

Descifrando la diversidad y estructura del microbioma bacteriano y fúngico en la palma de aceite en Colombia

Luis Teherán*, Santiago Mejía, Manuel Ospino, Álvaro Rincón & Nólver Arias

Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite, Cenipalma. fmejia@cenipalma.org, mospino@cenipalma.org, arincon@cenipalma.org, narias@cenipalma.org *autor para correspondencia: lgteheran@cenipalma.org

Introducción

Colombia es el cuarto productor de aceite de palma en el mundo, alcanzando una producción de 1,84 millones de toneladas de aceite crudo en 2023 y 600 mil hectáreas cultivadas que se distribuyen en 158 municipios en 21 departamentos del país (Fedepalma, 2024). En este contexto, el estudio del microbioma asociado a cultivos perennes como la palma de aceite (*Elaeis guineensis* y el híbrido interespecífico OxG) adquiere una importancia estratégica, dado su papel crucial en la productividad, salud vegetal y sostenibilidad del agroecosistema. Este trabajo se centra en la caracterización de comunidades bacterianas y fúngicas presentes en diferentes nichos de la planta (suelo libre de raíces, rizósfera, raíces y hojas), muestreados en diversas subzonas productivas de Colombia. El objetivo es identificar grupos microbianos claves con potencial funcional para el desarrollo de biofertilizantes innovadores que fortalezcan la sostenibilidad del cultivo de palma de aceite.

Materiales y métodos

Genotipos de palma: *E. guineensis* y el híbrido interespecífico OxG (*Elaeis oleifera* x *Elaeis guineensis*)

Nichos ecológicos muestreados: suelo libre de raíces, rizósfera, raíces y folíolos de la hoja 9.

Réplicas biológicas: cuatro por condición/lote (cada réplica compuesta por tres submuestras).

Zonas muestreadas: zonas norte (ZN), central (ZC), oriental (ZO) y suroccidental (ZS) incluyendo tres campos y una estación experimental de Cenipalma (Figura 1).

Criterios de inclusión: mejores prácticas agrícolas, productividad estable (t/ha), disponibilidad logística e información climática previa.

Procesamiento de muestras: extracción de ADN de suelo con Qiagen DNeasy PowerSoil Pro Kit; folíolos: InviSorb® Spin Plant Mini Kit; raíces: Sbeadex nucleic acid purification technology.

Secuenciación por amplicones: para la elaboración de bibliotecas de amplicones se usaron los marcadores 16S (V3-V4) para bacterias e ITS (ITS2) para comunidades de hongos y los inhibidores de amplificación (*Peptide Nucleic Acid* - PNA) de secuencias de mitocondria (mPNA) y cloroplasto (pPNA). Las bibliotecas fueron secuenciadas en la plataforma Illumina® Nextseq obteniendo datos crudos posteriormente analizadas por bioinformática para identificación de ASVs (*amplicon sequence variants*) y métricas de diversidad.

Análisis de datos: las secuencias únicas de variantes de amplicones (ASVs) fueron inferidas a partir de datos crudos utilizando la plataforma DADA2 (Callahan *et al.*, 2016). Los posibles errores de secuenciación y las secuencias quiméricas fueron eliminados también mediante este mismo pipeline. La asignación taxonómica se realizó con el algoritmo Uclust de Qiime v.1.9.1, empleando como referencia la base de datos de Zymo Research, una base 16S diseñada y curada internamente.

Permisos: todas las colectas fueron realizadas bajo el permiso marco de colecta de la ANLA (Resolución 2907 de 2022).

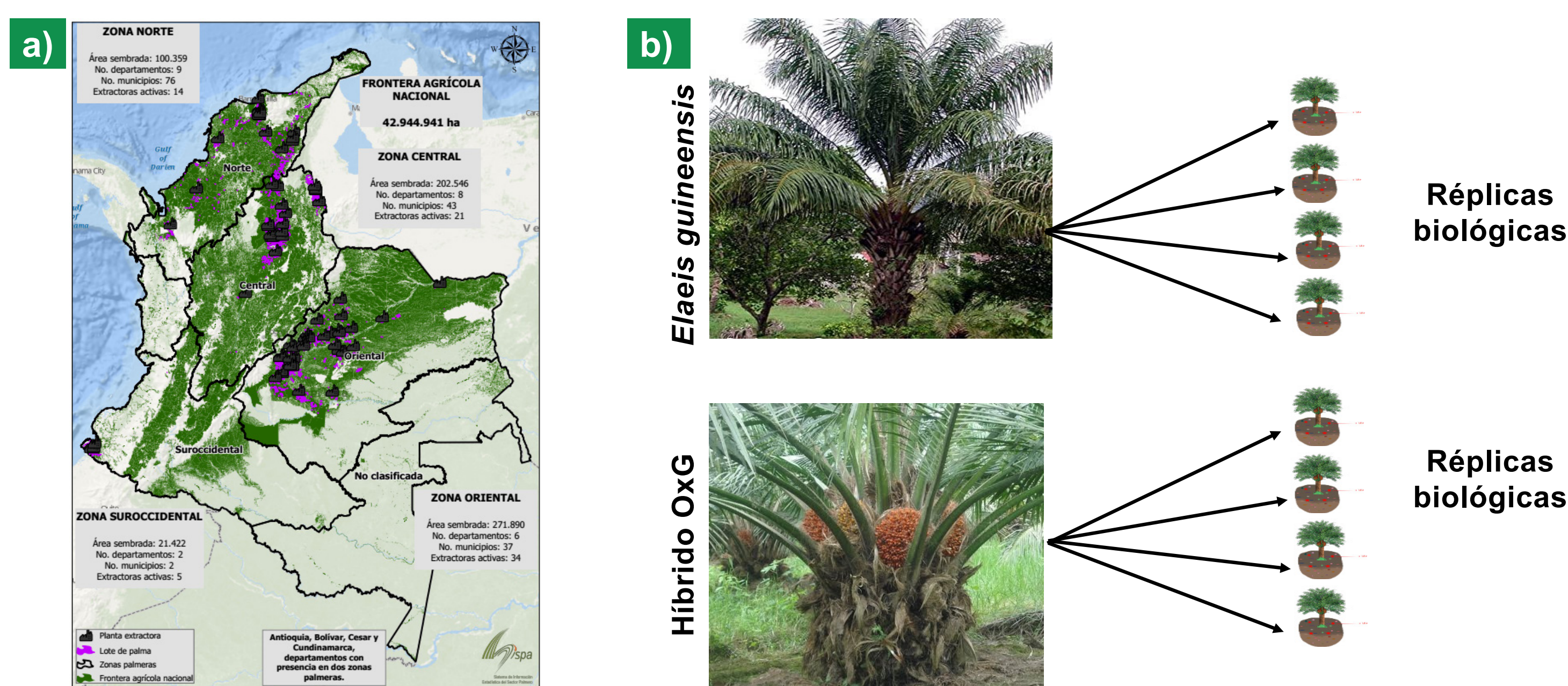


Figura 1. a) Mapa de Colombia de las cuatro zonas palmeras: Norte, Central, Oriental y Suroccidental (Tumaco). b) Réplicas biológicas por genotipo. Cada réplica biológica está conformada por al menos tres palmas sanas en las mismas condiciones.

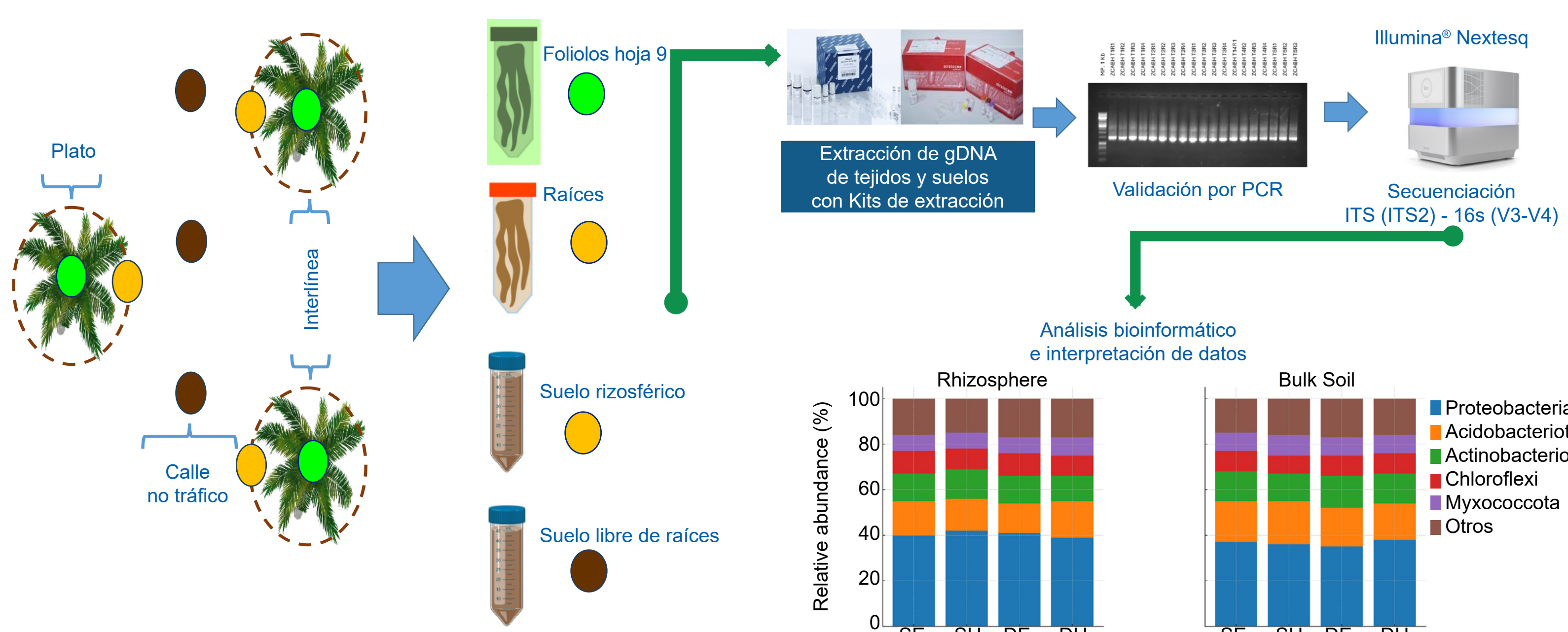


Figura 2. Diagrama que muestra el proceso desde la toma de muestras, extracción del ADN, validación de la amplificación por PCR, secuenciación en la plataforma Illumina® Nextseq y análisis de datos por bioinformática con la finalidad de obtener información de la composición y diversidad de las comunidades de bacterias y hongos en los nichos estudiados.

Resultados

El análisis de la diversidad microbiana centrado en muestras de rizósfera, reveló una alta variabilidad en la composición de comunidades bacterianas y fúngicas asociadas a la palma de aceite, dependiendo tanto del genotipo muestreado como de la zona agroecológica. En términos de diversidad alfa, el índice de Shannon mostró valores más altos en el suelo libre de raíces en todas las zonas analizadas, evidenciando una mayor riqueza de especies en este nicho por ser el reservorio de microorganismos. En la Zona Oriental, para el índice de alfa diversidad (Shannon), se observaron diferencias marcadas entre genotipos, donde *E. guineensis* presentó una mayor diversidad que el híbrido OxG. En las zonas Norte y Central, ambos genotipos mostraron valores de diversidad similares, mientras que en la Zona Suroccidental solo se analizó el híbrido OxG (genotipo predominante en la zona), destacando nuevamente el suelo como el nicho más diverso, seguido del suelo rizosférico y raíces. Entre los taxones bacterianos más abundantes se encontraron los filos Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria y Firmicutes, grupos conocidos por contener especies promotoras de crecimiento vegetal por su capacidad para fijar nitrógeno, solubilizar fósforo y producir fitohormonas. En cuanto a los hongos, los géneros *Trichoderma*, *Penicillium*, *Aspergillus* y *Mortierella* fueron recurrentes en varias zonas, destacándose por su papel en el control biológico, la degradación de materia orgánica y la mejora de la tolerancia al estrés en plantas.

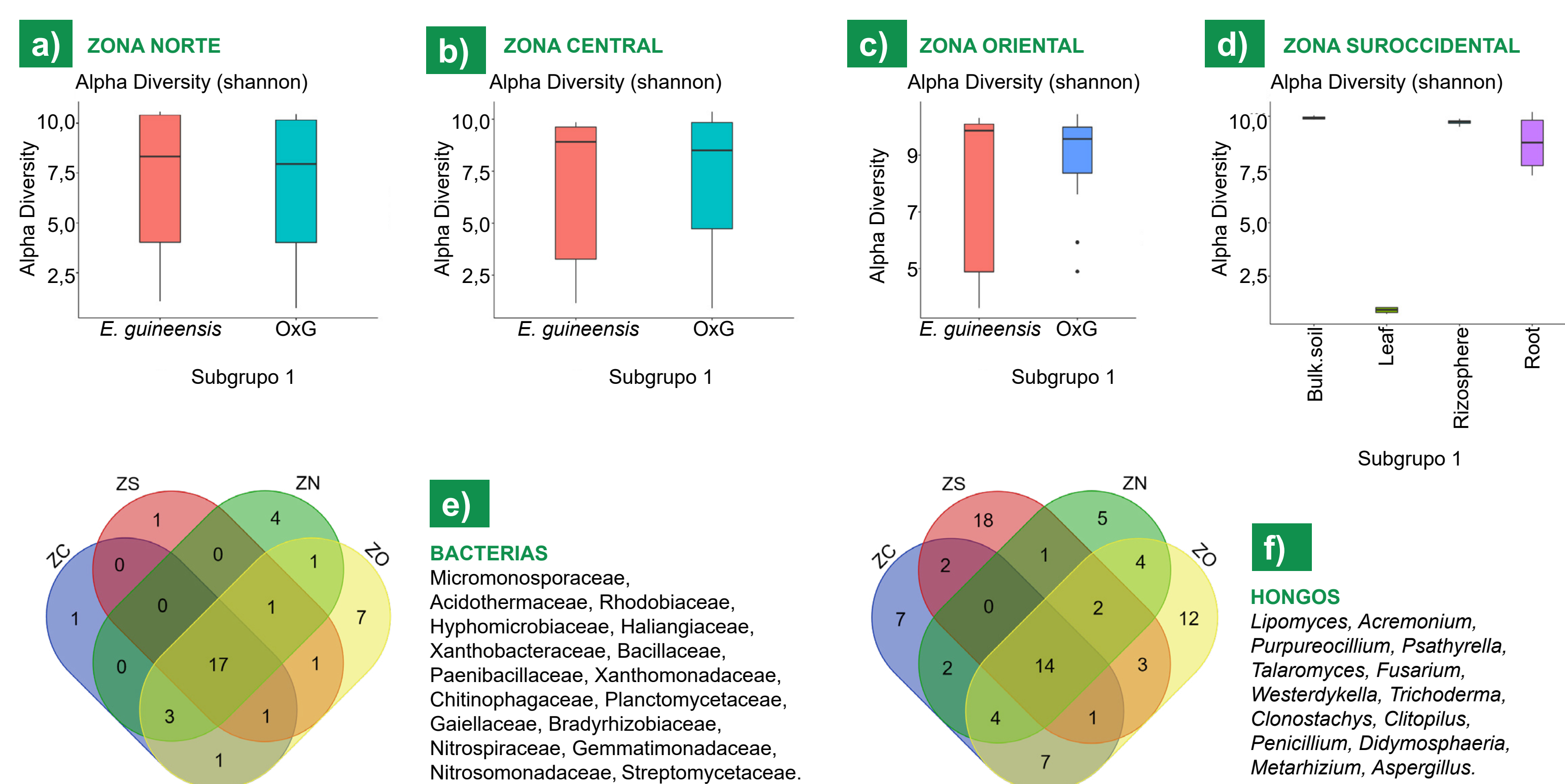


Figura 3. a), b), c) y d) Distribución de la diversidad alfa (índice de Shannon) en los genotipos de *E. guineensis* y el híbrido OxG. Para la Zona Suroccidental solo se muestra la diversidad alfa por nicho. e) y f) Diagramas de Venn que representan el número de familias bacterianas y fúngicas compartidas y exclusivas entre las zonas Norte (ZN), Central (ZC), Oriental (ZO) y Suroccidental (ZS). Se observan núcleos comunes (compartidos) de 17 familias bacterianas y 14 familias fúngicas presentes en todas las zonas, junto con varias familias exclusivas que destacan la especificidad ecológica de cada zona palmera.

Conclusiones

Se evidenció una alta diversidad funcional de comunidades microbianas asociadas a palma de aceite, influenciada por el tipo de nicho y la zona agroecológica.

Se identificaron taxones clave con funciones promotoras del crecimiento vegetal y control biológico de fitopatógenos, como *Trichoderma* y diversas Proteobacterias con capacidades como fijación de nitrógeno, solubilización de fósforo y producción de fitohormonas.

Los resultados sientan las bases para el desarrollo de consorcios microbianos en forma de biofertilizantes, que mejoren la productividad, sostenibilidad y resiliencia del cultivo frente a factores ambientales adversos.

Referencias bibliográficas

- Armanhi, J. S. L., de Souza, R. S. C., de Araujo, L. M., Okura, V. K., Mieczkowski, P., Imperial, J., & Arruda, P. (2016). Multiplex amplicon sequencing for microbe identification in community- based culture collections. *Scientific Reports*, 6(February), 1–9. <https://doi.org/10.1038/srep29543>
- Berg, G., Grube, M., Schlöter, M., & Smalla, K. (2014). Unraveling the plant microbiome: Looking back and future perspectives. *Frontiers in Microbiology*, 5(JUN), 148. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00148>
- Berg, G., Rybakova, D., Grube, M., & Köberl, M. (2016). The plant microbiome explored: implications for experimental botany. *Journal of Experimental Botany*, 67(4), 995–1002. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv466>
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7), 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., Fierer, N., Peña, A. G., Goodrich, J. K., Gordon, J. I., Huttley, G. A., Kelley, S. T., Knights, D., Koenig, J. E., Ley, R. E., Lozupone, C. A., McDonald, D., Muegge, B. D., Pirrung, M., Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 7(5), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>

Agradecimientos

Los autores agradecen al Fondo de Fomento Palmero (FFP), administrado por Fedepalma, por el financiamiento del presente estudio, así como a las plantaciones participantes por el apoyo logístico en la realización de los muestreos en las subzonas palmeras del país.