



**EVALUACIÓN DE LA MICROBIOTA FÚNGICA Y BACTERIANA DEL SUELO
EN CULTIVO DE PALMA DE ACEITE, EN ACACÍAS, META.**

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

TRABAJO DE GRADO

BOGOTÁ D.C., II - 2019



**EVALUACIÓN DE LA MICROBIOTA FÚNGICA Y BACTERIANA DEL SUELO
EN CULTIVO DE PALMA DE ACEITE, EN ACACÍAS, META**

HEIDY LINED BENAVIDES SIERRA

DANIELA HAYDEN RUÍZ

Mg. LIGIA CONSUELO SÁNCHEZ LEAL

Asesora

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

TRABAJO DE GRADO

BOGOTÁ D.C., II - 2019

DEDICATORIA

A la dedicación del amor y la paciencia de mi mami, quien siempre me ha demostrado que ser una mujer fuerte y soñadora vale la pena. Gracias por ser mi otro yo, mi bastón y sostén en cada bache que la vida nos pone, pero que siempre logramos sobreponer.

A mi enano, que amo con todo mi corazón y que me hace ser mejor siempre, para demostrarle que todo es posible y que su hermanita va a estar siempre para él.

A Nelson, a quien siempre estaré agradecida de corazón y con un inmenso cariño por todo lo bonito que nos brinda.

También a las personas que estuvieron presentes en mi vida, en estos años de carrera, amigos y familia que siempre me brindaron un abrazo sincero y que al son de hoy somos inquebrantables.

A la gorda, mi compañera de tesis. Gracias. Gracias por hacer posible este proyecto y por toda la compañía a lo largo de esta carrera, llena de emociones. Siempre en mi corazón.

Heidy Benavides Sierra

A mis hermanos que me animan con su existencia y me hacen mejor persona cada día, me animan a superarme y a querer ser mejor. A mi compañera de tesis por la dedicación y tiempo, por todos los momentos compartidos, por estos 5 años de sonrisas y momentos bonitos que estarán siempre conmigo. A la profesora Ligia por su paciencia y enseñanzas que me sirvieron de guía en mi carrera, a mis abuelos, que, aunque no están presentes viendo este logro, desde el infinito cuidan mi camino y cuidan de mí, y a mis padres por ser incondicionales, por el apoyo, por el amor y la fuerza que me dan día a día y por ser ese ejemplo de fortaleza y unión.

Daniela Hayden Ruiz

AGRADECIMIENTOS

A la profesora Ligia Consuelo Sanchez, por ser partícipe de nuestro trabajo, no solo a nivel educativo sino también emocional. Gracias por cada sonrisa, abrazo y conversación. Infinitamente agradecidas.

Al grupo de investigación CEPARIUM por abrirnos las puertas y ayudarnos con la realización de este proyecto.

A la profesora Martha Lucia Posada por su paciencia, colaboración y por compartir con nosotras su conocimiento.

A la UCMC por brindarnos una de las mejores experiencias de nuestras vidas y por construirnos como buenos profesionales.

TABLA DE CONTENIDO

	PAG
ÍNDICE DE FIGURAS	8
ÍNDICE DE TABLAS.....	9
RESUMEN.....	10
1. INTRODUCCIÓN.....	13
2. OBJETIVOS.....	17
OBJETIVO GENERAL.....	17
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	17
3. ANTECEDENTES.....	18
4. MARCO REFERENCIAL.....	26
4.1 Municipio de Acacias – Meta.....	26
4.2 Generalidades de <i>Elaeis guineensis</i>	26
4.3 Cultivos de Palma en Acacias Meta.....	26
4.4 Clasificación Taxonómica de <i>Elaeis guineensis</i>	27
4.5 Condiciones climáticas.....	28
4.6 El suelo del cultivo de Palma de Aceite.....	28
4.7 Propiedades físicas del suelo.....	29
4.8 Propiedades químicas del suelo	30
4.9 Presencia de grupos funcionales en el suelo.....	31
4.9.1 Microorganismos amilolíticos	31
4.9.2 Solubilizadores de fosfato.....	32
4.9.3 Fijadores de nitrógeno.....	32
4.9.4 Microorganismos celulolíticos.....	33
4.9.5 Microorganismos proteolíticos.....	33
4.10 Metagenómica.....	34
4.10.1 Historia de la metagenómica.....	34
4.10.2 Extracción de ADN par análisis metagenómico.....	35
4.10.3 Reacción en Cadena de la Polimerasa.....	35

	4.10.4 Electroforesis.....	36
	4.10.5 Next Generation Sequencing.....	36
	4.10.6 Illumina.....	37
	4.10.7 Illumina Miseq.....	38
	4.10.8 Región ARNr 16S.....	38
	4.10.9 Región ARNr 18S.....	39
	4.10.10 Bioinformática.....	39
	4.10.11 BLAST.....	39
	4.10.12 QIIME.....	40
	4.10.13 DADA 2.....	40
5	DISEÑO METODOLÓGICO.....	41
6	RESULTADOS.....	52
	6.1 PCR y Electroforesis.....	52
	6.2 Análisis químico.....	53
	6.3 Análisis metagenómico.....	55
	6.3.1 Análisis metagenómico del gen ARNr 16 S.....	55
	6.3.2 Análisis metagenómico del gen ARNr 18 S.....	62
7	DISCUSIÓN.....	66
8	CONCLUSIONES.....	72
9	RECOMENDACIONES.....	74
	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	75
	ANEXOS.....	88

ÍNDICE DE FIGURAS

	PG
Figura 1. Imagen <i>Elaeis guineensis</i> en etapa productiva	27
Figura 2. Mapa satelital del municipio de Acacias – Meta	43
Figura 3. Finca Las Palmas (Sin cultivo, Palma 5 años, Palma 25 años.	44
Figura 4. PCR de la región 16S del ARNr de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta.	52
Figura 5. Mapa de calor de abundancia de secuencias (Izquierda) y diagrama de composición a nivel de género (derecha) en Procariotas.	57
Figura 6. Curva de rarefacción de la diversidad alfa de la región ARNr 16S.	61
Figura 7. Mapa de calor de abundancia de secuencias (Izquierda) y diagrama de composición a nivel de género (derecha) en Eucariotas.	63
Figura 8. Curva de rarefacción de la diversidad alfa de la región ARNr 18S	65

ÍNDICE DE TABLAS

	PG
Tabla 1. Indicadores	41
Tabla 2. Ciclaje y Temperatura de la PCR para Eucariotas	47
Tabla 3. Ciclaje y Temperatura de la PCR para Procariotas	47
Tabla 4. Biblioteca 16S	48
Tabla 5. Biblioteca 18S	48
Tabla 6. Elementos mayores (mg * kg ⁻¹ o ppm) de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta	53
Tabla 7. Relaciones catiónicas de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta.	54
Tabla 8. Otros Análisis y parámetros de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta	55
Tabla 9. Número de secuencias obtenidas del gen ARNr 16S	56
Tabla 10. Número de secuencias obtenidas del gen 18S	62



UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

**EVALUACIÓN DE LA MICROBIOTA FÚNGICA Y BACTERIANA DEL SUELO
EN CULTIVO DE PALMA DE ACEITE, EN ACACÍAS, META.**

RESUMEN

La extensión agrícola de la palma de aceite en Colombia, *Elaeis guineensis*, ha tenido un crecimiento exponencial y se ha demostrado el impacto ambiental en suelo por pérdida de nutrientes y cambios en la microbiota fúngica y bacteriana que la habita. El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad y cantidad de la microbiota fúngica y bacteriana de los suelos de cultivo de palma, en Acacías, Meta en tres etapas del cultivo. La metodología incluyó el análisis metagenómico del suelo sin cultivar y en dos etapas fenológicas del cultivo; se hizo extracción de ADN con el kit comercial ZymoBIOMICS™ DNA Miniprep, y a partir de las regiones 16S y 18S del rRNA de procariotas y eucariotas respectivamente. Se realizó identificación molecular por secuenciación NGS. Los datos fueron analizados por programas bioinformáticos DADA2 y QIIME. Las secuencias obtenidas se compararon en Genbank por el algoritmo BLASTN. Se obtuvieron 1.372 Unidades Taxonómicas operacionales OTU para el gen 16S. Los géneros

más predominantes fueron *Acidothermus*, *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Streptadiciphilus*, *Acidibacter*, *Solibacter* y *Varibacter*, Para el gen ARNr 18S se obtuvieron 594 secuencias OTU. Los géneros de mayor predominancia en hongos fueron *Saccharomycetales*, *Malassezia*, *Archaeorhizomyces* y *Trichocomonaceae*. La diversidad y cantidad de hongos y bacterias encontrada en las tres muestras devela la importancia de la comunicación entre microorganismos y rizosfera de las plantas de palma y las funciones que realizan para su crecimiento. El deterioro del suelo parece radicar en el manejo y sostenibilidad que el agricultor aplique al suelo, antes, durante y después del cultivo.

Palabras clave: metagenómica, secuenciación NGS, rRNA, palma de aceite, OTU, sostenibilidad.

SUMMARY

The agricultural extension of the oil palm in Colombia has had an exponential growth and the environmental impact on the soil has been demonstrated by loss of nutrients and changes in the fungal and bacterial microbiota that inhabits it. The objective of this work was to evaluate the diversity and quantity of the fungal and bacterial microbiota of the palm cultivation soils, in Acacías, Meta in three moments of the crop. The methodology included the metagenomic analysis of the uncultivated soil and in two phenological stages of the crop; DNA extraction was done with the commercial kit ZymoBIOMICS™ DNA Miniprep, and from the 16S and 18S regions of the prokaryotic and eukaryotic rRNA respectively. Molecular identification was performed by NGS sequencing. The data were analyzed by bioinformatics programs DADA2 and QIIME. The sequences obtained were compared in Genbank by the BLASTN algorithm. 1,372 OTU Operational Taxonomic Units for the 16S gene were obtained. The most predominant genera were *Acidothermus*, *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Streptadiciphilus*, *Acidibacter*, *Solibacter* and *Varibacter*. For the 18S rRNA gene 594 OTU sequences were obtained. The most prevalent genera in fungi were *Saccharomycetales*, *Malassezia*, *Archaeorhizomyces* and *Trichocomonaceae*. The diversity and

quantity of fungi and bacteria found in the three samples reveals the importance of communication between microorganisms and rhizosphere of palm plants and the functions they perform for their growth. The problem seems to lie in the management and sustainability that the farmer applies to the soil, before, during and after cultivation.

Keywords: metagenomics, NGS sequencing, rRNA, oil palm, OTU, sustainability.

Estudiantes: Heidy Lined Benavides Sierra

Daniela Hayden Ruiz

Docentes: Ligia Consuelo Sánchez Leal

Fecha: 2019- II

Institución: UCMC

1. INTRODUCCIÓN

Colombia cuenta con 430.884 hectáreas dedicadas al cultivo de palma de aceite; es el segundo país en el mundo con mayores tasas de producción y exportación después de Malasia.

El uso del suelo colombiano para este tipo de cultivos genera agotamiento, no sólo de los nutrientes que éste contiene, sino también de la microbiota. Conocer realmente como se afecta el suelo requiere hacer un estudio comparativo entre diferentes tipos de suelo que contengan cultivos de palma o en las diferentes etapas de la fenología de la planta, para establecer las diferencias químicas, físicas y de microorganismos asociados al crecimiento y producción de la palma.

Este tipo de cultivo es muy conocido por ser altamente agotador de suelo transformando todas las hectáreas de tierra sembrada en tierras infértiles y/o inutilizables. La dificultad que se tiene al momento de recuperar el suelo utilizado, es bastante grande; una de las características más conocidas en cuanto al monocultivo de palma de aceite, es que este exige una demanda de nutrientes muy alta, esto hace que a medida que el tiempo pasa, la capa orgánica del suelo va desapareciendo, así como una cantidad importante de agua a lo largo de toda su vida, necesitando que el suelo mantenga una humedad relativa de 75%, la mayor parte del tiempo¹. Es por ello, que este cultivo también es conocido como “desierto verde” ya que su sombra es tan grande que no permite el desarrollo de vegetación a su alrededor². Adicionalmente, su actividad productiva es tan intensa que provoca un agotamiento devastador para el suelo.

Se ha evidenciado, que el uso del suelo para cultivo de palma de aceite se agota tanto en nutrientes como en microbiota. Para conocer como es ese cambio de la parte biológica en suelo, es necesario realizar una evaluación del estado físico, químico y biológico de los suelos que hayan sido utilizados para esta labor, con esta variedad vegetal.

Actualmente en Colombia, se ha visto la expansión de cultivos de palma aceitera en diferentes regiones del país, debido al establecimiento de una actividad económica importante, ya que el aceite es utilizado como un biocombustible de bajo costo y también usado por diferentes industrias alimentarias, cosméticas, entre otras. A medida que los cultivos de palma de aceite aumentan, también lo hace la preocupación ambiental.

La palma de aceite tiene una vida productiva de 25 años aproximadamente. Pasado este tiempo, es necesario extraer la plantación y fertilizar el suelo para futuros plantíos. En cultivos de palma de aceite se ha demostrado, que se requieren muchos años para conseguir que en la zona plantada vuelva a existir fertilidad a pesar del uso de diferentes abonos y fertilizantes, haciendo que sea necesario buscar nuevos territorios para plantar¹.

Debido a la cantidad de cultivos en toda Colombia, es necesario establecer diferencias entre los cultivos en edades distintas de producción, ya que no todos los sectores tienen las mismas características tanto en suelo, como en cambios climáticos y requerimientos nutricionales.

Uno de los departamentos colombianos, con mayor producción y crecimiento de cultivos de palma, ha sido el departamento del Meta. Este cuenta con 29 municipios, específicamente el municipio de Acacías, quien tiene la mayor tasa productiva en cuanto a hectáreas para cultivos de palma de aceite. Los llanos orientales en Colombia, se caracterizan por tener una precipitación variable que ayuda al riego del cultivo. También cuentan con un periodo seco muy amplio, que provoca la evaporización de las aguas acumuladas en el suelo; dicha lluvia debe estar acompañada de un riego constante para evitar así, pérdida de nutrientes y producción por falta de agua, a su vez, cambios significativos en la microbiota natural del suelo. Al no ser un riego controlado ni medido, en épocas de lluvia, los suelos necesitan de un sistema de drenaje evitando así el exceso de agua³.

Al respecto, surgen diferentes reflexiones sobre cómo y qué investigar, para demostrar la importancia y necesidad de realizar análisis de suelos para el cultivo de palma de aceite, utilidad del suelo después de dicho cultivo para ser reutilizado

y, comparación de la carga microbiana que tiene el suelo en las diferentes etapas de la puesta en marcha del cultivo. A pesar de los diferentes mecanismos que tienen las plantas para el aprovechamiento de nutrientes y agua, en el cultivo de palma que objeto de esta investigación, no se ha trabajado hasta el momento, algún mecanismo natural que le permita al suelo recuperarse de la pérdida de nutrientes en una cosecha constante por más de 25 años. Tampoco se ha visto la comparación en los diferentes tipos de suelo con cultivos de palma de aceite en diferentes edades establecidas, evidenciando gradualmente el daño que se ocasiona con el paso de los años y, en consecuencia, la pérdida de la microbiota bacteriana y fúngica natural del suelo, así como sus cambios en composición y aparición de diferentes microorganismos a lo largo de los años que puedan colaborar con el crecimiento y desarrollo de las plantas⁵.

Como estudiantes de Bacteriología y Laboratorio Clínico en el Énfasis en Microbiología Ambiental, investigar acerca del componente microbiológico de los suelos de este tipo de cultivo durante diferentes etapas, el suelo antes de la plantación de la palma, etapa productiva y etapa final del cultivo, permitirá revelar el comportamiento y algo de las interacciones de la microbiota fúngica y bacteriana del suelo con su nivel de fertilidad para que en un futuro la competitividad y sostenimiento del cultivo se vea aumentada o mejorada y, así mismo comprender la importancia de entender y mantener las características del suelo adecuadas para evitar su desgaste.

El objetivo de este proyecto fue evaluar el impacto que tiene el uso del suelo de Palma de aceite en Acacías, Meta, sobre la diversidad y cantidad de poblaciones fúngicas y bacterianas presentes antes de iniciar el cultivo y en dos etapas fenológicas productivas del cultivo utilizando un análisis metagenómico.

En cuanto a los resultados del estudio químico de los suelos, se evidencia la deficiencia nutricional en las 3 etapas de cultivo. Por otro lado, el estudio metagenómico demostró la presencia de diversos géneros de bacterias y hongos, cuyas especies en su mayoría no lograron ser identificadas. Importante mencionar la presencia de DNA de animales.

En cuanto a las características químicas encontradas en los tres tipos de suelo, se pudo evidenciar, la baja carga nutricional en los tres tipos de suelo, los cuales se vieron estrechamente relacionados en cuanto a la deficiencia de elementos importantes para el crecimiento y nutrición de la planta, tales como N, Ca, Mg, S y la capacidad de intercambio catiónico que expresa el potencial del suelo para retener e intercambiar nutrientes también es deficiente.

El análisis metagenómico, reveló una gran diversidad de secuencias obtenidas de los genes ARNr 16S y 18S sobre todo en suelos que ya tenían cultivo de palma, es decir, aquellos en los cuales existe la interacción de la rizosfera. Sin embargo, la cantidad de microorganismos encontrados fue tan abundante que no se pudo establecer la presencia de especies específicas y funcionales en el suelo

2. OBJETIVOS

OBJETIVO GENERAL

Evaluar mediante análisis metagenómico el impacto que tiene el uso del suelo de Palma de aceite sobre la diversidad y abundancia de poblaciones fúngicas y bacterianas presentes en un suelo libre de cultivo y dos suelos con cultivo de palma de aceite en Acacías Meta.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Caracterizar la población fúngica y bacteriana presente en el suelo de Palma de aceite en Acacías, Meta, en tres etapas del cultivo utilizando identificación molecular por secuenciación NGS.
- Relacionar las características físicas y químicas de los suelos con los resultados obtenidos en el análisis metagenómico en las tres etapas del cultivo.
- Comparar la diversidad y cantidad de la microbiota fúngica y bacteriana del suelo encontrada en las tres etapas de producción del cultivo de palma de aceite para establecer la abundancia microbológica del suelo en el ciclo de producción.

3. ANTECEDENTES

Colombia es el quinto país productor de la especie *Elaeis guineensis* del mundo con un 2,2% de producción anual y el primer país productor en América latina ya que su geografía y características climáticas, permiten la siembra en la mayoría del territorio colombiano.

La palma de aceite, es conocida por tener una buena adaptabilidad al suelo siempre y cuando éste tenga los requerimientos nutricionales necesarios para su desarrollo y crecimiento. Owen E, en 1992, manifiesta que un estudio de suelos para este cultivo es de importancia, no sólo para iniciar un cultivo en óptimas condiciones, sino también para determinar el agotamiento que este cultivo genera en el suelo, debido a la cantidad de años en los que la palma de aceite es proactiva⁴.

Según Fedepalma, en 1998, se establece que para analizar la problemática producto del cultivo de palma de aceite en Colombia, se deben tener en cuenta características, físicas, químicas del suelo, utilización de fertilizantes químicos, tipo de riego y la sanidad del cultivo; y que las soluciones sean planteadas teniendo en cuenta los diferentes niveles de conocimiento de los cultivadores a lo largo de todo el territorio nacional. Adicionalmente, ellos sostienen que la zona oriental de Colombia, cuenta con características climatológicas, que si bien, son adecuadas para el desarrollo del cultivo de palma de aceite, también generan ciertos inconvenientes que pueden ocasionar descenso de la producción. El periodo seco es extenso y por ende se genera mayor transpiración de los suelos, esta supera la precipitación. Para contrarrestar el problema, se requiere de la utilización de sistemas de riego para mantener la humedad relativa del suelo que debe ser de 75%. Para el periodo de lluvias, también se requiere un plan de contingencia adecuado, ya que son tan frecuentes y constantes, que el terreno se tiende a inundar, lo que implica la utilización de un sistema de drenaje adecuado. Finalmente, establecen que “en las cuatro zonas productoras de Colombia se presentan limitaciones para obtener altos niveles de productividad, asociadas con las características físicas y/o químicas actuales de los suelos”. Los rasgos más

comunes del suelo en la zona oriental, suelen ser: La compactación localizada o generalizada, alta densidad, baja conductibilidad hidráulica, buen drenaje, pendiente adecuada y áreas del suelo muy superficiales⁵.

Se observa con esta revisión, que no se tenían en cuenta en este momento las características biológicas del suelo, pero, posteriormente se ha demostrado que los microorganismos y otros componentes bióticos que son los que mantienen vida en el suelo se ven afectados por el uso constante del suelo.

Ya en el año 2010, investigaciones realizadas por Gustavo Bernal, evidencian que, es necesario recurrir a alternativas diferentes, amigables con el ambiente, debido al alto costo y escasez de los fertilizantes en Ecuador; se abre, entonces, la puerta para el planteamiento de la utilización de alternativas biológicas que cumplan un efecto positivo en el aprovechamiento de nutrientes por parte de la planta y el desgaste prolongado del suelo en cultivos de palma aceitera. Es importante conocer la habilidad de colonización de cada microorganismo dependiendo del tipo de suelo donde este se encuentre⁶.

Una investigación dirigida por Cenipalma, en el año 2010, estableció soluciones para mejor aprovechamiento nutricional del cultivo por medio de microorganismos no patógenos que se establecen en la raíz de la palma protegiéndola de enfermedades utilizando la Resistencia Sistémica Inducida. Algunos de los microorganismos benéficos que se han encontrado en diferentes investigaciones con diferentes mecanismos y características, son: *Azospirillum* y *Azotobacter beijerinckii* (fijación de Nitrogeno) *Aeromonas* sp, *Aspergillus niger* (Solubilizador de fosfato), estos últimos con la capacidad de formar micorrizas y aumentar la tasa de crecimiento para *E. guineensis*⁷.

En cuanto al impacto del cultivo de palma aceitera, en propiedades físicas y químicas del suelo, macro y micronutrientes. Isai, en 2013, afirma que este monocultivo altera en mayor proporción dichas propiedades, por lo cual realizó un estudio en suelos de cultivo de palma adulta, palma joven y suelo sin palma. Los resultados demostraron que, con relación en suelos de cultivo de palma adulta, los contenidos de macro y micronutrientes eran bajos, en cultivos de palma joven las

propiedades nutricionales, físicas y químicas, se encontraban en los niveles óptimos. Por último, los resultados en suelos libres de cultivo de palma aceitera, sus niveles nutricionales y sus propiedades físico-químicas eran muy altas en comparación con el resto de suelo en el que se encontraban los cultivos de palma aceitera⁸.

En Colombia, el aceite de palma sigue siendo un producto de importancia comercial y económica, que se ve afectada a condiciones climáticas variadas que afectan a la palma de aceite, haciéndola más vulnerable a enfermedades por patógenos, causando así una disminución en la producción, y en infecciones que no son controladas, la pérdida del cultivo. En el año 2013, RRM Paterson y colaboradores, apoyan que dichos cambios climáticos pueden causar retrasos en el crecimiento de la palma y/o marchitamiento agudo con muerte a pocas semanas. En condiciones climáticas altas, la degradación de lignina (importante para la dureza y resistencia de la palma), es menos eficiente, haciéndola mucho más vulnerable a infecciones. Además, en altas temperaturas se incrementan la pérdida de minerales en suelo, variando su biodisponibilidad y de esta manera, altera el ecosistema de los microorganismos⁹.

Los biocombustibles han sido promovidos en todo el mundo como una alternativa en la sustitución de combustibles fósiles utilizados mayormente en el sector transporte. Debido a que el aceite de palma es de suma importancia para la producción de biodiesel en el mundo, las plantaciones de palma aceitera han crecido exponencialmente a expensas de áreas forestales creando preocupaciones ambientales. Por ello, en el año 2013 Carmenza Castebianco y colaboradores realizan una investigación con el objetivo de determinar, impactos y factores asociados a dicha expansión. Uno de los aspectos más resaltados, es el hecho de que en Colombia los ecosistemas atraviesan por transformaciones rápidas por dicho cultivo, haciendo que la tasa de deforestación aumente. En las plantaciones de palma de aceite de zonas oriental y central mostró una mayor expansión con 68.600 y 68.500 hectáreas respectivamente. En la zona oriental 58% se produjo a expensas de los pastos, el 11% de las sabanas, y 12% de los

cultivos de arroz de regadío. Por ello, se sugiere que el uso de la tierra para éste tipo de cultivo debe disminuir y alerta sobre la producción agrícola de otro tipo de cultivos y, el impacto negativo sobre los ecosistemas es bastante notable al ver su deterioro¹⁰.

Dentro de las principales fuentes de biodiesel en Colombia, se encuentra el aceite de palma. Por ello, el impacto en la demanda de tierras para la expansión de la plantación de palma de aceite ha ido creciendo en forma masiva. Estudios realizados durante el año 2015, concluyen que el estado económico en exportaciones de biodiesel es muy bajo (punto débil de la producción), pero en cuanto a importación es alto. En consecuencia, se resalta la importancia de que el Estado Colombiano, debe diseñar un esquema de asignación de tierras no cultivadas y distribución de la tierra en zonas adecuadas para la palma de aceite, para mejorar los ingresos y tener un control de las zonas cultivadas, y de esta manera no cultivar de más, ya que esto derivaría en más gastos y menos ganancias¹¹.

A pesar de los avances ambientales, la intensificación agrícola del cultivo de palma de aceite, parece no tener límite. Pirker J, y colaboradores, en un estudio realizado en el 2016, manifiestan que la lucha de otros sectores agrícolas por zonas de cultivo para otro tipo de plantas, está presente, pero las oportunidades de ganar son muy pocas ya que sus cultivos no reflejan o igualan el nivel económico tan alto del cultivo de palma de aceite, por ello la lucha se convierte en una nimiedad, dejando de lado el impacto ambiental negativo del monocultivo aceitero¹².

Desde que se estableció el cultivo de palma de aceite en Colombia, y hasta hoy, ha tomado tal fuerza que muchos otros cultivos tradicionales como el arroz, el maíz, la yuca y frutales se han ido disminuyendo y con ellos las aves que dependen de ellos. Por tal motivo, en el 2016 con la participación del Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander Von Humboldt, se determinó cómo el desarrollo de la palma de aceite afecta la diversidad funcional del entorno en el que se encuentra. Dicha afectación, no sólo se da en Colombia, sino que es

un síntoma mundial. Por ello, al día de hoy son más las personas y organizaciones que se oponen a este monocultivo y exigen que las empresas apoderadas de estos cultivos, busquen la manera de no reducir la diversidad funcional durante la expansión agrícola, ya que la ausencia de aves modifica la estructura del ecosistema al impedir la dispersión de los frutos y semillas, causando una disminución en el crecimiento de nuevos árboles y la generación de recursos naturales¹³.

Actualmente una de las controversias más nombradas respecto al impacto del cultivo de palma de aceite, es el hecho de que este monocultivo causa la infertilidad de suelos en miles de hectáreas. Incluso algunos de estos terrenos se vuelven inutilizables. Todo esto se corrobora con diferentes estudios que se han realizado a través de los años. Mingorria S, en el año 2017, establece que en países palmeros como Guatemala, la transformación del suelo utilizado en el cultivo es devastadora, ya que este monocultivo tiene una exigencia de nutrientes muy alta, y elimina la capa orgánica del suelo. Además de esto, pasado el ciclo de plantación, el cultivo se debe “matar” para la extracción de plantas y posterior fertilización del suelo para nuevos cultivos, pero el problema radica en que es un procedimiento demasiado costoso y poco eficaz, haciendo que su impacto ambiental en la mayoría de los casos sea irreversible¹⁴.

Uno de los productores de palma de aceite más grande a nivel mundial, es Colombia, después del Sudeste de Asia. La palma de aceite, se planta en áreas que tienen vegetación de baja biomasa, potencializando así la reducción de emisiones de efecto invernadero. Durante el año 2017, el grupo de investigación de Cenipalma, liderado por Rivera y colaboradores, detalla la huella de carbono durante todo el ciclo de elaboración del aceite de palma. Es decir, caracterizan el balance entre las fijaciones y emisiones de gases de efecto invernadero, desde la extracción de materia prima, pasando por su producción, utilización y eliminación. La determinación de la huella de carbono, permite una producción de aceite de palma sostenible durante su ciclo de vida, y de esta manera encontrar medidas que mitiguen las emisiones de gases de efecto invernadero. De igual manera,

hace que los productores tengan un compromiso ambiental para disminuir dicha huella y así constituir una ventaja diferencial al resto de productores¹⁵.

Otro de los aspectos importantes durante la producción de palma de aceite, es la bioseguridad de la misma. Las pérdidas de rendimiento de este cultivo son muy altas, dentro de las de mayor incidencia se encuentran la pudrición y la marchitez de la palma, causadas por *Ganoderma spp* y *Fusarium oxysporum* respectivamente. Debido a que la industria de aceite vegetal es tan grande a nivel mundial, en 2017 Shamala Sundram, de la división de Biología en investigación de enfermedades de la palma de aceite, resalta el impacto económico que tienen dichas enfermedades en cultivos de palma de aceite y, resaltan la importancia de la vigilancia del cultivo, para así evaluar el estado del mismo. Una detección temprana de plagas, será una herramienta que permita eliminarlas y también establecer medidas de prevención para evitar cualquier introducción de plagas en un futuro. De esta manera, los gastos económicos serán reducidos, ya que se considera más económico la prevención que el tratamiento a la enfermedad¹⁶.

La sabana de los llanos orientales colombianos, es uno de los ecosistemas más importantes, gracias a su riqueza en cuanto al albergue de especies y a su vez, uno de los más amenazados por la mano del hombre y todas sus prácticas agrícolas ya que esta región, ha sido blanco de proyección y desarrollo económico en los últimos años, pero a su vez, tiene un estudio limitado de los problemas ambientales a los que se enfrentaría si su desarrollo sigue el crecimiento que el gobierno le proyecta. Según Lina López y colaboradores, en el 2017 son 853 las especies de aves, 706 especies de plantas acuáticas, 658 especies de peces y 167 especies de mamíferos, hacen parte de este bioma, utilizado para ganadería, cultivos de arroz y últimamente, cultivos de palma aceitera, que, según su crecimiento y su inadecuado manejo, pueden poner en peligro todas las especies que allí se encuentren¹⁷.

Es notable, que la palma de aceite ha sido de gran impacto económico, social y agrícola, y que una baja en su producción crearía inestabilidad y pérdidas económicas a los palmicultores. *Ganoderma boninense*, es protagonista cuando

se habla de la pudrición basal del tallo; es una de las enfermedades que más genera pérdidas económicas y productivas, ya que no solo reduce notablemente el tamaño de la palma, sino que a su vez, disminuye la cantidad de frutos producidos. S. A. Shariffah-Muzaimah y colaboradores, en el año 2017, hallaron en la rizosfera de la palma cuatro actinomicetos similares a *Streptomyces* que podrían interactuar con *Ganoderma boniense*, siendo controladores biológicos por medio de antagonismo para contrarrestar la pudrición del tallo; dando así, una solución biológica a un problema establecido con una alternativa natural y de bajo costo para los productores ¹⁸.

Cabe resaltar, que el aumento del cultivo de palma de aceite, se ha visto incrementado en América Latina de manera exponencial, debido a la explotación y/o uso excesivo de materias primas de biodiesel. Esto trae a colación la opinión de las comunidades que existen alrededor de estos cultivos, generando diferentes puntos de vista respecto a éste. Pischke E, Rouleau M, Halvorsen K, en el 2018, resaltan la necesidad de que los responsables de las políticas de cultivo, creen estrategias de expansión sostenible del cultivo de palma de aceite, ya que la mayoría de las percepciones locales en éstas zonas, son negativas al establecer que estos favorecen a pocos y afectan a muchos debido al agotamiento del suelo. Por ello, para generar un acuerdo de desarrollo sostenible en cultivos de palma es necesario la aceptación de la población que lo rodea ¹⁹.

Según un análisis realizado por Ocampo y colaboradores, en el 2018, el territorio colombiano es apto para el crecimiento en cuanto a producción de la palma de aceite. Gracias a la ubicación geográfica de los ecosistemas, Colombia permite distribuir el territorio para evaluar las zonas en donde el impacto ambiental sea reducido notablemente, en cuanto a las especies amenazadas por el ser humano.

Este estudio da a conocer que, los cultivos de palma de aceite, no son de gran relevancia ante el impacto a las especies amenazadas por la mano del hombre en Colombia y que su producción y crecimiento, no va a perjudicar notablemente el hábitat natural de estos²⁰.

El crecimiento de los cultivos de palma de aceite en el mundo, ha obligado a la industria agrícola, a buscar soluciones innovadoras para mantener o aumentar la calidad del producto y a su vez, aumentar las ganancias en menor tiempo. Para lograr este objetivo, Md Hoirul Azria,b y colaboradores, en el 2018, plantearon la inoculación de rizobacterias que promuevan el crecimiento de la planta en una etapa temprana de vida, para que así, la asociación entre las rizobacterias (*B. salmalaya*) y la palma de aceite, genere una mayor adaptación a los cambios ambientales a los que se vea expuesta aumentando su tasa de crecimiento y supervivencia ²¹.

Los llanos orientales, cuentan con un amplio territorio sabanero de gran importancia ecológica y de albergue a ciertas especies en peligro, por lo cual es necesario buscar pastizales, sin ninguna especie nativa, ya sea animal o vegetal, que se puedan ver perjudicadas con el paso de la producción de palma aceitera ²².

4. MARCO REFERENCIAL

4.1 Municipio de Acacias – Meta

Acacias es el segundo municipio más importante del departamento del Meta. Ubicado en la falda de la cordillera oriental colombiana, por lo cual cuenta con variedad climática durante todo el año. Cuenta con una superficie territorial de 1.149,00 km² y una altitud de 473 msnm. A 28 km al sur de Villavicencio, con una latitud de 3° 58' 59" al norte y una longitud 73° 45' 0" al Oeste del meridiano de Greenwich²³.

4.2 Generalidades de *Elaeis guineensis*.

Palma que origina de regiones Africanas, conocidas por sus climas cálidos, donde es aprovechada hace 5 milenios. A pesar de esto, su extensión se dio a partir del siglo XV gracias al inicio de tráfico de esclavos a America Latina; propiamente a Brasil.

De la Familia *Arecaceae*. Especie *Elaeis Guineensis* Jacq. Se caracteriza por su tronco solitario de apariencia firme con más de 40 mts de altura en ambiente tropical. En cultivos de tipo industrial su altura va hasta los 15 m y su tronco esta cubierto de cicatrices de hojas viejas²².

4.3 Cultivos de Palma en Acacias Meta

Para el 2011, Colombia contaba con 391.187 hectáreas destinadas para el cultivo de palma de aceite, de las cuales 157,863 están ubicadas en la parte oriental del país; dando a esta región el primer lugar, con un 40% de participación y producción.

El departamento del Meta es uno de los 9 departamentos productivos que abarcan el 98,8% del área total sembrada, con un 30,7% de área neta total.

De ese porcentaje, el municipio de Acacias Meta contaba con el 3,8%; un total de 14.865 hectáreas para el año 2011, distribuidas en la zona rural del municipio, la mayoría ubicadas en las cuencas de los ríos Orotoy, Acacias y Sardinata²³.

4.4 Clasificación Taxonómica de *Elaeis guineensis*

La palma de aceite africana, es conocida con el nombre de *Elaeis guineensis*.

Esta planta es monocotiledónea, perenne, tiene 16 pares de cromosomas, es monoica, cuenta con polinización cruzada, perteneciente a la familia *Palmaceae* y al orden *Palmales*.

Su clasificación agronómica, se basa en las características específicas de cada una de las variedades o subespecies.

Como es el caso de la *Elaeis guineensis*, que absorbe agua y nutrientes por medio de un bulbo ubicado debajo del tallo, este a su vez cuenta con haces vasculares que ayudan al transporte de nutrientes y puede crecer de 30 a 60 cm anualmente.

Sus hojas están conformadas por raquis y foliolos que cumplen funciones de fotosíntesis y producción. Son plantas de origen tropical, alcanzan su nivel más alto de producción a temperaturas ambientalmente altas, con un buen flujo de agua y suficiente luz solar. Es deseable que tales condiciones sean estables a lo largo del año y de todo el proceso productivo.²⁴



Figura 1. *Elaeis guineensis* productiva de 25 años de edad en cultivo de Palma de Aceite en Acacias Meta

4.5 Condiciones Climáticas

En cuanto a las condiciones climáticas requeridas, se establecen varios factores asociados a la adecuada producción del cultivo. La precipitación, humedad relativa, radiación, vientos y la temperatura, son fundamentales para una buena interacción e intercambio entre el suelo y la planta. La precipitación mensual debe ser mínimo de 100 mm en un periodo constante, teniendo en cuenta las temporadas de sequía o máxima época de lluvias. La cantidad de luz solar recibida debe superar las 2000 horas por año, pero considerando los cambios bruscos de temperatura, que no se excedan de 5,5 horas de luz solar al día en temporadas de sequía.

Aunque se ha demostrado la adaptabilidad de la palma de aceite en diferentes regiones colombianas, se debe tener en cuenta el tipo de siembra, de riego, de drenaje y cantidad de fertilizantes utilizados. La selección del terreno debe contar con la observación de las propiedades del mismo. La textura, siendo esta, arcillosa o arenosa, es fundamental para la reproducción y producción de la planta, de esta depende en gran parte, el flujo adecuado de nutrientes, pero sobre todo de agua²⁵.

4.6 El suelo del cultivo de Palma de Aceite

Es aquí donde se dan los intercambios nutricionales de materia y energía. El suelo, es considerado un elemento vivo, de gran dinámica y de gran impacto a la biodiversidad.

El suelo de cultivo de palma de aceite es franco arenoso. Es un suelo que presenta bastante arena pero que cuenta también con limo y arcilla, lo cual le otorga algo más de coherencia entre partículas.

Para su identificación al tacto en seco, se rompe fácilmente. Al principio la textura aparece suave, pero a medida que se frota, empieza a dominar una sensación arenosa. Al tacto con suelo húmedo forma una bola que permite una manipulación cuidadosa sin romperse. Forma una cinta de hasta 3 cm de largo. Cuando se frota entre los dedos pulgar e índice es suave al principio pero al frotar domina una sensación más áspera. El suelo de cultivo de palma de aceite al ser franco arenoso, genera mayor cohesión.²⁶

4.7 Propiedades físicas del suelo

Las propiedades físicas del suelo, son el resultado de la interacción constante de los diferentes elementos que componen el sistema tierra, como lo son, por ejemplo, el aire y el agua con diversos elementos por ejemplo agua y aire.

Gracias a esta interacción y a estas condiciones, se puede determinar la fuerza de sostenimiento, densidad, retención de nutrientes, capacidad de drenaje, la facilidad de las raíces para lograr la penetración, el almacenamiento de agua, y la plasticidad.

La estructura del suelo, es considerada como la disposición física de sus propias partículas, pudiéndose diferenciar los diferentes tipos de suelo existentes: arcilla, arena, limo. En cuanto a su porosidad, se puede clasificar también dependiendo del tamaño y disposición del poro; estos pueden ser microporos o macroporos.

El color del suelo, es usado como una característica de identificación, ya que este es dependiente de la cantidad de materia orgánica y de minerales que este contenga (Sulfuros, sulfatos, óxidos y carbonatos), y está estrechamente relacionado con procesos tales como la pedogénesis²⁷.

En cuanto al suelo con propiedades franco-arenosas como lo es el del cultivo de palma de aceite, su permeabilidad es media, la capacidad de retención de agua es media-baja, cuenta con un flujo de aire bueno, y la capacidad de mantener un buen nivel nutricional es baja, debido a que su composición mayoritaria es de arena.

4.8 Propiedades químicas del suelo

Estas propiedades definen el nivel de fertilidad del suelo representada en la cantidad e intercambio de cationes de potasio, magnesio y calcio²⁸.

El pH del suelo, tiene como función principal, la medición de la concentración total de iones de hidrogeno con carga positiva, teniendo como base la escala logarítmica de 0 a 14. El suelo puede tener un Ph neutro, ácido o alcalino, dependiendo de la concentración de de iones H⁺ A mayor concentración de estos iones, el suelo presenta un Ph ácido; cuando el suelo contiene menos ones H⁺ y se ve aumentada la concentración de iones hidroxilo, su Ph es alcalino. Esta caracteriza afecta directamente la disponibilidad de los nutrientes, y el comportamiento de los microorganismos²⁹.

El contenido de materia orgánica, se refiere la concentración de residuos en sus diferentes estados de descomposición animal o vegetal, los tejidos y las células de organismos que tienen su hogar allí, así como ciertas sustancias que ellos también son encargados de producir. El intercambio catiónico (CIC) se refiere a la cantidad de cationes que la superficie terrestre tiene la capacidad de retener, dichos cationes se ven representados por el sodio, magnesio, potasio, calcio, entre otros elementos que allí se encuentran³⁰.

Los nutrientes del suelo, pueden dividirse en 2 tipos: Los macronutrientes, que se ven divididos a su vez en nutrientes secundarios y primarios; y los microelementos. Dentro del grupo de los macronutrientes primarios se encuentra el nitrógeno, fósforo y potasio, y en el grupo de los nutrientes secundarios está el magnesio, azufre y calcio.

Dentro del grupo de los microelementos se encuentran, el hierro, el manganeso, el zinc, el cobre, el molibdeno, el cloro y el boro, que tienen la capacidad de ser absorbidos en pequeñas cantidades. Estos elementos se encuentran disponibles en el suelo dependiendo directamente de la reacción de suelo. Si estos aumentan sus concentraciones, pueden encontrarse tóxicos para algunas plantas que no

tengan la capacidad de soportar concentraciones mayores de las normales. Su disponibilidad en las plantas depende principalmente de la reacción del suelo. Algunos microelementos pueden ser tóxicos para las plantas en concentraciones mayores a lo normal, esto puede ocurrir cuando el Ph del suelo es bajo³¹.

4.9 Presencia de grupos funcionales en el suelo

4.9.1 Microorganismos amilolíticos

El almidón y la celulosa son polímeros compuestos por la glucosa y son necesarios para la degradación enzimática de diferentes organismos. De todas las fuentes de carbono, estas dos, son las más encontradas en la naturaleza. Los microorganismos aminolíticos, son capaces de actuar sobre el almidón, ya que poseen enzimas, conocidas comúnmente como amilasas, estas son las encargadas de liberar glucosa, siendo este, el sustrato con mayor facilidad de asimilación por los microorganismos presentes en suelos³²

Los microorganismos degradadores de celulosa incluyen diversos grupos de hongos, bacterias, aerobios y anaerobios, mesofílicos y termofílicos que ocupan una gran variedad de hábitats. Entre los hongos celulolíticos están: *Trichoderma reesei*, *Trichoderma koningii*, *Phanerochaete chrysosporium*, *Fusarium solani*, *Penicillium funicolosum*, *Sporotrix* sp., *Alternaria* sp., *Geotricum* sp., *Rhizoctonia* sp., *Trametes* sp., *Paecilomyces* sp., *Mucor*., *Cladosporium* sp., *Bulgaria* sp., *Chaetomium* sp., *Helotium* sp. y *Aspergillus*. Las bacterias celulolíticas son aerobias, dentro de este grupo podemos encontrar: *Cellulomonas* sp., *Microbispora bispora*, *Thermomonospora* sp., *Cytophaga* sp., *Corynebacterium* sp., *Vibrio* sp., *Bacillus* sp., *Pseudomonas* sp., *Thermobifida* sp.; bacterias anaerobias como: *Acetivibrio cellulolyticus*, *Butirivibrio* sp., *Bacteroides cellulosolvens*, *Bacteroides succigenes*, *Clostridium cellulovorans*, *Clostridium thermocellum*, *Ruminococcus albus*, *Ruminococcus flavefacies*n. Entre los actinomicetes están: *Streptomyces drozdowiczii*, *Streptomyces cellulolyticus*,

Thermomonospora curvata, *Thermomonospora chromogena*, *Thermomonospora alba* y *Thermomonospora fusca*³³.

4.9.2 Solubilizadores de fosfato

La solubilización del P del suelo es la reversión de las reacciones de precipitación, es allí donde se da la liberación de P en el suelo. En este proceso se ve la intervención mediadora de las raíces del suelo, junto con los microorganismos que allí habitan. Las bacterias solubilizadoras de fosfato más encontradas en suelos son *Pseudomonas* sp., *Pseudomonas cepacia*, *Pseudomonas gladioli*, *Xanthomonas* sp., *Xanthomonas maltophilia*, *Enterobacter agglomerans*, *Chromobacterium* sp. Entre los hongos solubilizadores de fosfato se encuentra: *Penicillium* sp., *P. implicatum*, *P. citreo-viridae* J *Paecilomyces* sp., *Aspergillus niger*, *A. fumigatus*, *Scopulariopsis* sp., *Moniliella* sp. y *Mortierella* sp.³⁴

4.9.3 Fijadores de nitrógeno

El proceso de fijación del nitrógeno, es realizado por procariotas, ya que son estas, las que tienen la capacidad de reducir el nitrógeno molecular a amonio, dicho nitrógeno es obtenido por el trabajo simbiótico de fijación de las bacterias con una planta hospedadora, esta relación da origen a los compuestos solubles por las plantas, tales como el amoníaco, cuando entra en el proceso de cadena alimenticia gracias a su incorporación a los aminoácidos y proteínas. Este proceso puede darse tanto en vida libre como en simbiosis con organismos superiores como: *Clostridium*, *Desulfotomaculum*, *Desulfovibrio*, *Methanosarcina*, *Chromatium*, *Thiopedia*, *Ectothiorhodospira*, *Klebsiella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Badilla*, *Propionibacterium*, *Rhodospirillum*, *Rhodopseudomonas*, *Azospirillum*, *Aquaspirillum*, *Azotobacter*, *Azomonas*, *Beijerinckia*, *Derrxia*, *Rhizobium*, *Agrobacterium*, *Thiobacillus*, *Corynebacterium*, *Gloeocapsa*, *Anabaena*, *Calothrix*, *Nostoc*, *Spirulina*, *Oscillatoria*, *Lyngbya*, entre otras³⁵.

4.9.4 Microorganismos celulolíticos

La celulosa es el compuesto orgánico que más abunda en la naturaleza, ya que, la mayoría del material vegetal, es de característica celulolítica. Al descomponerse dicho carbohidrato, los microorganismos que habitan el suelo, tienen acción directa con la formación de CO₂ y la forma con la que este es liberado a la atmósfera.

Son muchos los microorganismos que degradan la celulosa, de diferentes características; estos pueden ser bacterias y hongos con función aerobia y anaerobia. Cabe resaltar, que las bacterias aerobias, son las que más abundan con esta característica, las más encontradas son: *Cellulomonas* sp., *Microbi* sp *orabispora*, *Thermomonospora* sp., *Cytophaga* sp., *Corynebacterium* sp., *Vibrio* sp., *Bacillus* sp., *Pseudomonas* sp., *Thermobifida* sp. En el grupo de anaerobios, son resaltados: *Acetivibrio cellulolyticus*, *Butiri vibrio* sp., *Bacteroides cellulosolvens*, *Bacteroides succionogenes*, *Clostridium cellulovorans*, *Clostridium thermocellum*, *Ruminococcu salbus*, *Tuminococcus flavefaciens*. Dentro del grupo de hongos con acción celulolítica, se encuentran: *Trichoderma reesei*, *Phanerochaete chrysosporium*, *Fusarium solani*, *Penicillum funiculosum*, *Trichoderma koningii*, *Sporotrix* sp., *Alternaria* sp., *Geotrichum* sp., *Rhizoctonia* sp., *Trametes* sp., *Paecilomyces* sp., *Mucor* sp., *Cladosporium* sp., *Bulgaria* sp., *Chaetomium* sp., *Helotium* sp., *Aspergillus* sp³⁶.

4.9.5 Microorganismos proteolíticos

Los microorganismos proteolíticos, son denominados así, por su capacidad de fragmentación de proteínas a aminoácidos en estado libre. Este momento, es conocido naturalmente, como el primer paso para la degradación del material orgánico, donde se ve la interacción de microorganismos con capacidad

enzimática. En la mineralización de compuestos orgánicos con altas cantidades de nitrógeno, se ve evidenciado, la actuación de organismos proteolíticos, y amonificantes, dejando como producto final de la degradación, el amonio. Dentro de este grupo se pueden resaltar hongos con capacidad enzimática para degradar proteínas, tales como: *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Clostridium*, *Serratia* y *Micrococcus*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Mucor*, *Penicillium* y *Rhizopus*³⁷.

4.10 Metagenómica

La metagenómica, es uno de los métodos más utilizados actualmente para acceder al material genético de microorganismos no cultivables que se encuentren en diferentes comunidades ambientales, en nichos o en cualquier tipo de muestra que se quiera estudiar y analizar, trabajando de la mano, con herramientas informáticas, que permiten tener un acceso facilitado a la información obtenida en este tipo de estudios.

Por medio de esta herramienta, no solo se describen los genomas microbianos de una muestra específica, también ha sido útil a la hora de descubrimientos, tales como, nuevos genes, actividad enzimática y descripciones completas de estructuras taxonómicas³⁸.

4.10.1 Historia de la metagenómica

La Metagenómica surge en 1996, una década después del descubrimiento del gen 16S ARNr, como molécula marcadora, capaz de lograr la evaluación de la evolución y la diversidad de los microorganismos sin la necesidad de cultivarlos.

Este término, se refería a los análisis basados en el funcionamiento del ADN en las especies de ambientes mixtos; pero con estudios y publicaciones realizadas en el 2004, se amplió más su definición incluyendo así, las secuenciaciones

aleatorias mixtas y definiéndola literalmente como “más allá del estudio del genoma”³⁹.

4.10.2 Extracción de ADN para análisis metagenómico

Para una óptima extracción de ADN, es necesaria la obtención de una muestra pura y de excelente calidad, teniendo en cuenta los cuatros pasos fundamentales para dicha extracción: Adecuada ruptura celular, es necesaria la remoción de proteínas y ARN que puedan interferir con el procesamiento adecuado de la muestra, alta concentración de ADN y determinación de la pureza y calidad del ADN⁴⁰. Hoy en día, se emplean diferentes métodos para la extracción; tanto físicos, como químicos. Los métodos químicos, son utilizados con frecuencia por su seguridad, ya que el rendimiento del ADN es mayor, entre ellos se encuentra el dodecilsulfato sódico. En cuanto a los métodos físicos, la mayoría tienen una capacidad de fragmentación de ADN de 5 – 10 kb, lo que aumenta el riesgo de formación de quimeras durante la PCR. Los más utilizados son: ultrasonicación, congelación- descongelaación, entre otros.

Si se tiene en cuenta la diversidad microbiana y el hábitat natural de los microorganismos, es posible utilizar técnicas físicas y químicas en conjunto que permitan un óptimo rendimiento en la extracción de ADN⁴¹.

El procesamiento de la muestra utilizada para la extracción, puede cambiar dependiendo del tipo de investigación que se vaya a realizar, sin embargo, es recomendable secar la muestra en lugares con ausencia de luz y temperatura constante, durante 24 horas. Se eliminan restos vegetales y cualquier tipo de artefacto que pueda generar interferencia. Consecutivamente, se realiza la extracción de ADN, utilizando un kit comercial. Por último, se realiza una electroforesis, en gel de agarosa, para verificar el éxito de la extracción y la cantidad de ADN metagenómico como resultado⁴².

4.10.3 Reacción en Cadena de la Polimerasa

La PCR se fundamenta en una reacción de tipo enzimático, que, a partir de un fragmento significativamente corto de ADN, logra obtener gran cantidad de copias idénticas de este. En esta técnica, es utilizada una polimerasa de característica termoestable, que tiene la capacidad de sintetizar las cadenas complementarias de las hebras de ADN. Se utiliza además ADN Metagenómico, que sirve de molde para lograr la amplificación de regiones específicas del material genético. Los primers o cebadores, son cortas secuencias de ADN que hibridan el ADN de la muestra y definen la región específica que será amplificada⁴³.

4.10.4 Electroforesis

La electroforesis es una técnica donde se puede evidenciar la migración de sustancias en medio de un campo eléctrico; dichas partículas pueden ser, proteínas, aminoácidos, péptidos, nucleótidos, ácidos nucleicos que migran hacia el cátodo (carga negativa) o ánodo (carga positiva), dependiendo de peso molecular, estructura tridimensional y de su carga. Aunque son diferentes tipos de electroforesis existentes, la más utilizada es la zona, adecuada para separar mezclas con alta complejidad, donde es necesaria la utilización de un soporte que puede ser de poliacrilamida, celulosa, acetato de celulosa, almidón y el más utilizado; de agarosa acompañado de una solución tampón. Este soporte, tiene la capacidad de formar un gel, que tiene la característica de formar poros que funcionan limitando el movimiento de las moléculas⁴⁴.

Cuando es generado el campo eléctrico, empieza el desplazamiento de las moléculas en forma de tiras o bandas que forman patrones de distancia y tamaños diferentes. Esta técnica, usa marcadores de pesos moleculares, que sirven como referencia para calcular los pesos moleculares de las sustancias a evaluar⁴⁵

Esta técnica, tiene como objetivo principal, la verificación de la existencia del fragmento de ADN, como producto final de la PCR, para la continuación de análisis con el material genético metagenómico⁴⁶

4.10.5 Next-Generation Sequencing (NGS)

La secuenciación de última generación, es utilizada esencialmente para el análisis y estudio de microorganismos imposibles de cultivar de manera cotidiana. Permite obtener gran cantidad de datos secuenciales, lo que aumenta el acceso al material genético completo reunido en un fragmento de muestra, por ejemplo, en el suelo. Estos análisis realizados en suelos brindan una gran información de los microorganismos que habitan en él, lo que permite el análisis total de datos que contienen información de la microbiota total presente en un hábitat determinado⁴⁷. La secuenciación de próxima generación ha abierto la posibilidad de detectar de manera rápida y eficiente el genoma de microorganismos, de forma simultánea, masiva y con bajos costos; esta metodología permite la producción de grandes volúmenes de datos de secuencias nucleotídicas en magnitud de que pueden alcanzar un terabyte de información para una sola muestra de suelo.

La NGS ha brindado la posibilidad de detección de genomas nunca antes secuenciados, de ampliar la genoteca hasta ahora conocida y de analizar de manera rápida y económica el genoma de la totalidad de los microorganismos analizados en una muestra problema⁴⁸. Esta herramienta brinda la posibilidad de analizar grandes cantidades de secuencias nucleotídicas que alcanzan, en ciertas ocasiones, un Terabytes de información, en un solo fragmento de suelo estudiado⁴⁹.

4.10.6 Illumina

Illumina es una herramienta de secuenciación de bajo costo, con plataformas exclusiva como MiniSeq o HiSeq Xen, que utilizan marcación de nucleótidos con fluoróforos, para permitir de manera reversible el bloque de la elongación de la cadena de material genético. Permitiendo así, que se detecte y se elimine el

Fluoróforo para iniciar un nuevo ciclo con un nuevo nucleótido. Este método es mayormente conocido como secuenciación por síntesis. Ofrece lecturas más largas a menor precio, sin embargo, el mantenimiento de los equipos es de alto costo y a su vez el precio de estos, es elevado⁵⁰.

4.10.7 Illumina Miseq

El sistema Illumina MiSeq es una herramienta de secuenciación de próxima generación, con la capacidad de realizar diferentes procesos de manera efectiva, en menor tiempo y a bajo costo. Utiliza la tecnología de secuenciación por síntesis o SBS que tiene como fundamento la utilización de terminadores con colorantes fluorescente, que tienen capacidad reversible que pueden detectar bases nitrogenadas, al mismo tiempo que van uniéndose a la cadena de ADN. Los colorantes se plasman mientras se van adicionando los dNTP y pueden ser eliminados, permitiendo así, la añadidura de la base que sigue en la cadena, dando como resultado, una secuenciación base por base que elimina todos los errores específicos⁵⁰.

4.10.8 Región ARNr 16S

Esta macromolécula poliribonucleótida, es actualmente utilizada en investigaciones del mundo procarionta por su capacidad de actuar como cronometro molecular y fue de gran importancia para generar una visión de la evolución y clasificación bacteriana.

Es encontrada en todos los organismos procariontas estudiados, razón por la cual es utilizada como marcador molecular, ya que cumple con las características primordiales para serlo: Posee sitios antiguos debidamente conservados, que sirven como indicadores universales en el momento de la amplificación por PCR, es genéticamente variable y diferente a nivel de especies, y permite extracción y secuenciación de manera fácil, gracias a su longitud.

Es de cadena sencilla, con capacidad de plegarse en estructuras secundarias, lo que indica la presencia de segmentos de doble cadena alternados con regiones de cadena simple. Su secuenciación brinda información de taxónoma y filogenética⁵¹.

4.10.9 Región ARNr 18S

Esta región eucariota, presenta regiones variables y conservadas al igual que las establecidas en el ARNr 16S. Son específicas para la identificación de especies eucariotas y fúngicas, por lo que son importantes para tamizaje de genoma obtenido directamente de muestras ambientales⁵⁴.

En su defecto, esta región, adquiere mutaciones genéticas que permiten adquirir información de los microorganismos en escala de evolución, pero a su vez su variabilidad ofrece la obtención de ARNr que permita diferenciar organismos próximos y a su vez, alejados. Diferenciando así, especies, cepas y variedades de estas mismas⁵².

4.10.10 Bioinformática

La bioinformática, es una ciencia que se basa en la acumulación, recuperación y análisis de información genética por medio de bases de datos. En ella se pueden entrelazar otras ciencias como Biología, estadística, Matemática. El término fue utilizado por primera vez en 1970, por el biólogo Paulien Hogeweg, refiriéndose a la utilización de la tecnología con datos biológicos⁵³. Los trabajos bioinformáticos realizados por Margaret O. Dayhoff, Richard V. Eck y Robert S. Ledley fueron pioneros en esta ciencia; lograron la primera concentración de información de Proteínas llamada "Atlas of Protein Structure and Sequence" en una computadora⁵⁴

4.10.11 Basic Local Alignment Search Too (BLAST)

Basic Local Alignment Search Too (BLAST) Es un programa informático con la capacidad de alinear todo tipo de secuencias, puede ser de proteínas o inclusive de ADN, más conocidas como “secuencia problema” que van a ser comparadas con las secuencias que se encuentran en la base de datos, para así evidenciar y escoger la secuencia que tenga más similitudes. Además, utiliza un algoritmo heurístico, que si bien, no brinda los datos exactos, permite calcular y valorar los resultados. Dicho programa es mantenido por la NCBI, lo que lo convierte en un servidor gratuito y de dominio público⁵⁵.

4.10.12 QiIME (Quantitative Insights Into Microbial Ecology)

Qiime es un software cuyo significado es “Perspectivas Cuantitativas en Ecología Microbiana” capaz de analizar interpretar datos de una comunidad. Ha sido utilizado para la interpretación de secuencias de ácidos nucleicos de comunidades como hongos, bacterias, virus y arqueas⁵⁶.

Se basa en la escritura de comandos en una ventana principal, para luego obtener la salida de estos junto con su gráfica y una parte textual. Comienza con la lectura de secuencias multiplexadas, seguido de perfiles taxonómicos y la comparación de las muestras problema⁵⁷.

4.10.13 Divisive Amplicon Denoising Algorithm (DADA2)

Es un software denominado “Divisive Amplicon Denoising Algorithm” capaz de ordenar y corregir los errores de Illumina durante la secuenciación para así, poder deducir la composición de la muestra problema. Consiste en reemplazar el sector OTU (Unidades Taxonomicas Operacionales) en la secuenciación de las ampliaciones, para así, establece tablas con mayor resolución de variantes de secuenciación⁵⁸.

5. DISEÑO METODOLÓGICO

Tipo de investigación

Estudio cuantitativo, de tipo descriptivo exploratorio

Universo, población, muestra

Universo

Suelo del municipio de Acacias-Meta

Población

Cultivo de Palma Aceitera en Acacias, Meta.

Muestra

Suelo de las diferentes etapas del cultivo de palma de aceite, en Finca Las Palmas

Variables, Indicadores

Variable independiente: Suelos de 3 diferentes áreas de la finca Las Palmas en Acacias, Meta.

Variable dependiente: Familias, géneros y especies de microorganismos presentes en el suelo de tres áreas diferentes de la finca Las Palmas, ubicada en el municipio de Acacias en el departamento del Meta.

Indicadores

Tabla 1. Indicadores

OBJETIVO	RESULTADO	INDICADOR
Caracterizar la población fúngica y bacteriana presente en el suelo de Palma de aceite en Acacias, Meta, en tres etapas del cultivo utilizando identificación molecular por	Microorganismos presentes en suelos de cultivo de palma de aceite, durante las diferentes etapas de crecimiento.	Microorganismos identificados y organizados en Filo, clase, orden, familia, género y especie identificados en las muestras, por identificación molecular por

secuenciación NGS.		secuenciación NGS.
Relacionar las características físicas y químicas de los suelos con los resultados obtenidos en el análisis metagenómico en las tres etapas del cultivo.	Establecer la relación que existe entre los microorganismos identificados con las propiedades físico-químicas de los suelos.	Filo, clase, orden, familia, género y especie identificados en las muestras de las 3 etapas de cultivo y su correlación con los análisis físicos químicos del suelo.
Comparar la diversidad y cantidad de la microbiota fúngica y bacteriana del suelo encontrada en las tres etapas de producción del cultivo de palma de aceite para establecer la abundancia microbiológica del suelo en el ciclo de producción.	Comparación de los microorganismos identificados entre las diferentes etapas de cultivo	Cantidad y tipo de microorganismos identificados en las diferentes etapas del cultivo de palma de aceite.

Hipótesis

- La biodiversidad microbiana está directamente relacionada con la etapa del cultivo de palma aceitera.

- Existe coherencia entre las características físico químicas de los suelos y la microbiota fúngica y bacteriana encontrada.

Técnicas y procedimientos

Ubicación de la zona de muestreo

Las muestras de suelo de las diferentes etapas de cultivo de palma, fueron recolectadas en la Finca Las Palmas, municipio de Acacias en el departamento del Meta.

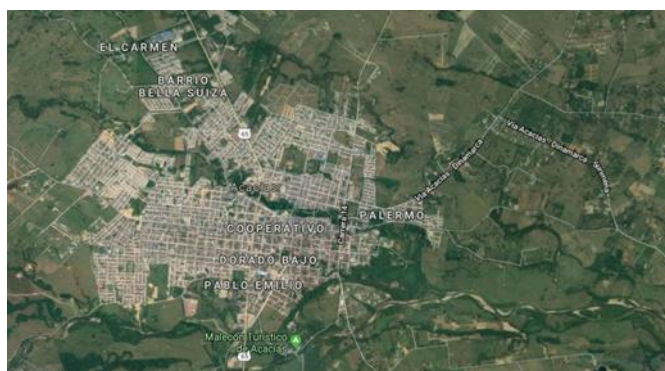


FIGURA 2. Mapa satelital del municipio de Acacias – Meta

Recolección de muestras

La toma de muestras se realizó en el mes de octubre del año 2018. Se recolectaron muestras de suelo utilizando como referencia tres zonas diferentes, dependientes de la edad de cultivo en la finca Las Palmas. Las tres zonas utilizadas para la recolección de muestras fueron: 1) Zona de la finca sin cultivo de palma, 2) zona con cultivo de palma 5 años y 3) zona con cultivo de palma adulta (>20 años).

Para la recolección de los suelos a utilizar en el análisis físico – químico y la identificación molecular por secuenciación NGS, se realizó de acuerdo con el protocolo en zigzag recomendando por el centro de bio-sistemas de la Universidad Jorge Tadeo Lozano



Figura 3. Finca Las Palmas (Sin cultivo, Palma 5 años, Palma 25 años).

Descripción de muestreo

Las muestras se tomaron del suelo, en diferentes etapas del cultivo. La primera muestra de suelo se tomó de suelo sin cultivo de palma de la misma finca, las muestras 2 y 3 se tomaron de suelo con cultivo de palma de 5 y 20 años respectivamente.

Para la toma de muestras de suelo, se realiza un hoyo con ayuda de una pala a una profundidad entre 0-25 cm y se recogen 10 submuestras en bolsas Ziploc debidamente marcadas, identificando edad de cultivo y la finca de donde se tomaron las muestras. Cada toma de muestra se hizo con las medidas de bioseguridad como bata, guantes y tapabocas, realizando cambio de guantes en cada toma de muestra, con el fin de no contaminar o mezclar las muestras entre sí. De cada zona, se recolectó 1 Kg de suelo aproximadamente para su posterior análisis.

Conservación de muestras

Las muestras se conservaron en bolsas Ziploc plásticas de 1 Kg, se marcaron cada una de las 3 muestras y se almacenaron en refrigeración 4°C, hasta su posterior análisis.

Análisis químico

Se pesó 1.0 Kg de cada una de las muestras y se empacaron en bolsas plásticas Ziploc. Posteriormente las muestras fueron enviadas al Laboratorio de Suelos del Centro de Bio-Sistemas de la Universidad Jorge Tadeo Lozano, ubicado en la Autopista Norte km. 10 vía Bogotá-Briceño-Chía (Cundinamarca), para la realización del análisis de fertilidad química parcial con Materia orgánica. Este análisis permitió establecer relaciones con los resultados de la metagenómica

Identificación molecular por secuenciación NGS

La identificación molecular microbiológica se realizó por medio de una extracción de ADN directamente de las muestras de suelo, posteriormente se hará una PCR y electroforesis. Finalmente, para la identificación metagenómica de los microorganismos se utilizó Blast Software.

Procedimiento de Extracción de ADN en cada uno de los suelos:

El procedimiento de extracción se realizó en los laboratorios de la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, con el siguiente protocolo:

1. Pesar 250 mg de suelo en tubo de lisis y agregar 750 ul de BashingBead Buffer.

2. Poner tubo de lisis 30 minutos en agitación (vortex)
3. Centrifugar el tubo de lisis en una microcentrífuga a 10.000 g por 1 minuto 30 segundos.
4. Transferir 400 µl del sobrenadante a un tubo Zymo-Spin III-F filter con un tubo de colección y centrifugar a 8.000 g por 1 minuto 30 segundos.
5. Agregar 1.200 µl de Genomica Lysis Buffer al tubo de colección del paso 4 y mezclar bien.
6. Transferir 800 µl de la mezcla del paso 5 a un tubo Zymo-Spin IIC en un nuevo tubo de colección y centrifugar a 10.000 g por minuto 30 segundos.
7. Descartar el sobrenadante del tubo de colección y repetir el paso 6.
8. Agregar 200 µl de DNA Pre-Wash Buffer en el tubo Zymo-Spin IIC en un nuevo tubo de colección y centrifugar a 10.000 g por minuto 30 segundos.
9. Agregar 500 µl DNA Wash Buffer en el tubo Zymo-Spin IIC y centrifugar a 10.000 g por 1 minuto 30 segundos. Descartar sobrenadante.
10. Transferir el tubo Zymo-Spin IIC a un tubo limpio de microcentrifuga de 1.5 ml y agregar 100 µl de DNA Elution Buffer directamente en el tubo matriz. Centrifugar a 10.000 g por 30 segundos para eludir el DNA.
11. Transferir el DNA eludido en un tubo preparado Zymo-Spin III-HRC junto con un tubo de microcentrifuga de 1.5 ml. Centrifugar a 16.000 g por 3 minutos.

PCR

La reacción en cadena de polimerasa se realizó con el objetivo de verificar la cantidad y calidad del DNA que se extrajo. Se utilizó la enzima termoestable OneTaq Quick Load 2X Master Mix with Standard Buffer (New England Biolabs). Se realizaron 2 PCR, una para Procariotas y otras para Eucariotas.

Se utilizaron primers universales para la región 16S del ADNr (16S-8F 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' y 16S-1492R 5'-CGGTTACCTTGTTACGACTT-3') y para la región 18S del ADNr se utilizaron ITS

(ITS 1F 5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3' e ITS 4R 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3').

El procedimiento se realizó en los laboratorios de la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca.

Ciclos y Temperaturas de la PCR para Eucariotas

Tabla 2. Ciclaje y Temperatura de la PCR para Eucariotas

Proceso	Temperatura	Tiempo	Total de ciclos
Desnaturalización	94.0°C	5:00 Min	35 ciclos
	94.0°C	1:00 Min	
Anillamiento	55.5°C	2:00 Min	
Extensión	72.0°C	2:00 Min	
Extensión final	72.0°C	10:00 Min	

Ciclos y Temperaturas de la PCR para Procariotas

Tabla 3. Ciclaje y Temperatura de la PCR para Procariotas

Proceso	Temperatura	Tiempo	Total de ciclos
Desnaturalización	94.0°C	10:00 Min	30 ciclos
	94.0°C	0:30 Seg	
Anillamiento	50.0°C	1:30 Min	
Extensión	72.0°C	2:00 Min	
Extensión final	72.0°C	15:00 Min	

Electroforesis

Para observar los productos de la PCR, se realizó en gel de agarosa 0.5% teñido con GelGreen® Nucleic Acid Gel Stain y corrido en buffer TBE 0.5X, una electroforesis, para los productos de Procariotas y Eucariotas.

Cuantificación

El producto final de la extracción de ADN fue enviado a la Universidad Nacional de Colombia, donde se empleó el equipo Thermo Scientific™ NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, USA) para su cuantificación.

Secuenciación

Las genotecas se realizaron con ADN genómico con una concentración de 40ul, para su posterior secuenciación realizada por ZymoResearch (USA).

El proceso de amplificación y secuenciación de próxima generación se realizó a través de la plataforma Illumina, en el secuenciador Illumina Mi Seq por la empresa ZymoResearch (USA), incluyendo los siguientes pasos:

- **Preparación de la biblioteca 16S y 18S:**

Las librerías de las muestras fueron preparadas como se describe en el protocolo de preparación de librerías de secuenciación para 16S y 18S metagenómica (Illumina Inc., San Diego, California, USA) con las siguientes modificaciones:

Para 16S, se utilizó el kit de preparación de la biblioteca NGS Quick16S (Zymo Research, Irvine, CA). Los primers utilizados amplificaron la región variable V3-V4 del gen ARNr 16S (V3F y V4R) fueron descritos por Klindworth et al. 2013 .

Tabla 4. Biblioteca 16S

Primer	Secuencia
V3 F	5' – ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTCCTAC GGGNGG GCWGCAG - 3'
V4 R	5' – GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGTGCTCTTCCGATCT GACTACHV GGGTATCTAATCC - 3'

Para 18S, se utilizó el kit de preparación de la biblioteca NGS Quick18S (Zymo Research, Irvine, CA). Los primers utilizados amplificaron la región variable V4-V5 del gen ARNr 18S (F-566 y R-1200), fueron descritos por Hadziavdic et al. en 2014.

Tabla 5. Biblioteca 18S

Primer	Secuencia
F-566	5' – CAG CAG CCG GG TAA TTC C - 3'
R-1200	5' – CCC GTG TTG AGT CAA ATT AAG G - 3'

La biblioteca de secuenciación, tanto para 16S como para 18S, se preparó realizando ensayos de PCR en tiempo real para controlar ciclos y, por lo tanto, evitar la formación de quimeras de PCR. Los productos finales de PCR se cuantificaron con lecturas de fluorescencia (qPCR). Después de la PCR, se realizó

la limpieza de la librería usando Selecta Size DNA Clean & Concentrator (Zymo Research, Irvine, CA). La calidad de las librerías terminadas se verificó con Agilent DNA1000 chip y se cuantificaron con TapeStation Instruments® y Qubit®. Las librerías fueron estandarizadas a 2µM y mezcladas antes del proceso de secuenciación. La Secuenciación de fue realizado usando el secuenciador Illumina MiSeq y un cartucho de secuenciación MiSeq 600 bp (v3).

Este es un procedimiento estándar realizado en San Diego California.

Análisis bioinformático

La organización de las secuencias se hizo a partir de las muestras individuales, teniendo en cuenta los barcodes que identifican cada muestra, agrupándolas así por muestra.

- Las secuencias con errores en los barcodes y en los primers fueron eliminadas.
- Se llevó a cabo el ensamblaje o alineamiento de los pares de secuencias forward y reverse, obteniendo contigs por cada par de secuencias.
- Se realizó la filtración de secuencias ensambladas, teniendo en cuenta sus longitudes, seleccionando aquellas secuencias sin ninguna ambigüedad en sus bases de nucleótidos y con longitud máxima de 490pb. Así mismo, se eliminaron las secuencias idénticas duplicadas, dejando una sola, sin afectar los conteos de abundancia.

Alineamiento de secuencias a base de datos GenBank

Se realizó el alineamiento de las secuencias con la base de datos GenBank con el fin de hacer la clasificación taxonómicamente a través del algoritmo BLASTN. Mediante algoritmo Dada2, se eliminaron secuencias que probablemente se generaron por errores de secuenciación, se identificaron secuencias potencialmente quiméricas, las cuales fueron posteriormente eliminadas. Mediante

el programa QIIME v.1.9.1.se llevó a cabo el agrupamiento de las secuencias en OTUs con un 97% de similitud entre estas, y posteriormente se realizó la clasificación taxonómica de los OTUs.

Análisis de la diversidad microbiana

Debido a que se obtuvieron 3 grupos de datos, producto de la secuenciación de 3 extracciones de ADN de 3 diferentes muestras se realizaron los diferentes análisis de diversidad alfa, con el fin de observar los cambios en las comunidades dentro de cada muestra.

6. RESULTADOS

6.1 PCR y electroforesis

Después de realizar la extracción del ADN de los suelos y la respectiva PCR, se evaluó la calidad del producto obtenido por medio de una electroforesis en gel de agarosa al 0.5% y se evidenció que los 3 tipos de suelo presentaron un producto de aproximadamente 1.5Kb, equivalente a una masa de 36ng (Figura 1).

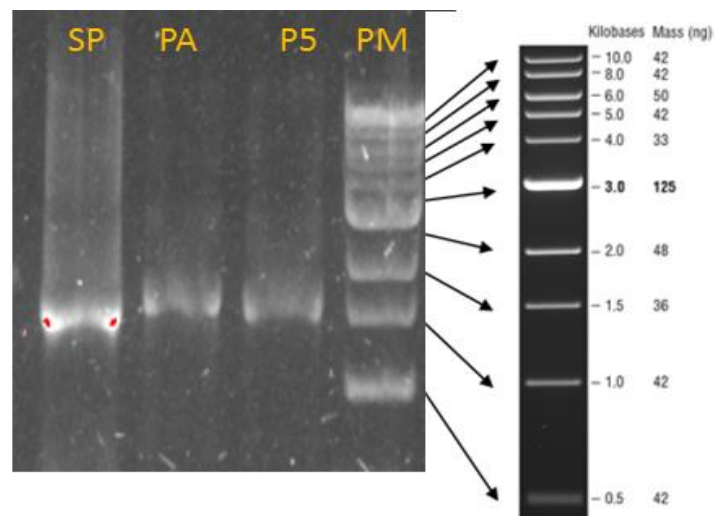


Figura 4. PCR de la región 16S del ARNr de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta.

Electroforesis en gel de agarosa 0.5% en TBE 0.5X (Voltaje 100v, Tiempo 60 minutos).

SP: Suelo sin cultivo de palma de Aceite

PA: Suelos con cultivo de palma de Aceite Adulta (20 años)

P5: Suelo con cultivo de palma de Aceite joven (5 años)

PM: Marcador de peso molecular (1kb ADN Ladder. New England. BioLabs)

6.2 Análisis Químico

Los resultados se presentan en la tabla 6.

Tabla 6. Elementos mayores (mg * kg⁻¹ o ppm) de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta.

Elemento Analizado	Palma Adulta	Palma 5 años	Sin Palma
Ph	4.9	4.6	4.7
C.E dS/m	0.28	0.11	0.11
Amonio	13.4	14.9	13.9
Nitrato	4.5	8.9	42.6
Nitrógeno	17.9	23.7	16.5
P	55	35	2
K	230	64	68
Ca	142	203	51
Mg	39	28	17
Na	21	7	9
S	2.2	1.1	0.3

Óptimo	Deficiente	Bajo
Exceso		

Se evidencia la cantidad de los elementos analizados en el estudio químico, en las tres muestras de suelo de cultivo de palma de aceite. Se evidencia la variación en elementos específicos como N, P y K.

La importancia de medir los cationes de Ca y Mg se debe a que este valor es un indicador de la capacidad del suelo para retener e intercambiar nutrientes (calcio, magnesio, sodio y potasio principalmente), ya que estos que tienen una carga positiva, se fijan en las arcillas y materia orgánica, que tienen carga negativa. Por lo tanto, el análisis de la CIC en suelos es el valor total de cationes que pueden ser retenidos.

El comportamiento del nitrógeno en el suelo de cultivo de palma de aceite en estudio se debe a que este suelo se caracteriza por estar propenso a la lixiviación debido a la cantidad de lluvias que se presentan en el llano en ciertas épocas, y además por el riego e inundación que suelen tener estos cultivos por excesos de riego y/o ausencia de drenajes, haciendo que exista la pérdida de nitrógeno al no poder permanecer en el suelo. En épocas de temperaturas altas, el nitrógeno se pierde por volatilización, es decir que el nitrógeno se puede convertir en gas y evaporarse del suelo.

Tabla 7. Relaciones catiónicas de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta.

	Palma Adulta	Palma 5 años	Sin Palma
Ca/Mg	2.23	4.39	1.88
Ca/K	1.21	6.22	1.48
Mg/K	0.54	1.42	0.79
(Ca+Mg)/K	1.75	7.64	2.27



Tabla 8. Otros Análisis y parámetros de muestras de suelo de cultivo de Palma de Aceite, de Finca LAS PALMAS, ubicada en Acacias, Meta.

	Palma Adulta	Palma 5 años	Sin Palma
Porcentaje de Agua - Pw %	0.8	1.0	1.1
Porcentaje de Saturación - Ps %	51.4	40.4	46.5
Carbón Orgánico %	1.59	0.84	1.11
Materia Orgánica %	2.74	1.44	1.92
CIC (cmol+*Kg ⁻¹)	9.7	11.2	12.6
CICe (cmol+*Kg ⁻¹)	3.0	5.6	3.9

Los resultados de CIC en las 3 etapas de análisis del cultivo de palma de aceite, nos permiten evidenciar que en el suelo de cultivo de palma adulta el nivel de intercambio es muy bajo, es decir, el suelo es pobre en cationes para realizar el intercambio de nutrientes. En cuanto a suelo de palma de 5 años y suelos sin cultivo el suelo tiene un nivel bajo, aun así, se considera que es un suelo muy pobre para el intercambio de nutrientes de la planta.

6.3 Análisis metagenómico

6.3.1 Análisis metagenómico del gen ARNr 16S

En la tabla 9 se observa el número de secuencias obtenidas del gen ARNr 16S. Clasificadas en secuencias crudas, recortadas, el análisis establecido por el software DADA2, las secuencias quiméricas y secuencias libres de estas, a su vez, las secuencias únicas, las secuencias después de la filtración y las secuencias OTUs obtenidas con el análisis, en los tres tipos de cultivo

Tabla 9. Número de secuencias obtenidas del gen ARNr 16S

Muestra	Secuencias Crudas	Secuencias Recortadas	Análisis DADA2	Secuencias Quiméricas	Secuencias libres de secuencias quiméricas	Secuencias únicas	Secuencias después de la filtración de tamaño	OTUs
Palma Adulta	61522	59084	27906	1500	26406	774	25333	630
Palma 5 años	90706	86210	37704	2386	35318	896	34247	729
Sin Palma	38170	36574	18102	0	18102	13	18102	13

- Secuencias Crudas: Todas las secuencias que se pudieron obtener
- Secuencias Recortadas: Aquellas que en su mayoría corresponden a un microorganismo, pero que algunas pares de bases se muestran como dañadas.
- Secuencias Quiméricas: Moléculas de ADN con dos especies diferentes
- Secuencias únicas: Secuencias que en el ensamble solo corresponden a una especie pero que esta no se conoce como tal.
- OTUs: Unidad taxonómica operacional

La caracterización metagenómica dirigida al 16S, son las secuencias OTUs obtenidas en cada una de las muestras de suelo de cultivo, indicó que a nivel de géneros, los más representativos en la muestra de palma adulta fueron *Bacillus* (15.1%), *Acidothermus* (11.3%), *Streptacidiphilus* (7.3%) *Acidibacter* (2%), *Solibacter* (1.1%) y *Variibacter* (0.9%). La muestra de suelo palma 5 años los géneros de mayor prevalencia fueron *Acidothermus* (4.3%), *Bacillus* (3.8%) *Solibacter* (2.7%), *Variibacter* (1.3%). Por último, en muestra de suelo sin palma *Acidothermus* (11.6%), *Bacillus* (15.9%), *Pseudomonas* (15.4%) y *Acidibacter* (16%) y *Variibacter* (2.5%).

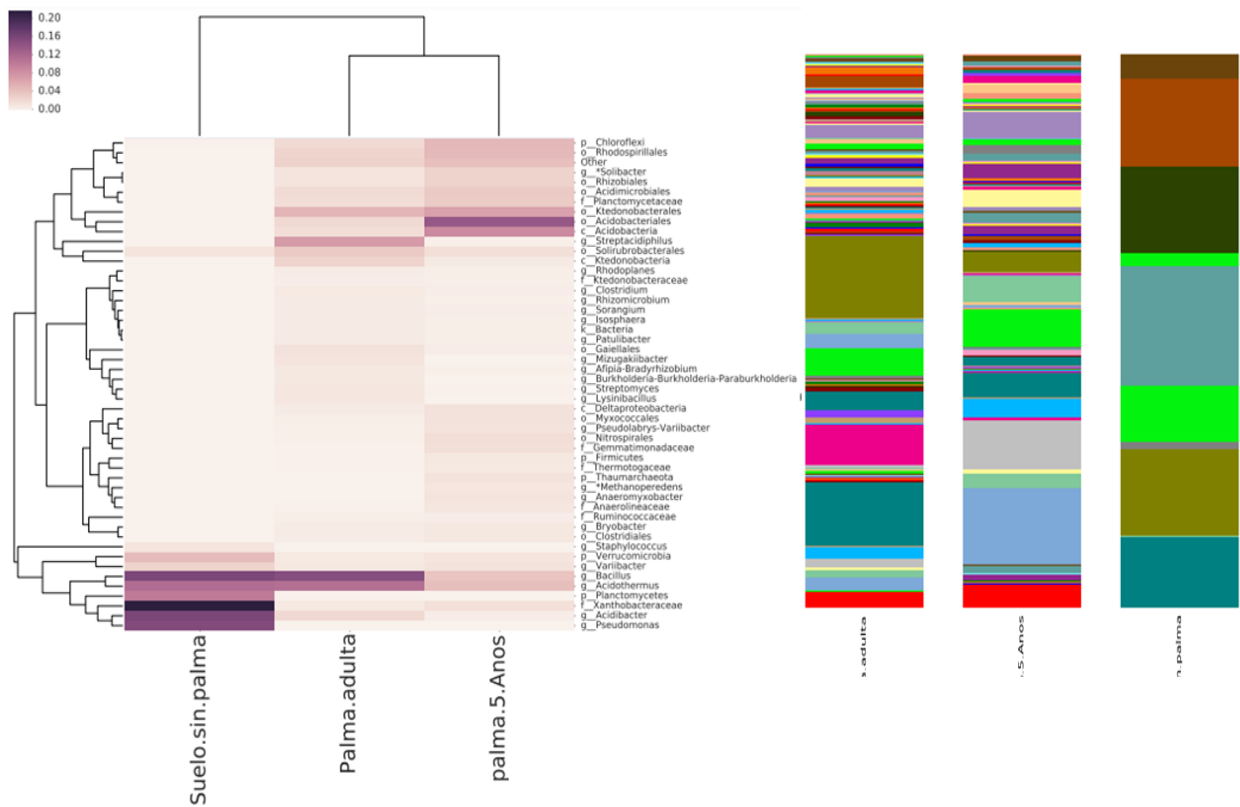


Figura 5. Mapa de calor de abundancia de secuencias (Izquierda) y diagrama de composición a nivel de género (derecha) en Procariotas.

Legend	Taxonomy	%Total	%Adulta	%5 años	%Sin
	None;Other;Other;Other;Other;Other	2.3%	2.7	4.3%	0.0%
	k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanobacteria;o__Methanobacteriales;f__Methanobacteriaceae;g__Methanobacterium	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanocellales;f__Methanocellaceae;g__Methanocella	0.1%	0.1%	0.4%	0.0%
	k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanocellales;f__Methanocellaceae;g__Rice Cluster I	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
	k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales;f__GOM Arc I;g__Methanoperedens	0.3%	0.0%	1.0%	0.0%
	k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales;f__Methanosarcinaceae;g__Methanosarcina	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea;p__Euryarchaeota;c__Thermoplasmata;o__Thermoplasmatales;f__NA;g__NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea;p__Miscellaneous Crenarchaeotic Group;c__NA;o__NA;f__NA;g__NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea;p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA;f__NA;g__NA	0.4%	0.0%	1.2%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales;f__NA;g__Koribacter	0.1%	0.1%	0.2%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales;f__NA;g__Acidicapsa	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales;f__NA;g__Edaphobacter	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales;f__NA;g__Granulicella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales;f__NA;g__NA	5.3%	2.2%	13.8%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales;f__NA;g__Telmatobacter	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__NA;f__NA;g__Solibacter	1.3%	1.1%	2.7%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__NA;f__NA;g__Blastocatella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__NA;f__NA;g__Bryobacter	0.5%	0.5%	0.9%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__NA;f__NA;g__NA	3.5%	1.6%	8.7%	0.0%
	k__Bacteria;p__Acidobacteria;c__Holophagae;o__NA;f__NA;g__NA	0.2%	0.0%	0.7%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Acidimicrobia;o__Acidimicrobiales;f__NA;g__NA	1.8%	1.9%	3.4%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;o__Catenulisporales;f__Catenulisporaceae;g__Catenulispora	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Corynebacteriales;f__Corynebacteriaceae;g__NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Corynebacteriales;f__Mycobacteriaceae;g__Mycobacterium	0.1%	0.1%	0.2%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Corynebacteriales;f__Nocardiaceae;g__Nocardia	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Frankiales;f__Acidothermaceae;g__Acidothermus	9.1%	11.3%	4.3%	11.6%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Frankiales;f__Frankiaceae;g__Jatrophihabitans	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%

k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales;f_Geodermatophilaceae;g_Modestobacter	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales;f_Nakamurellaceae;g_Nakamurella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Intrasporangiaceae;g_Terrabacter	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Microbacteriaceae;g_Leifsonia	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococaceae;g_Arthrobacter	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococaceae;g_Kocuria	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococaceae;g_Micrococcus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococaceae;g_Pseudarthrobacter	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococaceae;g_Sinomonas	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales;f_Micromonosporaceae;g_Actinoplanes-Couchioplanes	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales;f_Micromonosporaceae;g_Krasilnikovia-Luedemannella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales;f_Micromonosporaceae;g_Luedemannella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales;f_Micromonosporaceae;g_Micromonospora	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales;f_Micromonosporaceae;g_NA	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_NA;f_NA;g_NA	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Nocardioideae;g_Nocardioides	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Propionibacteriaceae;g_Propionibacterium	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Pseudonocardiales;f_Pseudonocardiaeae;g_Actinokineospora-Kibdelosporangium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Pseudonocardiales;f_Pseudonocardiaeae;g_Kutzneria	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Pseudonocardiales;f_Pseudonocardiaeae;g_Pseudonocardia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptomycetales;f_Streptomycetaceae;g_Kitasatospora-Streptomyces	0.2%	0.5%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptomycetales;f_Streptomycetaceae;g_Streptacidiphilus	2.5%	7.3%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptomycetales;f_Streptomycetaceae;g_Streptacidiphilus-Streptomyces	0.2%	0.3%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptomycetales;f_Streptomycetaceae;g_Streptomyces	0.4%	0.9%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptosporangiales;f_Thermomonosporaceae;g_Actinomadura	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophila;o_Gaillales;f_NA;g_NA	0.6%	1.4%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophila;o_Solirubrobacterales;f_Conexibacteraceae;g_Conexibacter	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophila;o_Solirubrobacterales;f_NA;g_NA	2.0%	3.4%	1.6%	1.1%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophila;o_Solirubrobacterales;f_Patulibacteriaceae;g_Patulibacter	0.3%	0.6%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophila;o_Solirubrobacterales;f_Solirubrobacteraceae;g_Solirubrobacter	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Cytophagia;o_Cytophagales;f_Cytophagaceae;g_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Flavobacteriia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae;g_Flavobacterium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia;o_Sphingobacteriales;f_Chitinophagaceae;g_Heliomonas	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia;o_Sphingobacteriales;f_Chitinophagaceae;g_NA	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia;o_Sphingobacteriales;f_Sphingobacteriaceae;g_Mucilagibacter	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Parachlamydiaceae;g_NA	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Simkaniaceae;g_Rhabdochlamydia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae;g_Anaerolinea	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae;g_NA	0.4%	0.1%	1.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_NA;f_NA;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_Ktedonobacteraceae;g_Ktedonobacter	0.1%	0.3%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_Ktedonobacteraceae;g_NA	0.3%	0.5%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_NA;g_NA	3.9%	5.1%	6.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_Thermosporotrichaceae;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_NA;f_NA;g_NA	1.0%	2.5%	0.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Thermogemmatissporales;f_NA;g_NA	0.2%	0.1%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA	2.3%	2.0%	4.8%	0.2%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_NA;o_NA;f_NA;g_bacterium	0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Thermomicrobia;o_NA;f_NA;g_bacterium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Chloroplast;o_Chionographis japonica;f_Chionographis japonica;g_Chionographis	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_NA;f_NA;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Alicyclobacillaceae;g_Alicyclobacillus	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Alicyclobacillaceae;g_Tubebacillus	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Bacillaceae;g_Bacillus	11.6%	15.1%	3.8%	15.9%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Bacillaceae;g_Fictibacillus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Bacillaceae;g_Paucisalibacillus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Paenibacillaceae;g_Ammoniphilus	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Paenibacillaceae;g_Cohnella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Paenibacillaceae;g_NA	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Paenibacillaceae;g_Oxalophagus	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Paenibacillaceae;g_Paenibacillus	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Caryophanon-Solibacillus	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Chungangia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Lysinibacillus	0.3%	0.9%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Psychrobacillus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Solibacillus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Sporosarcina	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae;g_Viridibacillus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Sporolactobacillaceae;g_NA	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Staphylococcaceae;g_Staphylococcus	0.4%	0.0%	0.0%	1.1%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Thermoactinomyetaceae;g_Shimazuella	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Clostridiaceae;g_Clostridium	0.4%	0.7%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XVIII;g_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XVIII;g_Symbiobacterium	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Gracilbacteriaceae;g_Gracilbacter-Lutispora	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Heliobacteriaceae;g_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Lachnospiraceae;g_Lachnoclostridium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Lachnospiraceae;g_Mobilitalea	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_NA;g_Alkaliphilus	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_NA;g_NA	0.4%	0.5%	0.8%	0.0%

k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_NA;g_Oxobacter	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptococcaceae;g_Desulfotobacterium	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptococcaceae;g_Thermincola	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Acetivibrio	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Anaerobacterium	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_NA	0.3%	0.3%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae;g_Ruminiclostridium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA	0.3%	0.1%	0.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales;f_NA;g_NA	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales;f_Veillonellaceae;g_NA	0.1%	0.1%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Fusobacteria;c_Fusobacterii;o_Fusobacteriales;f_Leptotrichiaceae;g_Leptotrichia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_Gemmatimonadales;f_Gemmatimonadaceae;g_Gemmatimonas	0.1%	0.3%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_Gemmatimonadales;f_Gemmatimonadaceae;g_NA	0.6%	0.1%	1.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_NA;f_NA;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_NA;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA	0.3%	0.7%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_NA;g_NA	0.7%	0.2%	1.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_Nitrospiraceae;g_NA	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_Nitrospiraceae;g_Nitrospira	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA	3.4%	0.1%	0.0%	10.1%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Phycisphaerae;o_NA;f_NA;g_NA	0.2%	0.5%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales;f_Phycisphaerae;g_NA	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_Nostocoida-Singulisphaera	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_Gemmata	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_Isoosphaera	0.3%	0.7%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_NA	1.6%	1.6%	3.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_Pirellula	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_Plantomyces	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Plantomycetes;c_Plantomycetacia;o_Plantomycetales;f_Plantomycetaceae;g_Singulisphaera	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae;g_Asticcacaulis	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae;g_NA	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae;g_Phenylobacterium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Bradyrhizobiaceae;g_Atipia-Bradyrhizobium	0.4%	0.9%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Bradyrhizobiaceae;g_Bradyrhizobium	0.2%	0.5%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae;g_Devosia-Vasilyevaea	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae;g_Pedomicrobium	0.1%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae;g_Rhodomicrobium	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae;g_Rhodoplanes	0.3%	0.5%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Methylocystaceae;g_Methylocystis	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_NA;g_Bauldia	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_NA;g_NA	1.3%	1.1%	2.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_NA;g_Rhizomicrobium	0.3%	0.6%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Phyllobacteriaceae;g_Mesorhizobium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhodobiaceae;g_NA	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Xanthobacteraceae;g_NA	7.9%	0.7%	1.4%	21.6%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Xanthobacteraceae;g_Pseudolabrys	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Xanthobacteraceae;g_Pseudolabrys-Variibacter	0.5%	0.2%	1.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Xanthobacteraceae;g_Variibacter	1.6%	0.9%	1.3%	2.5%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Acetobacteraceae;g_Acidiphilium	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Acetobacteraceae;g_Acidisphaera	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Acetobacteraceae;g_NA	0.3%	0.7%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Acetobacteraceae;g_Rhodopila	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_NA;g_NA	2.4%	2.5%	4.8%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_NA;g_Reyrannella	0.1%	0.2%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae;g_Elstera	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae;g_Inquilinus	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae;g_Skermanella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae;g_Telmatospirillum	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g_Sphingomonas	0.0%	0.1%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae;g_Sphingosinella	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Alcaligenaceae;g_Achromobacter	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Alcaligenaceae;g_NA	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Burkholderiaceae;g_Burkholderia	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Burkholderiaceae;g_Burkholderia-Burkholderia-Paraburkholderia	0.3%	0.9%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Burkholderiaceae;g_Burkholderia-Paraburkholderia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Burkholderiaceae;g_Cupriavidus	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Oxalobacteraceae;g_Massilia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_NA;f_NA;g_NA	0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Neisseriales;f_Neisseriaceae;g_Vogesella	0.2%	0.6%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Nitrosomonadales;f_Gallionellaceae;g_Nitrotoxa	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Gallionellaceae;g_Nitrotoxa-Sideroxydans	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Gallionellaceae;g_Ferriphasellus	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Gallionellaceae;g_Sideroxydans	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Nitrosomonadaceae;g_NA	0.1%	0.2%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Rhodocyclales;f_Rhodocyclaceae;g_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bdellovibrionaceae;g_Bdellovibrio	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales;f_Geobacteraceae;g_Geobacter	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Cystobacteraceae;g_Anaeromyxobacter	0.4%	0.1%	1.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Haliangiaceae;g_Haliangium	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_NA;g_NA	0.6%	0.3%	1.4%	0.0%

k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__Polyangiaceae;g__ Byssovorax	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__Polyangiaceae;g__ Byssovorax-Chondromyces	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__Polyangiaceae;g__ Sorangium	0.3%	0.6%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Myxococcales;f__Vulgatibacteraceae;g__ Vulgatibacter	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__NA;f__NA;g__NA	0.7%	0.7%	1.4%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Oligoflexales;f__NA;g__NA	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Oligoflexales;f__Oligoflexaceae;g__NA	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Oligoflexales;f__marine metagenome;g__NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacteriales;f__Syntrophaceae;g__ Desulfobacca	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacteriales;f__Syntrophaceae;g__ Desulfomonile	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Deltaproteobacteria;o__Syntrophobacteriales;f__Syntrophobacteraceae;g__ Syntrophobacter	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Legionellales;f__Coxiellaceae;g__ Aquicella	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Pseudomonadales;f__Pseudomonadaceae;g__ Pseudomonas	5.2%	0.1%	0.0%	15.4%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__NA;g__ Acidibacter	6.2%	2.0%	0.5%	16.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__NA;g__NA	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Nevskiaceae;g__ Nevskia	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__ Mizugakiibacter	0.4%	1.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__NA	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Xanthomonadales;f__Xanthomonadaceae;g__ Rhodanobacter	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Proteobacteria;c__NA;o__NA;f__NA;g__NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Saccharibacteria;c__NA;o__NA;f__NA;g__NA	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Spirochaetae;c__Spirochaetes;o__Spirochaetales;f__Spirochaetaceae;g__NA	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p__Thermotogae;c__Thermotogae;o__Thermotogales;f__Thermotogaceae;g__NA	0.3%	0.1%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__NA;o__NA;f__NA;g__NA	2.1%	0.7%	1.1%	4.5%
k_Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Opitutae;o__Opitiales;f__Opitutaceae;g__ Opitutus	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Spartobacteria;o__Chthoniobacteriales;f__Chthoniobacteraceae;g__ Chthoniobacter	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Spartobacteria;o__Chthoniobacteriales;f__NA;g__NA	0.1%	0.2%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Spartobacteria;o__Chthoniobacteriales;f__Xiphinematobacteraceae;g__ Xiphinematobacter	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p__Verrucomicrobia;c__Spartobacteria;o__Chthoniobacteriales;f__Xiphinematobacteraceae;g__ Candidatus				

Las secuencias de mayor cantidad para especies, no lograron ser asignadas taxonómicamente y se presentó una gran variedad en porcentajes bajos (0.1 – 1.0%). Se evidenció mayor cantidad de especies no asignadas de géneros como *Pseudomonas spp*, *Bacillus spp*, *Acidibacter spp*, *Acidothermus spp*, *Staphylococcus spp*, *Streptacidiphilus spp*.

A continuación, en la Figura 6 se muestra la diversidad alfa, indicadora de la diversidad microbiana dirigida al 16S de cada muestra.

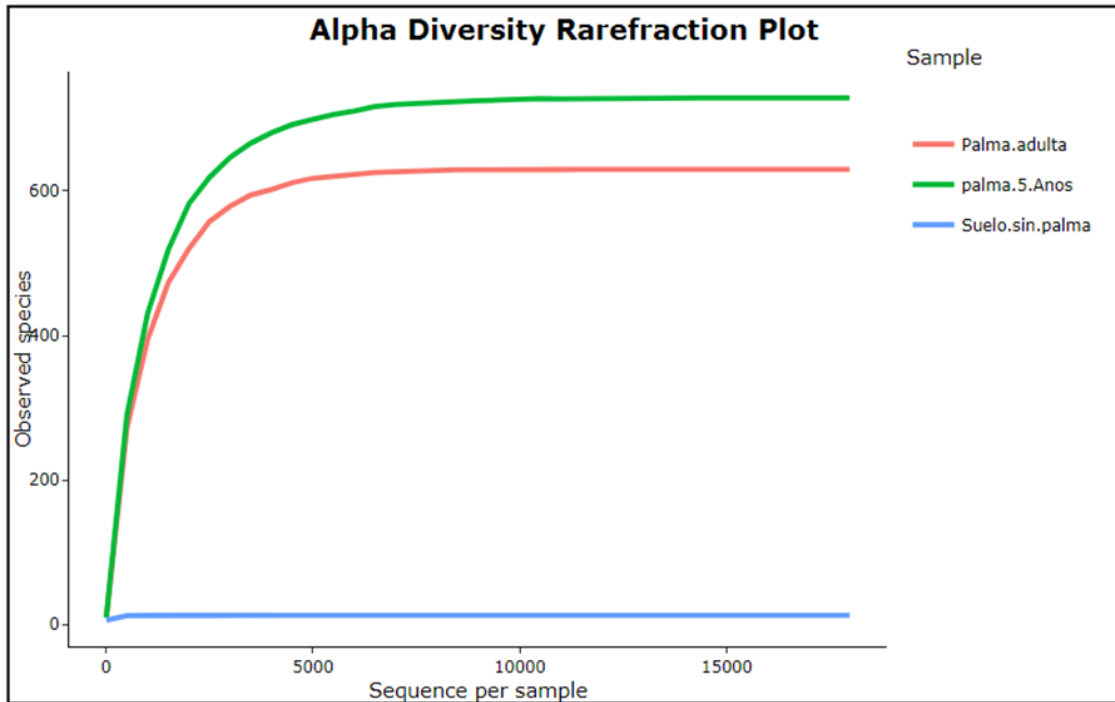


Figura 6. Curva de rarefacción de la diversidad alfa de la región ARNr 16S.

La diversidad alfa aumenta a medida que se identifican más taxones. La grafica muestra una superposición de la muestra de palma 5 años, seguida por palma adulta. Expresa la relación del número de especies por la cantidad de secuencias obtenidas.

6.3.2. Análisis metagenómico del gen ARNr 18S

Tabla 10. Número de secuencias obtenidas del gen 18S

Muestra	Secuencias Crudas	Secuencias Recortadas	Análisis DADA2	Secuencias Quiméricas	Secuencias libres de secuencias quiméricas	Secuencias únicas	Secuencias después de la filtración de tamaño	OTUs
Palma Adulta	125314	125306	61784	462	61322	269	61190	247
Palma 5 años	71562	71550	25413	424	24989	409	24345	307
Sin Palma	66324	66320	31210	115	31095	42	31078	40

- Secuencias Crudas: Todas las secuencias que se pudieron obtener
- Secuencias Recortadas: Aquellas que en su mayoría corresponden a un microorganismo, pero que algunas pares de bases se muestran como dañadas.
- Secuencias Quiméricas: Moléculas de ADN con dos especies diferentes
- Secuencias únicas: Secuencias que en el ensamble solo corresponden a una especie pero que esta no se conoce como tal.
- OTUs: Unidad taxonómica operacional

El análisis del gen ARNr 18s son las secuencias OTUs obtenidas en cada una de las muestras de suelo de cultivo, se evidenció predominancia a nivel de género en aquellos no asignados (69.9% palma 5 años, 25.0% suelo sin palma, 22.4% palma adulta), seguidos de *Corioloopsis* en muestra de suelo sin palma 17%, *Malassezia* 14% en suelo sin palma, *Archaeorhizomyces* 8.6% en palma adulta, *Mammalia* presente en suelo de palma adulta y sin palma (11.2% y 8.0% respectivamente), Acari (7.5%) suelo palma 5 años, Saccharomycetales (6.2%) suelo sin palma y Trichocomaceae (13.8%) palma adulta, (3.5%) palma 5 años y (4.3%) suelo sin palma.

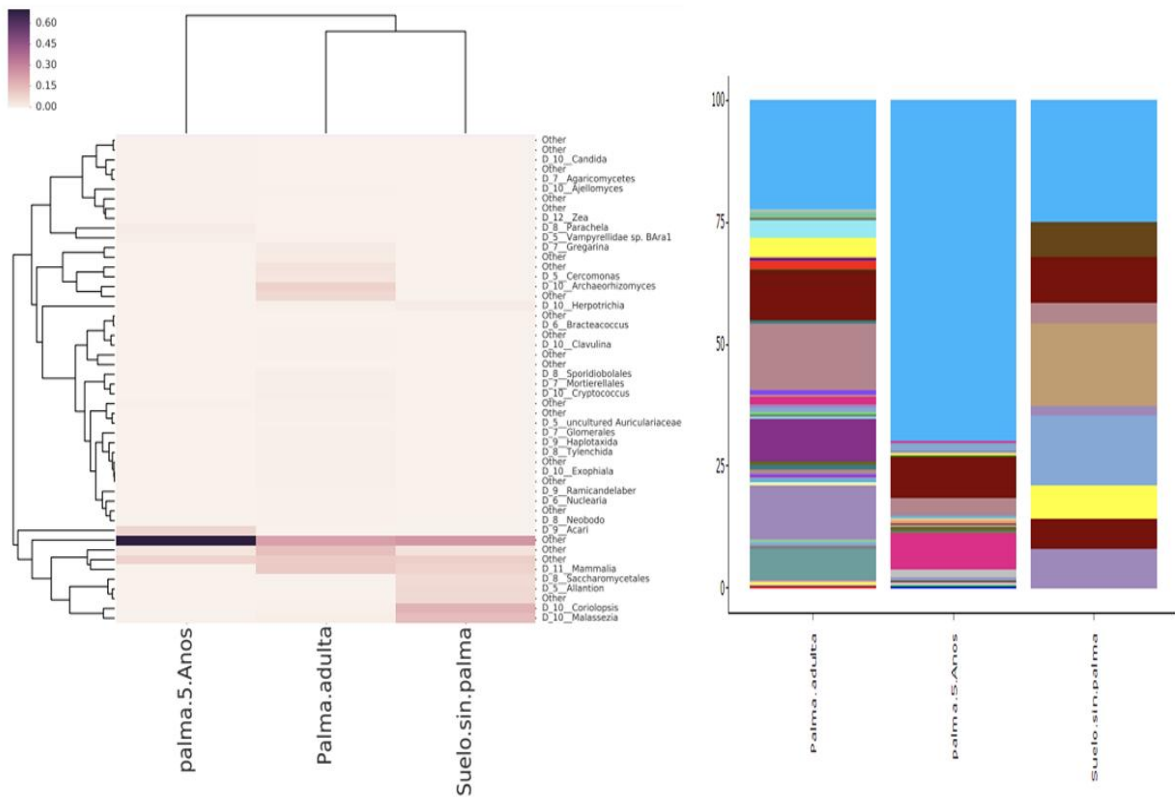


Figura 7. Mapa de calor de abundancia de secuencias (Izquierda) y diagrama de composición a nivel de género (derecha) en Eucariotas.

Legend	Taxonomy	Total%	Adulta%	5 años%	Sin%
	D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Cavostelida;D_3__MPE1-14;Other;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Discosea;D_3__Longamoebia;D_4__Centramoebia;D_5__Acanthamoeba	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Gracilipodida;D_3__Flamella;Other;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Schizoplasmodida;D_3__uncultured eukaryote;D_4__uncultured eukaryote;D_5__uncultured eukaryote	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Tubulinea;D_3__Leptomycida;D_4__uncultured Eimeriidae;D_5__uncultured Eimeriidae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;D_10__Sapindales;Other	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;D_11__Poales;D_12__Zea	0.2%	0.1%	0.4%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;D_11__Poales;Other	0.2%	0.2%	0.4%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;Other;Other	2.2%	6.7%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_4__Chlorophyceae;Other	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_4__Trebouxiophyceae;Other	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_5__Chlamydomonadales;Other	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_5__Sphaeroleales;D_6__Bracteacoccus	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;Other;Other	0.3%	0.6%	0.3%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Excavata;D_2__Discoba;D_3__Discicristata;D_5__Tetramitia;D_6__AND12	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Excavata;D_2__Discoba;D_3__Discicristata;D_7__Neobodonida;D_8__Neobodo	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_10__Tetrapoda;D_11__Mammalia	6.4%	11.2%	0.1%	8.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_7__Chromadorea;D_8__Tylenchida	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_7__Eutardigrada;D_8__Parachela	0.6%	0.0%	1.8%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_8__Arachnida;D_9__Acari	2.5%	0.0%	7.5%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_8__Oligochaeta;D_9__Haplotoxida	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Discicristoidea;D_5__Nucleariidae;D_6__Nuclearia	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_6__Agaricomycotina;D_7__Agaricomycetes	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_6__Glomeromycetes;D_7__Glomerales	0.2%	0.7%	0.0%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_6__Incertae Sedis;D_7__Mortierellales	0.3%	0.9%	0.1%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_7__Microbotryomycetes;D_8__Sporidibolales	0.3%	0.8%	0.1%	0.0%
	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_7__Saccharomycetes;D_8__Saccharomycetales	2.1%	0.0%	0.1%	6.2%

D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_8__Endogonaceae;D_9__Endogone	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_8__Kickxellaceae;D_9__Ramicydelaber	0.2%	0.4%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_8__Mucoraceae;D_9__Rhizopus	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_8__Paraglomeraceae;D_9__Paraglomerus	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_8__Saksenaaceae;D_9__Saksena	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Ajellomycetaceae;D_10__Ajellomyces	0.2%	0.3%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Archaeorhizomycetaceae;D_10__Archaeorhizomyces	2.9%	8.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Cladoniaceae;Other	2.3%	0.0%	0.0%	6.8%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Clavulinaceae;D_10__Clavulina	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Coniochaetaceae;D_10__Coniochaeta	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Debaryomycetaceae;Other	0.2%	0.3%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Gomphaceae;Other	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Herpotrichiellaceae;D_10__Exophiala	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Hydnodontaceae;D_10__Trechispora	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Incertae Sedis;D_10__Candida	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Incertae Sedis;D_10__Malassezia	5.2%	1.1%	0.2%	14.4%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Incertae Sedis;D_10__Pseudohydnum	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Incertae Sedis;Other	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Lophiostomataceae;D_10__Herpotrichia	0.8%	0.6%	0.0%	1.7%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Lyophyllaceae;D_10__Termitomyces	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Onygenaceae;D_10__Coccidioides	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Physciaceae;Other	0.6%	1.7%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Pleurotaceae;D_10__Pleurotus	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Polyporaceae;D_10__Coriolopsis	5.8%	0.3%	0.0%	17.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Saccharomycetaceae;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Tremellaceae;D_10__Cryptococcus	0.3%	0.9%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Trichocomaceae;Other	7.2%	13.8%	3.5%	4.3%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;D_9__Tricholomataceae;Other	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea;D_3__Fungi;Other;Other	9.3%	10.1%	8.3%	9.4%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Apicomplexa;D_6__Eugregarinorida;D_7__CCA5	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Apicomplexa;D_6__Eugregarinorida;D_7__Gregarina	0.6%	1.9%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;D_6__Nassophorea;D_7__Leptopharynx	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;D_7__Colpodida;Other	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;D_7__Platyophrya;D_8__Platyophrya	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;Other;Other	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;Other;Other;Other	1.4%	4.1%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Cercomonas	1.2%	3.3%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Eocercomonas sp. HFCC 908	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;Other	0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Glissomonadida;D_5__Allantion	2.4%	0.0%	0.0%	7.1%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Glissomonadida;D_5__uncultured Auriculariaceae	0.2%	0.5%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Glissomonadida;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__RTSiin19;D_5__uncultured Eimeriidae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Vampyrellidae;D_5__Vampyrellidae sp. BAra1	0.5%	0.4%	1.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__uncultured;D_5__uncultured Eimeriidae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;Other;Other	0.3%	0.6%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Stramenopiles;D_3__Ochrophyta;Other;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Stramenopiles;D_3__Peronosporomycetes;D_4__Pythium;Other	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;Other;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
Unassigned;Other;Other;Other;Other;Other	39.1%	22.4%	69.9%	25.0%

Las especies con alto porcentaje de abundancia, no lograron asignarse taxonómicamente (69.9% palma 5 años, 25.0% suelo sin palma, 22.4% palma adulta).

Las especies de hongos que se lograron identificar fueron, *Neobodo designis* (0.4% palma adulta), *Ramicydelaber brigisporus* (0.4% palma adulta y 0.1% palma 5 años), *Saksena* *vasiformis* (0.1% palma adulta y palma 5 años), *Archaeorhizomyces finlayi* (8.6% palma adulta), *Clavulina cristata* (0.3% palma adulta), *Trechispora alnicola* (0.1% palma adulta), *Candida ghanaensis* (0.4%

palma 5 años), *Pseudohydum gelatinosum* (0.2% palma 5 años) y *Corioloopsis gallica* (0.3% palma adulta y 17% sin palma).

La gráfica de rarefacción para Alfa diversidad, se representa en el eje “y” el número de especies observadas clasificadas en un nivel filogenético y en el eje “x” el número de secuencias por muestra. La curva de rarefacción compara el número de especies en función de del tamaño de la muestra.

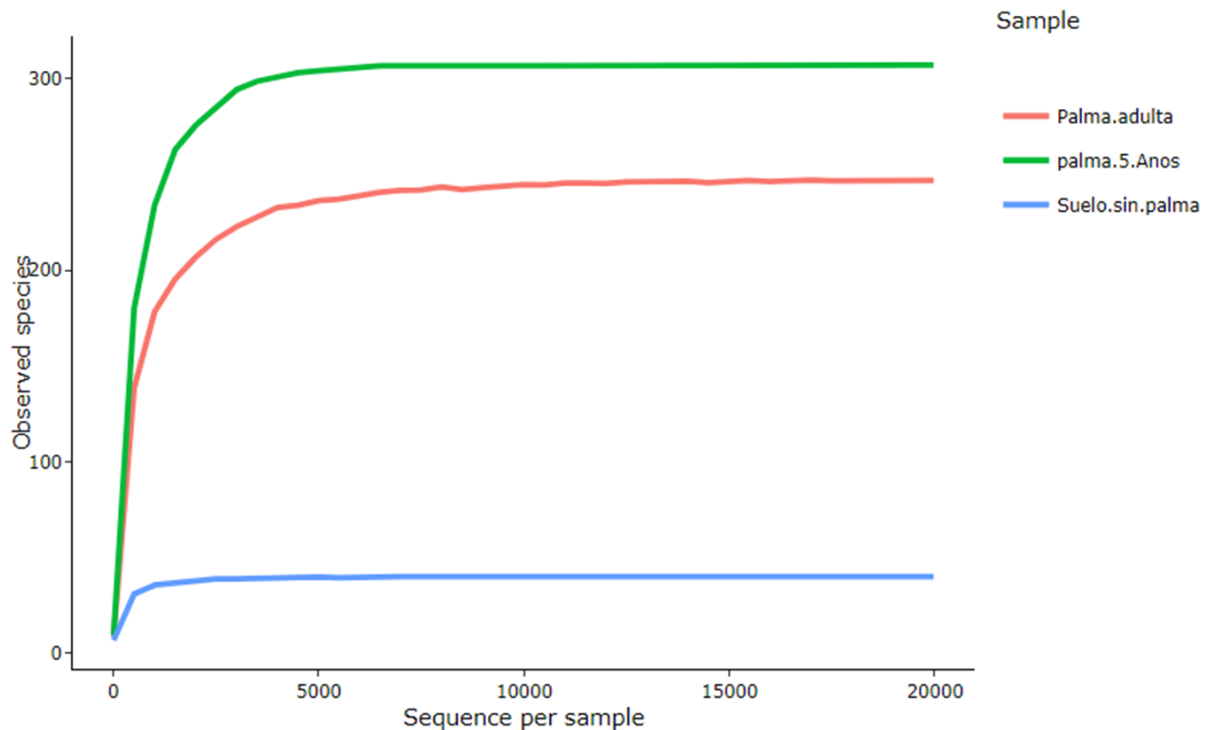


Figura 8. Curva de rarefacción de la diversidad alfa de la región ARNr 18S

La diversidad alfa aumenta a medida que se identifican más taxones. La grafica muestra una superposición de la muestra de palma 5 años, seguida por palma adulta. Expresa la relación del número de especies por la cantidad de secuencias obtenidas.

7 DISCUSIÓN

El suelo del pie de monte llanero, tiene unas características químicas fundamentales y diferentes a las obtenidas en suelos de diferentes regiones colombianas. La temperatura promedio es de 26°C, una humedad relativa que cambia dependiendo de la época del año; en época de grandes lluvias es de 85%, mientras que en épocas de sequía es de 65%; lo que indica alta concentración de agua a lo largo de todo el año, teniendo en cuenta que la precipitación anual en promedio es de 2.900 mm. Los suelos llaneros en general, presentan características ácidas, con concentración de Aluminio del 71%. Dentro de los nutrientes que más escasean, se encuentra el Calcio, Magnesio y Fósforo. Este suelo es clasificado como franco arenoso debido a que tiene una concentración de 59.8% de arena, 24,8% de limo y 15.4% de arcilla⁵⁹. En comparación con el estudio de suelos realizado en la Universidad Jorge Tadeo Lozano; los tres tipos de suelos escogidos presentan una deficiencia de Calcio y magnesio en mayor proporción en suelos sin cultivo de palma, elementos que son importantes en los procesos metabólicos como la absorción de nutrientes de las plantas, además de protegerla de temperaturas altas y evita también la invasión de patógenos. Uno de los problemas asociados a suelos ácidos es la deficiencia de Ca, que pudo ser evidente en las diferentes etapas del cultivo. Aunque el Ca es considerado como un nutriente secundario, tiene una función muy importante en el crecimiento y nutrición de las plantas.

En cuanto al contenido de Fósforo, se observa que es uno de los pocos elementos con concentraciones normales dentro de los estudios de suelo realizados en las muestras de suelo con palma adulta y palma de 5 años, 55 y 35 ppm respectivamente; mientras que, en el suelo sin cultivo de palma, mostró escasos de 2 ppm, este último demostrando en parte un contenido normal en contraste con el estudio de suelos realizado por la revista de agronomía Colombiana. El P forma parte de las moléculas esenciales para la vida. La planta dispone de este en cuanto haya concentración abundante en suelo. En ambientes tropicales como

Colombia, la mayoría de los suelos, presentan deficiencia de fósforo, por lo cual, los agricultores utilizan como segunda opción el uso de fertilizantes, para así tener una buena transferencia de energía y degradación de carbohidratos por parte de la planta.

En el estudio químico de suelos realizado en los tres tipos de suelo con cultivo de palma, se evidencia este déficit. Lo que, valida y demuestra que, en este cultivo, no se están utilizando biofertilizantes para suplir esa necesidad. En condiciones de ausencia de este elemento, las plantas aumentan el crecimiento de las raíces con el objetivo de obtener mayor espacio y terreno para así, buscar en la profundidad del suelo una mayor concentración del elemento.

Existen microorganismos solubilizadores de fosfato, que ayudan a aprovechar las bajas concentraciones de este elemento. El análisis metagenómico de 16S mostró una abundancia de los géneros *Bacillus* y *Pseudomonas* que se caracterizan entre sus variadas funciones, en ser solubilizadores de fosfato ⁶⁰. Se evidenció una mayor cantidad del género *Bacillus*, demostrando que su presencia en estos suelos tiene como principal función la solubilización del fósforo debido a su presencia en mayor cantidad en suelos de palma de 5 años y adulta, etapas en las cuales el suelo y la planta requieren de una mayor cantidad de fosfato. La función fijadora de nitrógeno del género *Bacillus* pasa a un segundo plano y se puede ver reflejado en la cantidad de nitrógeno que hay en cada suelo, aunque con un valor óptimo en la etapa de crecimiento de la palma, es decir, suelo de 5 años. En cuanto al suelo sin palma, se atribuye la falta de activación de los microorganismos fijadores de nitrógeno, debido a que no existe una presencia de raíz que promueva la interacción⁶¹.

La presencia del género *Pseudomonas* se logró evidenciar en mayor cantidad en suelos sin cultivo de palma, lo cual se puede atribuir a una función protectora, la cual disminuye la necesidad de utilizar agroquímicos para una mejor producción vegetal a futuro⁶². Sin embargo, en suelos con cultivos de Palma, se hizo notable la disminución de dicho género, probablemente por la deficiencia de elementos

nutricionales en suelo, que no permiten su supervivencia durante la etapa de crecimiento de la palma.

La productividad y sostenibilidad de los suelos, generalmente depende de un equilibrio entre las propiedades químicas del suelo, las cuales van a determinar la disponibilidad de nutrientes para un cultivo y, así mismo la diversidad microbiana en el mismo. Los resultados de las propiedades químicas de los suelos, demuestran que el suelo estudiado es de tipo ácido, ya que su pH en los 3 estadios del cultivo es menor a 5.5, esto lo asocia directamente con deficiencias nutricionales⁶³ La presencia del género *Acidibacter* es común en este tipo de suelos ácidos, resultado que se valida en comparación con el estudio de Rampelotto PH, dónde se afirma que el pH ácido regula la abundancia del género *Acidibacter*, que se encontró en porcentajes significativamente altos en los suelos de las 3 etapas de cultivo; 11.3% en suelo de palma adulta, 4.3% en palma de 5 años y 11.6% en suelo sin palma⁶⁴. El género *Acidothermus*, cuya presencia estuvo en los tres tipos de suelo estudiados, siendo este, un género con características celulíticas que desempeña un papel importante en el ciclo del carbono⁶⁵, Y que también se caracteriza por su presencia en suelos de tipo ácido, cumple la función de degradar los desechos vegetales del suelo que, en su mayoría, están compuestos de celulosa, siendo esta una enzima relacionada con la fertilidad y calidad del suelo⁶⁶.

Otro de los géneros de mayor abundancia en los suelos de cultivo de palma analizados fue *Streptadiciphilus*, caracterizados también por habitar en ambientes ácidos que tienen un papel Biocontrolador fúngico, por medio de la producción de quitinasas⁶⁷.

Teniendo en cuenta, que el sustrato determina los microorganismos que componen un ecosistema, los microorganismos amilolíticos tienen la capacidad de optimizar la energía a partir del almidón. Entre ellos se encuentran bacterias, hongos y levaduras. En cuanto al grupo de levaduras, se encontró una presencia significativa del género *Saccharomycetales*, en el suelo sin palma en un 6.2% que

evidencia también el buen contenido de fósforo en el suelo. Las bacterias del género *Bacillus* también cumplen con función amilolíticas⁶⁸.

Los microorganismos con capacidad celulítica, son principalmente hongos y bacterias, pero no todos los microorganismos son capaces de producir altos niveles de estas enzimas. Los hongos celulíticos mayormente encontrados en suelos de la parte oriental de Colombia, son en su mayoría especies de hongos como *Penicillium spp* y *Trichoderma spp*, este último perteneciente al género *Trichocomaceae* que estuvo presente en los tres suelos de cultivo de palma de aceite 13.8% en suelo de palma adulta, 3.5% en suelo de palma 5 años y 4.3% en suelo sin palma; está caracterizado por llevar a cabo la degradación de materia orgánica con el fin de facilitar la absorción de nutrientes para la palma en todo su ciclo de vida⁶⁹.

La secuenciación de ARNr 18s demostró la presencia de *Archaeorhizomyces* en muestras del suelo de cultivo de palma (8,6%) que se puede considerar común, ya que se ha encontrado por medio de secuenciación de ADN, en diferentes suelos y raíces de plantas que crecen en diferentes cultivos, es decir, no tiene preferencia por algún tipo en especial, además no se ha podido evidenciar su actuación benéfica o patógena en plantas, por lo tanto, no se asocia como un hongo micorrítico⁷⁰.

En la investigación realizada, aunque solo se planteó la búsqueda de bacterias y microorganismos fúngicos en los cultivos de palma de aceite; como dato adicional, en las secuencias 18S, se encontró gran cantidad de material genético de dos géneros adicionales con gran importancia en los ecosistemas naturales de la región como lo son, género *Mammalia* y *Acari*.

Se evidenció gran presencia de *Mammalia*, que corresponde a mamíferos vertebrados de sangre caliente. El mayor porcentaje evidenciado, fue en suelo de palma adulta (11,2 %) y suelo sin cultivo de palma (8,0 %); esto se puede atribuir a la presencia de animales como perros, vacas y cabras, que se encuentran habitualmente en este cultivo y que además fueron observados al momento de la toma de muestra.

Según la literatura, la expansión de cultivos de palma de aceite, afecta directamente un número significativo de mamíferos que habitan en la zona. Los principales productores de palma de aceite en el mundo, no han dado paso a formas sostenibles de producción que propicien el beneficio para las dos partes y brinde un equilibrio entre el cultivo y su ecosistema natural⁷¹.

El género *Acari*, hace referencia a arácnidos encontrados en las muestras de suelo analizadas, en la muestra de suelo de palma de 5 años, se encontró 7,5 % de dicho material genético. Esto, puede deberse a la presencia de invasores como, el acaro rojo (*Raoiella indica*) que se caracterizan por su presencia residente en cultivos de palma en Colombia.

En un análisis realizado en cultivos de palma de aceite en los departamentos de Magdalena y Cesar, se estudió el ciclo de vida de este ácaro. Se pudo evidenciar que el ácaro rojo, no completa su ciclo de vida, alimentándose de los folíolos de la palma, debido a que las larvas murieron 48 horas después de haber sido ubicadas sobre estos mismos; indicando, que *Elaeis guineensis*, no es hospedera natural de *Raoiella indica*; y por ello su presencia en la muestra de palma de 5 años, que es la etapa, en la que la palma inicia su crecimiento, siendo más propensa a la aparición de invasores y plagas que podrían aprovecharse de sus altos requerimientos nutricionales⁷²

La presencia natural de animales domésticos, también se vio reflejada en el análisis debido a la aparición del género *Malazzezia* en un 14,4% y un 1,1% en suelo de palma adulta. Este género puede ser indicativo de la frecuencia con la que los animales domésticos ingresan a la zona de cultivos ya que esta levadura es huésped de algunos animales tanto domésticos, como silvestres, que frecuentan la zona del cultivo, ya que se considera como parte de la microbiota normal de estos, pero con una mayor presencia en perros, seguido de gatos. Esta levadura, también puede estar presente en la microbiota transitoria de humanos y estos, entrar en contacto con el cultivo a la hora de trabajar la tierra, adecuándola para la nueva siembra⁷³.

La sostenibilidad del cultivo de palma de aceite, depende del cuidado y manejo que se le brinde al suelo antes, durante y después del cultivo. Una de las problemáticas relacionadas, es la expansión que ha existido durante los últimos años, haciendo que los cultivos convencionales disminuyan y sean reemplazados por el cultivo en estudio. Además, después del aprovechamiento del cultivo, en la mayoría de los casos, el suelo no es sometido a tratamiento de recuperación de nutrientes y microbiota, por ello, este suelo no es apto para futuros aprovechamientos agrícolas⁷⁴.

La productividad económica de la palma de aceite, es conocida mundialmente por ser de gran valor, ya que sus productos tienen un amplio aprovechamiento en diferentes industrias, tales como la alimenticia y la industrial, pero esto no quiere decir, que el crecimiento económico, sea un indicador de sostenibilidad ecológica, debido a que en la actualidad, solo se tiene en cuenta satisfacer las necesidades del momento, comprometiendo la capacidad del suelo que las futuras generaciones requieran para el abastecimiento alimenticio y ambiental.

Debido al lapso de tiempo que requiere la plantación del cultivo, la productividad del suelo es casi nula, ya que, al finalizar la etapa productiva de la palma de aceite, se debe matar la plantación y realizar una biofertilización que, en la mayoría de los casos, no se realiza debido a su alto costo y por ello, es necesaria la búsqueda de nuevos terrenos para cultivos⁷⁵.

Es necesaria la concientización a ésta generación de agricultores, frente a la importancia del cuidado del suelo, como un recurso natural no renovable, sobre todo, en este tipo de monocultivos, donde su aprovechamiento total, conlleva a 25 años ya que los suelos disponibles para cultivos cada vez son más reducidos dependientes a diferentes factores, como lo son, el aumento de la población, el cambio climático, la disminución de recursos naturales y la falta de información sobre cuidados del suelo necesarios para hacer de este cultivo, una plantación más amigable con el medio ambiente⁷⁶

8 CONCLUSIONES

El uso del cultivo de Palma de aceite en Acacias Meta, dependiendo de su edad fenológica es variable y se ve expresada en la cantidad y diversidad de microorganismos que habitan en el suelo.

En suelo sin palma de aceite, se pudo establecer, la ausencia de microorganismos, debido a la falta de rizosfera por lo cual, no hay interacción entre raíces y microorganismos constituyentes del suelo; por ende, no hay señales químicas y bioquímicas que permitan una comunicación directa entre nutrientes, microorganismos y planta.

En cuanto a las características químicas encontradas en los tres tipos de suelo, se pudo evidenciar, la baja carga nutricional en los tres tipos de suelo, los cuales se vieron estrechamente relacionados en cuanto a la deficiencia de elementos importantes para el crecimiento y nutrición de la planta, tales como N, Ca, Mg, S y la capacidad de intercambio catiónico que expresa el potencial del suelo para retener e intercambiar nutrientes también es deficiente.

El análisis metagenómico, reveló una gran diversidad de secuencias obtenidas de los genes ARNr 16S y 18S sobre todo en suelos que ya tenían cultivo de palma, es decir, aquellos en los cuales existe la interacción de la rizosfera. Sin embargo, la cantidad de microorganismos encontrados fue tan abundante que no se pudo establecer la presencia de especies específicas y funcionales en el suelo.

El uso de herramientas biotecnológicas permitió evidenciar las diferencias entre los tipos de suelo desde lo microbiológico y en relación con la composición química. Esto, teniendo en cuenta que los géneros de microorganismos presentes en estos suelos están relacionados con los aspectos nutricionales. Adicionalmente, de acuerdo con los resultados encontrados, se pudo establecer que muchos de ellos no son cultivables y las

herramientas convencionales no hubiesen mostrado resultados como los que arroja un estudio de metagenómica, herramienta valiosa para tener un análisis más completo sobre la diversidad y cantidad de poblaciones fúngicas y bacterianas presentes en el suelo de cultivo de Palma.

Con este trabajo de investigación, no se puede afirmar que el cultivo de palma de aceite es netamente perjudicial para el suelo, pero si se puede atribuir que la falta de cuidado y fertilización de este, antes y durante el proceso de crecimiento de la palma está directamente relacionado con la actividad microbiana y la capacidad nutricional de suelos.

9 RECOMENDACIONES

- Es indispensable el uso de biofertilizantes en suelos, para prepararlos para el cultivo, así como también, el cuidado que este requiere durante el proceso de crecimiento y explotación de la palma.
- Continuar con este proceso de seguimiento, en suelos que ya hayan culminado su etapa de productividad.
- Brindar información a todo el gremio palmero que permita exaltar la importancia del cuidado del suelo del cultivo antes y durante la etapa de desarrollo, a través de charlas, folletos y personal capacitado.
- Al finalizar la producción de palma de aceite, es importante implementar una técnica de reciclaje de la palma, en la que generalmente se utiliza la base de la palma junto con las raíces que generan una gran cantidad de nutrientes para la recuperación del suelo y se elimina la implementación de quema.
- Se considera importante la creación de un compost a base microorganismos con capacidad celulolítica y lignolítica, teniendo en cuenta la capacidad de supervivencia en un medio ácido cómo lo es este tipo de suelos. Entre los microorganismos que se podrían llegar a utilizar se encuentran *Bacillus sp*, *Pseudomonas sp*, y hongos como *Trichoderma sp* y *Actinomycetes*.

REFERENCIAS

1. Mingorria, S. (2012). The nadies waving resistance: Oil palm and sugarcane conflicts in the territory, communities and households of the Q'epchil', Polochic Valley, Guatemala. Tesis doctoral de Sara Mingorria Martinez. Universidad autónoma de Barcelona. [Cited 20 August 2018]. Available from: <https://www.tesisenred.net/bitstream/handle/10803/402364/smm1de1.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
2. Oil Palm pollination in southern Costa Rica, 2002, vol.14, N°1. Center For Conservation Biology Update. [Cited 20 August 2018]. Available from: <https://pdfs.semanticscholar.org/4ef6/0ebd623b963df1c0f9ec84d2bb0fea94b612.pdf>
3. Fernando Munévar M. "Problemática de los suelos cultivados con palma de aceite en Colombia" PALMAS, Volumen 19, Número Especial, 1998. Publicaciones.fedepalma.org [cited 28 Junary 2018]. Available from: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/download/667/667>
"
4. Eric Owen B. Fertilización de la palma africana (*Elaeis Guineensis* Jacq.) en Colombia. 1992 [cited 28 Junary 2018]. Available from: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/download/344/344>
5. Fernando Múnevar M. Problemática de los suelos cultivados con palma de aceite en Colombia. PALMAS, Volumen 19, [Internet] 1998. [Consultado 28 Enero 2018]. Disponible en: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/download/667/667>
6. Ramón Gustavo Bernal. El desarrollo de la microbiología del suelo en la palma de aceite en Ecuador. PALMAS Vol.31, [Internet] 2010 [Consultado 25 Enero 2018] Disponible en: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/view/1529/1529>

7. Tania Galindo C, Hernan Mauricio Romero "Microbiología del suelo cultivado con palma de aceite en Colombia: Elemento clave para la competitividad y sostenibilidad del cultivo" PALMAS Vol. 31 No. 2, 2010 <https://publicaciones.fedepalma.org> [cited 25 Junary] Available from: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/download/1478/1478>.
8. Isai U, Hermes Pérez Hernández, Sañudo Torres R.R, Ruelas Ayala R. Impacto del cultivo de palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq.) sobre las propiedades físicas y químicas del suelo en la localidad de la Alianza, Mapastepec, Chiapas. Forestal Baracoa, Vol 32, [Internet] 2013 [Consultado 18 Junio 2018] Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/259265967_Impacto_del_cultivo_de_la_palma_de_aceite_Elaeis_guineensis_Jaqc_sobre_las_propiedades_fisicas_y_quimicas_del_suelo_en_la_localidad_de_La_Alianza_Mapastepec_Chiapas
9. R.R.M Paterson, M Sariah, N Lima. How will climate change affect oil palm fungal diseases? Elsevier [Internet] 2013 [Cited 7 Sep 2018]; 46: 113-120. Available from <https://www.journals.elsevier.com/crop-protection>
10. Carmenza Castiblanco, Álvaro Moreno, Andrés Etter. Oil palm plantations in Colombia: a model of future expansion. Elsevier [Internet] 2013 [Cited 7 Sep 2018]; 27: 172-183. Available from: www.elsevier.com/locate/envsci
11. Carmenza Castiblanco, Álvaro Moreno, Andrés Etter. Impact of policies and subsidies in agribusiness: The case of oil palm and biofuels in Colombia. Elsevier [Internet] 2015 [Cited 7 Sep 2018]; 49: 676-686. Available from www.elsevier.com/locate/eneco
12. Johannes Pirker, Aline Mosnier, Florian Kraxner, Petr Havlík, Michael Obersteiner. What are the limits to oil palm expansion? 2016. [Cited 18 June 2018] Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0959378016300814>

13. Graham W. Prescott, James J. Gilroy, Torbjørn Haugaasen, Claudia A. Medina Uribe, William A. Foster, David P. Edwards. Reducing the impacts of Neotropical oil palm development on functional diversity. Elsevier [Internet] 2016 [Cited 7 Sep 2018]; 197: 139-145. Available from: <https://www.journals.elsevier.com/biological-conservation>
14. Sara Mingorría (2018) Violence and visibility in oil palm and sugarcane conflicts: the case of Polochic Valley, Guatemala, The Journal of Peasant Studies, 45:7, 1314-1340, DOI: [Cited 18 June] Available from: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/03066150.2017.1293046>
15. Rivera Mendéz Yurany, Rodríguez Deisy Tatiana, Romero Hernán Mauricio. Carbon footprint of the production of oil palm (*Elaeis guineensis*) fresh fruit bunches in Colombia. Elsevier [Internet] 2017 [Cited 7 Sep 2018]; 149: 743-750. Available from: <https://www.journals.elsevier.com/journal-of-cleaner-production>
16. Shamala Sundram, A.M. Azni Intan-Nur. South American Bud rot: A biosecurity threat to South East Asian oil palm. Elsevier [Internet] 2017 [Cited 7 Sep 2018]; 101: 58-67. Available from <https://www.journals.elsevier.com/crop-protection>
17. Savanna Lina López-Ricaurtea, David P. Edwardsb , Nabhi Romero-Rodríguezc , James J. Gilroya, Impacts of oil palm expansion on avian biodiversity in a Neotropical natural [Cited 7 Sep 2018]; 101: 58-67. Available from <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0006320717302161>
18. S. A. Shariffah-Muzaimah · A. S. Idris · A. Z. Madihah · O. Dzolkhifli · S. Kamaruzzaman · M. Maizatul-Suriza. Characterization of *Streptomyces* spp. isolated from the rhizosphere of oil palm and evaluation of their ability to suppress basal stem rot disease in oil palm seedlings when applied as powder formulations in a glasshouse trial. [Cited 7 Sep 2018]; [World J Microbiol Biotechnol.](#) 2017 Dec 18;34(1):15. doi: 10.1007/s11274-017-2396-1. Available from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29256103>

19. Erin C. Pischke, Mark D. Rouleau, Kathleen E. Halvorsen, Public perceptions towards oil palm cultivation in Tabasco, Mexico. 2018. [Cited 16 July 2018] Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0961953418300473>
20. Natalia Ocampo-Peñuelaa, John Garcia-Ulloaa, Jaboury Ghazoula, Andres Etterb 2018. Quantifying impacts of oil palm expansion on Colombia's threatened Biodiversity [Cited 16 July 2018] Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0006320717319511>
21. Md Hoirul Azria,b, Salmah Ismaila,□, Rosazlin Abdullaha An endophytic Bacillus strain promotes growth of oil palm seedling by fine root biofilm formation 2018 [Cited 16 July 2018] Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2452219817301490>
22. El cultivo de la palma africana [Internet]. Infoagro.com. 2019 [cited 5 November 2019]. Available from: https://www.infoagro.com/herbaceos/oleaginosas/palma_africana_aceitera_coroto_de_guinea_aabora.htm
23. Alcaldía de Acacias [Internet]. Acacias Meta: Alcaldía de Acacias. Fecha de publicación 16/02/2017 [Cited 16 July 2018] Available from: <https://www.acacias.gov.co/publicaciones/146/geografia/>
24. Girón, E. y Mahecha, X. Análisis descriptivo de la evolución de la agroindustria de la palma de aceite en Colombia a partir de los censos palmeros de 1997 y 2011. Palmas, 36(2), 13-25. (2015). 2017 [Cited 16 July 2018] Available from: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/view/11074>
25. Infoagro.com [Internet] Cesar Augusto Borrero. Ingeniero Agrónomo. [Cited 29 de abril 2019] Available from: http://www.infoagro.com/herbaceos/oleaginosas/palma_aceite2.htm
26. Munévar M. F. Criterios agroecológicos útiles en la selección de tierras para nuevas siembras de palma de aceite en Colombia [Internet]. Revista Palmas

- [Internet]. 1ene.2004 [Cited 2may2019];25(especial,):148-59. Available from: <https://publicaciones.fedepalma.org/index.php/palmas/article/view/1077>
27. Rucks L, Garcia F, Ponce de Leon J, Hill M. Propiedades Físicas del Suelo [Internet]. [Cited 20 Jun 2019]; Available from: <http://bibliofagro.pbworks.com/f/propiedades+fisicas+del+suelo.pdf>
28. Ortiz Silla R. Síntesis de la evolución del conocimiento en Edafología. Rev Eubacteria [Internet]. 2015;34:51-64 [Cited 20 Jun 2019]. Available from: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5370380>
29. Gardi C, Angelini M, Barceló S, Comerma J, Cruz Gaistardo C, Encina Rojas A, et al. Atlas de suelos de América Latina y el Caribe [Internet]. [Cited 20 Jun 2019]; Available from: https://www.researchgate.net/publication/262731098_Atlas_de_suelos_de_America_Latina_y_el_Caribe
30. Delgado A, Gomez JA. The Soil. Physical, Chemical and Biological Properties [Internet]. [Cited 20 Jun Ene 2019]; Available from: <http://link.springer.com/10.1007/978-3-319-46116-8>
31. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Propiedades Físicas del Suelo [Internet]. p. [Cited 20 Jun 2019]. Available from: <http://www.fao.org/soils-portal/soil-survey/propiedades-del-suelo/propiedades-fisicas/es/>
32. Asociación Internacional de la Industria de los Fertilizantes. Los fertilizantes y su uso [Internet]. [Cited 20 Jun 2019]; Available from: <http://www.fao.org/3/a-x4781s.pdf>
33. Beltrán Pineda ME, Rocha Gil ZE, Bernal Figueroa AA, Pita Morales LA. Microorganismos funcionales en suelos con y sin revegetalización en el municipio de Villa de Leyva, Boyacá. Colomb For [Internet]. 2017;2(2):158-170 [Cited 20 Jun 2019]. Available from: <https://www.redalyc.org/pdf/4239/423951477005.pdf>

34. Useche YM, Valencia H, Perez H. Caracterización de bacterias y hongos solubilizadores de fosfato bajo tres usos de suelo en el Sur del Trapecio Amazónico. [Tesis]. Bogota: Universidad Nacional de Colombia; 2004.
35. Fernández Pascual MN de M y MR de F. Fijación Biológica de nitrógeno: Factores limitantes. Cienc y Medio Ambient [Internet]. 2002;1-8 [Cited 12 Ene 2019]. Available from: [http://digital.csic.es/bitstream/10261/128283/1/Fijación Biológica391\(MC F Pascual\).pdf](http://digital.csic.es/bitstream/10261/128283/1/Fijación_Biológica391(MC_F_Pascual).pdf)
36. Gaitan Bohorquez DM, Perez Perez LI. Aislamiento y evaluación de microorganismos celulolíticos a partir de residuos vegetales frescos y en compost generados en un cultivo de crisantemo (*Dendranthema grandiflora*). [Trabajo de grado para optar el título de Mibriologa industrial]. Bogota: Pontificia Universidad Javeriana; 2007
37. Pozuelo Gonzales JM. Estudio de grupos funcionales de microorganismos edáficos en la rizosfera de *Alnus glutinosa* (L.) Gaertn. [Tesis]. Madrid: Universidad Complutense Madrid; 1991.
38. Hernández De Lira O, Huber D, Luévanos M et al. Metagenómica: concepto y aplicaciones en el mundo microbiano. 2014. Fronteras en Microbiología Aplicada. Autonomous University of Coahuila. pp 185-207.
39. Genti S. Metagenómica más allá del genoma de los microorganismos, historia y utilidades. [Internet]. [Cited abril, 2019] .Available from: <https://revistas.unc.edu.ar/index.php/Bitacora/article/view/5573/603>
40. Zapata Erazo GG. "Diseño y optimización de un sistema de amplio espectro basado en la amplificación de un fragmento del gen adn ribosomal 16s mediante reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real para su aplicación como método de diagnóstico e identificación molecul. [Tesis para obtener el título de Ingeniera en Biotecnología]. Sangolqui: Escuela Politecnica Del Ejercito; 2011.

41. Surzycki S. Basic Techniques in Molecular Biology [Internet]. 1.^a ed. Springer-Verlag Berlin Heidelberg; 2000. [Cited 20 Jun 2019]. Available from: <https://www.springer.com/la/book/9783540666783#reviews>
42. Hernandez De Lira I omar, Huber D, Escareño Luevanos MP, Hernandez Teran F, Sáenz Mata J, Balagurusamy N. Metagenómica: Concepto y Aplicaciones en el Mundo Microbiano. En: Cueto Wong MC, De la Fuente Salcido NM, Luévanos Escareño MP, editores. Fronteras en Microbiología Aplicada. 1.^a ed. 2015. p. 154-70.
43. Tamay de Dios L, Ibarra C, Velasquillo C. Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. Investig en Discapac [Internet]. 2013;2(2):70-78 [Cited 13 Abr 2019]. Available from: <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=1854369>
44. Mendoza, Maria Del Carmen, Rodicio, Maria Del Rosario Identificación de bacterias a través de la secuenciación 16S rRNA: Principios, métodos y aplicaciones en microbiología clínica. Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. 2003 ; 22 (4) : 238-245.
45. Marilín García Pérez H. Electroforesis en geles de poliacrilamida : fundamentos , actualidad e importancia. Univ Diag [Internet]. 2000;1(2):31-41 [Cited 20 Jun 2019]. Available from: http://bvs.sld.cu/revistas/uni/vol1_2_00/uni07200.htm
46. Guzman Arias LC, Moreno Muñoz DA. Mejoramiento del cepario de la Universidad Colegio Mayor De Cundinamarca mediante la caracterización molecular de la colección de cepas Gram negativas. [Tesis de grado]. Bogota: Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca; 2018.
47. Cadena Zamudio JD, Martínez Peña MD, Guzmán Rodríguez LF, Arteaga Garibay RI. Aplicación de secuenciación masiva para el estudio y exploración de diversidad microbiana y su aprovechamiento biotecnológico. agroproductividad [Internet]. 2016;9(2):70-83 [Cited 13 Ene 2019]. Available from: https://www.researchgate.net/publication/298352046_aplicacion_de_secuencia

[cion masiva para el estudio y exploracion de diversidad microbiana y su aprovechamiento biotecnologico](#)

48. Garavito A, González Muñoz A, Mosquera Rendón J, Alvarez Yela AC, López Álvarez D, Cristancho Ardila MA. Biodiversidad latinoamericana y sus perspectivas de estudio con tecnologías 'ómicas'. Mex J Biotechnol [Internet]. 2017;2(2):98-129 [Cited 13 Ene 2019]. Available from: [https://www.researchgate.net/publication/323128845 Biodiversidad latinoamericana y sus perspectivas de estudio con tecnologias 'omicas'](https://www.researchgate.net/publication/323128845_Biodiversidad_latinoamericana_y_sus_perspectivas_de_estudio_con_tecnologias_omicas)
49. Garrigues F. NGS: Secuenciación de Segunda Generación [Internet]. [Cited 22 Jun 2019]. Available from: <https://revistageneticamedica.com/blog/ngs-secuenciacion/>
50. Illumina. Sistema MiSeq [Internet]. 2016. [cited 22 Jun 2019] Available from: <https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/miseq-data-sheet-770-2011-001-translations/miseq-specification-sheet-770-2011-001-esp.pdf>
51. Rodicio MdR, Mendoza MdC. Identification of bacteria through 16S rRNA sequencing: principles, methods and applications in clinical microbiology. Enfermedades infecciosas y microbiología clínica. [Internet], 2004 [Cited 20 jun 2019];22(4):238. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0213005X04730736>
52. Mendoza MdC. Identification of bacteria through 18S rRNA sequencing: principles, methods and applications in clinical microbiology. Enfermedades infecciosas y microbiología clínica. [Internet], 2004 [Cited 20 jun 2019];22(4):238. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0213005X04730736>
53. Hogeweg P. The roots of bioinformatics in theoretical biology. PLoS Comput Biol [Internet]. 2011;7(3):1-5 [Cited 13 Ene 2019]. Available from: <https://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1002021>

54. Strasser BJ. Collecting, Comparing, and Computing Sequences: The Making of Margaret O Dayhoff's Atlas of Protein Sequence and Structure, 1954-1965. *J Hist Biol* [Internet]. 2010;43:623-660 [Cited 13 Ene 2019]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20665074>
55. Gálvez EC. BlasStorP HERRAMIENTA NCBI-BLAST A NIVEL LOCAL [Internet]. España; 2010. Available from: https://dspace.unia.es/bitstream/handle/10334/401/0102_Chicano.pdf?sequence=1
56. Kuczynski J, Stombaugh J, Anton Walters W, Gonzales A, Caporaso G, Knight R. Using QIIME to Analyze 16S rRNA Gene 109 Sequences from Microbial Communities. *Genet Mol Biol* [Internet]. 2011;36(1):189-194 [Cited 13 Ene 2019]. Available from: <https://currentprotocols.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/0471250953.bi1007s36>
57. Quantitative Insights Into Microbial Ecology. QIIME Overview Tutorial [Internet]. [Cited 13 Ene 2019]. Available from: <http://qiime.org/1.5.0/tutorials/tutorial.html>
58. Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJA, Holmes SP. DADA2: High resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat Methods* [Internet]. 2013;13(7):581-583 [Cited 13 Ene 2019]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4927377/>
59. Owen Eric J. State of the main physical-chemical characteristics of the soils cultivated in oil palm in the Colombian Orinoco región. [Internet] *Palmas*, Volumen 16, No. 2, 1995 [Cited 23 Feb 2019] Available from: <http://www.palmadeaceite.org/palma-de-aceite-en-colombia>
60. Restrepo-Franco, Gloria María, Marulanda-Moreno, Sandra, de la Fe-Pérez, Yeised, Díaz-de la Osa, Acela, Lucia-Baldani, Vera y Hernández-Rodríguez, Annia Bacterias solubilizadoras de fosfato y sus potencialidades de uso en la promoción del crecimiento de cultivos de importancia económica. *Revista CENIC. Ciencias Biológicas*. 2015;46(1):undefined-undefined. [Cited 10 de

September 2019]. ISSN: 0253-5688. Available from:
<http://www.redalyc.org/pdf/1812/181238817006.pdf>

61. Jeanny Paola Cuervo Lozada. Aislamiento Y Caracterizacion De Bacillus Spp Como Fijadores Biologicos De Nitrogeno Y Solubilizadores De Fosfatos En Dos Muestras De Biofertilizantes Comerciales. [Tesis De Grado Para Obtener El Titulo De Microbiología Agricola Y Veterinaria]. Bogotá: Pontificia Universidad Javeriana; 2010.
62. Perotti, E.B.R., Menéndez, L.T., Gaia, O.E. y Pidello, A. Supervivencia de Pseudomonas fluorescens en suelos con diferente contenido de materia orgánica. Revista Argentina de Microbiología. 2005;37(2): [Cited 10 de September 2019]. ISSN: 0325-7541. Available from:
<https://www.redalyc.org/pdf/2130/213016799011.pdf>
63. Suelos Ácidos | Portal de Suelos de la FAO | Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [Internet]. Fao.org. 2019 [cited 10 September 2019]. Available from: <http://www.fao.org/soils-portal/soil-management/manejo-de-suelos-problematicos/suelos-acidos/es/>
64. Rampelotto PH, de Siqueira Ferreira A, Barboza ADM, Roesch LFW. Changes in Diversity, Abundance, and Structure of Soil Bacterial Communities in Brazilian Savanna Under Different Land Use Systems. Microb Ecol. 2013;66(3):593-607.
65. Natalia Carreño, Ángela Vargas, Adriana Jimena Bernal y Silvia Restrepo Biotic constraints of the Solanaceae caused by Phytophthora, Alternaria y Ralstonia in Colombia. A review Agron. colomb., Volumen 25, Número 2, p. 264-272, 2007. ISSN electrónico 2357-3732. ISSN impreso 0120-9965. [Citer 20 jun 2019] Available from:
<https://revistas.unal.edu.co/index.php/agrocol/article/view/14136/14891>
66. Cerón, L. y L. Melgarejo. 2005. Enzimas del suelo: indicadores de salud y calidad. Acta Biológica Colombiana 10, 5.

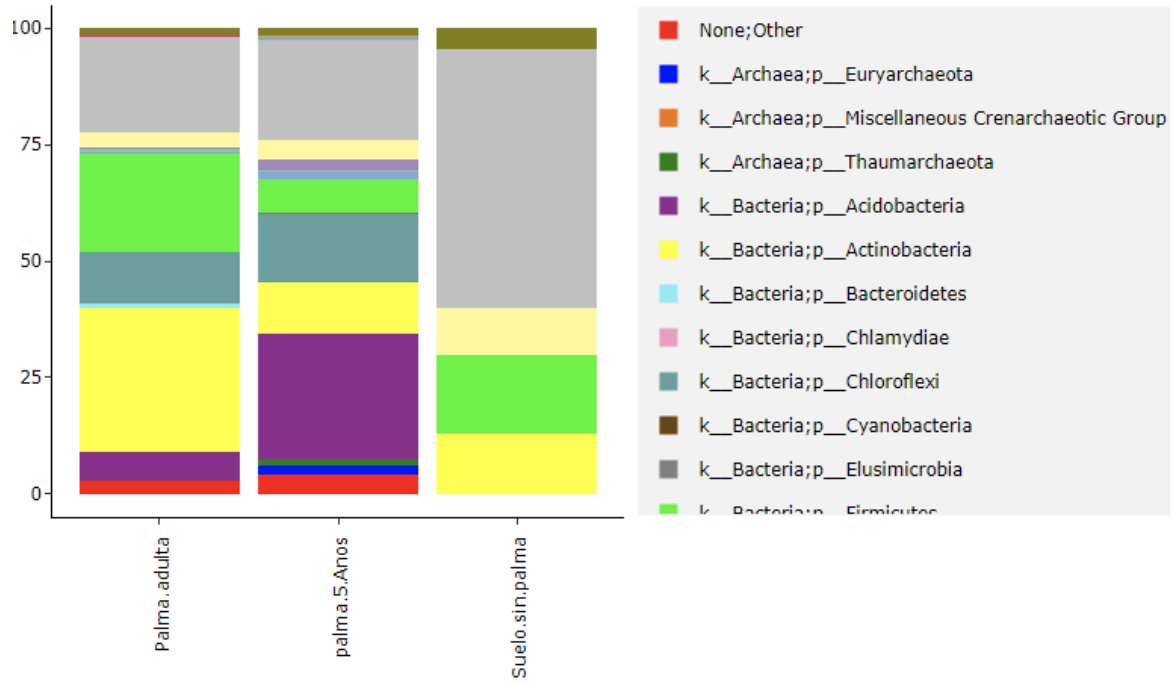
67. Nielsen, M.N. y A. Winding. 2002. Microorganisms as indicators of soil health. National Environmental Research Institute, Denmark. Technical report No. 388. pp. 13-15, 22, 47-48.
68. Bacil ED, Mazzardo Júnior O, Rech CR, Legnani RF, de Campos W. Atividade física e maturação biológica: uma revisão sistemática [Physical activity and biological maturation: a systematic review]. *Rev Paul Pediatr.* 2015 Jan-Mar;33 [Cited 10 September 2019] Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3695678/>
69. Monserrate Guzmán Cedeño, Ángel, Zambrano Pazmiño, Diego Efrén, Rondón, Ana Julia, Laurencio Silva, Marta, Pérez Quintana, Manuel, León Aguilar, Rolando, Rivera Fernández, Rubén, Aislamiento, selección y caracterización de hongos celulolíticos a partir de muestras de suelo en Manabí-Ecuador. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias* [on line] 2014, 46 [Cited 18 de julio de 2019] Available from: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=382837658004>
70. Woldringh Conrad L., Hansen Flemming G., Vischer Norbert O. E., Atlung Tove. Segregation of chromosome arms in growing and non-growing *Escherichia coli* cells [Cited 7 September 2019] Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2019.00656/full>
71. Natalia Sua Samudio Marín. Variaciones en la estructura y la composición de mamíferos terrestres medianos y grandes como resultado de un proceso de restauración ecológica del bosque seco tropical en san juan nepomuceno, bolívar. [Trabajo De Grado Para Optar Por El Título De Bióloga] Bogotá: Pontificia Universidad Javeriana
72. Barrios, C., & Bustillo, A. E. (2016). El ácaro rojo *Raoiella indica* Hirst (Acari: Tenuipalpidae) no es una plaga de la palma de aceite. *Palmas*, 37(2), 11-18.
73. Laura Puig Carles. Estudio Fenotípico Y Molecular De *Malassezia Pachydermatis* Y *Malassezia Furfur* Aisladas De Animales. [Trabajo De Grado

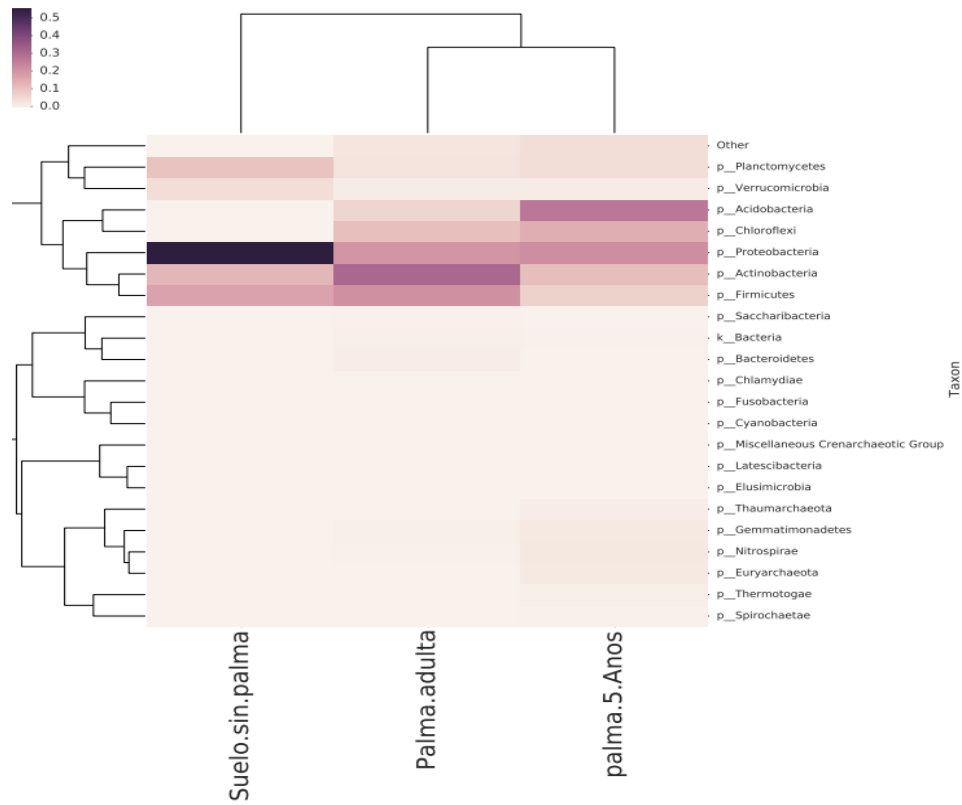
Para Optar Por El Título De Doctorado En Medicina Y Sanidad Animal]
Barcelona: Universidad Autónoma De Barcelona. 2017.

74. Elizalde Hevia Elizalde Antonio. What can be considered sustainable development in the twenty first century? The question of limits and human needs. [Cited 15 Sep 2019] Available from: http://rio20.net/wp-content/uploads/2011/11/re2009_03.pdf
75. Iván Andrés Carpio Peñafiel. Manejo Integrado del *Demostipa pallida* en el Cultivo de Palma Aceitera [Trabajo de grado para optar por el título de Ingeniero Agronomo] Ecuador. Universidad Técnica De Babahoyo. 2018 Available from: <https://www.lavanguardia.com/natural/20170615/423412073245/cultivo-aceite-de-palma-provoca-infertilidad-terrenos.html>
76. Herguedas Arribas Fernando. La idea de desarrollo sostenible. Universidad Rey Juan Carlos [Cited 15 Sep 2019] Available from: https://www.academia.edu/15643900/La_idea_de_desarrollo_sostenible

ANEXOS

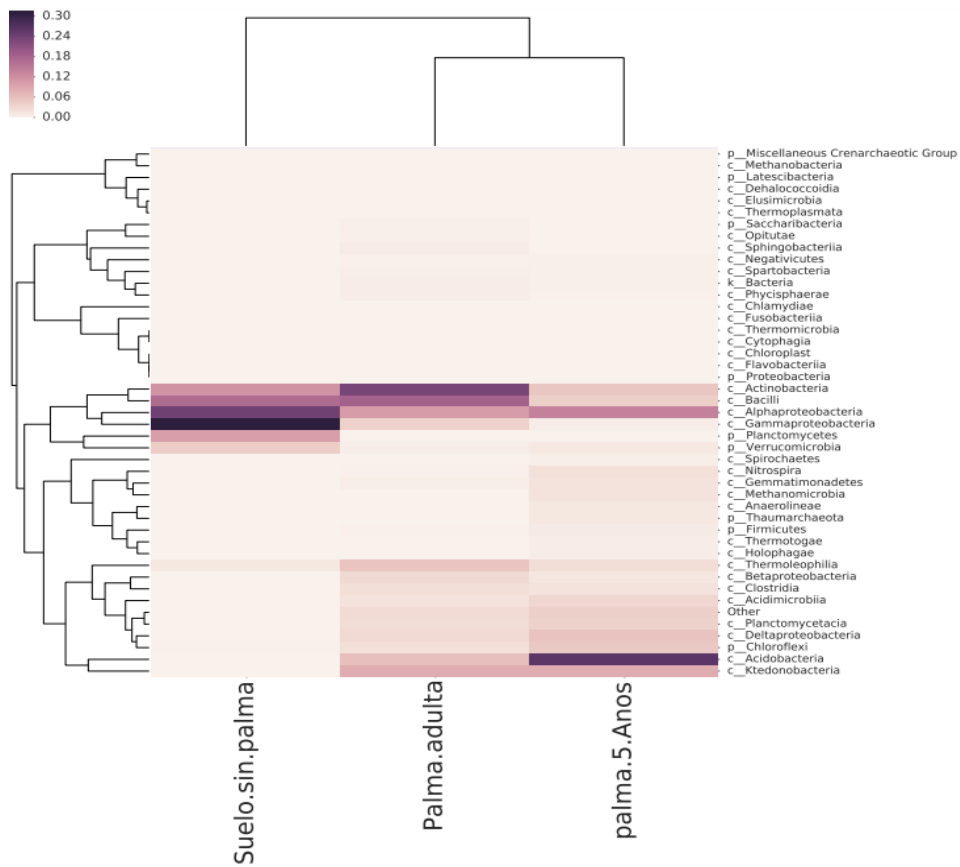
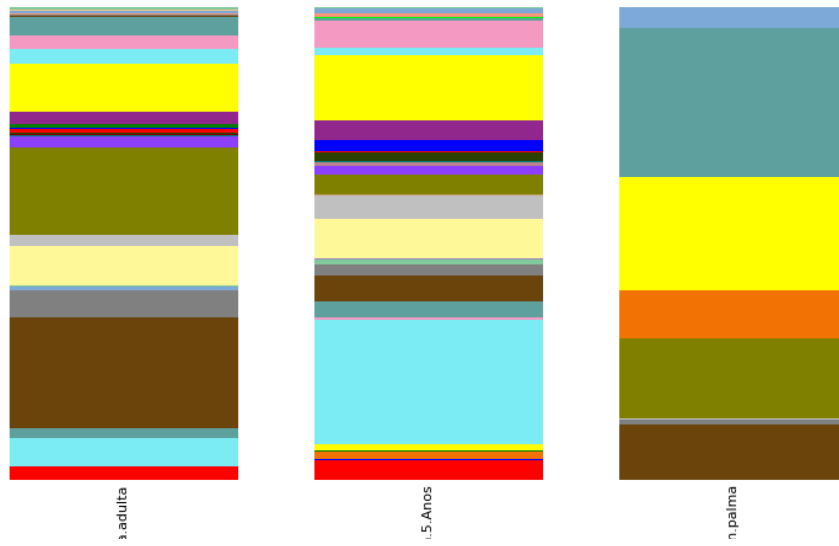
COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE FILO 16s





Total	Palma.adulta	palma.5.Años	Suelo.sin.palma
Legend	Taxonomy	%	%
None;Other		2.3%	4.3%
k_Archaea;p_Euryarchaeota		0.6%	1.9%
k_Archaea;p_Miscellaneous Crenarchaeotic Group		0.0%	0.1%
k_Archaea;p_Thaumarchaeota		0.4%	1.2%
k_Bacteria;p_Acidobacteria		11.0%	27.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria		18.3%	31.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes		0.3%	0.9%
k_Bacteria;p_Chlamydiae		0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi		8.6%	10.8%
k_Bacteria;p_Cyanobacteria		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_Elusimicrobia		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_Firmicutes		15.1%	7.1%
k_Bacteria;p_Fusobacteria		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes		0.7%	0.5%
k_Bacteria;p_Latescibacteria		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_NA		0.3%	0.7%
k_Bacteria;p_Nitrospirae		0.8%	0.2%
k_Bacteria;p_Plancotmycetes		5.9%	3.3%
k_Bacteria;p_Proteobacteria		32.5%	20.3%
k_Bacteria;p_Saccharibacteria		0.1%	0.4%
k_Bacteria;p_Spirochaetae		0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Thermotogae		0.3%	0.7%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia		2.4%	1.4%

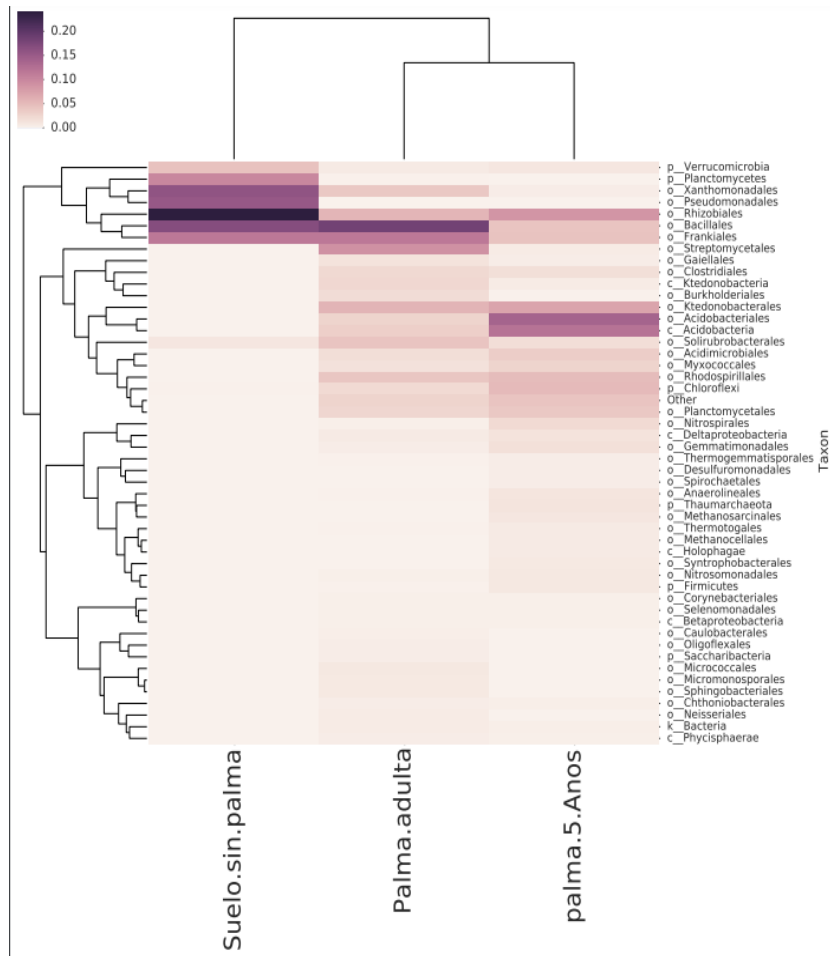
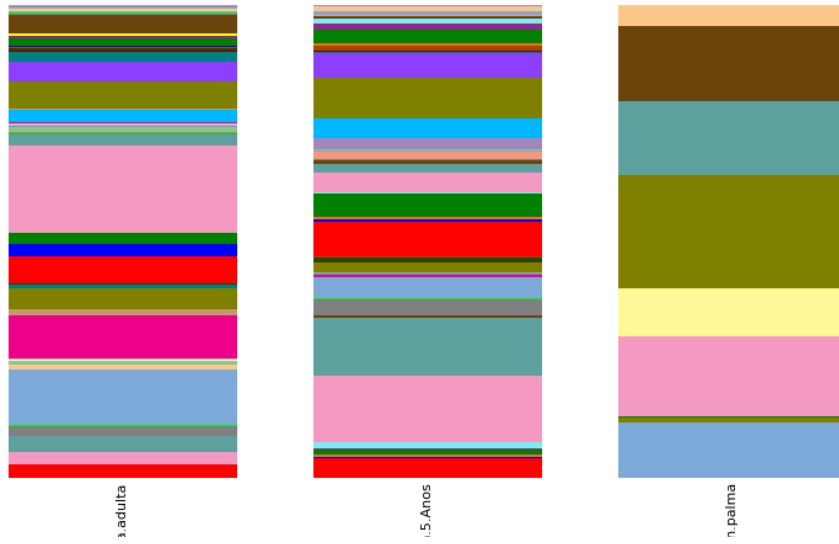
COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE CLASE 16S



Legend	Taxonomy	Total %	Palma.adulta %	palma.5.Años %	Suelo.sin.palma %
None;Other;Other		2.3%	2.7%	4.3%	0.0%
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%

k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanomicrobia	0.6%	0.1%	1.8%	0.0%
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Archaea;p_Miscellaneous Crenarchaeotic Group;c_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Archaea;p_Thaumarchaeota;c_NA	0.4%	0.0%	1.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Acidobacteria	10.8%	6.1%	26.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae	0.2%	0.0%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobiia	1.8%	1.9%	3.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria	13.5%	23.5%	5.3%	11.6%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia	3.0%	5.6%	2.3%	1.1%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Cytophagia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Flavobacteriia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia	0.3%	0.8%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae	0.1%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae	0.4%	0.1%	1.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria	5.6%	8.5%	8.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_NA	2.5%	2.2%	5.1%	0.2%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Thermomicrobia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Chloroplast	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli	13.2%	18.5%	4.3%	16.9%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia	1.3%	2.3%	1.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_NA	0.3%	0.1%	0.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes	0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Fusobacteria;c_Fusobacteriia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes	0.7%	0.5%	1.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_NA;c_NA	0.3%	0.7%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira	0.8%	0.2%	2.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_NA	3.4%	0.1%	0.0%	10.1%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae	0.3%	0.6%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia	2.2%	2.6%	4.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria	16.1%	10.3%	13.9%	24.2%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria	1.5%	3.1%	1.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria	2.9%	2.9%	5.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria	11.9%	4.0%	0.5%	31.4%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Saccharibacteria;c_NA	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Spirochaetae;c_Spirochaetes	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Thermotogae;c_Thermotogae	0.3%	0.1%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA	2.1%	0.7%	1.1%	4.5%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Opitutae	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria	0.2%	0.4%	0.3%	0.0%

COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE ORDEN 16S

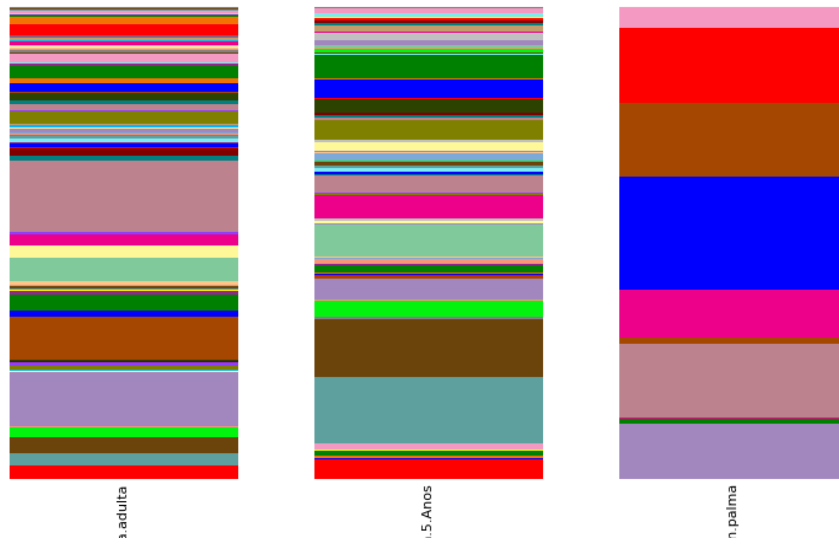


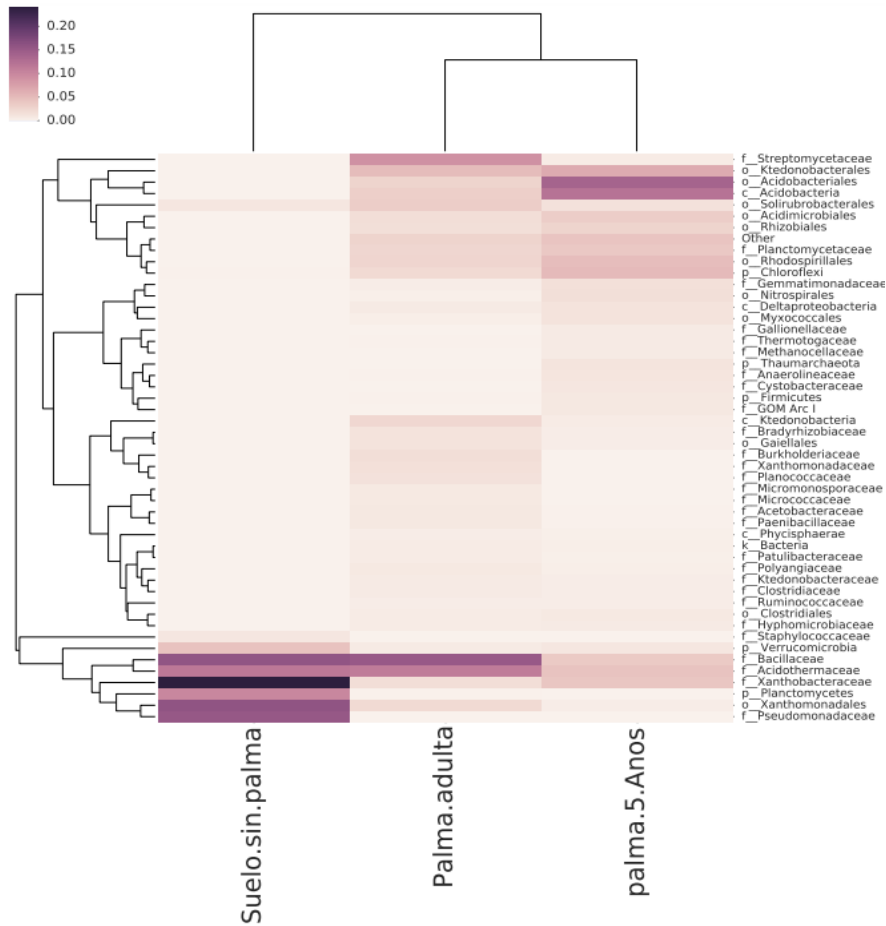
Total	Palma.adulta	palma.5.Años	Suelo.sin.palma
-------	--------------	--------------	-----------------

Legend	Taxonomy	%	%	%	%
None;Other;Other;Other		2.3%	2.7%	4.3%	0.0%
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria;o_Methanobacteriales		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanomicrobia;o_Methanocellales		0.2%	0.1%	0.7%	0.0%
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanomicrobia;o_Methanosarcinales		0.4%	0.0%	1.1%	0.0%
k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_Thermoplasmatales		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Archaea;p_Miscellaneous Crenarchaeotic Group;c_NA;o_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Archaea;p_Thaumarchaeota;c_NA;o_NA		0.4%	0.0%	1.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Acidobacteria;o_Acidobacteriales		5.6%	2.8%	14.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Acidobacteria;o_NA		5.2%	3.4%	12.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_NA		0.2%	0.0%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobia;o_Acidimicrobiales		1.8%	1.9%	3.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Catenulisporales		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales		0.1%	0.2%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales		9.2%	11.7%	4.3%	11.6%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales		0.3%	0.9%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales		0.3%	0.8%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_NA		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales		0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Pseudonocardiales		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptomycesetales		3.2%	9.1%	0.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptosporangiales		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Gaiellales		0.6%	1.4%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacteriales		2.4%	4.2%	1.1%	1.1%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Cytophagia;o_Cytophagales		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Flavobacteriia;o_Flavobacteriales		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia;o_Sphingobacteriales		0.3%	0.8%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales		0.1%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales		0.4%	0.1%	1.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacteriales		4.4%	5.8%	7.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_NA		1.0%	2.5%	0.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Thermogemmatimonadales		0.2%	0.1%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_NA;o_NA		2.5%	2.2%	5.1%	0.2%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Thermomicrobia;o_NA		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Chloroplast;o_Chionographis japonica		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales		13.2%	18.5%	4.3%	16.9%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales		1.3%	2.3%	1.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_NA;o_NA		0.3%	0.1%	0.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales		0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Fusobacteria;c_Fusobacteriia;o_Fusobacteriales		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_Gemmatimonadales		0.7%	0.4%	1.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_NA;o_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_NA;c_NA;o_NA		0.3%	0.7%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales		0.8%	0.2%	2.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_NA;o_NA		3.4%	0.1%	0.0%	10.1%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_NA		0.2%	0.5%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Planctomycetales		2.2%	2.6%	4.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacteriales		0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales		12.9%	5.7%	8.8%	24.2%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales		3.1%	4.1%	5.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales		0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales		0.7%	2.1%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_NA		0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Neisseriales		0.2%	0.6%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales		0.4%	0.2%	0.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Rhodocyclales		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfuromonadales		0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales		1.5%	1.5%	2.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_NA		0.7%	0.7%	1.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales		0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Syntrophobacteriales		0.3%	0.0%	0.8%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Legionellales		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales		5.2%	0.1%	0.0%	15.4%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales		6.8%	3.9%	0.5%	16.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_NA;o_NA		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Saccharibacteria;c_NA;o_NA		0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Spirochaetae;c_Spirochaetae;o_Spirochaetales		0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Thermotogae;c_Thermotogae;o_Thermotogales		0.3%	0.1%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA		2.1%	0.7%	1.1%	4.5%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Opitutae;o_Opitutales		0.1%	0.3%	0.0%	0.0%

k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales	0.2%	0.4%	0.3%	0.0%
--------------------------------------------------------------------	------	------	------	------

COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE FAMILIA 16S





1

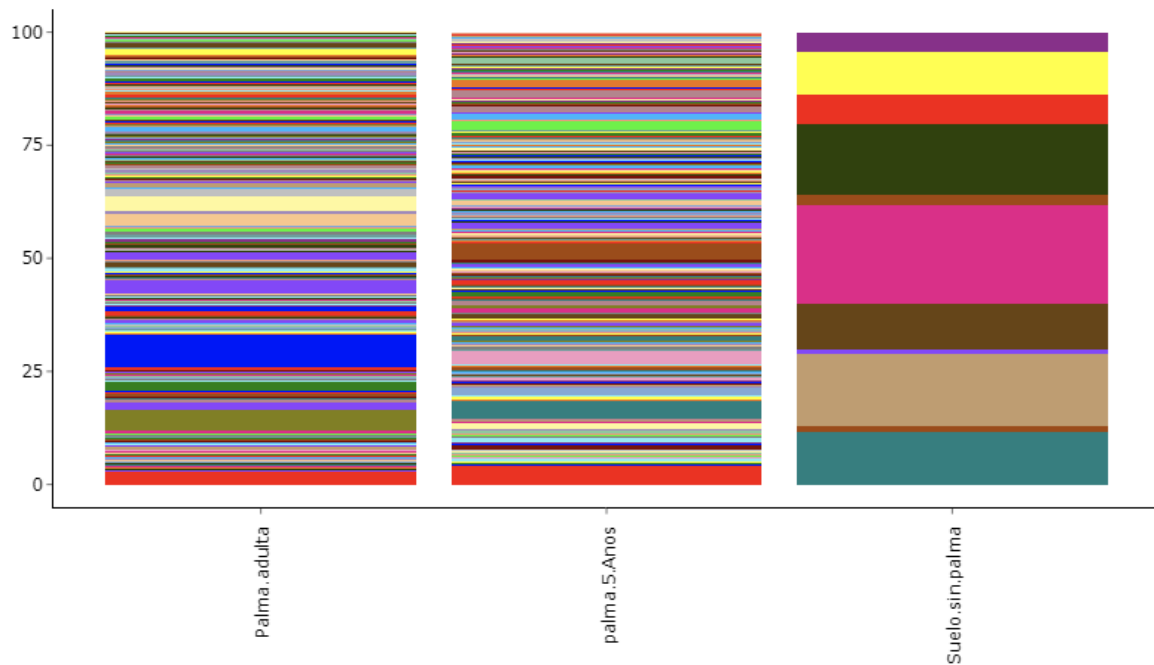
Legend		Taxonomy	Total %	Palma.adulta %	palma.5.Años %	Suelo.sin.palma %
Red	None;Other;Other;Other;Other		2.3%	2.7%	4.3%	0.0%
Blue	k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanobacteria;o_Methanobacteriales;f_Methanobacteriaceae		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
Orange	k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanomicrobia;o_Methanocellales;f_Methanocellaceae		0.2%	0.1%	0.7%	0.0%
Green	k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanomicrobia;o_Methanosarcinales;f_GOM Arc I		0.3%	0.0%	1.0%	0.0%
Purple	k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Methanomicrobia;o_Methanosarcinales;f_Methanosarcinaceae		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
Yellow	k_Archaea;p_Euryarchaeota;c_Thermoplasmata;o_Thermoplasmatales;f_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
Pink	k_Archaea;p_Miscellaneous Crenarchaeotic Group;c_NA;o_NA;f_NA		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
Cyan	k_Archaea;p_Thaumarchaeota;c_NA;o_NA;f_NA		0.4%	0.0%	1.2%	0.0%
Teal	k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Acidobacteria;o_Acidobacteriales;f_NA		5.6%	2.8%	14.0%	0.0%
Brown	k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Acidobacteria;o_NA;f_NA		5.2%	3.4%	12.3%	0.0%
Dark Brown	k_Bacteria;p_Acidobacteria;c_Holophagae;o_NA;f_NA		0.2%	0.0%	0.7%	0.0%
Light Green	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Acidimicrobia;o_Acidimicrobiales;f_NA		1.8%	1.9%	3.4%	0.0%
Light Orange	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Catenulisporales;f_Catenulisporaceae		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
Light Blue	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Corynebacteriaceae		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
Light Green	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Mycobacteriaceae		0.1%	0.1%	0.2%	0.0%
Light Green	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Corynebacteriales;f_Nocardiaceae		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
Purple	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales;f_Acidothermaceae		9.1%	11.3%	4.3%	11.6%
Yellow	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales;f_Frankiaceae		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
Grey	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales;f_Geodermatophilaceae		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
Pink	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Frankiales;f_Nakamurellaceae		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
Light Blue	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Intrasporangiaceae		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
Brown	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Microbacteriaceae		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
Light Green	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micrococcales;f_Micrococcaceae		0.3%	0.8%	0.0%	0.0%
Purple	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Micromonosporales;f_Micromonosporaceae		0.3%	0.8%	0.0%	0.0%
Light Green	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_NA;f_NA		0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
Teal	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Nocardoidaceae		0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
Dark Red	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Propionibacteriales;f_Propionibacteriaceae		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
Dark Green	k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Pseudonocardiales;f_Pseudonocardaceae		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%

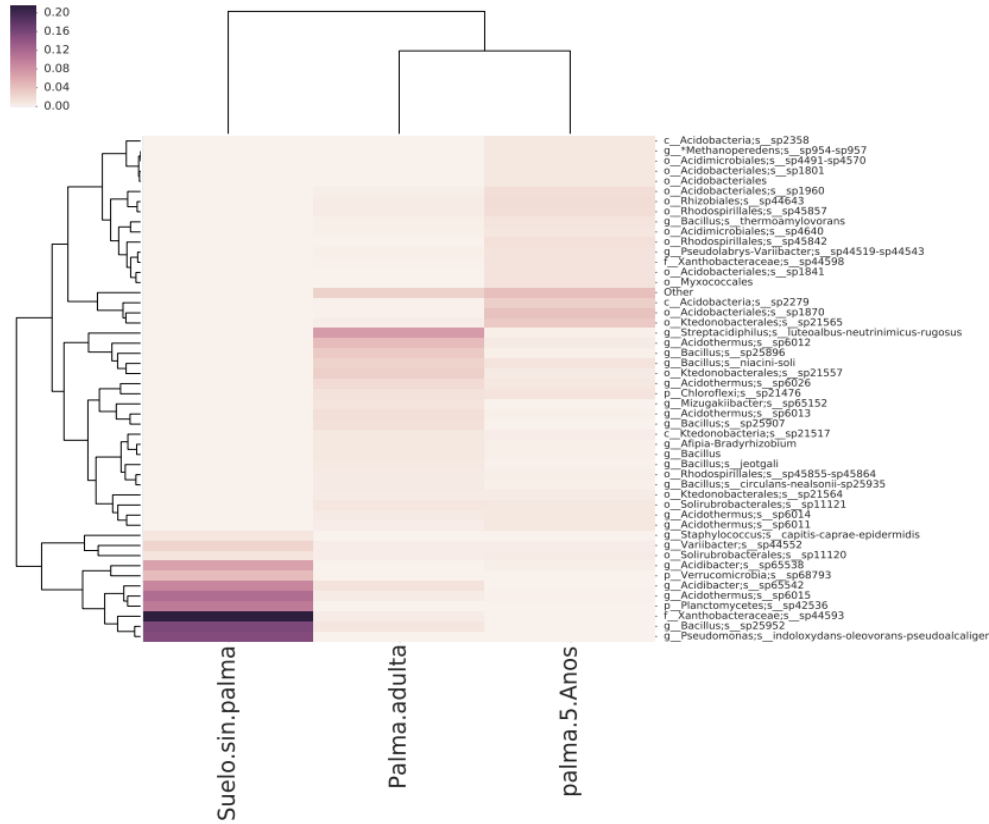
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptomycetales;f_Streptomycetaceae	3.2%	9.1%	0.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Actinobacteria;o_Streptosporangiales;f_Thermomonosporaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Gaiellales;f_NA	0.6%	1.4%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacterales;f_Conexibacteraceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacterales;f_NA	2.0%	3.4%	1.6%	1.1%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacterales;f_Patulibacteraceae	0.3%	0.6%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Actinobacteria;c_Thermoleophilia;o_Solirubrobacterales;f_Solirubrobacteraceae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Cytophagia;o_Cytophagales;f_Cytophagaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Flavobacteriia;o_Flavobacteriales;f_Flavobacteriaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia;o_Sphingobacteriales;f_Chitinophagaceae	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Bacteroidetes;c_Sphingobacteriia;o_Sphingobacteriales;f_Sphingobacteriaceae	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Parachlamydiaceae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chlamydiae;c_Chlamydiae;o_Chlamydiales;f_Simkaniaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Anaerolineae;o_Anaerolineales;f_Anaerolineaceae	0.4%	0.1%	1.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Dehalococcoidia;o_NA;f_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_Ktedonobacteraceae	0.4%	0.8%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_NA	3.9%	5.1%	6.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Ktedonobacterales;f_Thermosporotrichaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_NA;f_NA	1.0%	2.5%	0.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Ktedonobacteria;o_Thermogemmatissporales;f_NA	0.2%	0.1%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_NA;o_NA;f_NA	2.5%	2.2%	5.1%	0.2%
k_Bacteria;p_Chloroflexi;c_Thermomicrobia;o_NA;f_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Cyanobacteria;c_Chloroplast;o_Chionographis japonica;f_Chionographis japonica	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Elusimicrobia;c_Elusimicrobia;o_NA;f_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Alicyclobacillaceae	0.2%	0.4%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Bacillaceae	11.6%	15.2%	3.8%	15.9%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Paenibacillaceae	0.4%	0.9%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Planococcaceae	0.5%	1.5%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Sporolactobacillaceae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Staphylococcaceae	0.4%	0.0%	0.0%	1.1%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Bacilli;o_Bacillales;f_Thermoactinomycetaceae	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Clostridiaceae	0.4%	0.7%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Family XVIII	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Gracilibacteraceae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Heliobacteriaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Lachnospiraceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_NA	0.5%	0.7%	0.8%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Peptococcaceae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Clostridia;o_Clostridiales;f_Ruminococcaceae	0.3%	0.5%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_NA;o_NA;f_NA	0.3%	0.1%	0.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales;f_NA	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Firmicutes;c_Negativicutes;o_Selenomonadales;f_Veillonellaceae	0.1%	0.1%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Fusobacteria;c_Fusobacteriia;o_Fusobacteriales;f_Leptotrichiaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_Gemmatimonadales;f_Gemmatimonadaceae	0.7%	0.4%	1.6%	0.0%
k_Bacteria;p_Gemmatimonadetes;c_Gemmatimonadetes;o_NA;f_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Latescibacteria;c_NA;o_NA;f_NA	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_NA;c_NA;o_NA;f_NA	0.3%	0.7%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_NA	0.7%	0.2%	1.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Nitrospirae;c_Nitrospira;o_Nitrospirales;f_Nitrospiraceae	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_NA;o_NA;f_NA	3.4%	0.1%	0.0%	10.1%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_NA;f_NA	0.2%	0.5%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Phycisphaerae;o_Phycisphaerales;f_Phycisphaeraeae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Planctomycetes;c_Planctomycetacia;o_Planctomycetales;f_Planctomycetaceae	2.2%	2.6%	4.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Caulobacterales;f_Caulobacteraceae	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Bradyrhizobiaceae	0.6%	1.4%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Hyphomicrobiaceae	0.4%	0.7%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Methylocystaceae	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_NA	1.5%	1.7%	2.9%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Phylobacteriaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Rhodobiaceae	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Xanthobacteraceae	10.0%	1.9%	4.1%	24.2%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Acetobacteraceae	0.4%	1.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_NA	2.6%	2.7%	5.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhodospirillales;f_Rhodospirillaceae	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadaceae	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Alcaligenaceae	0.1%	0.1%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Burkholderiaceae	0.6%	1.9%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Burkholderiales;f_Oxalobacteraceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_NA;f_NA	0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Neisseriales;f_Neisseriaceae	0.2%	0.6%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Gallionellaceae	0.2%	0.0%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Nitrosomonadales;f_Nitrosomonadaceae	0.1%	0.2%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Rhodocycales;f_Rhodocyclaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Bdellovibrionales;f_Bdellovibrionaceae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Desulfurimonadales;f_Geobacteraceae	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%

k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Cystobacteraceae	0.4%	0.1%	1.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Haliangiaceae	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_NA	0.6%	0.3%	1.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Polyangiaceae	0.4%	0.8%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Myxococcales;f_Vulgatibacteraceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_NA;f_NA	0.7%	0.7%	1.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales;f_NA	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales;f_Oligoflexaceae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Oligoflexales;f_marine metagenome	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Syntrophobacteriales;f_Syntrophaceae	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria;o_Syntrophobacteriales;f_Syntrophobacteraceae	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Legionellales;f_Coxiellaceae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Pseudomonadaceae	5.2%	0.1%	0.0%	15.4%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_NA	6.2%	2.2%	0.5%	16.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Nevskiaceae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Xanthomonadales;f_Xanthomonadaceae	0.5%	1.6%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_NA;o_NA;f_NA	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Saccharibacteria;c_NA;o_NA;f_NA	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Spirochaetae;c_Spirochaetes;o_Spirochaetales;f_Spirochaetaceae	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
k_Bacteria;p_Thermotogae;c_Thermotogae;o_Thermotogales;f_Thermotogaceae	0.3%	0.1%	0.7%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA;f_NA	2.1%	0.7%	1.1%	4.5%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Opitutae;o_Opitutales;f_Opitutaceae	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacteriales;f_Chthoniobacteraceae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacteriales;f_NA	0.1%	0.2%	0.2%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacteriales;f_Xiphinematobacteraceae	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%



COMPOSICIÓN MICROBIANA A NIVEL DE ESPECIES 16S



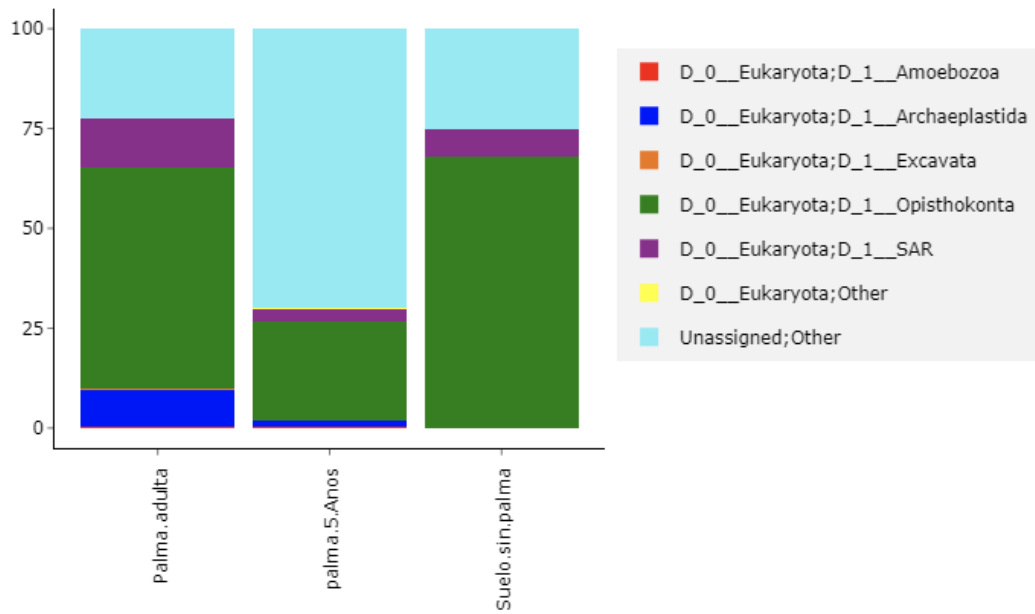


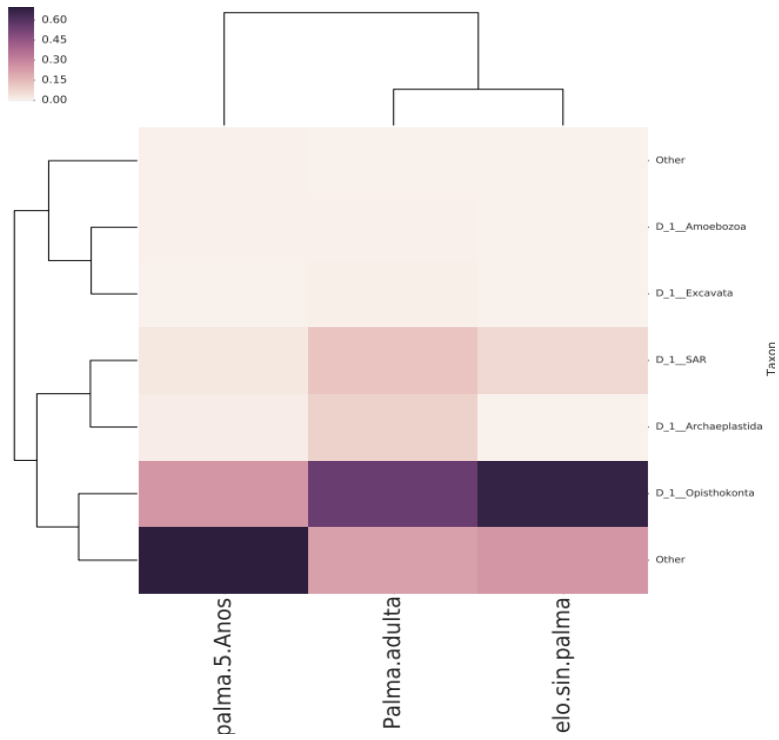
[View Table \(.txt\)](#)

Legend	Taxonomy	Total	Palma.adulta	palma.5.Años	Suelo.sin.palma
		%	%	%	%
	None;Other;Other;Other;Other;Other;Other	2.3%	2.7%	4.3%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanobacteria;o__Methanobacteriales:f__Methanobacteriaceae:g__Methanobacterium:s__orvzae	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanocellales:f__Methanocellaceae:g__Methanocella;s__anoryzae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanocellales:f__Methanocellaceae:g__Methanocella;s__paludicola	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanocellales:f__Methanocellaceae:g__Methanocella;s__sp878	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanocellales:f__Methanocellaceae:g__Rice Cluster I;s__sp882	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales:f__GOM Arc I:g__Methanoperedens;s__sp954-sp957	0.3%	0.0%	0.9%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales:f__GOM Arc I:g__Methanoperedens;s__sp957	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Methanomicrobia;o__Methanosarcinales:f__Methanosarcinaceae:g__Methanosarcina;s__vacuolata	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Euryarchaeota:c__Thermoplasmata;o__Thermoplasmatales:f__NA:g__NA;s__sp1254	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Miscellaneous Crenarchaeotic Group;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1364	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1567	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1567-sp1570	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1568	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1569	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1570	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1578	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Archaea:p__Thaumarchaeota;c__NA;o__NA:f__NA:g__NA;s__sp1588	0.2%	0.0%	0.5%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1706	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1709	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1710	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1717	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1682	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1723	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1723	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1723	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1723	0.3%	0.0%	0.9%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1760	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1763	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1778-sp1834	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1782-sp1814	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1791	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1792-sp1856	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1793	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1798	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
	k__Bacteria:p__Acidobacteria;c__Acidobacteria;o__Acidobacteriales:f__NA:g__NA;s__sp1801	0.3%	0.0%	0.9%	0.0%

k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA;s_sp68705-sp68758	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA;s_sp68782	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA;s_sp68783	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA;s_sp68793	1.5%	0.0%	0.0%	4.5%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_NA;o_NA;f_NA;g_NA;s_sp68795	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Opitutae;o_Opitutales;f_Opitutaceae;g_Opitutus;s_sp68875	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Opitutae;o_Opitutales;f_Opitutaceae;g_Opitutus;s_sp68907	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Opitutae;o_Opitutales;f_Opitutaceae;g_Opitutus;s_sp68908	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_Chthoniobacteraceae;g_Chthoniobacter;s_sp69068	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_Chthoniobacteraceae;g_Chthoniobacter;s_sp69101	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_NA;g_NA;s_sp69120	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_NA;g_NA;s_sp69160	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_NA;g_NA;s_sp69167	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_NA;g_NA;s_sp69170	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_NA;g_NA;s_sp69177	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_Xiphinematobacteraceae;g_Xiphinematobacter;s_sp69224	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
k_Bacteria;p_Verrucomicrobia;c_Spartobacteria;o_Chthoniobacterales;f_Xiphinematobacteraceae;g_Candidatus;s_sp69225	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%

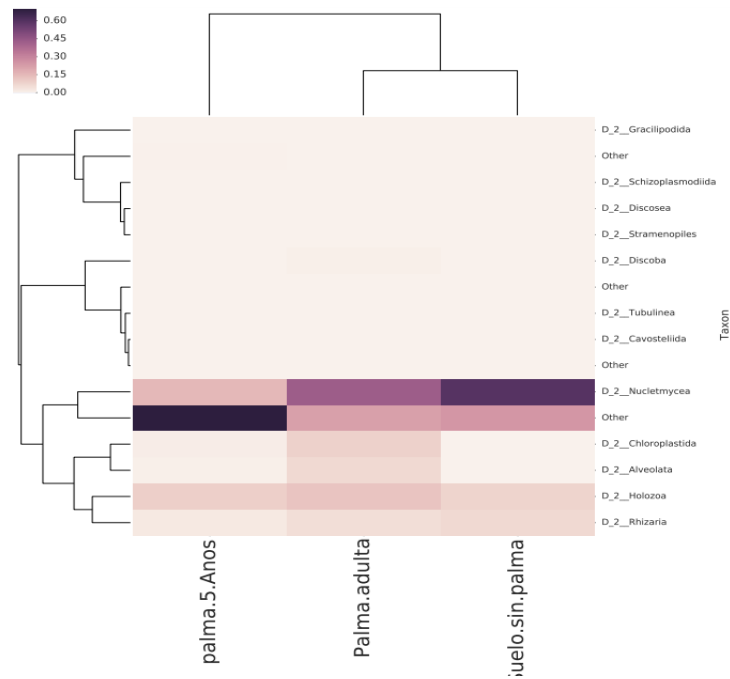
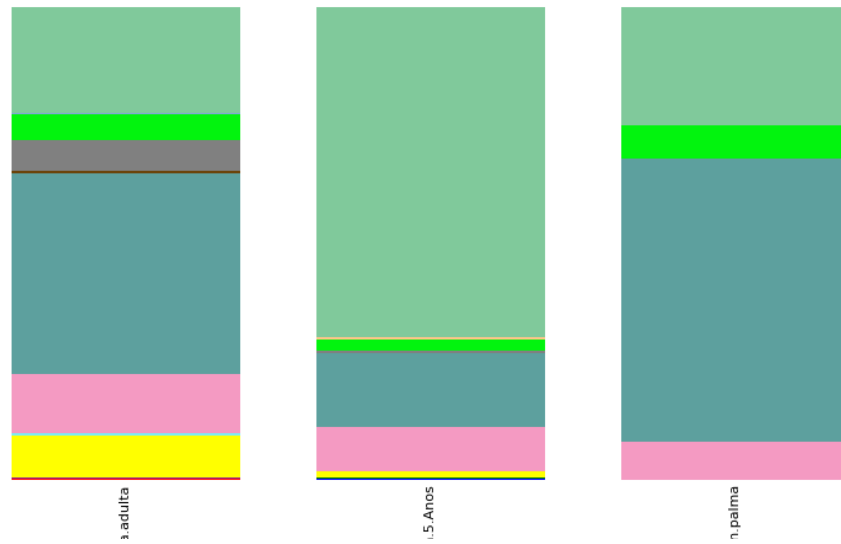
COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE FILO 18S





	Total	Palma.adulta	palma.5.Años	Suelo.sin.palma
Legend	Taxonomy	%	%	%
■	D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa	0.3%	0.5%	0.4%
■	D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida	3.5%	8.9%	1.5%
■	D_0__Eukaryota;D_1__Excavata	0.2%	0.6%	0.0%
■	D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta	49.4%	55.3%	24.9%
■	D_0__Eukaryota;D_1__SAR	7.5%	12.4%	2.9%
■	D_0__Eukaryota;Other	0.1%	0.0%	0.4%
■	Unassigned;Other	39.1%	22.4%	69.9%

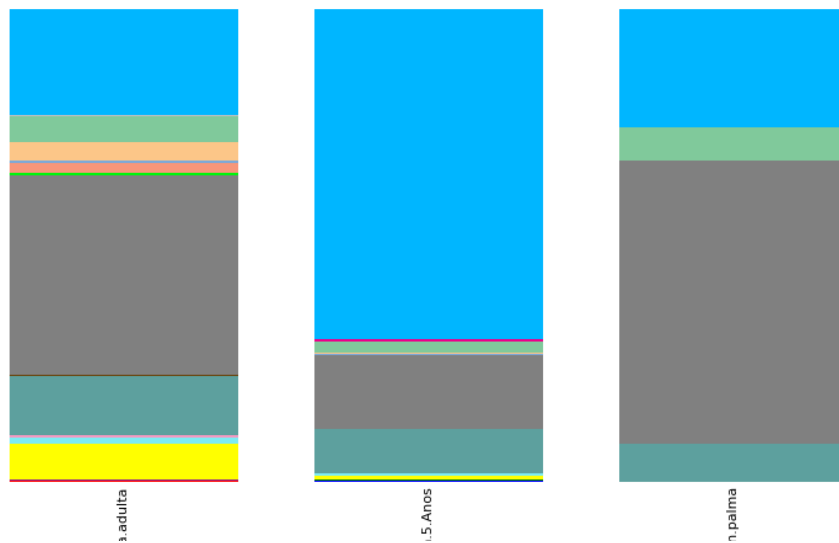
COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE CLASE 18S

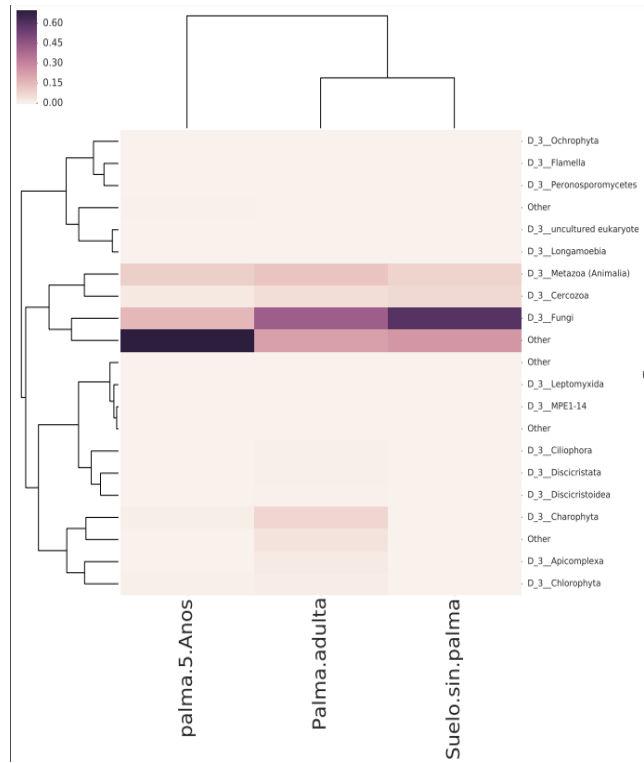


Legend	Taxonomy	Total %	Palma.adulta %	palma.5.Años %	Suelo.sin.palma %
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Cavosteliida	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Discosea	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Gracilipodida	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Schizoplasmodiida	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Tubulinea	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%

D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida	3.5%	8.9%	1.5%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Excavata;D_2__Discoba	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa	9.9%	12.3%	9.3%	8.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nuclemycea	39.4%	42.7%	15.6%	59.9%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata	2.4%	6.8%	0.6%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria	4.9%	5.4%	2.2%	7.1%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Stramenopiles	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;Other;Other	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
Unassigned;Other;Other	39.1%	22.4%	69.9%	25.0%

COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE ORDEN 18S

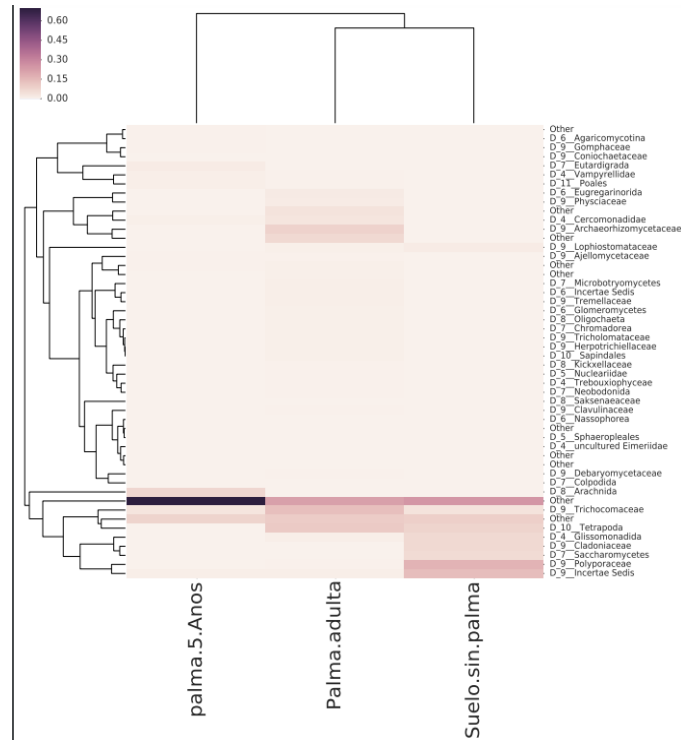
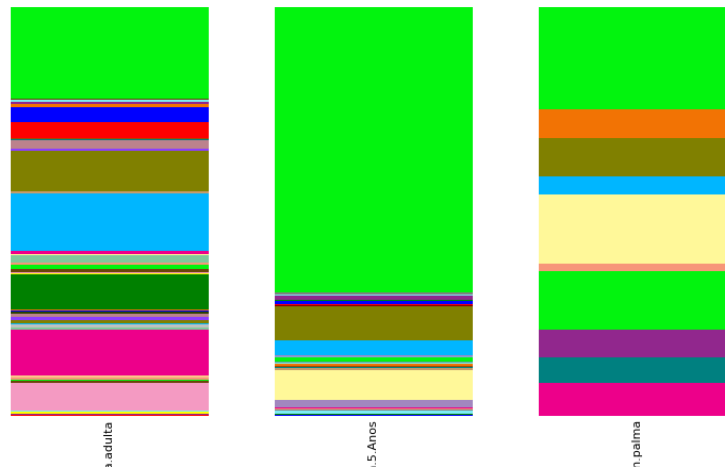




Legend		Total	Palma.adulta	palma.5.Anos	Suelo.sin.palma
Taxonomy		%	%	%	%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Cavosteliida;D_3_MPE1-14		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Discosea;D_3_Longamoebia		0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Gracilipodida;D_3_Flamella		0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Schizoplasmodiida;D_3_uncultured eukaryote		0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Tubulinea;D_3_Leptomyxida		0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta		2.8%	7.6%	0.8%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta		0.7%	1.3%	0.7%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Excavata;D_2_Discoba;D_3_Discicristata		0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia)		9.9%	12.3%	9.3%	8.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nuclemycea;D_3_Discicristoidea		0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nuclemycea;D_3_Fungi		39.2%	42.3%	15.6%	59.9%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;Other;Other		0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Apicomplexa		0.7%	2.1%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora		0.3%	0.6%	0.3%	0.0%

D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;Other	1.4%	4.1%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa	4.9%	5.4%	2.2%	7.1%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Stramenopiles;D_3_Ochrophyta	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Stramenopiles;D_3_Peronosporomycetes	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;Other;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;Other;Other;Other	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
Unassigned;Other;Other;Other	39.1%	22.4%	69.9%	25.0%

COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE FAMILIA 18S

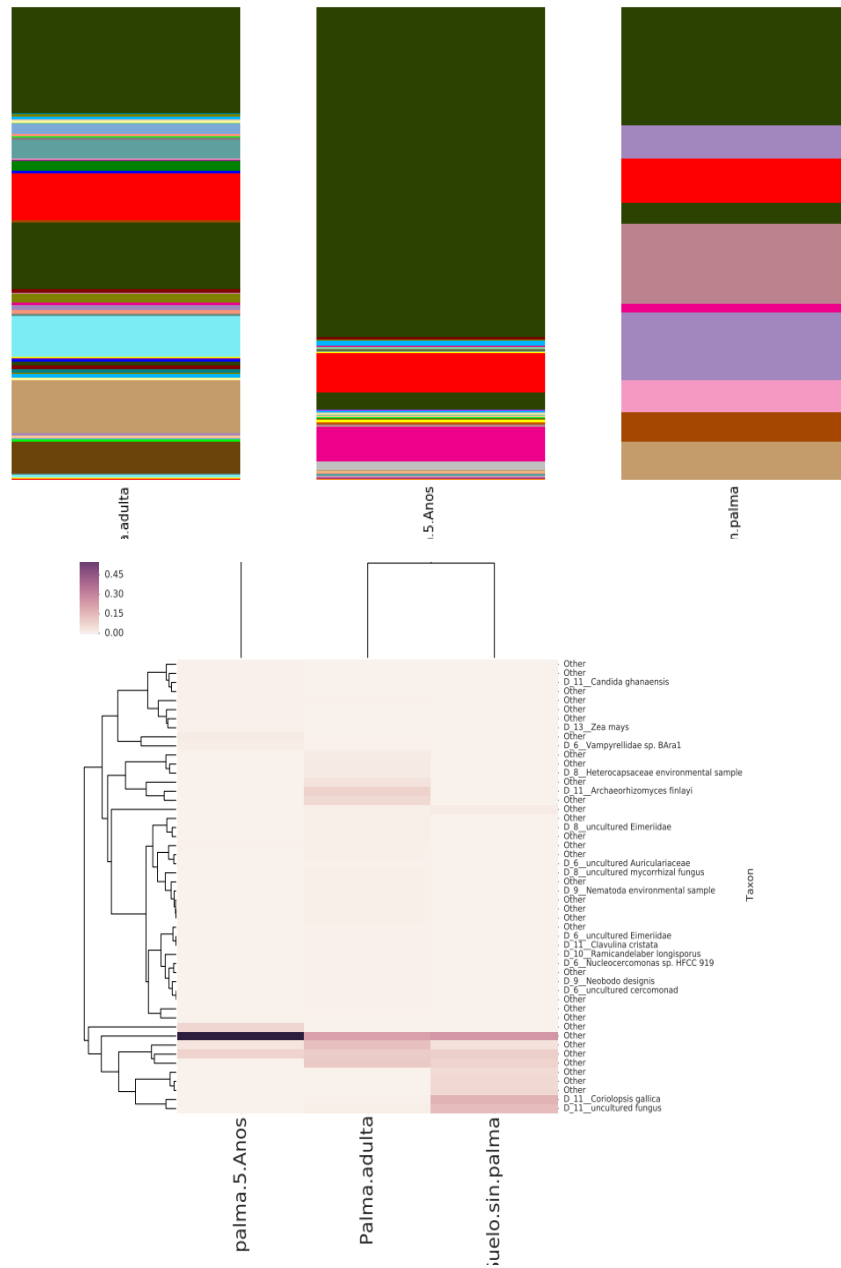


[View Table \(.txt\)](#)

	Total	Palma.adulta	palma.5.Años	Suelo.sin.palma
Legend Taxonomy	%	%	%	%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Cavosteliida;D_3_MPE1-14;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Discosea;D_3_Longamoebia;D_4_Centramoebida	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Gracilipodida;D_3_Flamella;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Schizoplasmodiida;D_3_uncultured eukaryote;D_4_uncultured eukaryote	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Tubulinea;D_3_Leptomyxida;D_4_uncultured Eimeriidae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_10_Sapindales	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_11_Poales	0.4%	0.3%	0.8%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;Other	2.2%	6.7%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta;D_4_Chlorophyceae	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta;D_4_Trebouxiophyceae	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta;D_5_Chlamydomonadales	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta;D_5_Sphaeropleales	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta;Other	0.3%	0.6%	0.3%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Excavata;D_2_Discoba;D_3_Discicristata;D_5_Tetramitia	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Excavata;D_2_Discoba;D_3_Discicristata;D_7_Neobodonida	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_10_Tetrapoda	6.4%	11.2%	0.1%	8.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_7_Chromadorea	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_7_Eutardigrada	0.6%	0.0%	1.8%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_8_Arachnida	2.5%	0.0%	7.5%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_8_Oligochaeta	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Discicristoidea;D_5_Nucleariidae	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_6_Agaricomycotina	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_6_Glomeromycetes	0.2%	0.7%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_6_Incertae Sedis	0.3%	0.9%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_7_Microbotryomycetes	0.3%	0.8%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_7_Saccharomycetes	2.1%	0.0%	0.1%	6.2%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_8_Endogonaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_8_Kickxellaceae	0.2%	0.4%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_8_Mucoraceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_8_Paraglomeraceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_8_Saksenaaceae	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_9_Ajellomycetaceae	0.2%	0.3%	0.3%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_9_Archaeorhizomycetaceae	2.9%	8.6%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_9_Cladoniaceae	2.3%	0.0%	0.0%	6.8%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_9_Clavulinaceae	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%

D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Coniochaetaeaceae	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Debaryomycetaceae	0.2%	0.3%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Gomphaceae	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Herpotrichiellaceae	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Hydnotontaceae	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Incertae Sedis	5.5%	1.1%	1.1%	14.4%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Lophiostomataceae	0.8%	0.6%	0.0%	1.7%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Lyophyllaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Onygenaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Physciaceae	0.6%	1.7%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Pleurotaceae	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Polyporaceae	5.8%	0.3%	0.0%	17.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Saccharomycetaceae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Tremellaceae	0.3%	0.9%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Trichocomaceae	7.2%	13.8%	3.5%	4.3%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;D_9_Tricholomataceae	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleomycea;D_3_Fungi;Other	9.3%	10.1%	8.3%	9.4%
D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;Other;Other;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Apicomplexa;D_6_Eugregarinorida	0.7%	2.1%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora;D_6_Nassophorea	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora;D_7_Colpodiida	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora;D_7_Platyophryida	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora;Other	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;Other;Other	1.4%	4.1%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa;D_4_Cercomonadidae	1.4%	3.5%	0.7%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa;D_4_Glissomonadida	2.7%	0.9%	0.2%	7.1%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa;D_4_RT5iin19	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa;D_4_Vampyrellidae	0.5%	0.4%	1.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa;D_4_uncultured	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Rhizaria;D_3_Cercozoa;Other	0.3%	0.6%	0.2%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Stramenopiles;D_3_Ochrophyta;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Stramenopiles;D_3_Peronosporomycetes;D_4_Pythium	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;D_1_SAR;Other;Other;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0_Eukaryota;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
Unassigned;Other;Other;Other;Other	39.1%	22.4%	69.9%	25.0%

COMPOSICIÓN MICROBIONA A NIVEL DE ESPECIES 18S



		Total	Palma.adulta	palma.5.Años	Suelo.sin.palma
Legend	Taxonomy	%	%	%	%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Cavosteliida;D_3_MPE1-14;Other;Other;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Discosea;D_3_Longamoebia;D_4_Centramoebida;D_5_Acanthamoeba;D_6_Acanthamoeba sp. CDC:V621	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Discosea;D_3_Longamoebia;D_4_Centramoebida;D_5_Acanthamoeba;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Amoebozoa;D_2_Gracilipodida;D_3_Flamella;Other;Other;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%

D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Schizoplasmodiida;D_3__uncultured eukaryote;D_4__uncultured eukaryote;D_5__uncultured eukaryote; D_6__uncultured eukaryote	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Amoebozoa;D_2__Tubulinea;D_3__Leptomyxida;D_4__uncultured Eimeriidae;D_5__uncultured Eimeriidae; D_6__uncultured Eimeriidae	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;D_10__Sapindales;Other; Other	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;D_11__Poales;D_12__Zea; D_13__Zea mays	0.2%	0.1%	0.4%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;D_11__Poales;Other; Other	0.2%	0.2%	0.4%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Charophyta;Other;Other; Other	2.2%	6.7%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_4__Chlorophyceae;Other; Other	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_4__Trebouxiophyceae;Other; Other	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_5__Chlamydomonadales;Other; Other	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;D_5__Sphaeropleales;D_6__Bracteacoccus; Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Archaeplastida;D_2__Chloroplastida;D_3__Chlorophyta;Other;Other; Other	0.3%	0.6%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Excavata;D_2__Discoba;D_3__Discicristata;D_5__Tetramitida;D_6__AND12; Other	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Excavata;D_2__Discoba;D_3__Discicristata;D_7__Neobodonida;D_8__Neobodo; D_9__Neobodo designis	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_10__Tetrapoda;D_11__Mammalia; Other	6.4%	11.2%	0.1%	8.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_7__Tylenchida; D_9__Nematoda environmental sample	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_7__Eutardigrada;D_8__Parachela; Other	0.6%	0.0%	1.8%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_8__Arachnida;D_9__Acari; Other	2.5%	0.0%	7.5%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Holozoa;D_3__Metazoa (Animalia);D_8__Oligochaeta;D_9__Haplotaxida; Other	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Discicristoidea;D_5__Nucleariida;D_6__Nuclearia; Other	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_6__Agaricomycotina;D_7__Agaricomycetes; D_8__Oxyporus sp. DSH 93-188	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_6__Agaricomycotina;D_7__Agaricomycetes; Other	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_6__Glomeromycetes;D_7__Glomerales; D_8__uncultured mycorrhizal fungus	0.2%	0.7%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_6__Incertae Sedis;D_7__Mortierellales; D_8__uncultured Eimeriidae	0.3%	0.9%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_7__Microbotryomycetes;D_8__Sporidiobolales; Other	0.3%	0.8%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_7__Saccharomycetes;D_8__Saccharomycetales; Other	2.1%	0.0%	0.1%	6.2%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_8__Endogonaceae;D_9__Endogone; Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_8__Kickellaceae;D_9__Ramicandelaber; D_10__Ramicandelaber longisporu	0.2%	0.4%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_8__Mucoraceae;D_9__Rhizopus; Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_8__Paraglomeraceae;D_9__Paraglomus; Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_8__Saksenaaceae;D_9__Saksenaee; D_10__Saksenaee vasisiformis	0.1%	0.1%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Ajellomycetaceae;D_10__Ajellomycetes; Other	0.2%	0.3%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Archaeorhizomycetaceae;D_10__Archaeorhizomycetes; D_11__Archaeorhizo myces finlavi	2.9%	8.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Cladoniaeae;Other; Other	2.3%	0.0%	0.0%	6.8%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Clavulinaceae;D_10__Clavulina; D_11__Clavulina cristata	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Coniochaetaceae;D_10__Coniochaeta; Other	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Debaryomycetaceae;Other; Other	0.2%	0.3%	0.1%	0.0%

D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Gomphaceae;Other;Other	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Herpotrichiellaceae;D_10__Exophiala;Other	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Hydnodontaceae;D_10__Trechispora;D_11__Trechispora alnicola	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Incertain Sedis;D_10__Candida;D_11__Candida qhanaensis	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Incertain Sedis;D_10__Candida;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Incertain Sedis;D_10__Malsessezia;D_11__uncultured fungus	5.2%	1.1%	0.2%	14.4%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Incertain Sedis;D_10__Pseudohydnum;D_11__Pseudohydnum gelatinosum	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Incertain Sedis;Other;Other	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Lophiostomataceae;D_10__Herpotrichia;Other	0.8%	0.6%	0.0%	1.7%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Lyophyllaceae;D_10__Termitomyces;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Onygenaceae;D_10__Coccidioides;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Physciaceae;Other;Other	0.6%	1.7%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Pleurotaceae;D_10__Pleurotus;Other	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Polyporaceae;D_10__Coriopsis;D_11__Coriopsis gallica	5.8%	0.3%	0.0%	17.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Saccharomycetaceae;Other;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Tremellaceae;D_10__Cryptococcus;Other	0.3%	0.9%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Trichocomaceae;Other;Other	7.2%	13.8%	3.5%	4.3%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;D_9__Tricholomataceae;Other;Other	0.2%	0.6%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;D_2__Nucleotmycea;D_3__Fungi;Other;Other;Other	9.3%	10.1%	8.3%	9.4%
D_0__Eukaryota;D_1__Opisthokonta;Other;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Apicomplexa;D_6__Eugregarinorida;D_7__CCAs;D_8__uncultured alveolate	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Apicomplexa;D_6__Eugregarinorida;D_7__Gregarina;D_8__Heterocapsaceae environmental sample	0.6%	1.9%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;D_6__Nassophorea;D_7__Leptopharynx;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;D_7__Colpodida;Other;Other	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;D_7__Platyophryida;D_8__Platyophrya;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;D_3__Ciliophora;Other;Other;Other	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Alveolata;Other;Other;Other;Other	1.4%	4.1%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Cercomonas;D_6__Cercozoa sp. ATCC 50407	0.1%	0.0%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Cercomonas;D_6__Nucleocercomonas sp. HFCC 919	0.1%	0.4%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Cercomonas;D_6__uncultured Eimeriidae	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Cercomonas;D_6__uncultured cercomonad	0.2%	0.5%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Cercomonas;Other	0.7%	2.1%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;D_5__Eocercomonas sp. HFCC 908;D_6__Eocercomonas sp. HFCC 908	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Cercomonadidae;Other;Other	0.2%	0.2%	0.3%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Glissomonadidae;D_5__Allantion;Other	2.4%	0.0%	0.0%	7.1%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Glissomonadidae;D_5__uncultured Auriculariaceae;D_6__uncultured Auriculariaceae	0.2%	0.5%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cercozoa;D_4__Glissomonadidae;Other;Other	0.1%	0.3%	0.0%	0.0%

D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cerczoza;D_4__RTSiin19;D_5__uncultured Eimeriidae;D_6__uncultured Eimeriidae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cerczoza;D_4__Vampyrellidae;D_5__Vampyrellidae sp. BArA1;D_6__Vampyrellidae sp. BArA1	0.5%	0.4%	1.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cerczoza;D_4__uncultured;D_5__uncultured Eimeriidae;D_6__uncultured Eimeriidae	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Rhizaria;D_3__Cerczoza;Other;Other;Other	0.3%	0.6%	0.2%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Stramenopiles;D_3__Ochrophyta;Other;Other;Other	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;D_2__Stramenopiles;D_3__Peronosporomycetes;D_4__Pythium;Other;Other	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;D_1__SAR;Other;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%
D_0__Eukaryota;Other;Other;Other;Other;Other;Other	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
Unassigned;Other;Other;Other;Other;Other;Other	39.1%	22.4%	69.9%	25.0%