

# Identificación de microorganismos benéficos - microbioma asociados al cultivo de la palma de aceite mediante una aproximación metagenómica

Catalina Chaves<sup>1</sup>, David Botero<sup>1</sup>, Mauricio Arango<sup>1</sup>, Carmenza Montoya<sup>1</sup>, Alex Bustillo<sup>1</sup>, Hernán Mauricio Romero<sup>1, 2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Biología y Mejoramiento de la Palma de Aceite, Cenipalma

<sup>2</sup>Departamento de Biología. Universidad Nacional de Colombia. Correo: hromero@cenipalma.org

## Introducción

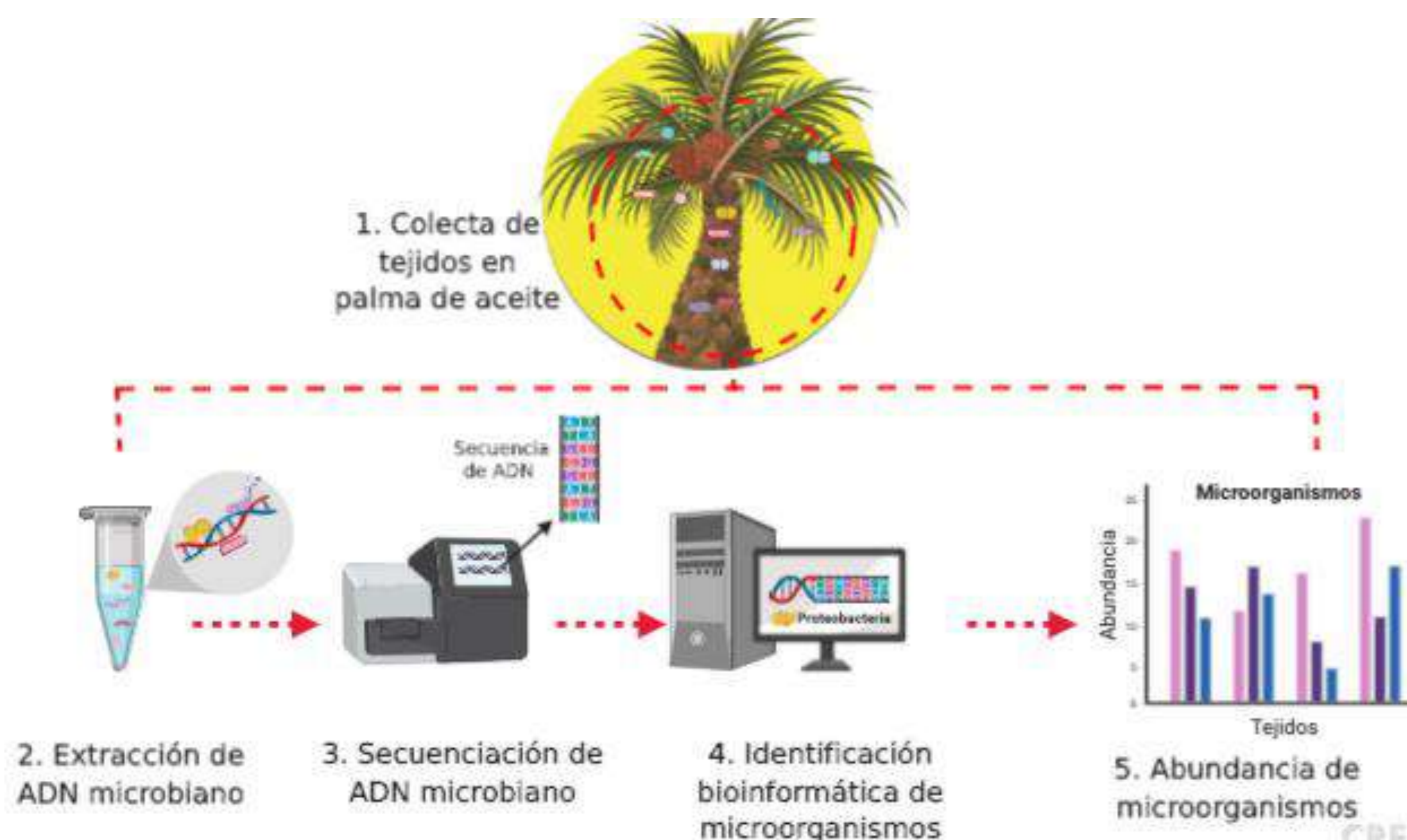
El microbioma hace referencia al conjunto de microorganismos hongos, parásitos, bacterias y metabolitos que se encuentran en una planta. Este interactúa de forma positiva ayudando a mejorar los procesos de nutrición y desarrollo vegetativo y, entre estos, se encuentran los endófitos. Estas características hacen de los endófitos una alternativa novedosa en el manejo de enfermedades que afectan las plantas y, por ende, la productividad de los cultivos. Actualmente, existen herramientas moleculares que permiten la identificación de estas comunidades microbianas con una alta sensibilidad y especificidad, como es el caso de la metagenómica.

Por su parte, la metagenómica se define como el estudio de todas las comunidades microbianas, las cuales son obtenidas directamente de cualquier muestra ambiental sin tener que realizar un cultivo microbiano en el laboratorio. Dado lo anterior, el objetivo principal de esta investigación fue identificar las comunidades de endófitos presentes en la palma de aceite mediante una aproximación metagenómica.

## Metodología

Las muestras se colectaron en palmas de aceite cultivadas en el Campo Experimental Palmar de Las Corocoras (CEPC), ubicado en el municipio de Paratebueno, Cundinamarca, Zona Oriental palmera de Colombia. La metodología del estudio fue realizada de la siguiente manera:

1. Se seleccionaron tres palmas y se colectaron muestras de: folíolos, inflorescencias, meristemo y espíto.
2. Las muestras fueron procesadas en el laboratorio de biología molecular del Campo Experimental Palmar de La Vizcaína (CEPV) donde se realizó la extracción de ADN vegetal.
3. Posterior a ello, se realizó el proceso de secuenciación usando el gen 16S para la identificación de microorganismos presentes en las muestras.
4. Las secuencias del gen 16S fueron analizadas bioinformáticamente para identificar y clasificar taxonómicamente los microorganismos.
5. Finalmente, las secuencias del gen 16S fueron analizadas bioinformáticamente, evidenciando la abundancia relativa de los microorganismos de cada muestra y de cada tejido fueron calculadas y graficadas en Rstudio. Así mismo, se realizó el análisis de la composición microbiana de las muestras para determinar si existían algún tipo de diferencias entre los distintos tejidos.



## Agradecimientos

Al personal del Laboratorio de Biología Molecular, D. Ramos, S. Vidal y L. Hernández. Al personal del Campo Experimental Palmar de Las Corocoras – CEPC, Leonardo Araque y Andrés Tupaz. Al Fondo de Fomento Palmero administrado por Fedepalma y, al Centro de Investigación en Palma de Aceite, Cenipalma.

## Bibliografía

1. Benjamin Callahan, Kris Sankaran, Julia A Fukuyama, Paul Joey McMurdie and Susan P Holmes. Workflow for Microbiome Data Analysis: from raw reads to community analyses. 2017.
2. Gregory B. Gloor, Jean M. Macklaim, Vera Pawlowsky-Glahn and Juan J. Egozcue. Microbiome Datasets Are Compositional: And This Is Not Optional. Front. Microbiol., 15 November 2017
3. Mike Orcutt. (2016). El microbioma vegetal podría aumentar un 10% la producción de los cultivos. 2018, de MIT technology review Sitio web: <https://www.technologyreview.es/s/5592/el-microbioma-vegetal-podria-aumentar-un-10-la-produccion-de-los-cultivos>
4. James F White, Kathryn L Kingsley, Qiuwei Zhang, Rajan Verma, a Nkolika Obi, Sofia Dvinskikh, Matthew T Elmore, Satish K Verma, Surendra K Gondb and Kurt P Kowalskic. (2019). Review: Endophytic microbes and their potential applications in crop management. Society of Chemical Industry.

## Resultados

El cálculo de prevalencia de organismos permite observar cuáles *fila* (grupos taxonómicos) son más predominantes en las muestras de tejido de palma. En el eje vertical se presenta la proporción de muestras en las que se encontraron los organismos de cada grupo; en el eje horizontal la abundancia absoluta de estos en las muestras. Los *fila* con mayor prevalencia y abundancia en todos los tejidos colectados fueron: proteobacterias, firmicutes, y actinobacterias (Figura 1).

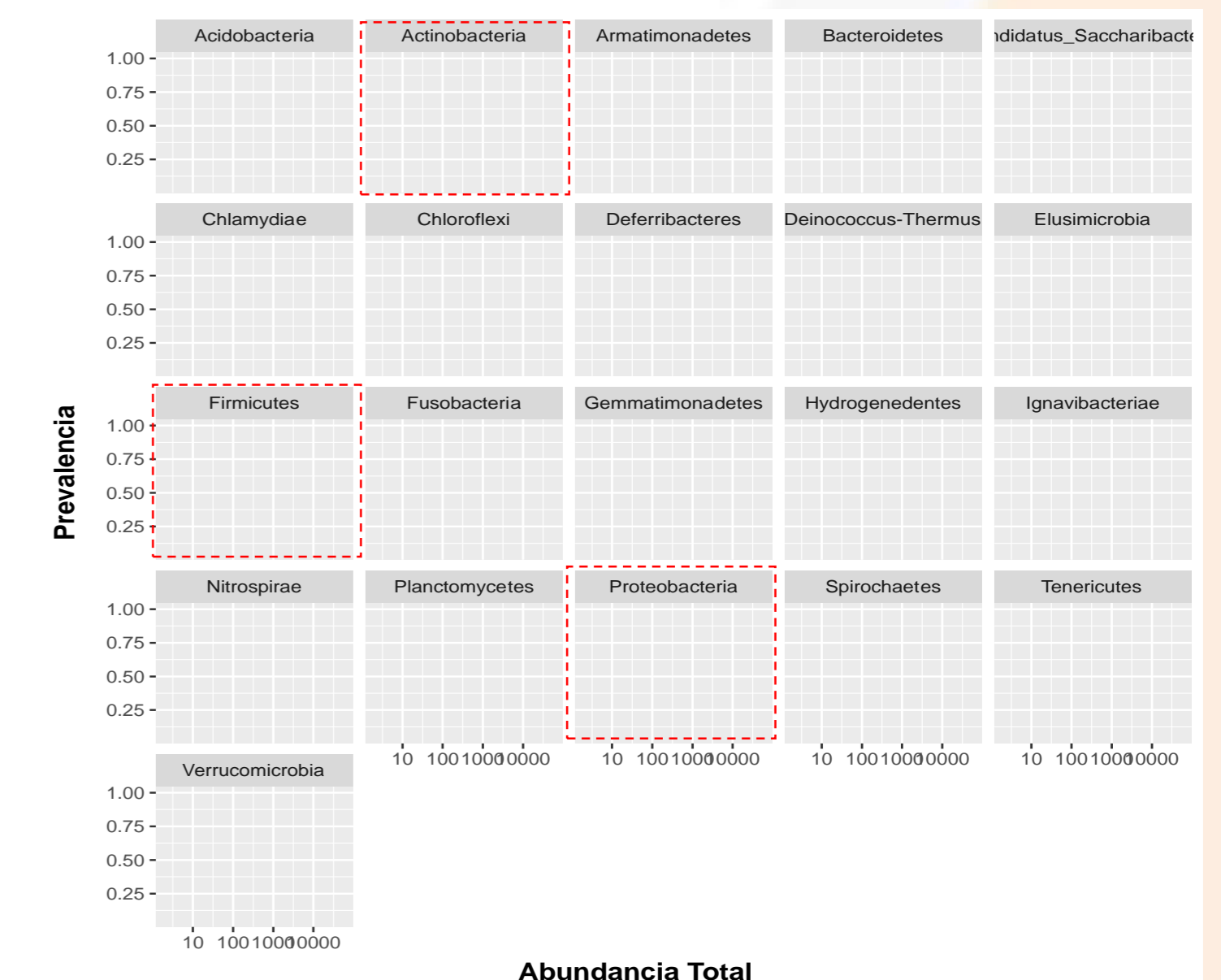


Figura 1. Prevalencia de organismos en función de la abundancia para cada *filum* encontrado en las muestras analizadas.

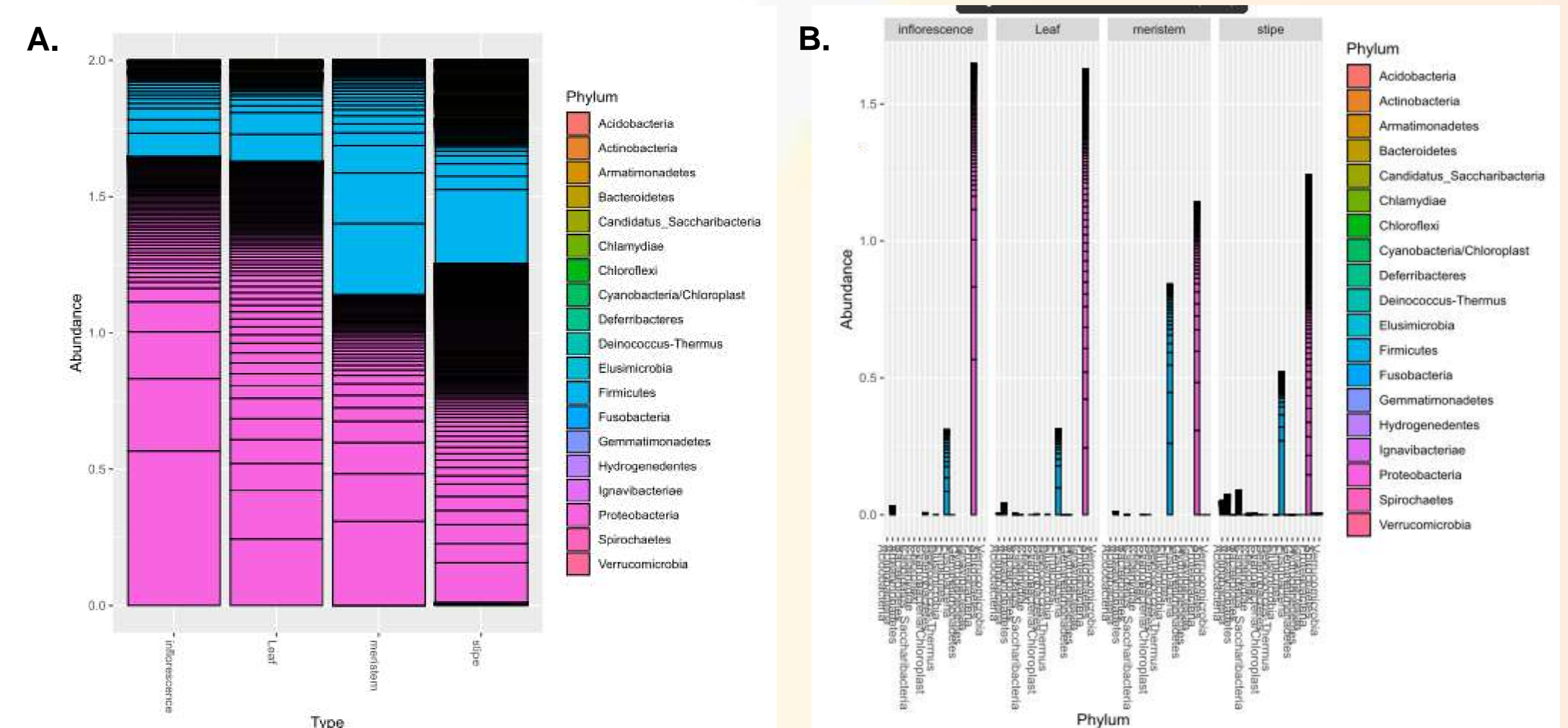


Figura 2. Composición de microorganismos endófitos en la palma de aceite. A. Composición del microbiota por tejido colectado: folíolo, inflorescencia, meristemo y espíto. B. Distribución de la composición de la microbiota para cada *filum* en los tejidos analizados.

Como se observa en la Figura 2, la composición de microorganismos presentes en los tejidos colectados no evidenciaron diferencias estadísticamente significativas entre ellos; por lo que se observa que la población microbiana se distribuye de forma homogénea a lo largo de *E. guineensis*. Así mismo, no se encontraron diferencias en la distribución de la abundancia microbiana encontrada en las diferentes palmas de aceite colectadas para el estudio.

## Conclusiones y perspectivas

Los resultados de la investigación reportaron la presencia de los *fila* Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria en todas las muestras colectadas, estos *fila* han sido asociados a relaciones simbióticas favorables para las plantas, ya que estimulan el crecimiento y una mejor absorción de nutrientes. Dentro del *filum* proteobacteria se han reportado microorganismos de los géneros *Allorhizobium*, *Azorhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Mesorhizobium*, *Rhizobium* conocidos como rizobios. Diferentes investigaciones refieren que la caracterización y el conocimiento del microbioma vegetal podría ayudar a aumentar aproximadamente en un 10 % la producción de los cultivos.

Así mismo, es importante resaltar que la identificación de comunidades microbianas asociadas a la palma de aceite es un punto de referencia para entender el comportamiento de estos microorganismos, las redes simbióticas y las interacciones de estos con las células vegetales en diferentes ambientes y escenarios.