el fósforo no representaba una limitación, lo que sugiere rutas metabólicas adicionales, implicadas en la promoción del crecimiento (Araújo et al., 2020). Se ha señalado que la producción de ácidos orgánicos como el oxálico y el cítrico es clave en la solubilización de formas insolubles de fosfato como AlPO_4 y FePO_4 , lo que podría explicar parte de su eficacia en

sistemas agrícolas con suelos ácidos (De Oliveira et al., 2014). Al contrario, otro estudio destaca la capacidad de *A. carbonarius*, *A. ochraceus*, y *A. westerdijkiae*, para producir micotoxinas, dentro de ellas la ocratoxina A que pueden afectar la salud humana por el consumo del café contaminado (das Neves et al., 2024).

Dentro de los hongos con potencial benéfico, *Trichoderma* ha sido ampliamente investigado por sus múltiples funciones en el manejo de enfermedades y la promoción del desarrollo vegetal. Este género se caracteriza por mecanismos como el micoparasitismo, la producción de compuestos antifúngicos, la competencia por nutrientes y espacio, y la modulación de respuestas fisiológicas de la planta huésped. Se ha reportado que la inoculación de *Trichoderma asperellum* en plantas de *C. canephora* reduce el tamaño de las lesiones foliares causadas por *Colletotrichum cairnsense*, patógeno responsable de la antracnosis (Wang et al., 2023). Asimismo, *T. asperellum* y *T. longibrachiatum* han mostrado eficacia en la inhibición del crecimiento de *F. xylarioides* en condiciones *in vitro*, con niveles de reducción micelial cercanos al 80 % (Mulu et al., 2022). Algunas especies endofíticas del mismo género, aisladas de raíces de cafetos sanos, también han evidenciado actividad antagonista frente a especies de *Fusarium*, lo cual abre la posibilidad de ampliar su uso en estrategias integradas de manejo. En regiones de Etiopía donde crece *C. arábica* de forma silvestre, la rizosfera alberga poblaciones diversas de *Trichoderma*, incluyendo especies con características particulares que podrían estar adaptadas a las condiciones lo-

cales y presentar eficacia en la supresión de *G. xylarioides* (Mulaw et al., 2010).

Por otro lado, también se han documentado efectos positivos de *Trichoderma* en el crecimiento vegetal. En diferentes ensayos, *Trichoderma harzianum* ha promovido el desarrollo de plántulas de *C. canephora*, incrementando tanto la biomasa aérea como la radicular, así como el número de hojas (Alves et al., 2023). En experiencias similares, se observaron efectos positivos al aplicar biocarbón enriquecido con *Trichoderma* en plántulas de *C. arabica* (Nastiti & Prayogo, 2020) y al incorporar *Trichoderma* sp. en el sustrato, con mejoras en el área foliar (Ala et al., 2020). Por su parte, *Trichoderma viride* mostró una influencia positiva en la tasa de crecimiento, germinación y elongación del hipocótilo en plántulas de café (Sopiana et al., 2018), lo que ha sido respaldado por varios estudios enfocados tanto en variedad robusta como en arábica.

La presencia de *Metarhizium* en la rizosfera del cafeto también ha despertado interés, en especial por la capacidad de algunas especies como *Metarhizium robertsii* de colonizar raíces, promover el desarrollo radicular y aumentar la densidad de los pelos absorbentes (Sasan y Bidochka, 2012). Además, se ha observado que esta especie puede mejorar el establecimiento de plántulas y ofrecer cierta protección frente al minador de las hojas (Franzin et al., 2022), lo cual puede ser relevante en contextos agroecológicos.

También es importante explorar el papel funcional de hongos menos estudiados, como los del género *Mortierella*. En esta revisión, el género *Mortierella* se identificó entre los más frecuentes en la rizosfera del

café, con reportes en Brasil, Nicaragua, El Salvador, Colombia, Perú y China (Gomes et al., 2024; Jurburg et al., 2020; Tapaça et al., 2024; Veloso et al., 2023; Wu et al., 2025). A pesar de su presencia recurrente, no se encontraron estudios que describan su función específica en el cultivo de café. No obstante, Liao (2021) señala que *Mortierella elongata* actúa como un promotor de crecimiento en otros sistemas agrícolas, particularmente en hortalizas y cereales.

Finalmente, en la rizosfera de *C. arabica* también se ha logrado aislar una nueva especie endofítica del género *Penicillium*,

denominada *Penicillium coffeae*, registrada en muestras provenientes de Hawái. Esta especie muestra afinidad filogenética con otros miembros del grupo, como *P. fellutanum*, *P. charlesii*, *P. chermesinum*, *P. indicum*, *P. phoeniceum* y *P. brocae* (Peterson et al., 2005). Algunos de los aislados presentan la capacidad de producir ocratoxina A, una micotoxina de interés por su potencial toxicidad, aunque el papel ecológico de estos endófitos en la fisiología de la planta del café aún no ha sido plenamente comprendido (Vega et al., 2006).

Tabla 2.
Géneros de hongos identificados en cultivos de café mediante aproximaciones metagenómicas y sus funciones reportadas o potenciales

Función	Género	Referencias
Mejora en la absorción de nutrientes	<i>Acaulospora</i>	Al-Arequi et al., 2013; Bertolini et al., 2018; Farha et al., 2024; Moreira et al., 2018.
	<i>Aspergillus</i>	De Olivera et al., 2014.
	<i>Glomus</i>	Bertolini et al., 2018; Hernández-Acosta et al., 2018.
	<i>Rhizophagus</i>	Araújo et al., 2020.
Promoción del crecimiento vegetal	<i>Acaulospora</i>	Silveira et al., 2023.
	<i>Aspergillus</i>	Araújo et al., 2020; de Sousa et al., 2022.
	<i>Glomus</i>	Al-Arequi et al., 2013; Hernández-Acosta et al., 2018; Silveira et al., 2023.
	<i>Metarhizium</i>	Sasan & Bidochka, 2012.
	<i>Mortierella</i>	Liao, 2021.
	<i>Penicillium</i>	de Sousa et al., 2022.
	<i>Rhizophagus</i>	Araújo et al., 2020; Hernández-Acosta et al., 2018; Silveira et al., 2023.

Función	Género	Referencias
Promoción del crecimiento vegetal	<i>Talaromyces</i>	Moreira et al., 2018.
	<i>Trichoderma</i>	Alves et al., 2023; Nastiti y Prayogo, 2020; Mulatu et al., 2022; Sopiana et al., 2018; Wang et al., 2023.
Tolerancia al estrés	<i>Rhizophagus</i>	Moreira et al., 2018.
	<i>Acaulospora</i>	Andrade et al., 2010.
	<i>Glomus</i>	Andrade et al., 2010; de Sousa et al., 2022.
	<i>Gigaspora</i>	Andrade et al., 2010; Bertolini et al., 2018; Corazon-Guivin et al., 2023; de Sousa et al., 2022.
	<i>Pochonia</i>	de Sousa et al., 2022.
Antipatógenos	<i>Trichoderma</i>	Mulaw et al., 2010; de Sousa et al., 2022; Wang et al., 2023.
Entomopatógenos	<i>Metarhizium</i>	Franzin et al., 2022.
Micotoxinas	<i>Aspergillus</i>	das Neves et al., 2024; Wu et al., 2025.
	<i>Penicillium</i>	das Neves et al., 2024; Vega et al., 2006.
Patógenos	<i>Fusarium</i>	Peterson et al., 2005; Vega et al., 2006; Wu et al., 2025.
	<i>Colletotrichum</i>	Bertrand et al., 2002; Wang et al., 2023.
	<i>Plectosphaerella</i>	Olal et al., 2019.

Fuente: autores.

Micorrizas

En la naturaleza, los hongos formadores de micorrizas arbusculares (HMA) representan una de las asociaciones simbióticas más comunes y funcionales en la rizosfera de plantas de café, consolidándose como un componente en la dinámica ecológica del sistema suelo-raíz. Diferentes estudios consultados a nivel global indican que cerca del 90 % de las plantas superiores evaluadas en entornos naturales establecen relaciones mutualistas con estos hongos, las cuales se caracterizan por una colonización intrace-

lular de la raíz por parte del micelio fúngico, favoreciendo el intercambio bidireccional de recursos: carbohidratos de origen vegetal son transferidos al hongo, mientras que este facilita la absorción de nutrientes minerales limitantes como el fósforo y el nitrógeno (De Beenhouwer et al., 2015; Shah, 2014).

En los sistemas de producción cafetera, la asociación con HMA es una constante biológica observada en distintas regiones y condiciones edafoclimáticas. Las raíces de *Coffea arabica* y *C. canephora* han mos-

trado una alta capacidad de micorrización, con estructuras típicas como hifas, vesículas y espirales, asociadas a una amplia diversidad de especies fúngicas (Moreira et al., 2018). En este contexto, se destaca el género *Glomus*, reportado como dominante en distintas zonas cafeteras del mundo. Por ejemplo, su prevalencia ha sido confirmada en Yemen (Al-Arequi et al., 2013), en plantaciones etíopes localizadas en Jimma (De Beenhouwer et al., 2015) y en cafetales de Chiapas, México, donde se identificaron al menos siete especies del género en la rizosfera de *C. canephora* (Bertolini et al., 2018).

De forma consistente, se ha documentado que la inoculación con especies como *Glomus claroideum*, *Glomus diaphanum* y *Glomus albidum* mejora significativamente el crecimiento vegetal, el vigor de las plántulas y el contenido nutricional foliar (Hernández-Acosta et al., 2018). El papel de las micorrizas como promotores del crecimiento vegetal ha sido un fenómeno bien documentado, y se cree que entre mayor compatibilidad se presente entre el HMA y la planta hospedera, se potencializa la efectividad de los efectos benéficos propios del microorganismo. En este sentido, es fundamental resaltar la importancia de la identificación de organismos nativos de los cafetales, como los más idóneos para su implementación en este sistema agrícola (Bertolini et al., 2018).

Las micorrizas no solo contribuyen a la promoción del crecimiento vegetal, también pueden incrementar la tolerancia de las plantas de café a diversos tipos de estrés abiótico. En particular, Moreira et al., (2018) demostraron que la inoculación con *Dentiscutata heterogama*, *Claroideoglomus*

etunicatum y *Rhizophagus clarus* permite una mayor supervivencia y adaptación de las plantas de café en condiciones de sequía moderada, gracias al desarrollo de una red extra matricial de hifas que incrementa la absorción hídrica. Asimismo, el grado de humedad del suelo se identificó como un factor determinante en la colonización micorrícica, mientras que al 75 % de capacidad de campo se alcanza la mayor tasa de colonización, una humedad del 100 % reduce drásticamente la simbiosis, debido a una menor oxigenación y al posible desarrollo de organismos patógenos en el entorno radicular. Estos resultados son respaldados por De Sousa et al. (2022), quienes, mediante análisis de correspondencia canónica de secuencias metagenómicas, evidenciaron asociaciones específicas entre los géneros *Glomus*, *Rhizophagus*, *Gigaspora* y *Pochonia* con la capacidad de tolerancia a la sequía en distintas especies de café.

Además del estrés hídrico, los HMA contribuyen a la resistencia de las plantas frente a la contaminación por metales pesados. Andrade et al. (2010) reportaron que la presencia de estos hongos en la rizosfera puede reducir significativamente la toxicidad del cobre (Cu), protegiendo el desarrollo radicular y evitando los efectos nocivos sobre la fisiología vegetal. Esta capacidad de amortiguamiento de contaminantes evidencia su uso potencial en el manejo de suelos dedicados a la producción intensiva o suelos degradados.

En relación con los factores que modulan la estructura y diversidad de las comunidades de HMA, los datos revisados indican que variables edáficas como el contenido de fósforo, el pH y el nivel de nitrógeno en el

suelo presentan una influencia directa sobre la riqueza y composición fúngica asociada a raíces de café (De Beenhouwer et al., 2015; Bertolini et al., 2018). Contrario a ello, factores espaciales como la altitud, la distancia geográfica entre parcelas (inferiores a 82 km), o el contenido de materia orgánica, no se correlacionan significativamente con cambios en la comunidad micorrícica (De Beenhouwer et al., 2015).

La diversidad de HMA en los ecosistemas cafeteros es amplia, sin embargo, existen algunos géneros predominantes, como es el caso de *Glomus*, que fue reportado en Brasil, Yemen, México y Etiopía, lo cual muestra buena capacidad de adaptación a diferentes condiciones de suelo y especies de café (Al-Arequi et al., 2013; Bertolini et al., 2018; De Beenhouwer et al., 2015; de Sousa et al., 2022; Moreira et al., 2018).

Se han identificado otros géneros fúngicos con funciones relevantes en la rizosfera del café. *Acaulospora* se encontró en la segunda posición como el género más abundante en suelos cafetaleros de Etiopía, indicando una posible codominancia en determinadas condiciones edáficas (De Beenhouwer et al., 2015). Asimismo, *Rhizophagus* ha demostrado un papel funcional importante, ya que su inoculación ha resultado en plántulas más vigorosas y con mayor contenido de fósforo, especialmente cuando se emplea en combinación con fertilizantes fosfatados (Araújo et al., 2020). Además, se ha encontrado que la colonización por *Rhizophagus* está modulada por la concentración de sacarosa en la rizosfera, lo cual refleja una interacción molecular compleja entre las raíces de *Coffea* y los hongos simbioses (de Sousa et al., 2022).

Así mismo, se reporta la presencia frecuente de *Gigaspora* en la microbiota asociada con sistemas cafetaleros, aunque su rol específico requiere mayor investigación. Su recurrencia en análisis metagenómicos sugiere una contribución significativa a la funcionalidad del microbioma del café, posiblemente asociada a mecanismos de resiliencia frente a condiciones adversas (Bertolini et al., 2018; Corazon-Guivin et al., 2023; de Sousa et al., 2022).

En la tabla 3 se presentan los géneros de hongos micorrícicos arbusculares reportados en la literatura, donde se encontró que estos constituyen un componente esencial de la rizosfera del café (Gomes et al., 2024; Wu et al., 2025). La diversidad de hongos micorrícicos asociados a cultivos de café muestra una marcada variación geográfica, reflejando tanto las condiciones edáficas regionales como el manejo agrícola empleado. En América Latina, particularmente en Brasil, México y Perú, predominan géneros como *Glomus*, *Acaulospora* y *Gigaspora*, con una mayor complejidad taxonómica registrada en Perú, donde se identifican hasta doce géneros distintos asociados a *C. arabica* (Corazon-Guivin et al., 2023).

En contraste, los estudios desarrollados en Yemen y Etiopía muestran comunidades más limitadas, con la presencia concurrente de *Archeospora*, *Scutellospora* y *Claroideoglomus* en *C. arabica* (Al-Arequi et al., 2013; de Beenhouwer et al., 2015). Por su parte, China e Indonesia presentan asociaciones micorrícicas que incluyen no solo géneros clásicos de hongos arbusculares, sino también hongos ectomicorrícicos, como *Hydnum* y *Agaricus* (Wu et al., 2025; Farha et

al., 2024). Su diversidad funcional, su capacidad de modular el crecimiento vegetal, su contribución a la nutrición y su rol en la mitigación de estreses abióticos, resaltan la importancia biológica de HMA en el ecosistema cafetero. El proceso de micorrización

no solo es un fenómeno natural de las plantas, sino que es una estrategia ecológica con aplicaciones agronómicas para el desarrollo de bioproductos y su implementación en diferentes sistemas de manejo (Bertolini et al., 2018; de Sousa et al., 2022).

Tabla 3.

Micorrizas presentes en café

Géneros de micorrizas	País	Especies	Autor
<i>Glomus, Gigaspora, Rhizophagus</i>	Brasil	<i>C. arabica, C. canephora</i>	de Sousa et al., (2022).
<i>Claroideoglomus, Rhizophagus, Clarus, Dentiscutata</i>	Brasil	<i>C. arabica</i>	Moreira et al., (2018).
<i>Glomerella, Agaricus</i>	Brasil	<i>C. canephora</i>	Gomes et al., (2024).
<i>Glomus, Acaulospora, Gigaspora, Sclerocystis, Scutellospora</i>	México	<i>C. canephora</i>	Bertolini et al., (2018).
<i>Glomus, Nanoglomus, Rhizoglomus, Acaulospora, Entrophospora, Funneliformis, Ambispora, Diversispora, Dominikia, Gigaspora, Sclerocystis, Sieverdingia</i>	Perú	<i>C. arabica</i>	Corazon-Guivin et al., (2023).
<i>Linnemannia, Mortierella, Podila</i>	Mozambique	<i>C. arabica</i>	Tapaça et al., (2024).
<i>Glomus, Scutellospora, Archeospora, Acaulospora, Gigaspora</i>	Yemen	<i>C. arabica</i>	Al-Areqi et al., (2013).
<i>Glomus, Claroideoglomus, Paraglomus, Ambispora, Archeospora</i>	Etiopía	<i>C. arabica</i>	de Beenhouwer et al., (2015).
<i>Linnemannia, Mortierella, Podila</i>	Mozambique	<i>C. arabica</i>	Tapaça et al., 2024.
<i>Acaulospora, Glomus</i>	Indonesia	<i>C. canephora, C. liberica</i>	Farha et al., 2024; Kartika et al., 2019.
<i>Hydnum, Mortierella, Oidiodendron, Agaricus</i>	China	<i>C. arabica</i>	Wu et al., 2025.

Fuente: autores.

Impacto de los tipos de manejo en la diversidad y composición de microorganismos asociados a la rizosfera

La diversidad microbiana presente en la rizosfera de plantas de café puede variar según múltiples factores, entre ellos las condiciones ambientales, la especie cultivada, la posición geográfica, las características del suelo y el tipo de manejo agronómico implementado, como se observa en la tabla 4 (Ochoa-Henriquez et al., 2024; Veloso et al., 2023). En general, la diversidad alfa microbiana en sistemas cafeteros muestra patrones contrastantes dependiendo del gradiente ambiental o del manejo evaluado. Un estudio comparativo multinacional evidenció que la diversidad alfa bacteriana asociada a *C. arabica* difiere entre países e incluso entre muestras recolectadas dentro de un mismo territorio. Estas variaciones son aún más marcadas en la diversidad beta, dado que cada sitio presenta una comunidad microbiana distintiva (Bez et al., 2023; Ochoa-Henriquez et al., 2024). La altitud constituye un factor determinante en la composición fisicoquímica del suelo y, en consecuencia, en la diversidad microbiana. Se ha observado que la riqueza y diversidad bacteriana puede ser mayor alrededor de los 1030 m s. n. m., en comparación con zonas más bajas o más elevadas. En el caso de los hongos, este patrón no es tan evidente, especialmente al analizar la diversidad beta (Ge et al., 2023).

El manejo agronómico influye en la estructura del suelo mediante el uso de distin-

tas enmiendas, como en la configuración espacial del cultivo. Diversos estudios indican que la transición entre sistemas orgánicos e intensivos no genera diferencias significativas en la diversidad alfa, aunque sí produce variaciones importantes en la diversidad beta (Caldwell et al., 2015; Carrasco-Espinosa et al., 2022; Andrade et al., 2023). Este mismo patrón ha sido reportado en sistemas de café intersebrados con *urochloa* (Bresciani et al., 2024). Otra variable relevante es la edad del cultivo: a medida que aumenta el tiempo de establecimiento, disminuye la riqueza de taxones microbianos (Zhao et al., 2018). El uso previo del suelo también influye sobre la riqueza microbiana, particularmente en los hongos, cuya diversidad aumenta cuando los suelos provienen de usos más intensivos o de bosques secundarios. Las bacterias, por el contrario, no muestran cambios marcados asociados a la historia del suelo (Jurburg et al., 2020; Yusuf et al., 2021). En cuanto al nivel de sombreado en cultivos de café, no se han encontrado diferencias significativas en la riqueza microbiana; los efectos sobre la diversidad alfa son mínimos, aunque la diversidad beta sí evidencia variaciones entre sistemas (Rao et al., 2020; Kutos et al., 2024).

La abundancia relativa de los géneros microbianos presentes en la rizosfera de *C. arabica* depende notablemente del sitio de muestreo y presenta patrones consistentes entre estudios. Un análisis multicéntrico en plantaciones de varios países identificó un núcleo común de géneros bacterianos compuesto por *Sphingobium*, *Rhizobium*, *Acidibacter*, *Sphingomonas*, *Burkholderia* y *Amycolatopsis*, presentes en más del 60 % de las muestras (Bez et al., 2023). Los sistemas

orgánicos tienden a favorecer la presencia de géneros fúngicos como *Mortierella*, así como de diversos grupos bacterianos, entre ellos *Rhizobiales*, *Acidibacter*, *Adurb-Bin063-1*, *Blastococcus* y *Pseudocoleophoma*, en respuesta a suelos con baja disponibilidad de P y al uso de enmiendas orgánicas. En contraste, géneros como *Nitrososphaera*, *Enterobacterales*, *Xanthomonadales*, *Metarhizium*, *Saitozyma* y *Caulobacterales* se presentan con mayor frecuencia en suelos bajo manejo convencional, desempeñando funciones como nitrificación, respuesta a fertilización, degradación de contaminantes y biocontrol (Caldwell et al., 2015; Carrasco-Espinosa et al., 2022; Bresciani et al., 2024; Ochoa-Henriquez et al., 2024). Otros grupos pueden variar según la edad del cultivo; por ejemplo, *Nitrospira*, *Pseudomonas*, *Gemmatimonas*, Gp4, Gp6 y *Trichoderma* disminuyen su abundancia conforme se incrementa la edad de la plantación, lo que podría afectar negativamente la salud del suelo, dada su relevancia funcional (Zhao et al., 2018).

La especie de café es otro factor clave en la conformación del microbioma rizosférico. Se ha documentado que las comunidades microbianas de *C. racemosa*, *C. liberica* y *C. canephora* son más similares entre sí que respecto a *C. arabica*; estas cuatro especies, a su vez, se diferencian marcadamente de *C. stenophylla*. Aunque la diversidad alfa puede ser relativamente comparable entre algunas especies, la diversidad beta especialmente en hongos muestra variaciones significativas. Por ejemplo, *Penicillium*, *Pochonia* y *Saitozyma* presentan mayor abundancia relativa en *C. arabica* (de Sousa et al., 2022; Veloso et al., 2023). En bacterias, *Br-*

adyrhizobium es más común en *C. arabica*, mientras que *Sphingomonas* predomina en *C. canephora* (Veloso et al., 2023). Este patrón es similar a lo observado en el manejo del suelo, donde se presentan diferencias mínimas en la diversidad alfa, pero cambios marcados en la diversidad beta. En cuanto a rizobacterias diazotróficas, especies como *C. canephora* y *C. arabica* comparten únicamente entre el 30 % y el 40 % de los grupos taxonómicos fijadores de nitrógeno. Se han registrado géneros exclusivos en *C. arabica*, como *Burkholderia*, *Afipia*, *Allorhizobium*, *Ideonella*, *Mesorhizobium* y *Pseudoaminobacter*, mientras que en *C. canephora* se han identificado *Pseudoaminobacter*, *Anaeromyxobacter*, *Allorhizobium*, *Skermanella* y *Roseiarcus* (Bullergahn et al., 2024).

Incluso se han desarrollado estudios dirigidos a analizar el impacto de la variedad, el genotipo y los injertos en la microbiota rizosférica. En variedades de *C. arabica*, como Castillo-Tambo y Bourbon, se han encontrado diferencias en la diversidad beta, reflejadas en una mayor abundancia relativa de géneros como *Acidobacterium*, *Holophaga* y *Mucilaginibacter* en Bourbon, mientras que *Conexibacter* y *Burkholderia* predominan en Castillo-Tambo (SolisP et al., 2023). En otra investigación se evaluó la diversidad de microorganismos en seis genotipos de *C. canephora* var. Conilon, en esta se observó que uno de genotipos presentaba mayor inequidad microbiana, lo que pudo generar diferencias en su diversidad alfa y beta. En este mismo genotipo se identificó la presencia de fijadoras de nitrógeno pertenecientes al orden Rhizobiales y a la familia Beijerinckiaceae (Gomes et al., 2024). Los estudios

sobre injertos también han mostrado efectos relevantes. Experimentos con *C. canephora* injertado sobre patrones de *C. liberica* han evidenciado que la rizosfera del injerto robusta/libérica presenta un incremento en la abundancia de bacterias potencialmente beneficiosas como *Xanthobacteraceae*, *Gemmatimonadaceae*, *Rokubacteriales* y *Gemmatimonadota*. Al contrario, se presenta una disminución de hongos potencialmente patógenicos, lo que podría asociarse con una mayor resistencia al estrés generado por el cultivo continuo (Sun et al., 2024).

Finalmente, la diversidad microbiana en la rizosfera del café también puede ser modulada mediante estrategias de bioestimulación y biocontrol. Estudios que emplean exudados radiculares o rizobacterias benéficas han reportado cambios marcados en la estructura microbiana del suelo, incrementando tanto

la diversidad como la abundancia de grupos funcionales de interés. Por ejemplo, la palmera de areca (*Areca catechu*) puede alterar significativamente la composición microbiana en sistemas de café, favoreciendo géneros asociados con la degradación de compuestos y la disponibilidad de nutrientes (Zhao et al., 2023). Aunque aún no se ha evaluado su impacto en la diversidad microbiana de *C. arabica*, se ha demostrado que rizobacterias productoras de ACC desaminasa, como ciertos miembros del género *Pantoea* pueden inducir tolerancia al estrés hídrico y aumentar la biomasa radical, posiblemente asociándose a cambios favorables en la estructura microbiana del suelo. En este sentido, futuras investigaciones deberían incluir una caracterización ecológica más detallada de estos sistemas (Jasso-Arreola et al., 2025).

Tabla 4.
Impacto de la diversidad de hongos y bacterias bajo diferentes factores presentes en el cultivo

Factor	Efecto en bacterias	Efecto en hongos	Referencias
Altitud	Mayor riqueza y diversidad alfa alrededor de 1030 msnm; diferencias claras en diversidad beta entre sitios.	La altitud no afecta fuertemente la diversidad beta; menor sensibilidad que bacterias.	Ge et al., 2023
Variación geográfica / Sitio de muestreo	Diversidad alfa y beta difieren entre países y entre fincas del mismo país; cada sitio tiene una comunidad característica. Presencia de un núcleo común (<i>Sphingobium</i> , <i>Rhizobium</i> , <i>Acidibacter</i> , <i>Sphingomonas</i> , <i>Burkholderia</i> , <i>Amycolatopsis</i>).	Variación entre sitios, especialmente en diversidad beta.	Bez et al., 2023; Ochoa-Henriquez et al., 2024

Factor	Efecto en bacterias	Efecto en hongos	Referencias
Manejo orgánico vs. convencional	Orgánico: mayor presencia de <i>Rhizobiales</i> , <i>Acidibacter</i> , <i>Adurb-Bin063-1</i> , <i>Blastococcus</i> y <i>Pseudocoleophoma</i> . Convencional: mayor presencia de <i>Nitrososphaera</i> , <i>Enterobacteriales</i> , <i>Xanthomonadales</i> , <i>Caulobacterales</i> .	Orgánico: incremento de <i>Mortierella</i> / <i>Mortierellomycota</i> . Convencional: mayor abundancia de <i>Metarhizium</i> y <i>Saitozyma</i> .	Caldwell et al., 2015; Carrasco-Espinosa et al., 2022; Bresciani et al., 2024; Ochoa-Henriquez et al., 2024
Edad del cultivo	Disminución de géneros benéficos: <i>Nitrospira</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Gemmatismonas</i> , <i>Gp4</i> , <i>Gp6</i> , relacionados con salud del suelo.	Trichoderma disminuye con la edad (pérdida de potencial de biocontrol).	Zhao et al., 2018
Uso previo del suelo	Sin cambios marcados en riqueza bacteriana según historia del suelo.	Mayor riqueza de hongos cuando el suelo proviene de usos intensivos o bosques secundarios.	Jurburg et al., 2020; Yusuf et al., 2021
Sombreado en el cultivo	No afecta la riqueza ni diversidad alfa; sí modifica la diversidad beta.	Cambios detectables principalmente en diversidad beta.	Rao et al., 2020; Kutos et al., 2024
Especie de café	<i>Bradyrhizobium</i> más abundante en <i>C. arabica</i> ; Sphingomonas más abundante en <i>C. canephora</i> . Rizobacterias diazotróficas comparten solo 30–40% entre especies.	<i>Penicillium</i> , <i>Pochonia</i> y <i>Saitozyma</i> más abundantes en <i>C. arabica</i> . Alta diferenciación en diversidad beta.	de Souza et al., 2022; Veloso et al., 2023; Bullergahn et al., 2024
Variedad / Genotipo	Diferencias por variedad (ej. Bourbon vs. Castillo-Tambo). En genotipos de <i>C. canephora</i> , aparición de Rhizobiales y Beijerinckiaaceae en algunos grupos.	Diversidad beta fuertemente diferenciada por genotipo.	Solis Pino et al., 2023; Gomes et al., 2024
Injertos	Injertos Robusta sobre Liberica incrementan Xanthobacteraceae, Gemmatimonadaceae, Rokubacteriales; reducen grupos bacterianos potencialmente dañinos.	Reducción de hongos patógenos en sistemas injertados.	Sun et al., 2024
Bioestimulación / Exudados / ACC desaminasa	Aumento de géneros benéficos como <i>Pantoea</i> ; cambios estructurales fuertes en la comunidad.	Incremento de microorganismos degradadores o asociados a disponibilidad de nutrientes.	Zhao et al., 2023; Jasso-Arreola et al., 2025

Fuente: autores.

Perspectivas a futuro

La rizosfera es un elemento importante para determinar las características fisiológicas de la planta, esta puede ser abordada desde diferentes áreas de la biotecnología para potenciar el rendimiento de los cultivos con un menor impacto ambiental. Una de las principales alternativas para evaluar el impacto del manejo agrícola es hacer evaluaciones constantes utilizando técnicas de secuenciación de nueva generación, esto permitirá mejorar las prácticas para obtener productos sostenibles (Jan-Roblero et al., 2024). Otra alternativa es inocular este tipo de cultivos con microorganismos beneficiosos, como hongos micorrícicos arbusculares (*arbuscular mycorrhizal fungi*, AMF) y rizobacterias promotoras del crecimiento vege-

tal (*plant growth-promoting rhizobacteria*, PGPR), estos pueden mejorar el crecimiento de las plantas, la adquisición de nutrientes y la tolerancia al estrés con una menor aplicación de fertilizantes (Begum et al., 2019; Ahmad et al., 2022). Actualmente existe un creciente interés por generar proceso de optimización de la rizosfera utilizando la ingeniería microbiana, en esta se realiza la combinación de múltiples microorganismos aplicando metodologías que van desde el modelamiento de las comunidades, usando herramientas de programación, hasta aplicación de esos consorcios en campo, esto puede potenciar las características positivas para el suelo y los cultivos (Shayanthan et al., 2022).

4 CONCLUSIONES

A partir del análisis exhaustivo de la rizosfera del café, se evidencia el papel fundamental que desempeñan los microorganismos en la salud y productividad del cultivo. Las bacterias y hongos presentes en este entorno no solo contribuyen a la disponibilidad de nutrientes y la promoción del crecimiento vegetal, sino que también ofrecen mecanismos de defensa contra patógenos y factores de estrés abiótico. Géneros como *Trichoderma*, *Rhizophagus* y *Pseudomonas* han demostrado un potencial significativo en el manejo biológico y la biofertilización, lo cual podría favorecer la transición hacia una agricultura más sostenible. Además, se destaca la importancia del

tipo de manejo agronómico y las condiciones edafoclimáticas en la configuración de la comunidad microbiana, lo que sugiere la necesidad de prácticas agrícolas adaptativas y localizadas.

En este sentido, las investigaciones futuras deben centrarse en la integración de tecnologías avanzadas como la secuenciación de nueva generación y la ingeniería microbiana para caracterizar, monitorear y optimizar las comunidades microbianas del café. La inoculación dirigida con consorcios microbianos benéficos, junto con la identificación de especies nativas adaptadas a condiciones específicas, representa una estrategia prometedora para aumentar la

resiliencia del cultivo y mejorar su rendimiento sin comprometer el medio ambiente. Así, comprender y manejar de forma estratégica la rizosfera es una herramienta

esencial para enfrentar los desafíos de la producción cafetera moderna en un contexto de cambio climático y creciente demanda de prácticas agrícolas sostenibles.

CONTRIBUCIÓN DE LA AUTORÍA

Autor 1: conceptualización, metodología, investigación, análisis de datos, redacción, borrador original, revisión y edición.

Autor 2: investigación, análisis de datos, redacción, borrador original, revisión y edición.

Autor 3: adquisición de recursos, administrador del proyecto, supervisión, logística, revisión y edición.

AGRADECIMIENTOS

Los autores de este documento agradecen a la Universidad de Cundinamarca y al personal de esta institución que hizo posible el desarrollo del proyecto “Influencia del manejo convencional y orgánico sobre la composición de la comunidad de bacterias rizosféricas en sistemas agrícolas; una

aproximación desde la metagenómica”, así como al grupo de investigación Agrobiología Tropical (ABT), el cual está integrado por profesionales que brindaron su conocimiento y orientación para la realización de este trabajo.

FINANCIAMIENTO

La Universidad de Cundinamarca dio su apoyo económico para el financiamiento del proyecto número 254, titulado “Influencia del manejo convencional y orgánico sobre la composición de la comunidad de bacterias

rizosféricas en sistemas agrícolas; una aproximación desde la metagenómica”. Mediante la VI convocatoria Interna Periodo 2023- 2 – Ucundinamarca Generación Siglo XXI, del cual deriva este trabajo.

USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Se empleó la inteligencia artificial para la búsqueda de información científica en Ought. (2025). *Elicit* [AI research assistant].

<https://elicit.org/>, la cual fue recopilada, analizada y usada para la escritura del presente artículo por los autores.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

LITERATURA CITADA

- Afridi, M. S., Schulman, P., Lacerda, V. N. C., Guimaraes, R. A., & Vasconcelos de Medeiros, F. H. (2024). Long-term benefit contribution of chemical and biological nematicide in coffee nematode management in soil microbial diversity and crop yield perspectives. *Microbiological Research*, 282, 127638. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127638>
- Ahmad, H. M., Fiaz, S., Hafeez, S., Zahra, S., Shah, A. N., Gul, B., Aziz, O., Mahmood-Ur-Rahman, Fakhar, A., Rafique, M., Chen, Y., Yang, S. H., & Wang, X. (2022). Plant growth-promoting rhizobacteria eliminate the effect of drought stress in plants: A review. *Frontiers in Plant Science*, 13, 875774. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.875774>
- Ahmad, M., Varela Alonso, A., Koletti, A. E., Assimopoulou, A. N., Declerck, S., Schneider, C., & Molin, E. M. (2022). Transcriptional dynamics of *Chitinophaga* sp. Strain R-73072-mediated alkannin/shikonin biosynthesis in *Lithospermum officinale*. *Frontiers in Microbiology*, 13, 978021. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.978021>
- Ala, A., Musa, Y., & Kadola, L. (2020). Effect of compost enrichment with *Trichoderma* sp on the growth of Arabica coffee seedlings. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 575(1), 012145. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/575/1/012145>
- Al-Arequi, A., Chliyah, M., Sghir, F., Ouazzani Touhami, A., Benkirane, R., & Douira, A. (2013). Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of *Coffea arabica* in the Republic of Yemen. *Journal of Applied Biosciences*, 64(1), 4888-4901. <https://doi.org/10.4314/jab.v64i1.88478>
- Alves, J. R., Celestino, F. N., de Moraes, A. G., dos Reis, R. A., & Grecco, E. D. (2023). Growth promoting fungi increase the quality of *Coffea canephora* seedlings Pierre ex a. Froehner. *Coffee Science*, 18, e182089-e182089. <https://doi.org/10.25186/v18i.2089>
- Andrade, P. H. M., Machado, P. C., Paula, A. F., Paganin, A. C. L., Rezende, G. S., Matheucci, E., Carvalho, L. M., Freire, C. C. M., Cunha, A. F., & Lacava, P. T. (2023). 16S metabarcoding analysis reveals the influence of organic and conventional farming practices on bacterial communities from the rhizospheric of *Coffea arabica* L. *Brazilian Journal of Biology*, 83. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.274070>
- Andrade, S. A. L., Silveira, A. P. D., & Mazzafera, P. (2010). Arbuscular mycorrhiza alters metal uptake and the physiologi-

- cal response of *Coffea arabica* seedlings to increasing Zn and Cu concentrations in soil. *Sci. Total Environ*, 408(22), 5381-5391. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2010.07.064>
- Araújo, V. C., Rossati, K. F., Xavier, L. V., Oliveira, V. A. De, Carmo, G. J. Dos S., Assis, G. A. De, & Mendes, G. De O. (2020). Enhanced growth in nursery of coffee seedlings inoculated with the rhizosphere fungus *Aspergillus niger* for field transplantation. *Rhizosphere*, 15, 100236. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2020.100236>
- Asaf, S., Numan, M., Khan, A. L., & Al-Harrasi, A. (2020). Sphingomonas: from diversity and genomics to functional role in environmental remediation and plant growth. *Critical Reviews in Biotechnology*, 40(2), 138-152. <https://doi.org/10.1080/07388551.2019.1709793>
- Bautista-Cruz, A., Antonio-Revuelta, B., del Carmen Martínez Gallegos, V., & Báez-Pérez, A. (2019). Phosphate-solubilizing bacteria improve *Agave angustifolia* Haw. Growth under field conditions. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 99(14), 6601-6607. <https://doi.org/10.1002/jsfa.9946>
- Begum, N., Qin, C., Ahanger, M. A., Raza, S., Khan, M. I., Ashraf, M., Ahmed, N., & Zhang, L. (2019). Role of arbuscular mycorrhizal fungi in plant growth regulation: Implications in abiotic stress tolerance. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1068. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01068>
- Behnke, G. D., Kim, N., Zabaloy, M. C., Riggins, C. W., Rodriguez-Zas, S., & Villamil, M. B. (2021). Soil microbial indicators within rotations and tillage systems. *Microorganisms*, 9(6), 1244. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9061244>
- Bekele, G. K., Abda, E. M., Tuji, F. A., Meka, A. F., & Gemed, M. T. (2025). Shotgun Metagenomics Reveals Metabolic Potential and Functional Diversity of Microbial Communities of Chitu and Shala Soda Lakes in Ethiopia. *Microbiology Research*, 16(3), 71. <https://doi.org/10.3390/microbiolres16030071>
- Benedek, T., Pápai, M., Gharieb, K., Bedics, A., Táncsics, A., Tóth, E., Daoud, H., Máróti, G., Wirth, R., Menashe, O., Bóka, K., & Kriszt, B. (2022). *Nocardioide carbamazepini* sp. nov., an ibuprofen degrader isolated from a biofilm bacterial community enriched on carbamazepine. *Systematic and Applied Microbiology*, 45(4). <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2022.126339>
- Bertolini, V., Montañó, N. M., Chimal Sánchez, E., Varela Fregoso, L., Gómez Ruiz, J., & Martínez Vázquez, J. M. (2018). Abundance and richness of arbuscular mycorrhizal fungi in coffee plantations from Soconusco, Chiapas, Mexico. *Revista de Biología Tropical*, 66(1), 91-105. <https://doi.org/10.15517/rbt.v66i1.27946>
- Bertrand, B., Ramirez, G., Topart, P., & Anthony, F. (2002). Resistance of cultivated coffee (*Coffea arabica* and *C. canephora*) trees to corky-root caused by *Meloidogyne arabica* and *Fusarium oxysporum*, under controlled and field conditions. *Crop*

- Protection*, 21(9), 713-719. [https://doi.org/10.1016/S0261-2194\(02\)00028-5](https://doi.org/10.1016/S0261-2194(02)00028-5)
- Bez, C., Esposito, A., Musonerimana, S., Nguyen, T. H., Navarro-Escalante, L., Tesfaye, K., Turello, L., Navarini, L., Piazza, S., & Venturi, V. (2023). Comparative study of the rhizosphere microbiome of *Coffea arabica* grown in different countries reveals a small set of prevalent and keystone taxa. *Rhizosphere*, 25, 100652. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2022.100652>
- Bresciani, L., Freitas, C. C. G., Barros, F. M. Do R., Andreote, F. D., & Dini-Andreote, F. (2024). Partitioning the effects of coffee-*Urochloa* intercropping on soil microbial properties at a centimeter-scale. *Applied Soil Ecology*, 195, 105264. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2023.105264>
- Broeckling, C. D., Paschke, M. W., Vivanco, J. M., & Manter, D. (2019). Rhizosphere Ecology. *Encyclopedia of Ecology*, 3, 574-578. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409548-9.11132-7>
- Brtnicky, M., Kintl, A., Hammerschmidt, T., Mustafa, A., Elbl, J., Kucerik, J., Vyhnánek, T., Skladanka, J., Hunady, I., & Holátko, J. (2021). Clover species specific influence on microbial abundance and associated enzyme activities in rhizosphere and non-rhizosphere soils. *Agronomy*, 11(11), 2214. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112214>
- Bullergahn, V. B., Menezes, K. M. S., Velloso, T. G. R., da Luz, J. M. R., Castanheira, L. F., Pereira, L. L., & Soares da Silva, M. d. C. (2024). Diversity of potential nitrogen-fixing bacteria from rhizosphere of the *Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* L. 3 *Biotech*, 14(1), 27. <https://doi.org/10.1007/s13205-023-03875-7>
- Cabrera, R., García-López, H., Aguirre-von-Wobeser, E., Orozco-Avitia, J. A., & Gutiérrez-Saldaña, A. H. (2020). *Amycolatopsis* BX17: An actinobacterial strain isolated from soil of a traditional *milpa* agroecosystem with potential biocontrol against *Fusarium graminearum*. *Biological Control*, 147, 104285. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2020.104285>
- Cain, C. C., Henry, A. T., Waldo, R. H., Casida, J., & Falkinham, J. O. (2000). Identification and characteristics of a novel *Burkholderia* strain with broad-spectrum antimicrobial activity. *Applied and Environmental Microbiology*, 66(9), 4139-4141. <https://doi.org/10.1128/AEM.66.9.4139-4141.2000>
- Caldwell, A. C., Silva, L. C. F., da Silva, C. C., & Ouverney, C. C. (2015). Prokaryotic Diversity in the Rhizosphere of Organic, Intensive, and Transitional Coffee Farms in Brazil. *PLoS ONE*, 10(6), e0106355. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0106355>
- Campos Trigos, J.-A., Murga Valderrama, N. L., Rituay Trujillo, P. A. y García Rosero, L. M. (2021). Sostenibilidad del café: revisión sistemática de la literatura. *Revista Venezolana de Gerencia*, 26(95), 943-961. <https://doi.org/10.52080/rv-gluz.27.95.30>
- Cao, M., Huang, J., Li, J., Qiao, Z., & Wang, G. (2017). *Edaphobaculum flavum* gen. nov., sp. nov., a member of family Chi-

- tinophagaceae*, isolated from grassland soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67(11), 4475-4481. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002316>
- Carrasco-Espinosa, K., Avitia, M., Barrón-Sandoval, A., Abbruzzini, T. F., Salazar Cabrera, U. I., Arroyo-Lambaer, D., Uscanga, A., Campo, J., Benítez, M., Wegier, A., Rosell, J. A., Reverchon, F., Hernández, G., Boege, K. & Escalante, A. E. (2022). Land-Use Change and Management Intensification Is Associated with Shifts in Composition of Soil Microbial Communities and Their Functional Diversity in Coffee Agroecosystems. *Microorganisms*, 10(9), 1763. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10091763>
- Carrión, V. J., Cordovez, V., Tyc, O., Etalo, D. W., de Bruijn, I., de Jager, V. C. L., Medema, M. H., Eberl, L., & Raaijmakers, J. M. (2018). Involvement of Burkholderiaceae and sulfurous volatiles in disease-suppressive soils. *The ISME Journal*, 12(9), 2307-2321. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0186-x>
- Chopra, A., Bobate, S., Rahi, P., Banpurkar, A., Mazumder, P. B., & Satpute, S. (2020). *Pseudomonas aeruginosa* RTE4: A Tea Rhizobacterium with Potential for Plant Growth Promotion and Biosurfactant Production. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 8, 861. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2020.00861>
- Colombi, E., Hill, Y., Lines, R., Sullivan, J. T., Kohlmeier, M. G., Christophersen, C. T., Ronson, C. W., Terpolilli, J. J., & Ramsay, J. P. (2023). Population genomics of Australian indigenous *Mesorhizobium* reveals diverse nonsymbiotic genospecies capable of nitrogen-fixing symbioses following horizontal gene transfer. *Microbial Genomics*, 9(1). <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000918>
- Corazon-Guivin, M. A., Romero-Cachique, G., Del Aguila, K. M., Padilla-Domínguez, A., Hernández-Amasifuen, A. D., Cerna-Mendoza, A., Coyne, D., & Oehl, F. (2023). *Rhizoglosum* variable and *Nanoglosum plukenetiae*, Native to Peru, Promote Coffee Growth in Western Amazonia. *Microorganisms*, 11(12), 2883. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11122883>
- Costa, O. Y. A., Pijl, A., & Kuramae, E. E. (2020). Dynamics of active potential bacterial and fungal interactions in the assimilation of acidobacterial EPS in soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 148, 107916. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107916>
- das Neves, T. T., de Jesus Cassimiro, D. M., de Souza, J. G. D. L., de Souza Castro, C. R., Schwan, R. F., Batista, L. R., & Silva, C. F. (2024). Inhibition of *Aspergillus* spp. growth and ochratoxin A production in Conilon and Arabica coffees based-medium by *Saccharomyces cerevisiae*. *International Journal of Food Microbiology*, 425, 110875. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2024.110875>
- Davis, A. P., Govaerts, R., Bridson, D. M., & Stoffelen, P. (2006). An annotated taxonomic conspectus of the genus *Coffea*

- (Rubiaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 152(4), 465-512. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.2006.00584.x>
- de Beenhouwer, M., Van Geel, M., Ceulemans, T., Muleta, D., Lievens, B., & Honnay, O. (2015). Changing soil characteristics alter the arbuscular mycorrhizal fungi communities of Arabica coffee (*Coffea arabica*) in Ethiopia across a management intensity gradient. *Soil Biology and Biochemistry*, 91, 133-139. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2015.08.037>
- de Oliveira-Longatti, S. M., Martins de Sousa, P., Marciano Marra, L., Avelar Ferreira, P. A., & de Souza Moreira, F. M. (2015). *Burkholderia fungorum* promotes common bean growth in a dystrophic oxidisol. *Annals of Microbiology*, 65(4), 1825-1832. <https://doi.org/10.1007/s13213-014-1020-y>
- de Oliveira Mendes, G., Moreira de Freitas, A.L., Liparini Pereira, O. et al. (2014). Mechanisms of phosphate solubilization by fungal isolates when exposed to different P sources. *Ann Microbiol*, 64, 239-249. <https://doi.org/10.1007/s13213-013-0656-3>
- de Sousa, L. P., Filho, O. G., & Mondego, J. M. C. (2023). Age-Related Rhizosphere Analysis of *Coffea arabica* Plants. *Current Microbiology*, 80(4), 130. <https://doi.org/10.1007/s00284-023-03236-w>
- de Sousa, L. P., Guerreiro-Filho, O., & Mondego, J. M. C. (2022). The Rhizosphere Microbiomes of Five Species of Coffee Trees. *Microbiology Spectrum*, 10(2). <https://doi.org/10.1128/spectrum.00444-22>
- Drever, J. I., & Stillings, L. L. (1997). The role of organic acids in mineral weathering. *Colloids and Surfaces A: Physicochemical and Engineering Aspects*, 120(1-3), 167-181. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S092777579603720X>
- Duong, B., Nguyen, H. X., Phan, H. V., Colella, S., Trinh, P. Q., Hoang, G. T., Nguyen, T. T., Marraccini, P., Lebrun, M., & Duponnois, R. (2021). Identification and characterization of Vietnamese coffee bacterial endophytes displaying *in vitro* antifungal and nematocidal activities. *Microbiological Research*, 242, 126613. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126613>
- El-Shatnawi, M. K. J., & Makhadmeh, I. M. (2001). Ecophysiology of the Plant-Rhizosphere System. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 187(1), 1-9. <https://doi.org/10.1046/j.1439-037X.2001.00498.x>
- Farha, A., Fatimah, I. N., Ade, M. A., Hidayati, R. F., Lili, D., Merry, M. G., & Aidil, A. (2024). Colonization of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) in the rhizosphere of robusta coffee plant (*Coffea canephora*). E3S Web of Conferences, 577, 02018. EDP Sciences. <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202457702018>
- Franzin, M. L., Moreira, C. C., da Silva, L. N. P., Martins, E. F., Fadini, M. A. M., Pallini, A., Elliot, S. L., & Venzon, M. (2022). Metarhizium associated with coffee seedling roots: positive effects on plant growth and protection against Leucoptera coffeella. *Agriculture*, 12(12), 2030. <https://doi.org/10.3390/agriculture12122030>

- Ge, Y., Zhang, F., Xie, C., Qu, P., Jiang, K., Du, H., Zhao, M., Lu, Y., Wang, B., Shi, X., Li, X., & Zhang, C. (2023). Effects of Different Altitudes on *Coffea arabica* Rhizospheric Soil Chemical Properties and Soil Microbiota. *Agronomy*, 13(2), 471. <https://doi.org/10.3390/agronomy13020471>
- Gebbers, R. (1981). Enrichment, Isolation, and Emended Description of *Pedomicrobium ferrugineum* Aristovskaya and *Pedomicrobium manganicum* Aristovskaya. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 31(3) <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ij-sem/10.1099/00207713-31-3-302>
- Gomes, W. d. S., Partelli, F. L., Veloso, T. G. R., Soares da Silva, M. d. C., Moreli, A. P., Moreira, T. R., Pereira, L. L., & Louwzada Pereira, L. (2024). Effects of *Coffea canephora* genotypes on the microbial community of soil and fruit. *Scientific Reports*, 14, 29035. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-80403-4>
- Green, S. J., Prakash, O., Jasrotia, P., Overholt, W. A., Cardenas, E., Hubbard, D., Tiedje, J. M., Watson, D. B., Schadt, C. W., Brooks, S. C., & Kostka, J. E. (2012). Denitrifying bacteria from the genus *Rhodanobacter* dominate bacterial communities in the highly contaminated subsurface of a nuclear legacy waste site. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(4), 1039-1047. <https://doi.org/10.1128/AEM.06435-11>
- Groß, V., Reinhard, A., Petters, S., Pichler, M., & Urich, T. (2023). Adding complexity to soil food webs: Myxobacteria have broad predation spectra with bacteria, yeasts and filamentous fungi in vitro. *European Journal of Soil Biology*, 117. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2023.103508>
- Gu, Y., Wang, Y., Lu, S., Xiang, Q., Yu, X., Zhao, K., Zou, L., Chen, Q., Tu, S., & Zhang, X. (2017). Long-term fertilization structures bacterial and archaeal communities along soil depth gradient in a paddy soil. *Frontiers in Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01516>
- Guo, L., Zheng, S., Cao, C., & Li, C. (2016). Tillage practices and straw-returning methods affect topsoil bacterial community and organic C under a rice-wheat cropping system in central China. *Scientific Reports*, 6, 33155. <https://doi.org/10.1038/srep33155>
- Haldar, S., & Sengupta, S. (2015). Plant-microbe Cross-talk in the Rhizosphere: Insight and Biotechnological Potential. *The Open Microbiology Journal*, 9(1), 1-7. <https://doi.org/10.2174/1874285801509010001>
- Han, S., Luo, X., Liao, H., Nie, H., Chen, W., & Huang, Q. (2017). *Nitrospira* are more sensitive than *Nitrobacter* to land management in acid, fertilized soils of a rapeseed-rice rotation field trial. *Science of the Total Environment*, 599-600, 135-144. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.04.086>
- Hernández-Acosta, E., Trejo-Aguilar, D., Ferrera-Cerrato, R., Rivera-Fernández, & González-Chávez, M. C. (2018). Hongos micorrízicos arbusculares en el crecimiento de café (*Coffea arabica* L.) Variedades Garnica, Catimor, Caturra y Catuaí.

- Agroproductividad*, 11(4), 61-67. <https://mail.revista-agroproductividad.org/index.php/agroproductividad/es/article/view/352>
- Hindersah, R., & Asyiah, I. N. (2023). Abundance of Beneficial Soil Microbes in the Rhiosphere of Coffee Plants Infected by *Pratylenchus coffeae*. *Biosaintifika: Journal of Biology & Biology Education*, 15(2), 220-229. <https://doi.org/10.15294/biosaintifika.v15i2.43085>
- Hwang, Y. J., Son, J. S., Lee, S. Y., He, Y., Jo, Y., Shin, J. H., & Ghim, S. Y. (2020). *Nocardioides sambongensis* sp. Nov., isolated from dokdo islands soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(1), 16-22. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003689>
- Islam, M. T., Tabrez, S., Jabir, N. R., Ali, M., Kamal, M. A., da Silva Araujo, L., De Oliveira Santos, J. V., Da Mata, A. M. O. F., De Aguiar, R. P. S., & de Carvalho Melo Cavalcante, A. A. (2018). An Insight into the Therapeutic Potential of Major Coffee Components. *Current Drug Metabolism*, 19(6), 544-556. <https://doi.org/10.2174/1389200219666180302154551>
- Jan-Roblero, J., Cruz-Maya, J. A., & Cancino-Diaz, J. C. (2024). Novel Molecular Techniques for Identifying Agricultural Microorganisms. *Agriculture*, 14(7), 987. <https://doi.org/10.3390/agriculture14070987>
- Jasso-Arreola, Y., Ibarra, J. A., Rosas-Cárdenas, F. d. F., & Estrada-de los Santos, P. (2025). Beneficial Effects of ACC Deaminase-Producing Rhizobacteria on the Drought Stress Resistance of *Coffea arabica* L. *Plants*, 14(7), 1084. <https://doi.org/10.3390/plants14071084>
- Jiang, H., Chen, Y., Hu, Y., Wang, Z., & Lu, X. (2021). Soil bacterial communities and diversity in alpine grasslands on the Tibetan Plateau based on 16S rRNA gene sequencing. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9, 630722. <https://doi.org/10.3389/fevo.2021.630722>
- Jones, F. P., Clark, I. M., King, R., Shaw, L. J., Woodward, M. J., & Hirsch, P. R. (2016). Novel European free-living, non-diazotrophic Bradyrhizobium isolates from contrasting soils that lack nodulation and nitrogen fixation genes - A genome comparison. *Scientific Reports*, 6, 25858. <https://doi.org/10.1038/srep25858>
- Jurburg, S. D., Shek, K. L., & mcguire, K. (2020). Soil microbial composition varies in response to coffee agroecosystem management. *FEMS Microbiology Ecology*, 96(9). <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa164>
- Kalam, S., Basu, A., Ahmad, I., Sayyed, R. Z., El-Enshasy, H. A., Dailin, D. J., & Suriani, N. L. (2020). Recent Understanding of Soil Acidobacteria and Their Ecological Significance: A Critical Review. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.580024>
- Kartika, E., Duaja, M. D. & Gusniwati, G. (2019). Diversity of Arbuscular Mycorrhizal Fungi from Liberica Tungkal Jambi Coffee Plant Rhizosphere on Peatland. *IOP Conference Series: Earth and Environmen-*

- tal Science*, 391(1), 012058. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/391/1/012058>
- Kejela, T., Thakkar, V. R., & Thakor, P. (2016). *Bacillus* species (BT42) isolated from *Coffea arabica* L. rhizosphere antagonizes *Colletotrichum gloeosporioides* and *Fusarium oxysporum* and also exhibits multiple plant growth promoting activity. *BMC Microbiology*, 16, 277. <https://doi.org/10.1186/s12866-016-0897-y>
- Khalil, Z. G., Salim, A. A., Vuong, D., Crombie, A., Lacey, E., Blumenthal, A., & Capon, R. J. (2017). Amycolatopsins A-C: Antimycobacterial glycosylated polyketide macrolides from the Australian soil Amycolatopsis sp. MST-108494. *Journal of Antibiotics*, 70(12), 1097-1103. <https://doi.org/10.1038/ja.2017.119>
- Kim, D. U., Lee, H., Kim, H., Kim, S. G., & Ka, J. O. (2016). *Dongia soli* sp. Nov., isolated from soil from Dokdo, Korea. *International Journal of General and Molecular Microbiology*, 109(10), 1397-1402. <https://doi.org/10.1007/s10482-016-0738-x>
- Kim, D. Y., Han, J. W., Lee, J. W., Kim, B., Kim, Y. S., Kim, H. T., Choi, G. J., & Kim, H. (2023). Biocontrol potential of *Chitinophaga flava* HK235 producing antifungal-related peptide chitinocin. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1170673. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1170673>
- Knežević, M., Berić, T., Buntić, A., Jovković, M., Avdović, M., Stanković, S., Delić, D., & Stajković-Srbinić, O. (2022). Native Mesorhizobium strains improve yield and nutrient composition of the common bird's-foot trefoil grown in an acid soil. *Rhizosphere*, 21, 100487. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2022.100487>
- Kostka, J. E., Green, S. J., Rishishwar, L., Prakash, O., Katz, L. S., Mariño-Ramírez, L., King Jordan, I., Munk, C., Ivanova, N., Mikhailova, N., Watson, D. B., Brown, S. D., Palumbo, A. V., & Brooks, S. C. (2012). Genome sequences for six *Rhodanobacter* strains, isolated from soils and the terrestrial subsurface, with variable denitrification capabilities. *Journal of Bacteriology*, 194(16), 4461-4462. <https://doi.org/10.1128/JB.00871-12>
- Kruczyńska, A., Kuźniar, A., Podlewski, J., Słomczewski, A., Grządziel, J., Marzec-Grządziel, A., Gałązka, A., & Wolińska, A. (2023). Bacteroidota structure in the face of varying agricultural practices as an important indicator of soil quality – a culture independent approach. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 342, 108252. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2022.108252>
- Kutos, S., Bennett, R., Rao, M. V., Fleischer, R. C., Rice, R., & Muletz-Wolz, C. (2024). Farm management and shade tree species influence coffee soil microbiomes in Central and South America. *Applied Soil Ecology*, 202, 105571. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2024.105571>
- Li, C., Hu, H. W., Chen, Q. L., Chen, D., & He, J. Z. (2019). Comammox *Nitrospira* play an active role in nitrification of agricultural soils amended with nitrogen fertilizers. *Soil Biology and Biochemistry*, 138, 107609. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2019.107609>

- Li, J., Wang, C., Liang, W., & Liu, S. (2021). Rhizosphere Microbiome: The Emerging Barrier in Plant-Pathogen Interactions. *Frontiers in Microbiology*, 12, 772420. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.772420>
- Liao, H.-L. (2021). *The plant-growth-promoting fungus, Mortierella elongata: Its biology, ecological distribution, and activities promoting plant growth*. University of Florida Institute of Food and Agricultural. <https://ask.ifas.ufl.edu/publication/SS679>
- Ling, N., Wang, T., & Kuzyakov, Y. (2022). Rhizosphere bacteriome structure and functions. *Nature Communications*, 13, 836. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-28448-9>
- Lu, X., Taylor, A. E., Myrold, D. D., & Neufeld, J. D. (2020). Expanding perspectives of soil nitrification to include ammonia-oxidizing archaea and comammox bacteria. *Soil Science Society of America Journal*, 84, 287-302. <https://doi.org/10.1002/saj2.20029>
- Lv, Y. Y., Gao, Z. H., Xia, F., Chen, M. H., & Qiu, L. H. (2017). *Puia dinghuensis* gen. Nov., sp. Nov., isolated from monsoon evergreen broad-leaved forest soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67(11), 4639-4645. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002346>
- Ma, Y., Wang, J., Liu, Y., Wang, X., Zhang, B., Zhang, W., Chen, T., Liu, G., Xue, L., & Cui, X. (2023). *Nocardioides*: “Specialists” for Hard-to-Degrade Pollutants in the Environment. *Molecules*, 28(21), 7433. <https://doi.org/10.3390/molecules28217433>
- Menéndez, E., Pérez-Yépez, J., Hernández, M., Rodríguez-Pérez, A., Velázquez, E., & León-Barrios, M. (2020). Plant growth promotion abilities of phylogenetically diverse *Mesorhizobium* strains: Effect in the root colonization and development of tomato seedlings. *Microorganisms*, 8(3), 412. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030412>
- Mertz, F. P., & Yao, R. C. (1993). *Amycolatopsis alba* sp. Nov., Isolated from Soil. In *International Journal of Systematic Bacteriology*, 43(4), 715-720. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8240953/>
- Mng’ong’o, M. E., Ojija, F., & Aloo, B. N. (2023). The role of Rhizobia toward food production, food and soil security through microbial agro-input utilization in developing countries. *Case Studies in Chemical and Environmental Engineering*, 8, 100404. <https://doi.org/10.1016/j.csee.2023.100404>
- Moher D., Liberati A., Tetzlaff J., Altman D. G., The PRISMA Group (2009). Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses: The PRISMA Statement. *PLoS Med* 6(7): e1000097. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1000097>
- Moreira, S. D., França, A. C., Rocha, W. W., Tibães, E. S. R., & Neiva Júnior, E. (2018). Inoculation with mycorrhizal fungi on the growth and tolerance to water deficit of coffee plants. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 22(11), 747-752. <https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v22n11p747-752>

- Mulatu, A., Megersa, N., Abena, T., Kana-garajan, S., Liu, Q., Tenkegna, T. A., & Vetukuri, R. R. (2022). Biodiversity of the Genus *Trichoderma* in the Rhizosphere of Coffee (*Coffea arabica*) Plants in Ethiopia and Their Potential Use in Biocontrol of Coffee Wilt Disease. *Crops*, 2(2), 120-141. <https://doi.org/10.3390/crops2020010>
- Mulaw, T. B., Kubicek, C. P., & Druzhinina, I. S. (2010). The rhizosphere of *Coffea arabica* in its native highland forests of Ethiopia provides a niche for a distinguished diversity of *Trichoderma*. *Diversity*, 2(4), 527. <https://doi.org/10.3390/d2040527>
- Muleta, A., Tesfaye, K., Haile Selassie, T. H., Cook, D. R., & Assefa, F. (2021). Phosphate solubilization and multiple plant growth promoting properties of *Mesorhizobium* species nodulating chickpea from acidic soils of Ethiopia. *Archives of Microbiology*, 203(5), 2129-2137. <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02189-7>
- Muok, A. R., Claessen, D., & Briegel, A. (2021). Microbial hitchhiking: how *Streptomyces* spores are transported by motile soil bacteria. *The ISME Journal*, 15(9), 2591-2600. <https://doi.org/10.1038/s41396-021-00952-8>
- Nakayasu, M., Takamatsu, K., Kanai, K., Masuda, S., Yamazaki, S., Aoki, Y., Shibata, A., Suda, W., Shirasu, K., Yazaki, K., & Sugiyama, A. (2023). Tomato root-associated *Sphingobium* harbors genes for catabolizing toxic steroidal glycoalkaloids. *Mbio*, 14, e00599-23. <https://doi.org/10.1128/MBIO.00599-23>
- Nastiti, W., & Prayogo, C. (2020). Pemberian biochar diperkaya *Trichoderma* dengan penambahan amonium nitrat untuk meningkatkan pertumbuhan bibit kopi Arabika. *Jurnal tanah dan sumberdaya lahan* Учредители: *Brawijaya University*, 7(2), 351-357. <https://doi.org/10.21776/ub.jt-sl.2020.007.2.20>
- Navarro, G. V. D., Quirong, D. D., Maghanoy, G. A., & Cortes, A. D. (2023). Characterization and identification of rhizobacteria associated with Liberica and Robusta coffee rhizosphere. *Technology in Horticulture*, 3, 24. <https://doi.org/10.48130/tih-2023-0024>
- Ochoa-Henriquez, V. H., Faggioli, V., Gómez-Godínez, L. J., Rivarola, M., & Cristancho, M. (2024). Colombian coffee (*Coffea arabica* L.) Plantations: a taxonomic and functional survey of soil fungi. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 8, 1345383. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2024.1345383>
- Olal, S., Bitalo, D. N., Olango, N. D., Mulindwa, J., Ochwo, S., Opiyo, S. O., Arinaitwe, G., & Ogwok, E. (2019). *De novo* genome sequence of a *Fusarium xylarioides* race pathogenic to Robusta coffee (*Coffea canephora*) in Uganda. *Microbiology Resource Announcements*, 8(31), 10.1128. <https://doi.org/10.1128/mra.00520-19>
- Oliveira, C., Shakiba, E., North, D., McGraw, M., Ballard, E., Barrett-D'Amico, M., Glazko, G., & Rahmatallah, Y. (2022). 16S rRNA gene-based metagenomic analysis of rhizosphere soil bacteria

- in Arkansas rice crop fields. *Agronomy*, 12(1), 222. <https://doi.org/10.3390/agronomy12010222>
- Oliveira, M. C. O., Alves, A., Fidalgo, C., de Freitas, J. G. R., & Pinheiro de Carvalho, M. A. A. (2024). Variations in the structure and function of the soil fungal communities in the traditional cropping systems from Madeira Island. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1426957. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1426957>
- Oliveira-Longatti, S. M. De, Marra, L. M., & Moreira, F. M. D. S. (2013). Evaluation of plant growth-promoting traits of Burkholderia and Rhizobium strains isolated from Amazon soils for their co-inoculation in common bean. *African Journal of Microbiology Research*, 7(11), 948-959. <https://doi.org/10.5897/AJMR12.1055>
- Oshkin, I. Y., Kulichevskaya, I. S., Rijpstra, W. I. C., Damste, J. S. S., Rakitin, A. L., Ravin, N. V., & Dedysh, S. N. (2019). *Granulicella sibirica* sp. Nov., a psychrotolerant acidobacterium isolated from an organic soil layer in forested tundra, West Siberia. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 69(4), 1195-1201. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003290>
- Pantigoso, H. A., Newberger, D., & Vivanco, J. M. (2022). The rhizosphere microbiome: Plant-microbial interactions for resource acquisition. *Journal of Applied Microbiology*, 133(5), 2864-2876. <https://doi.org/10.1111/jam.15686>
- Patay, É. B., Bencsik, T., & Papp, N. (2016). Phytochemical overview and medicinal importance of *Coffea* species from the past until now. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 9(12), 1127-1135. <https://doi.org/10.1016/j.apjtm.2016.11.008>
- Peterson, S. W., Vega, F. E., Posada, F., & Nagai, C. (2005). *Penicillium coffeae*, a new endophytic species isolated from a coffee plant and its phylogenetic relationship to *P. fellutanum*, *P. thiersii* and *P. brocae* based on parsimony analysis of multilocus DNA sequences. *Mycologia*, 97(3), 659-666. <https://doi.org/10.3852/mycologia.97.3.659>
- Petters, S., Groß, V., Söllinger, A., Pichler, M., Reinhard, A., Bengtsson, M. M., & Urich, T. (2021). The soil microbial food web revisited: Predatory myxobacteria as keystone taxa? The *ISME Journal*, 15(9), 2665-2675. <https://doi.org/10.1038/s41396-021-00958-2>
- Pino, A. F. S., Espinosa, Z. Y. D., & Cabrera, E. V. R. (2023). Characterization of the rhizosphere bacterial microbiome and coffee bean fermentation in the Castillo-Tambo and Bourbon varieties in the Popayán-Colombia Plateau. *BMC Plant Biology*, 23, 217. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04182-2>
- Purwaningsih, S., Agustiyani, D., & Antonius, S. (2021). Diversity, activity, and effectiveness of Rhizobium bacteria as plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) isolated from Dieng, central Java (Vol. 13, Issue 1). <https://doi.org/10.3390/plants10040779>
- Rao, M. V., Rice, R. A., Fleischer, R. C., & Muletz-Wolz, C. R. (2020). Soil fungal communities differ between shaded and

- sun-intensive coffee plantations in El Salvador. *PLoS ONE*, 15(4), e0231875. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0231875>
- Razafinarivo, N. J., Guyot, R., Davis, A. P., Couturon, E., Hamon, S., Crouzillat, D., Rigoreau, M., Dubreuil-Tranchant, C., Poncet, V., De Kochko, A., Rakotomalala, J. J., & Hamon, P. (2013). Genetic structure and diversity of coffee (*Coffea*) across Africa and the Indian Ocean islands revealed using microsatellites. *Annals of Botany*, 111(2), 229-248. <https://doi.org/10.1093/aob/mcs283>
- Renzi, S., Nenciarini, S., & Cavalieri, D. (2023). Yeast metagenomics: analytical challenges in the analysis of the eukaryotic microbiome. *Microbiome Research Reports*, 3(2). <https://doi.org/10.20517/mrr.2023.27>
- Richter, D. D., Oh, N.-H., Fimmen, R., & Jackson, J. (2007). The Rhizosphere and Soil Formation. The Rhizosphere (179-200). Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-012088775-0/50010-0>
- Sah, S., & Singh, R. (2016). Phylogenetical coherence of *Pseudomonas* in unexplored soils of Himalayan region. *3 Biotech*, 6(2), 170. <https://doi.org/10.1007/s13205-016-0493-8>
- Sattler, M. C., de Oliveira, S. C., Mendonça, M. A. C., & Clarindo, W. R. (2022). Coffee cytogenetics: from the first karyotypes to the meeting with genomics. *Planta*, 255(6), 112. <https://doi.org/10.1007/s00425-022-03898-z>
- Sasan, R. K., & Bidochka, M. J. (2012). The insect-pathogenic fungus *Metarhizium robertsii* (Clavicipitaceae) is also an endophyte that stimulates plant root development. *American Journal of Botany*, 99(1), 101-107. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100136>
- Seipke, R. F., Kaltenpoth, M., & Hutchings, M. I. (2012). *Streptomyces* as symbionts: an emerging and widespread theme? *FEMS Microbiology Reviews*, 36(4), 862-876. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2011.00313.x>
- Shah, M. A. (2014). Mycorrhizas: An Overview. In *Mycorrhizas: Novel Dimensions in the Changing World* (pp. 5-12). https://doi.org/10.1007/978-81-322-1865-4_4
- Sharma, S., Kumar, S., Khajuria, A., Ohri, P., Kaur, R., & Kaur, R. (2020). Biocontrol potential of chitinases produced by newly isolated *Chitinophaga* sp. S167. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 36(6), 90. <https://doi.org/10.1007/s11274-020-02864-9>
- Shayanthan, A., Ordoñez, P. A. C., & Oresnik, I. J. (2022). The Role of Synthetic Microbial Communities (SynCom) in Sustainable Agriculture. *Frontiers in Agronomy*, 4, 896307. <https://doi.org/10.3389/fagro.2022.896307>
- Silva, E. C., Gusmão, A. K. H., Barros, M. de, Azevedo A. da S., Guimarães, E. R., & Castro Junior, L. G. (2019). Governança privada e sustentabilidade na indústria do café. *Agroalimentaria*, 25(48), 35-51. <https://www.redalyc.org/journal/1992/199262942003/html/>

- Silveira, A. P. D., Tristão, F. S. M., Fernandes, A. O., Andrade, S. A. L., & Cipriano, M. A. P. (2023). Arbuscular mycorrhizal fungi inoculation for coffee seedling production with commercial and conventional substrates. *Bragantia*, 82, e20220161. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20220161>
- Singh, A., Kumari, R., Yadav, A. N., Mishra, S., Sachan, A., & Sachan, S. G. (2020). Tiny microbes, big yields: Microorganisms for enhancing food crop production for sustainable development. *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering*, 1-15. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820526-6.00001-4>
- Solis, A., Delgado, Z., & Ramos, E. (2023). Characterization of the Rhizosphere Bacterial Microbiome and Coffee Bean Fermentation in the Castillo-Tambo and Bourbon Varieties in the Popayán-Colombia Plateau. *BMC Plant Biology*, 23, 217. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04182-2>
- Sopiana, E., Tahir, M., & Sudirman, A. (2018). Respons Viabilitas Benih Kopi Arabica (*Coffea arabica*) terhadap Pelumuran Jamur *Trichoderma viride* di Pre-nursery. *Jurnal Agro Industri Perkebunan*, 6(1), 9-18. <https://doi.org/10.25181/jaip.v6i1.656>
- Stopnisek, N., Zuhlke, D., Carlier, A., Barberan, A., Fierer, N., Becher, D., Riedel, K., Eberl, L., & Weiskopf, L. (2016). Molecular mechanisms underlying the close association between soil *Burkholderia* and fungi. *ISME Journal*, 10(1), 253-264. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.73>
- Su, Y., He, Z., Yang, Y., Jia, S., Yu, M., Chen, X., & Shen, A. (2020). Linking soil microbial community dynamics to straw-carbon distribution in soil organic carbon. *Scientific Reports*, 10, 5526. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-62198-2>
- Sugawara, M., Shah, G. R., Sadowsky, M. J., Paliy, O., Speck, J., Vail, A. W., & Gyaneshwar, P. (2011). Expression and Functional Roles of Bradyrhizobium japonicum Genes Involved in the Utilization of Inorganic and Organic Sulfur Compounds in Free-Living and Symbiotic Conditions. / 451 MPMI, 24(4), 451-457. <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-10-0184>
- Suharjono, & Yuliatin, E. (2022). Bacteria communities of coffee plant rhizosphere and their potency as plant growth promoting. *Biodiversitas*, 23(11), 5822-5834. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d231136>
- Sun, Y., Yan, L., Zhang, A., Yang, J., Zhao, Q., Lin, X., Zhang, Z., Huang, L., Wang, X., & Wang, X. (2024). Effects of grafting on the structure and function of coffee rhizosphere microbiome. *Agriculture*, 14(10), 1854. <https://doi.org/10.3390/agriculture14101854>
- Sutariati, G. A. K., Rahni, N. M., Madiki, A., Mudi, L., Guyasa, I. M., & Zahrma. (2020). Characterization of endophytic-rhizobacteria from areca nut rhizosphere to dissolve phosphates, nitrogen fixation of IAA hormone synthesis. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 23(3), 240-247. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2020.240.247>

- Tapaça, I. D. P. E., Obieze, C. C., Pereira, G. V. D. M., Fangueiro, D., Coutinho, J., Fraga, I., Partelli, F. L., Ramalho, J. C., Marques, I., & Ribeiro-Barros, A. I. (2024). Irradiance level and elevation shape the soil microbiome communities of *Coffea arabica* L. *Environmental Microbiome*, 19, 75. <https://doi.org/10.1186/s40793-024-00619-9>
- Teshome, B., Wassie, M., & Abatneh, E. (2017). Isolation, screening and biochemical characterization of phosphate-solubilizing rhizobacteria associated with *Coffea arabica* L. *Journal of Fertilizers & Pesticides*, 8(3), 188. <https://doi.org/10.4172/2471-2728.1000188>
- Tran, D. M. (2022). Rhizosphere microbiome dataset of Robusta coffee (*Coffea canephora* L.) grown in the Central Highlands, Vietnam, based on 16S rRNA metagenomics analysis. *Data in Brief*, 42, 108106. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2022.108106>
- Vaninsberghe, D., Maas, K. R., Cardenas, E., Strachan, C. R., Hallam, S. J., & Mohn, W. W. (2015). Non-symbiotic *Bradyrhizobium* ecotypes dominate North American forest soils. *The ISME Journal*, 9(11), 2435-2441. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.54>
- Veloso, T. G. R., da Silva, M. d. C. S., Moreira, T. R., da Luz, J. M. R., Moreli, A. P., Kasuya, M. C. M., & Pereira, L. L. (2023). Microbiomes associated with *Coffea arabica* and *Coffea canephora* in four different floristic domains of Brazil. *Scientific Reports*, 13, 18477. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-45465-w>
- Vega, F. E., Posada, F., Peterson, S. W., Gianfagna, T. J., & Chaves, F. (2006). *Penicillium* species endophytic in coffee plants and ochratoxin A production. *Mycologia*, 98(1), 31-42. <https://doi.org/10.3852/mycologia.98.1.31>
- Vila, T., Nazir, R., Rozental, S., dos Santos, G. M. P., Calixto, R. O. R., Barreto-Bergter, E., Wick, L. Y., & van Elsas, J. D. (2016). The role of hydrophobicity and surface receptors at hyphae of *Lyophyllum* sp. Strain Karsten in the interaction with *Burkholderia terrae* BS001 - Implications for interactions in soil. *Frontiers in Microbiology*, 7, 1689. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01689>
- Villamil, M. B., Kim, N., Riggins, C. W., Zabaloy, M. C., Allegrini, M., & Rodríguez-Zas, S. L. (2021). Microbial Signatures in Fertile Soils Under Long-Term N Management. *Frontiers in Soil Science*, 1, 765901. <https://doi.org/10.3389/fsoil.2021.765901>
- Walsh, C. M., Gebert, M. J., Delgado-Baque-rizo, M., Maestre, F. T., & Fierer, N. (2019). A global survey of mycobacterial diversity in soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 85, e01180-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.01180-19>
- Wang, M., Xue, J., Ma, J., Feng, X., Ying, H., & Xu, H. (2020). *Streptomyces lydicus* M01 Regulates Soil Microbial Community and Alleviates Foliar Disease Caused by *Alternaria alternata* on Cucumbers. *Frontiers in Microbiology*, 11, 942. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00942>
- Wang, R., An, X., Lv, Y., Asad Ali Khan, R., Xue, M., Chen, J., & Liu, T. (2023). *Tri-*

- choderma asperellum* GD040 upregulates defense-related genes and reduces lesion size in *Coffea canephora* leaves inoculated with *Colletotrichum cairnsense*. *Biological Control*, 181, 105213. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2023.105213>
- Weon, H. Y., Anandham, R., Kim, B. Y., Hong, S. B., Jeon, Y. A., & Kwon, S. W. (2009). *Dyella soli* sp. Nov. And *Dyella terrae* sp. Nov., isolated from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(7), 1685-1690. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.004838-0>
- Weon, H. Y., Kim, B. Y., Yoo, S. H., Lee, S. Y., Kwon, S. W., Go, S. J., & Stackebrandt, E. (2006). *Niastella koreensis* gen. Nov., sp. Nov. and *Niastella yeongjuensis* sp. Nov., novel members of the phylum *Bacteroidetes*, isolated from soil cultivated with Korean ginseng. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 56(8), 1777-1782. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64242-0>
- Wu, Y., Zhao, X., Wang, Z., Li, X., Zhang, X., Xie, C., Du, H., Jiang, K., Qu, P., & Zhang, C. (2025). The role of coffee microbiomes in pathogen resistance across varieties and ecological niches. *Microorganisms*, 13(8), 1909. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13081909>
- Xin, X., Liu, S., Qin, J., Ye, Z., Liu, W., Fang, S., & Yang, J. (2021). Performances of simultaneous enhanced removal of nitrogen and phosphorus via biological aerated filter with biochar as fillers under low dissolved oxygen for digested swine wastewater treatment. *Bioprocess and Biosystems Engineering*, 44, 1741-1753. <https://doi.org/10.1007/s00449-021-02557-z>
- Yabe, S., Sakai, Y., & Yokota, A. (2016). *Thermosporothrix narukonensis* sp. Nov., belonging to the class *Ktedonobacteria*, isolated from fallen leaves on geothermal soil, and emended description of the genus *Thermosporothrix*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(6), 2152-2157. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001004>
- Yoon, J.-H., & Park, Y.-H. (2006). The Genus *Nocardioides*. In *The Prokaryotes* (1099-1113). https://doi.org/10.1007/0-387-30743-5_44
- Yusuf, M., Fernandes, A. A. R., Kurniawan, S., & Arisoelaningsih, E. (2021). Spatial variation of soil bacteria communities and its alpha diversity as a potential bioindicator of land degradation. *Journal of Degraded and Mining Lands Management*, 8(4), 2847-2860. <https://doi.org/10.15243/jd-mlm.2021.084.2847>
- Zhang, H., Zhang, H., Qin, X., Wang, X., Wang, Y., Bin, Y., Xie, X., Zheng, F., & Luo, H. (2021). Biodegradation of Deoxynivalenol by *Nocardioides* sp. ZHH-013: 3-keto-Deoxynivalenol and 3-*epi*-Deoxynivalenol as Intermediate Products. *Frontiers in Microbiology*, 12, 658421. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.658421>
- Zhang, J., Wang, N., Li, S., Wang, J., Feng, Y., Wang, E., Li, Y., Yang, T., & Chen, W. (2023a). The Effect of Different Rhizobial Symbionts on the Composition and Diversity of Rhizosphere Microorganisms of Chickpea in Different Soils. *Plants*,

- 12(19), 3421. <https://doi.org/10.3390/plants12193421>
- Zhang, M., Liang, G., Ren, S., Li, L., Li, C., Li, Y., Yu, X., Yin, Y., Liu, T., & Liu, X. (2023b). Responses of soil microbial community structure, potential ecological functions, and soil physicochemical properties to different cultivation patterns in cucumber. *Geoderma*, 429, 116237. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2022.116237>
- Zhao, Q., Xiong, W., Xing, Y., Sun, Y., Lin, X., & Dong, Y. (2018). Long-Term Coffee Monoculture Alters Soil Chemical Properties and Microbial Communities. *Scientific Reports*, 8, 6116. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24537-2>
- Zhao, S., Zhang, A., Zhao, Q., Dong, Y., Su, L., Sun, Y., Zhu, F., Hua, D., & Xiong, W. (2023). The impact of main *Areca catechu* root exudates on soil microbial community structure and function in coffee plantation soils. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1257164. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1257164>
- Zhao, Y., Yao, Y., Xu, H., Xie, Z., Guo, J., Qi, Z., & Jiang, H. (2022). Soil metabolomics and bacterial functional traits revealed the responses of rhizosphere soil bacterial community to long-term continuous cropping of Tibetan barley. *PeerJ*, 10, e13254. <https://doi.org/10.7717/peerj.13254>
- Zhou, L., Li, H., Zhang, Y., Han, S., & Xu, H. (2016). *Sphingomonas* from petroleum-contaminated soils in Shenhui, China and their PAHs degradation abilities. *Brazilian Journal of Microbiology*, 47(2), 271-278. <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.01.001>

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.



Licencia de Creative Commons

Revista de Investigación Agraria y Ambiental is licensed under a Creative Commons Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual 4.0 Internacional License.