

Caracterización de la microbiota de suelos supresores y conductores a *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

Antônio Lopes de Souza^{1*}; Juan Lopes Teixeira¹; Marco Aurélio Siqueira da Gama²; Iwanne Lima Coelho¹

¹Atlas Bioinsumos. São Sebastião do Paraíso, Minas Gerais, Brasil; ²Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife, Pernambuco, Brasil.

***Autor de**

Correspondencia:

Antônio Lopes de Souza
metaagro@hotmail.com

Contribución:

Científica

Sección:

Fitosanidad

Recibido:

15 Diciembre, 2023

Aceptado:

15 Enero, 2024

Publicado:

16 Abril, 2024

Cita:

Lopes dSA, Lopes TJ, Siqueira dGMA y Lima CI. 2024. Caracterización de la microbiota de suelos supresores y conductores a *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia 1(1): 49
<https://doi.org/10.62498/AR.TC.2449>

RESUMEN

El cultivo de banano ocupa 463,326 hectáreas en Brasil, y la mitad de esta superficie está plantada con la ‘banana-prata’, susceptible a *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. La incidencia del Mal de Panamá limita la productividad. La correlación entre el microbiota de suelos propicios o supresores, en la relación al Mal de Panamá, se realizó mediante análisis multivariado de los resultados metagenómicos de quince muestras de suelo de áreas productoras de banano en Brasil. Se recolectaron siete muestras de parcelas con plantas sintomáticas del Mal de Panamá (propicias) y ocho muestras de parcelas sin plantas sintomáticas (supresoras). La agrupación de datos (UPGMA) destacó los grupos de Áreas conductoras y supresas.

Palabras clave: microorganismos antagonistas, control biológico, Mal de Panamá, Fitosanidad.

ABSTRACT

Banana cultivation occupies 463,326 hectares in Brazil, half of this area planted with the ‘banana-prata’, susceptible to *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc). The incidence of Panama disease limits productivity. The correlation between the microbiota of conducive or suppressive soils, in relation to Panama disease, was carried out by multivariate analysis of the metagenomic results of fifteen soil samples from banana producing areas in Brazil. Seven samples were collected from plots with plants symptomatic of Panama disease (conductive) and eight samples from plots with no symptomatic plants (suppressive). The data grouping (UPGMA) highlighted the groups of conducive and suppressive areas.

Keywords: antagonistic microorganisms, biological control, Panama disease, suppressive soil, phytosanity.



INTRODUCCIÓN

El cultivo de banano ocupa una superficie de 463.326 hectáreas en Brasil, con una producción de 7.065.752 toneladas (IBGE, 2023), la mayor parte está plantada con 'banana-prata'. La 'banana-prata' es afectada por el Mal de Panamá, causado por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*, lo que reduce la longevidad de las plantaciones de banano y torna inviables propiedades e incluso importantes regiones para el cultivo de variedades del grupo 'banana-prata' (Costa et al. 2014). La idoneidad de los suelos para el cultivo de 'banana-prata' parece estar relacionada con su capacidad supresiva para *F. oxysporum* f. sp. *cubense* (Dita y Haddad, 2018) y los suelos más arenosos son más propensos a enfermedades (Heck, 1990). Con el avance de los recursos biotecnológicos, el análisis metagenómico permite evaluar la composición de la microbiota del suelo, identificando microorganismos benéficos, así como fitopatógenos (Effend et al. 2019). Así, el objetivo de este estudio fue evaluar la microbiota de los suelos utilizados para el crecimiento de cultivares de 'banano-prata' con la aparición y ausencia de plantas con síntomas del Mal de Panamá mediante análisis metagenómicos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se seleccionaron siete propiedades en cuatro importantes centros productores de banano: Bom Jesus da Lapa – BA (ESTQ3, ESTP2Q3 y ESTP3Q2), Jaíba – MG (Atlas 1, Atlas 2, Atlas 3 y BS2P3), Sete Lagoas – MG (Olhos Verdes) y Delfinópolis – MG (Sugoi3, Sugoi4, Sugoi5, Sugoi8, Sugoi9 y Sugoi10). En cada propiedad, las parcelas con plantas que presentaban síntomas del Mal de Panamá se consideraron suelos propicios para el patógeno, mientras que las parcelas con ausencia de plantas sintomáticas se consideraron suelos supresores, conformando siete parcelas propicias y ocho supresoras.

Se recolectaron muestras de suelo, que consistieron en 5 submuestras, de cada parcela a una profundidad de 0 a 20 cm. Las muestras de suelo se extrajeron utilizando el kit ByMyCell. Las muestras de DNA se sometieron a la amplificación del gen completo del ARNr 16S (fragmento de ~1,6 kb) para la identificación de bacterias, y del gen ITS, regiones ITS1-ITS2 (fragmento de 650-950 pb), para la identificación de hongos y levaduras. Los amplicones se visualizaron en gel de agarosa y se cuantificaron. Los fragmentos resultantes se usaron para construir bibliotecas de secuenciación y se secuenciaron en una plataforma MinION (Oxford Nanopore) usando Flongles Flow Cell (FLO-FLG114). Después de la secuenciación, las lecturas

resultantes se llamaron mediante la versión de GPU Guppy Basecaller (v 6.0.7). Las lecturas producidas se filtraron para control de calidad en Q10 usando NanoFilt (v2.3.0) y se de multiplexaron usando Porechop (v0.2.4). Las lecturas se mapearon con una base de datos de referencia ITS y ARNr 16S utilizando la herramienta KMA (v1.4.3). Los análisis de datos se generaron utilizando Python 3.7. Los resultados obtenidos por los análisis metagenómicos fueron sometidos a análisis multivariado utilizando el programa PASTE.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se realizaron análisis de conglomerados y análisis de componentes principales, siendo considerados para discusión los componentes con $r > 0,70$. La agrupación de los datos con algoritmo UPGMA y distancias euclidianas generó dos grupos, con coeficiente de correlación cofenética (CCC) $r = 0,87$. Uno de los grupos estuvo formado por propiedades con suelos supresores, mientras que el otro grupo estuvo formado por propiedades con suelos propicios para *F. oxysporum* f. sp. *cubense* (Figura 1).

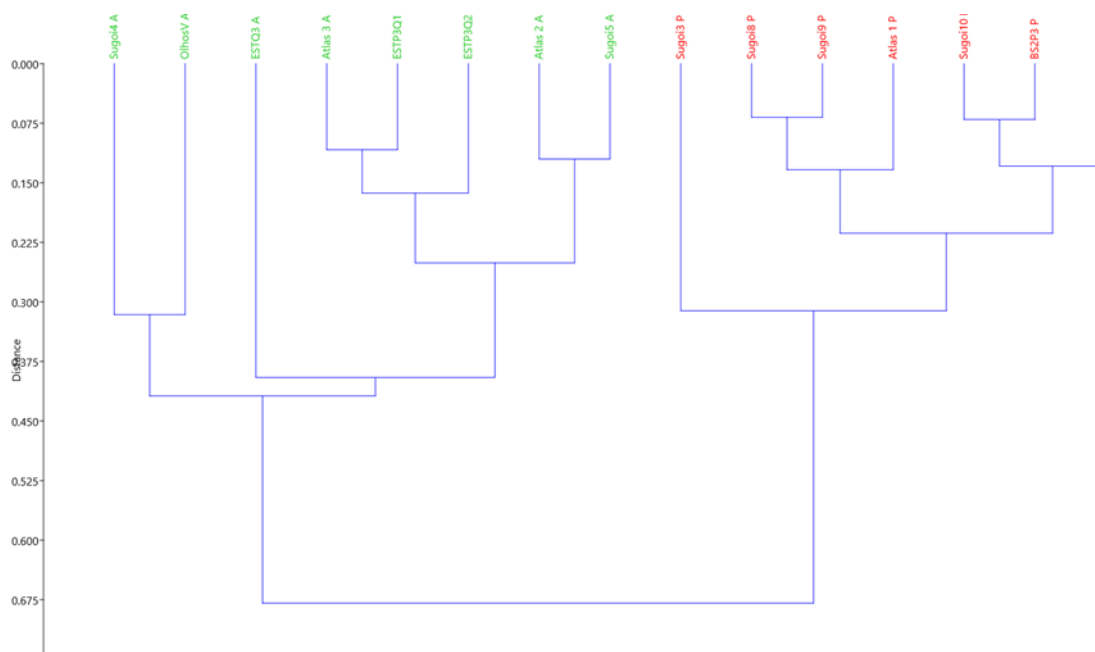


Figura 1. Dendrograma resultante del análisis de 15 parcelas de áreas de producción de banano: Atlas 1, Atlas 2, Atlas 3, ESTQ 3, ESTP3Q 1, ESTP3Q 2, Sugoi 3, Sugoi 4, Sugoi 5, Sugoi 8, Sugoi 9, Sugoi 10, Olhos V, Rana y BS2P3, obtenidos por el método UPGMA utilizando la distancia euclidiana ($r = 0,87$). **Nota:** las áreas verdes representan la ausencia del mal de Panamá y las áreas rojas representan la presencia de la enfermedad.

Según la matriz de valores propios, el componente principal 1 explicó el 81,22% de la variación de los datos y el componente principal 2 explicó el 8,43%. La matriz de correlación de las variables indicó que *Bacillus* sp. fue la variable que más afectó al componente 1 ($r=0,82$) y se correlacionó negativamente con *Fusarium* sp. ($r= -0,54$) (Tabla 1).

Cuadro 1. Matriz de correlaciones entre las variables de los componentes principales y los microorganismos presentes en las zonas de cultivo de banano.

Organismos	Componente Principal							
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8
<i>Bacillus</i>	0.8162 5	- 0.2563 1	- 0.1617 7	0.2389 4	0.1087 7	0.0783 6	0.4067 4	0.0371 8
<i>Trichoderma</i>	0.1634 5	0.7102 5	- 0.0405 8	- 0.1641 9	- 0.2665 2	0.5673 1	0.1738	- 0.1309 5
<i>Metarhizium</i>	- 0.0812 6	0.1815 3	0.6857 5	0.6528 5	0.21119	0.1026	0.0914 7	- 0.0133 5
<i>Purpureocillium</i>	0.0924 6	0.0426 1	0.5442 1	- 0.6332 4	0.1377 6	- 0.2722 6	0.4369 5	0.0919 3
<i>Bradyrhizobium</i>	0.1041 2	0.6215 8	- 0.3000 7	0.1462 9	0.3299 6	- 0.6126 3	- 0.0004 9	0.0919 3
<i>Paenibacillus</i>	0.1265 6	- 0.0036 5	0.0015 6	- 0.2470 1	0.7905 8	0.3784 9	- 0.3911 3	0.0846 4
<i>Burkholderia</i>	0.0052 2	0.0533 8	0.0033 7	0.0100 4	- 0.0634 8	0.1571 2	- 0.0843 1	- 0.0410 6
<i>Fusarium</i>	- 0.5147 7	- 0.0765 1	- 0.3401 7	0.0789 0	0.3396	0.2100 2	0.6670 6	0.0529 6

Fan *et al.* (2021), obtuvieron la reducción poblacional de *F. oxysporum* f. sp. *cubense*, Raza Tropical 4 (TR4), utilizando un aislado de *Bacillus amyloliquefaciens* y uno de *B. subtilis*. Según Singh *et al.* (2021), *B. amyloliquefaciens* (cepa S185) tuvo un papel clave en la prevención del patógeno, produciendo el compuesto antifúngico iturina A5 y tiene potencial como biocontrol económico y sostenible para el mal de Panamá en el futuro.

El género *Bacillus* comprende una amplia gama de especies reconocidas por promover el crecimiento de las plantas. Según Radhachrishnan *et al.* (2017), *Bacillus* spp., utilizados como biofertilizantes, pueden tener los siguientes efectos en las plantas cultivadas: a) promoción del crecimiento (*B. subtilis* y *B. methylophilicus*); aumento del rendimiento de frutos y cereales (*B. subtilis* y *B. megaterium*), aumento de la solubilización de fósforo y fijación de nitrógeno en el suelo (*B. pumilus* y *B. megaterium*); promover la síntesis de fitohormonas para el crecimiento de las plantas (*B. subtilis* y *B. methylophilicus*) y reducir la senescencia de las plantas (*B. subtilis* y *B. mojavensis*).

Dentro del conjunto de variables estudiadas en este trabajo, la abundancia de organismos estuvo más relacionada con la supresión o acción propicia a *Fusarium* sp. que a la diversidad de microorganismos. Se puede observar en el gráfico porcentual a continuación (Figura 2) que, en las parcelas supresoras, la abundancia de organismos benéficos es mucho mayor que la abundancia de *Fusarium* sp.

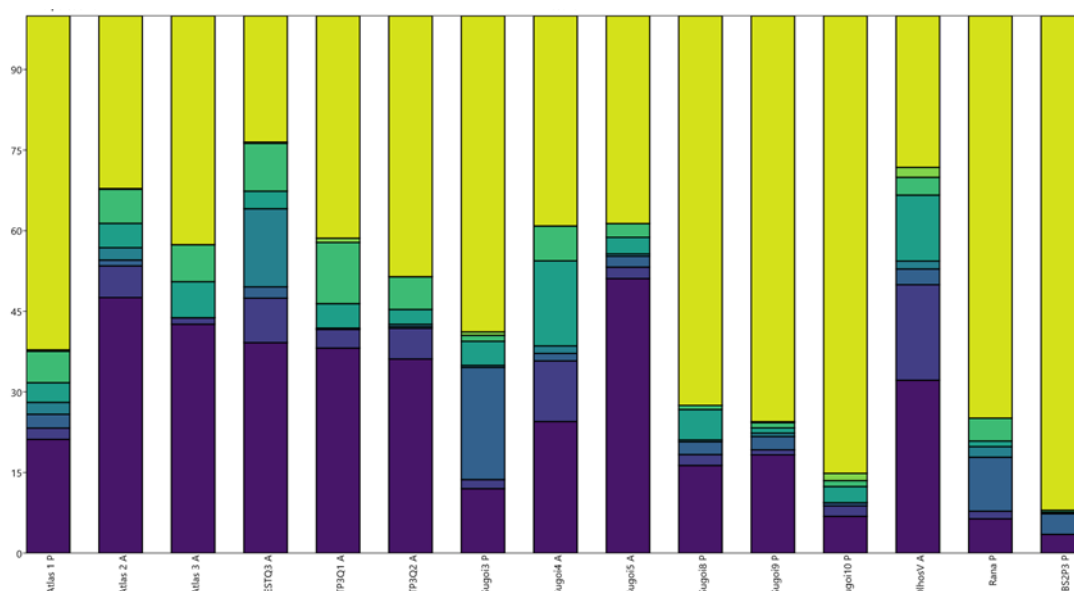


Figura 2. Abundancia (%) de organismos benéficos versus abundancia (%) de *Fusarium*.

Lo mismo ocurre en el estudio de la abundancia del número promedio de organismos (Figura 3), siendo el género *Bacillus* sp. el más abundante. La zona Olhos Verdes, que nunca ha tenido registro de plantas con síntomas de mal de Panamá en 12 años de cultivo de ‘banana-anã’, mostró una alta abundancia de *Trichoderma* sp., además de *Bacillus* sp.

Respecto al conjunto de variables estudiadas en este trabajo, la abundancia relativa de organismos está relacionada con la supresividad o conductividad hacia *Fusarium* sp. Según Lobo Júnior *et al.* (2022), la supresividad de un suelo puede estar relacionada con componentes muy específicos y complejos, sin embargo, la diversidad microbológica contribuye a la estabilidad de las funciones y el papel antagónico que desempeñan los microorganismos en el ecosistema del suelo. Micheleff *et al.* (2005), utiliza el concepto de densidad de inóculo y afirma que en varios patosistemas, la incidencia de enfermedades puede ser proporcional a la densidad de inóculo.

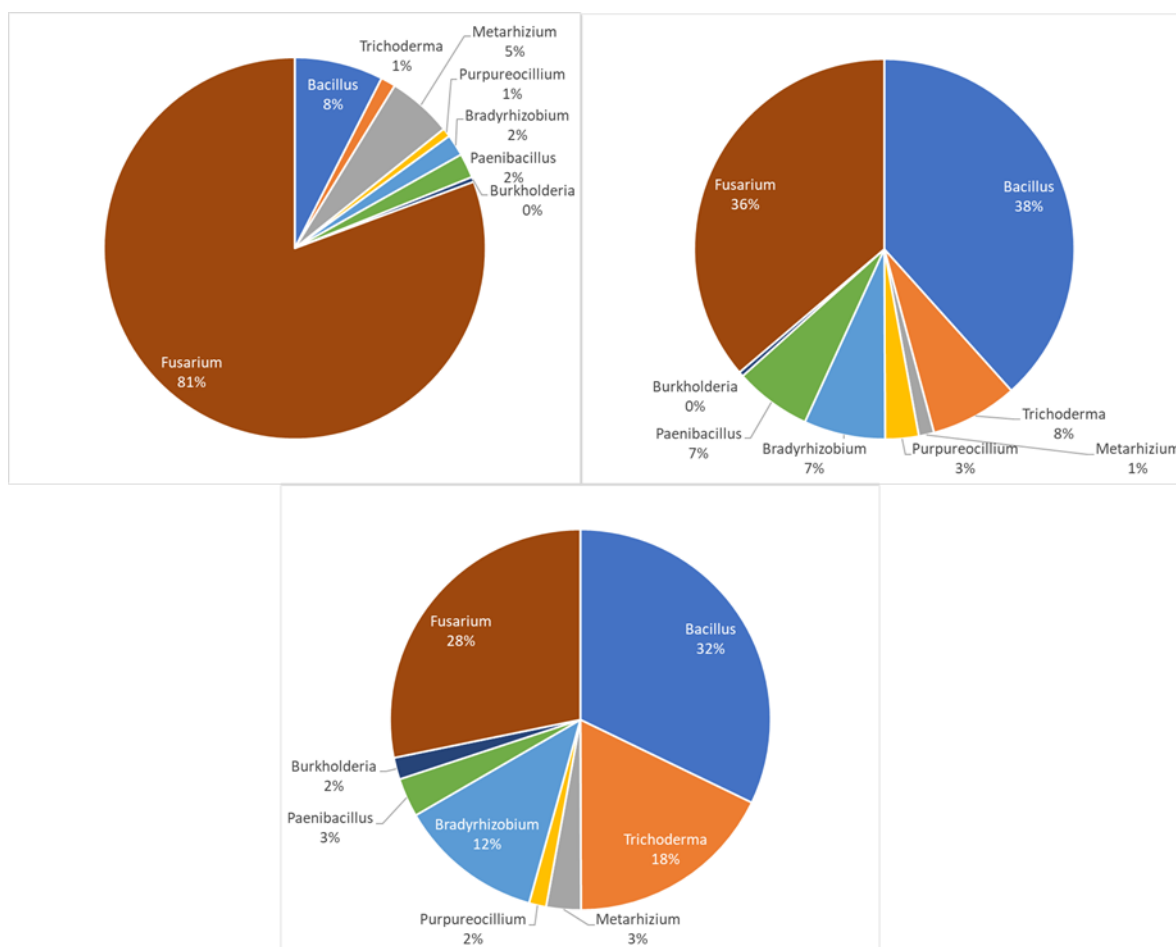


Figura 3. Comparación de la abundancia de organismos entre el promedio de las parcelas propicias (A), las parcelas supresoras (B) y la parcela Olhos Verdes (C).

CONCLUSIONES

Suelos considerados supresores de *F. oxysporum* f. sp. *cubense* mostraron mayor abundancia relativa de *Bacillus* sp., seguido de *Trichoderma* sp., en comparación con los suelos considerados conductores.

A partir de los prometedores resultados presentados, se llevarán a cabo nuevas investigaciones con el objetivo de evaluar el efecto de los microorganismos antagonistas mencionados en este trabajo en suelos conductores, mediante una aplicación inundativa de programas de microorganismos y análisis de microbiota.

REFERENCIAS

1. Costa S N, Bragança C A D, Ribeiro, L R, Amorim, E P, Oliveira S A A, Dita, M A, Laranjeira F F, Haddad, F. 2014. Genetic structure of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* in different regions from Brazil 64: 137-146.
2. Dita M, Haddad F. 2018. Raça 4 tropical de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*: subsídios para caracterização de praga quarentenária ausente. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/assuntos/sanidade-animal-e-vegetal/sanidade-vegetal/arquivos-prevencao/relatorio-tecnico_mapa_isbn.pdf. Acesso em: 12 de nov. de 2023.
3. Effend Y, Pambudi A, Pancoro A. 2019. Metagenomic analysis of *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* infected soil in banana plantation, Sukabumi, Indonesia. Biodiversitas Journal of Biological Diversity 20: 1939-1945.
4. Fan H, Li S, Zeng L, He P, Xu S, Bai T, Huang Y, Guo Z, Zheng S. 2021. Biological Control of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 Using Natively Isolated *Bacillus* spp. YN0904 and YN1419. Journal of Fungi 7:795.
5. Heck D W. 1990. Supressividade a *fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* por produtos orgânicos (Dissertação) – Universidade Estadual Paulista, 136 f.
6. INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. SIDRA 2016: Sistema IBGE de recuperação automática [on line]. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2016. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1613>>. Acesso em: 12 de nov. 2023.
7. Lobo Júnior M, Macedo R, Santos-Goulart P F. 2022. Solos Supressivos a doenças. In: Meyer, M C.; Bueno A F, Mazaro, S M; Silva, J C. (ed.). Bioinsumos na cultura da soja. Brasília, DF: Embrapa, 2022, p. 215-226.
8. Michereff S J, Andrade D E G T, Menezes M. 2005. Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais. Recife:UFRPE, Imprensa Universitária, 398 p.
9. Radhakrishnan R, Hashem A, Abd-Allah E F. 2017. *Bacillus*: A Biological Tool for Crop Improvement through Bio-Molecular Changes in Adverse Environments. [Frontiers in Physiology 8:667](#)
10. Singh P, Xie J, Qi Y, Qin Q, Jin C, Wang B, Fang W. 2021. A Thermotolerant Marine *Bacillus amyloliquefaciens* S185 Producing Iturin A5 for Antifungal Activity against *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. Marine Drugs 19:516.