



ISSN 2215-2202

AGRONOMÍA COSTARRICENSE

REVISTA DE CIENCIAS AGRÍCOLAS

<https://revistas.ucr.ac.cr/index.php/agrocost>




Revisión de literatura

Microbiota asociada al cultivo de banano en Costa Rica y otras regiones: conceptos e implicaciones en el manejo del cultivo*


Jose Pablo Vargas-Fernández^{1/*}, Laura Brenes-Guillén², Ronald Romero-Calderón³, Lidieth Uribe-Lorío⁴, Lorena Uribe-Lorío⁵


*Este trabajo formó parte de una investigación bibliográfica llevada a cabo en el curso Problemas Especiales en ciencias del suelo II: Bioinformática, del Programa de estudio del Posgrado en Ciencias Agrícolas y Recursos Naturales de la Universidad de Costa Rica.


**Autor para correspondencia. Correo electrónico: jose.vargasfernandez@ucr.ac.cr

¹Universidad de Costa Rica, Laboratorio de Suelos y Foliares. Centro de Investigaciones Agronómicas, Escuela de Agronomía, San José, Costa Rica. 

²Universidad de Costa Rica, Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular, Escuela de Biología, San José, Costa Rica. 

³Fresh Del Monte Produce, San José, Costa Rica. 

⁴Universidad de Costa Rica, Facultad de Agronomía, Centro de Investigaciones Agronómicas, San José, Costa Rica. 

⁵Universidad de Costa Rica, Facultad de Agronomía, Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular, San José, Costa Rica. 

DOI: <https://doi.org/10.15517/x5xxs664>

Recibido el 21 de octubre del 2024; Aceptado el 10 enero del 2025

Resumen

Introducción. La microbiota es un conjunto diverso de microorganismos que, al asociarse con las plantas, aporta beneficios clave, como la supresión de enfermedades, la tolerancia al estrés abiótico y la mejora en la adquisición de nutrientes. En Costa Rica, la investigación en este campo se ha basado, principalmente, en métodos tradicionales, mientras que el uso de enfoques independientes de cultivo, como la secuenciación masiva de ADN, ha sido más limitado. **Objetivo.** Analizar la microbiota asociada al cultivo de banano en Costa Rica y otras regiones, su relación con la salud de la planta, y las implicaciones de las prácticas de manejo agrícola en su diversidad, composición y funcionalidad. **Desarrollo.** Los estudios revisados han permitido caracterizar la dinámica de la microbiota en función del estado fitosanitario de la planta, sus distintos compartimentos y las prácticas de manejo implementadas.

Esta revisión destaca estrategias agrícolas como la aplicación de biofertilizantes y enmiendas orgánicas, la diversificación de cultivos, el uso de coberturas vegetales y la gestión de residuos de cosecha, todas orientadas a potenciar la microbiota benéfica, mejorar la salud del suelo y reducir la incidencia de enfermedades. **Conclusiones.** La investigación sobre la microbiota del banano ha reafirmado su relevancia al evidenciar su interacción con la sanidad de la planta, las condiciones edafoclimáticas y las prácticas agrícolas. La implementación de herramientas avanzadas, como la secuenciación de ADN, ha permitido una caracterización más precisa de las comunidades microbianas. Aunque en Costa Rica el uso de estas tecnologías sigue limitado, el conocimiento generado establece las bases para futuras investigaciones y el desarrollo de estrategias de manejo más sostenibles para el cultivo del banano.

Palabras clave: *Musa*; comunidad microbiana; secuenciación de alto rendimiento; interacción planta-microorganismo.

Literature review

Abstract

Microbiota associated with banana cultivation in Costa Rica and other regions: concepts and implications for crop management

Introduction. The microbiota is a diverse assemblage of microorganisms that, when associated with plants, provides key benefits such as disease suppression, tolerance to abiotic stress, and improved nutrient acquisition. In Costa Rica, research in this field has primarily relied on traditional methods, while the use of culture-independent approaches, such as high-throughput DNA sequencing, has been more limited. **Objective.** To analyse the microbiota associated with banana cultivation in Costa Rica and other regions, its relationship with plant health, and the implications of agricultural management practices on its diversity, composition, and functionality. **Development.** The reviewed studies have characterized the dynamics of the microbiota based on the plant's phytosanitary status, its different compartments, and the implemented management practices. This review highlights agricultural strategies such as the application of biofertilizers and organic amendments, crop diversification, the use of plant cover, and the management of harvest residues, all aimed at enhancing beneficial microbiota, improving soil health, and reducing disease incidence. **Conclusions.** Research on banana microbiota has reaffirmed its relevance by demonstrating its interaction with plant health, edaphoclimatic conditions, and agricultural practices.

The implementation of advanced tools, such as DNA sequencing, has enabled a more precise characterization of microbial communities. Although the use of these technologies remains limited in Costa Rica, the generated knowledge lays the foundation for future research and the development of more sustainable management strategies.

Keywords: *Musa*; microbial community; high-throughput sequencing; plant-microorganism interaction.

Introducción

La asociación que existe entre las comunidades microbianas y las plantas es compleja y data de hace 450 millones de años, cuando los primeros ancestros de las plantas colonizaron la superficie del planeta (Hassani *et al.* 2018). Esta asociación es fundamental para el desarrollo y la salud de las plantas. La microbiota, un conjunto diverso de microorganismos que incluye hongos, bacterias, arqueas, protozoarios y virus, habita en nichos ecológicos específicos dentro y alrededor de la planta. Estos microorganismos conforman el microbioma, un concepto más amplio que abarca también sus genes y los metabolitos que producen (Lyu *et al.* 2021). Entre los beneficios derivados de la microbiota en los sistemas agrícolas destaca la capacidad de suprimir enfermedades, activar las respuestas inmunológicas de las plantas, inducir resistencia sistémica, mejorar la tolerancia al estrés abiótico, facilitar la adquisición de nutrientes y contribuir a la estabilidad de la estructura del suelo (Birt *et al.* 2022).

En los sistemas de producción de banano en Costa Rica y otras regiones, el estudio de la microbiota ha sido abordado, principalmente, a través de la determinación de variables biológicas indirectas, como la respiración y la biomasa microbiana del suelo (Durango *et al.* 2015), y técnicas dependientes de cultivo de microorganismos (Segura *et al.* 2015). Estas últimas, aunque son métodos tradicionales y útiles para el aislamiento, identificación y caracterización de microorganismos que crecen en medios específicos, presentan limitaciones importantes. Una de las principales es que muchos microorganismos requieren condiciones muy particulares para su crecimiento y no pueden ser cultivados, lo que impide su identificación y subestima la abundancia y diversidad microbiana. Además, este enfoque conlleva una considerable inversión de tiempo y recursos, lo que puede dificultar su aplicación a gran escala (Stewart 2012).

Los avances en automatización y en tecnologías de secuenciación de ADN han permitido superar esas limitaciones a través de técnicas independientes de cultivo de microorganismos, lo que reduce el costo y la duración de los análisis (Wilhelm *et al.* 2022). Entre estas técnicas, el análisis de comunidades microbianas mediante secuenciación masiva de alto rendimiento (HTS, por sus siglas en inglés) permite obtener información detallada sobre la estructura de la comunidad microbiana, incluidos miembros benéficos, patógenos y algunos que incluso no se han descrito (Liu *et al.* 2019a). Lo anterior ha permitido investigar el impacto de prácticas de manejo, fertilización y labranza en la microbiota de los sistemas de producción agrícola (Wilhelm *et al.* 2022), lo que refuerza su relevancia como indicador de la salud y calidad de suelo (Banerjee y van der Heijden 2023, Köberl *et al.* 2017b).

No obstante, estas técnicas también presentan limitaciones que afectan, principalmente, su accesibilidad. En primer lugar, sus resultados no proporcionan información sobre las interacciones, viabilidad o estado fisiológico de los microorganismos detectados. Además, la interpretación puede verse afectada por la presencia de ADN ambiental o contaminante, lo que puede sesgar los resultados, y la complejidad de los datos generados requiere un análisis bioinformático avanzado y a menudo costoso (Prosser 2015).

En Costa Rica, la investigación sobre la microbiota asociada al cultivo de banano mediante técnicas independientes de cultivo es aún limitada. Esta carencia de investigaciones representa una oportunidad para generar conocimiento en este campo y facilitar la evaluación y el monitoreo del impacto de las prácticas de manejo del sistema agrícola sobre la comunidad microbiana de la planta y el suelo (Backiyarani *et al.* 2022). El objetivo de esta revisión de literatura fue analizar la microbiota asociada al cultivo de banano en Costa Rica y otras regiones, su relación con la salud de la planta, y las implicaciones de las prácticas de manejo agrícola en su diversidad, composición y funcionalidad.

Breve historia y principales desafíos para el cultivo de banano

El Sureste Asiático se considera el centro del origen del banano. Este llegó al continente americano a inicios del siglo XVI, procedente de las Islas Canarias (Golubouay y Vega 1988). Las primeras plantas, de la variedad Gros Michel, fueron introducidas al país desde Panamá en 1871, para sembrarlas en las tierras concesionadas aledañas a las líneas del ferrocarril en la costa del Caribe. Al igual que en otros países de la región, la producción bananera en Costa Rica se inició a mediados y finales del siglo XIX, paralela a la construcción del ferrocarril (Golubouay y Vega 1988).

El cultivo comercial de banano creció rápidamente para satisfacer la creciente demanda de los principales mercados de exportación. Sin embargo, desde 1928, la producción y exportación de banano disminuyeron debido al agotamiento de los suelos y la aparición de enfermedades que afectaron la variedad Gros Michel, en particular la “marchitez por Fusarium” (*Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 1) (Golubouay y Vega 1988).

Actualmente, el cultivo de banano se desarrolla en 42 512 ha del territorio nacional, sembradas en su mayoría con las variedades del subgrupo Cavendish (CORBANA 2024). El país registra exportaciones promedio de 100 millones de cajas de 18 kg anualmente, lo que coloca a Costa Rica como uno de los principales exportadores de banano del mundo (CORBANA 2024).

La actividad bananera tiene un importante impacto social y económico en la zona Atlántica del país. El banano se sitúa entre los tres principales productos de exportación agrícola del país (SEPSA 2022). Sin embargo, este cultivo también enfrenta importantes desafíos. Entre los factores bióticos destacan la “Sigatoka negra” causada por el hongo *Pseudocercospora fijiensis*, que afecta el follaje y la producción (Dassou *et al.* 2023), el “moko” que causa la marchitez bacteriana (*Ralstonia solanacearum*) (Blomme *et al.* 2017), y el nemátodo fitoparásito *Radopholus similis*, que causa pérdidas significativas en las plantaciones (Torres *et al.* 2023).

Otra amenaza latente que no se encuentra en el país es la marchitez por Fusarium (*Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* Raza 4), presente en Colombia, Perú y Venezuela (Martínez *et al.* 2020). Adicionalmente, hay reportes que indican que el uso intensivo de agroquímicos ha provocado desequilibrios químicos, físicos y biológicos en el suelo, afectó la diversidad y abundancia de la microbiota del suelo y condujo a un potencial desequilibrio ecológico (Vargas 2006). Por lo anterior, para asegurar la sostenibilidad del cultivo, es crucial equilibrar la nutrición, la contribución del suelo y el uso de productos fitosanitarios para controlar plagas y enfermedades (Brühl *et al.* 2023).

En Costa Rica, la industria bananera se concentra en la región Caribe, donde las precipitaciones anuales varían entre 2700 y 4500 mm, con un promedio de 214 a 263 días de lluvia al año (Acón-Ho *et al.* 2013). Los cambios climáticos, que incluyen variaciones en los niveles de dióxido de carbono, temperaturas extremas, sequías e inundaciones, y la interacción con la microbiota del suelo, representan otro desafío (Jansson y Hofmockel 2020). Otro reto importante en el cultivo de musáceas es mantener un sistema radical que funcione adecuadamente para absorber agua y nutrientes, esenciales para el desarrollo y productividad de la planta (Gauggel *et al.* 2005).

La pérdida de biomasa de raíces funcionales ha sido un factor común en las plantaciones bananeras, lo que genera una disminución en la productividad (Serrano 2005). Por lo tanto, mantener un sistema radical sano, no solo asegura la productividad de la plantación, sino que también faculta a la planta para establecer relaciones benéficas con la microbiota de suelo, permitiéndole cumplir eficientemente sus funciones (Wang *et al.* 2022b).

Investigación de la microbiota en el cultivo de banano

En Costa Rica, el sector productor de banano ha tomado la iniciativa de investigar la relación entre la microbiota y las propiedades físicas y químicas del suelo, así como el impacto de las prácticas de manejo en las plantaciones (Segura *et al.* 2015). Por medio de técnicas tradicionales, se ha identificado una alta diversidad y abundancia microbiana en estos suelos (González *et al.* 2021). Un informe basado en 275 análisis microbiológicos de suelos de plantaciones de la región Huetar Caribe reportó un promedio de $1,2 \times 10^5$ Unidades Formadoras de Colonias por gramo de suelo (UFC g⁻¹) de hongos, $7,4 \times 10^4$ UFC g⁻¹ de levaduras, $4,9 \times 10^8$ UFC g⁻¹ de bacterias aerobias, $7,3 \times 10^7$ UFC g⁻¹ de bacterias anaerobias, $4,3 \times 10^5$ UFC g⁻¹ de actinomicetos (Rodríguez 2009).

El uso de la microbiota como indicador de la salud y calidad del suelo ha avanzado considerablemente, con parámetros como UFC g⁻¹ de bacterias y hongos (Olivares *et al.* 2022), así como el estudio de poblaciones específicas de *Trichoderma* sp. (Delgado *et al.* 2010), bacterias solubilizadoras de fósforo (Afanador *et al.* 2020) y promotoras de crecimiento vegetal (Ortega *et al.* 2022). Otros trabajos han utilizado indicadores indirectos de la actividad biológica del suelo, como la respiración microbiana, el carbono de la biomasa microbiana (Villarreal *et al.* 2013), y la actividad de enzimas como la deshidrogenasa y catalasa (Afanador *et al.* 2020). No obstante, debido a la variabilidad y heterogeneidad de los suelos, estos indicadores no siempre proporcionan una visión completa de la actividad biológica del suelo y su participación en el crecimiento, desarrollo y producción de la planta (Hirsch *et al.* 2010, Su *et al.* 2012).

Las técnicas modernas, como la secuenciación de amplicones, metagenómica shotgun y ARN-seq, han proporcionado avances significativos en el análisis de la estructura de las comunidades microbianas en el cultivo de banano (Stefani *et al.* 2015), sus interacciones con el ambiente, las plantas y el uso del suelo, así como la identificación de nuevos genes y rutas metabólicas (Rivera *et al.* 2021). Este avance ofrece un potencial significativo para complementar los enfoques tradicionales que han predominado en la investigación disponible, lo que permite un entendimiento más preciso y exhaustivo de la participación de los microorganismos.

Esta revisión de literatura identificó tres bioproyectos en la base de datos MGnify y treinta y cinco en el Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI, por sus siglas en inglés) relacionados con la secuenciación de secuencias de musáceas (**Tabla 1**). La mayoría de los estudios se centraron en la secuenciación del gen del ARNr 16S, y algunos incluyeron análisis de comunidades fúngicas mediante ITS (Internal Transcribed Spacer).

Tabla 1. Bioproyectos sobre microbiomas y metagenomas asociados a banano disponibles en bases de datos.

Table 1. Bioprojects on banana-associated microbiomes and metagenomes available in databases.

Base de datos	Bioproyecto	Estrategia de secuenciación	Muestras analizadas	Continente o país
MGnify*	PRJEB8107	Amplicon 16S ARNr	48	Costa Rica y Nicaragua
	PRJEB9422	Amplicon 16S ARNr	48	Uganda
	PRJNA240570	Amplicon 16S ARNr	3	Panamá
	PRJDB3051	Amplicon 16S ARNr	4	China y Madagascar
NCB**I	PRJNA871207	Amplicon 16S ARNr	36	China
	PRJNA866308	Amplicon 16S ARNr	40	China
	PRJNA777477	ARNr seq Virus	178	China
	PRJNA747136	ITS y Amplicon 16S ARNr	100	España
	PRJNA575333	ITS y Amplicon 16S ARNr	160	España
	PRJNA520981	Amplicon 16S ARNr	3	India
	PRJNA494072	Metagenómica Shotgun	1	África
	PRJNA494050	16S ARNr y ARNseq	12	África
	PRJNA493905	ITS	12	África
	PRJNA493728	Amplicon 16S ARNr	8	África

ITS: espaciador transcrito interno. ARNr: ácido ribonucleico ribosomal.

* disponible en <https://www.ebi.ac.uk/metagenomics>

**disponible en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Además, se recopiló información sobre la microbiota de banano y plátano en diecisiete países (**Tablas 2 y 3**). En Costa Rica, solo se encontraron dos estudios que utilizan esta técnica, mientras que China lidera la investigación sobre la relación entre microbiota y la marchitez causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. En América, los estudios se enfocaron, mayoritariamente, en el análisis de muestras de raíz y hojas, con las tres técnicas de secuenciación 16S, ITS y Sh. En contraste, los estudios realizados en otros continentes se concentraron en muestras de suelo, en su mayoría dedicados a comprender la dinámica de *Fusarium oxysporum*, un patógeno que no había sido detectado en América Latina hasta el 2019.

Los estudios sobre microbiota en América y otros continentes muestran similitudes y diferencias en el tipo de muestra y técnica utilizada, así como los cultivares estudiados. La técnica predominante, en general, fue la secuenciación del ARNr 16S; en un solo estudio se reportó el uso de la secuenciación metagenómica tipo Shotgun, para una caracterización más profunda y exhaustiva de las comunidades microbianas (Singh *et al.* 2023). En Colombia y Costa Rica, por ejemplo, se trabajó con los cultivares Williams y Gros Michel, el primero, utilizado en sistemas de producción convencional, y el segundo, un cultivar muy utilizado en sistemas de subsistencia o en asocio con café (García *et al.* 2022, Köberl *et al.* 2015, Köberl *et al.* 2017a). En Ecuador, el análisis de plátano (*Musa paradisiaca*) también resalta la relevancia de las interacciones microbianas con este cultivo (Paladines *et al.* 2022, Zapata *et al.* 2022).

Estos avances ofrecen un conocimiento más detallado que puede contribuir al abordaje de los principales retos del cultivo de banano, como el control de enfermedades y la mejora de la salud del suelo. Las secciones posteriores de esta revisión exploran los hallazgos más relevantes de algunas de estas investigaciones y otras, realizadas en diferentes cultivos y sistemas, que complementan la comprensión de la microbiota del banano.

Diversidad y dinámica de la microbiota en espacio y tiempo

La diversidad y composición de la microbiota en el cultivo de banano varía considerablemente, tanto en espacio como en el tiempo, entre los diferentes compartimentos de la planta, como el suelo, la rizosfera, el rizoma, el pseudotallo y las hojas (Birt *et al.* 2022, Birt *et al.* 2023) (**Figura 1**). En particular, la rizosfera se destaca como el principal reservorio de microorganismos asociados al cormo y las raíces, con una gran variabilidad en las comunidades bacterianas y fúngicas en estos compartimentos (Birt *et al.* 2022, 2023). Además, se ha encontrado que otros compartimentos cercanos, como el pseudotallo y las hojas, presentan una mayor similitud en su microbiota fúngica (91%) en comparación con el suelo (61%) (Birt *et al.* 2023, Kaushal *et al.* 2020a). Este patrón es consistente con hallazgos en otros cultivos, donde la microbiota de las hojas está influenciada por factores específicos del huésped, mientras que la rizosfera se enriquece con microorganismos del suelo (Zapata *et al.* 2022).

Tabla 2. Recopilación de los estudios de microbiota asociada a banano y plátano en países de América, utilizando técnicas dependientes e independientes de cultivo.

Table 2. Compilation of microbiota studies associated with bananas and plantains in countries of the Americas, using dependent and independent cultivation techniques.

País	Tipo de muestra						Especie y cultivar				Técnica utilizada				Referencia
	S	R	r	C	P	H					DC	16S	ITS	Sh	
Colombia		x					<i>Musa</i> AAA cv. Williams				x				García <i>et al.</i> (2022)
Costa Rica		x	x		x	x	<i>Musa acuminata</i> Colla (AAA) cv Gros Michel					x			Köberl <i>et al.</i> (2017a)
	x	x			x	x	<i>Musa acuminata</i> Colla (AAA) cv Gros Michel					x			Köberl <i>et al.</i> (2015)
Ecuador	x						No indica.				x				Domínguez <i>et al.</i> (2022)
						x	<i>Musa paradisiaca</i> L.					x	x		Paladines <i>et al.</i> (2022)
	x		x			x	<i>Musa paradisiaca</i> L.					x	x		Zapata <i>et al.</i> (2022)
Estados Unidos		x		x		x	<i>Musa acuminata</i> , Dwarf Cavendish							x	Singh <i>et al.</i> (2023)
		x		x		x	<i>Musa acuminata</i> , Williams Hybrid							x	
		x		x		x	<i>Musa balbisiana</i> , ‘Thai Black’							x	
		x		x		x	<i>M. acuminata</i> , <i>M. balbisiana</i> .							x	
		x		x		x	<i>Musa sikkimensis</i> , Darjeeling banana							x	
		x		x		x	<i>Musa textilis</i> , Manila hemp							x	
Nicaragua	x	x	x		x		<i>Musa acuminata</i> Colla (AAA) cv Gros Michel					x			Köberl <i>et al.</i> (2017a)
	x	x			x	x	<i>Musa acuminata</i> Colla (AAA) cv Gros Michel					x			Köberl <i>et al.</i> (2015)

S: suelo. R: raíz. r: rizosfera. C: cormo. P: pseudotallo. H: hojas. Cv: cultivar. ITS: espaciador transcrito interno. 16 S: ARNr/Ácido ribonucleico ribosomal. Sh: Secuenciación metagenómica tipo Shotgun. DC: dependiente de cultivo.

Tabla 3. Recopilación de los estudios de microbiota asociada a banano y plátano en otros continentes, utilizando técnicas dependientes e independientes de cultivo.

Table 3. Compilation of studies of microbiota associated with bananas and plantains on other continents, using dependent and independent cultivation techniques.

País	Tipo de muestra						Especie y cultivar				Técnica utilizada				Referencia
	S	R	r	C	P	H					DC	16S	ITS	Sh	
Australia	x		x				Pisang Awak <i>Musa</i> ABB					x	x		Rames <i>et al.</i> (2018)
	x		x		x	x	Williams' <i>Musa</i> (AAA), Lady finger <i>Musa</i> (AAB), Gold finger <i>Musa</i> (AAAB)							x	Birt <i>et al.</i> (2023)
														x	
	x	x		x	x	x	<i>Musa</i> AAA Cavendish					x			
	x	x		x	x	x	<i>Musa</i> AAB Pome					x			
China		x			x		<i>Musa</i> sp. AAA. Cavendish cv. Baxi.					x	x		Liu <i>et al.</i> (2019a)
		x										x			Xue <i>et al.</i> (2015)
		x										x	x		Shen <i>et al.</i> (2019b)
		x										x			Wang <i>et al.</i> (2022a)
		x					<i>Musa acuminata</i> L. AAA, Cavendish cv Brazil.					x			Shen <i>et al.</i> (2022)
		x										x			Zhu <i>et al.</i> (2023)
		x										x			Jinming <i>et al.</i> (2022)
		x										x			Shen <i>et al.</i> (2018)
España (Islas Canarias)			x				Dwarf Cavendish cv. Pequeña Enana					x	x		Gómez <i>et al.</i> (2021)
		x		x			<i>Musa</i> sp. cv. Berangan					x			Zolkhairi y Ismail (2022)
Nigeria, Camerún y Gabón	x		x				<i>Musa</i> spp. Plátano.					x	x		Kaushal <i>et al.</i> (2022)
Tanzania			x				Mchare y Sukari Ndizi (<i>Musa</i> AAB)					x	x		Kaushal <i>et al.</i> (2020a)
	x	x	x	x								x	x		Kaushal <i>et al.</i> (2020b)
Uganda	x		x				No indica				x				Rossmann <i>et al.</i> (2012)
	x		x		x		East African Sukari Ndizi (AAB)					x			Nimusiima <i>et al.</i> (2015)

S: suelo. R: raíz. r: rizosfera. C: cormo. P: pseudotallo. H: hojas. Cv: cultivar. ITS: espaciador transcrito interno. 16 S: ARNr/Ácido ribonucleico ribosomal. Sh: Secuenciación metagenómica tipo Shotgun. DC: dependiente de cultivo.

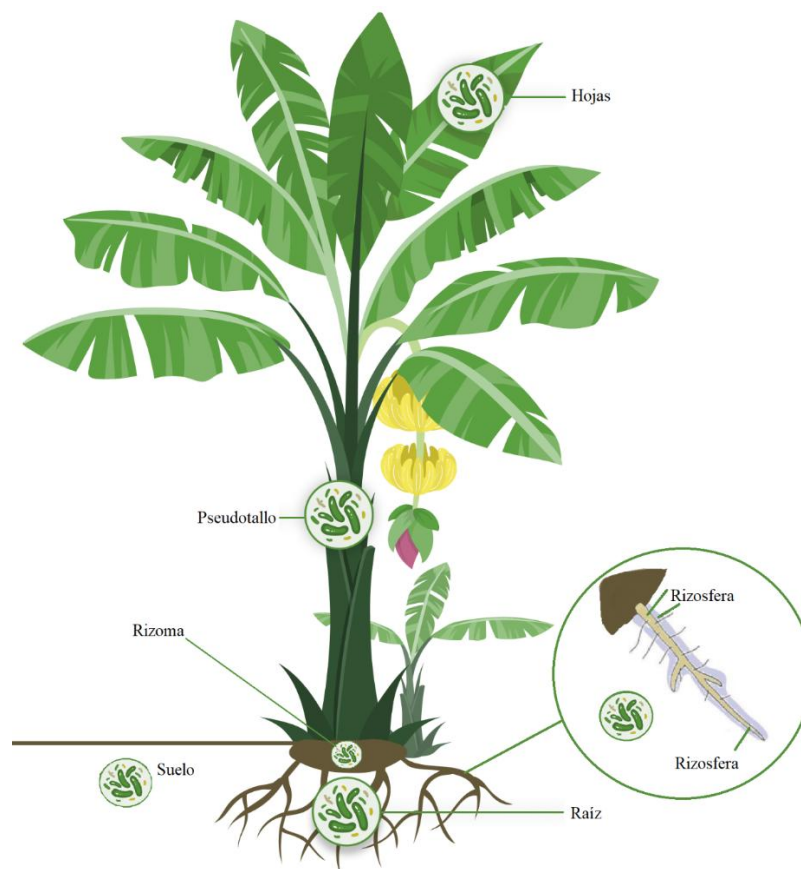


Figura 1. Compartimentos de la planta caracterizados por Birt *et al.* (2022, 2023) y utilizados en esta revisión de literatura.

Figure 1. Plant compartments characterized by Birt *et al.* (2022, 2023) and used in this literature review.

Se ha observado que las bacterias muestran una mayor variabilidad en su diversidad y composición en comparación con los hongos (Birt *et al.* 2023). Menor diversidad de hongos fue encontrada en la ecto y endorizosfera y el rizoma, mientras que el pseudotallo, las hojas y el suelo mostraron índices más altos de diversidad de Shannon (Birt *et al.* 2023). Los hongos del filo Ascomycota predominaron en la endorizosfera (94%) y en las hojas (71%), mientras que Basidiomycota fueron más comunes en las hojas (Birt *et al.* 2023). Entre los hongos, los más abundantes fueron Sordariomycetes (35%), Dothideomycetes (17%), Eurotiomycetes (12%), Agaricomycetes (9%) y Mortierellomycetes (6%) (Zapata *et al.* 2022). Mayor diversidad bacteriana se ha encontrado en el suelo y la rizosfera, en comparación con la microbiota endófito y asociada a las hojas, con alfa y gamma proteobacterias predominando en todos los órganos de la planta (Birt *et al.* 2022).

Los exudados radiculares, ricos en carbono, han sido asociados con la composición y abundancia de las comunidades microbianas del suelo, y crean gradientes que atraen y alimentan a los microorganismos (Teixeira *et al.* 2024). Estos exudados, como el ácido cítrico y el ácido fumárico, favorecen la asociación con *Bacillus amyloliquefaciens* y *Bacillus subtilis* (Zhang *et al.* 2014), e influyen en las comunidades bacterianas de la rizosfera y endosfera del pseudotallo de *Musa* AAB (Sukari Ndizi), con predominio de géneros como *Steroidobacter*, *Nevskia*, y *Pseudomonas* (Nimusiima *et al.* 2015). Además, bacterias fijadoras de nitrógeno como *Bradyrhizobium* y *Mesorhizobium*, y hongos de los géneros *Aspergillus* y *Trichoderma*, han sido identificadas en el suelo y la rizosfera, conocidos por sus propiedades de control biológico y promoción del crecimiento (Kaushal *et al.* 2020a).

El uso de tecnologías de secuenciación de alto rendimiento (HTS, por sus siglas en inglés) ha revelado que la fenología de la planta influye en la composición y diversidad de las comunidades bacterianas y fúngicas. Se ha observado que la diversidad de la microbiota endófito aumenta con la madurez de la planta, con predominancia de géneros bacterianos como *Salmonella* y *Klebsiella* en explantes *in vitro*, mientras que en plantas maduras se encuentran *Halomonas*, *Erwinia*, *Citrobacter*, *Amaricoccus*, *Paracoccus*, *Kocuria* y *Micrococcus* en las raíces (Liu *et al.* 2019a). Estos resultados sugieren que los microorganismos asociados al banano provienen de las comunidades microbianas del suelo a medida que la planta crece, o bien, de la herencia de la generación anterior en el caso de los explantes (Liu *et al.* 2019b).

Los estudios descritos en esta sección destacan la importancia de conocer y aprovechar variabilidad de la microbiota según el compartimento de la planta. El suelo, como principal fuente de microorganismos para la planta, debe ser gestionado adecuadamente, las prácticas que afectan el suelo pueden tener un efecto en la microbiota de órganos cercanos como el cormo y la raíz. Además, en el cultivo de banano, el control de Sigatoka Negra (*Pseudocercospora fijiensis*) se realiza con la aplicación de fungicidas al follaje que podrían afectar la microbiota de este órgano e influir en la microbiota general de la planta. Finalmente, dado que las poblaciones microbianas podrían ser heredadas de una generación a otra, es crucial considerar los hallazgos presentados en esta sección al realizar labores como la deshija y la cosecha, que tienen un impacto directo en la próxima generación.

Dinámica de la microbiota en plantas sanas y enfermas

La microbiota del cultivo de banano está influenciada por la sanidad de la planta, esta puede estar compuesta por microorganismos beneficiosos o patógenos con riesgos y potencial para el cultivo. Entre los géneros bacterianos y fúngicos benéficos identificados en suelo de las plantaciones y en la planta, destaca *Pseudomonas* spp., *Bacillus* spp., *Streptomyces* spp. y *Trichoderma* spp. para combatir *Fusarium oxysporum*, patógeno causante de la marchitez del banano (Prigigallo *et al.* 2022). La identificación de *Trichoderma* en el suelo y su potencial para el control biológico ha sido destacado, con especies como *T. asperellum*, *T. harzianum* y *T. viride*, que actúan contra patógenos del suelo (Domínguez *et al.* 2022).

Las plantas sanas de banano han demostrado una amplia variedad de microorganismos que desempeñan roles cruciales en la promoción de la salud del cultivo. Entre los géneros bacterianos más relevantes en las raíces sanas se encuentran *Burkholderia* y *Streptomyces*, este último reconocido por su capacidad como controlador biológico debido a la producción de compuestos lipopeptídicos, que inhiben el crecimiento y esporulación de *Fusarium* (Wang *et al.* 2022a, Zolkhairi y Ismail 2022). Otros géneros bacterianos predominantes en plantas sanas son *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Cladosporium*, *Erwinia*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, *Methylobacterium* y *Pseudomonas* (**Figura 2**). Estos géneros son conocidos por sus propiedades promotoras del crecimiento vegetal y su capacidad para mejorar la resistencia a patógenos (Ortega *et al.* 2022). De estos géneros, *Bacillus* y *Pseudomonas* tienen un alto potencial para ser utilizados en el control biológico de enfermedades, gracias a su capacidad para producir compuestos antimicrobianos que inhiben el crecimiento de patógenos (Mendes *et al.* 2023, Nana *et al.* 2023, Shen *et al.* 2022, Zhang *et al.* 2014).

En las plantas de banano enfermas, la composición y abundancia de la microbiota cambia notablemente, con una mayor presencia de patógenos y una alteración de las comunidades microbianas beneficiosas (**Figura 3**). En este escenario, predominan géneros como *Acinetobacter*, *Fusarium*, *Pseudomonas*, *Dickeya* y *Erwinia* en la planta. De los anteriores, *Fusarium oxysporum* (Hong *et al.* 2023), *Dickeya* y *Erwinia* (Köberl *et al.* 2017a) están implicados en el marchitamiento de las plantas. Estos microorganismos patógenos, junto con la presencia de otros grupos bacterianos, como *Ralstonia* y *Pseudomonas*, pueden ser responsables de la reducción de la biodiversidad microbiana en las raíces, lo que afecta negativamente la salud del banano (Blomme *et al.* 2017).

A pesar de los resultados señalados anteriormente, las plantas infectadas también han exhibido otros patrones en la configuración microbiana.

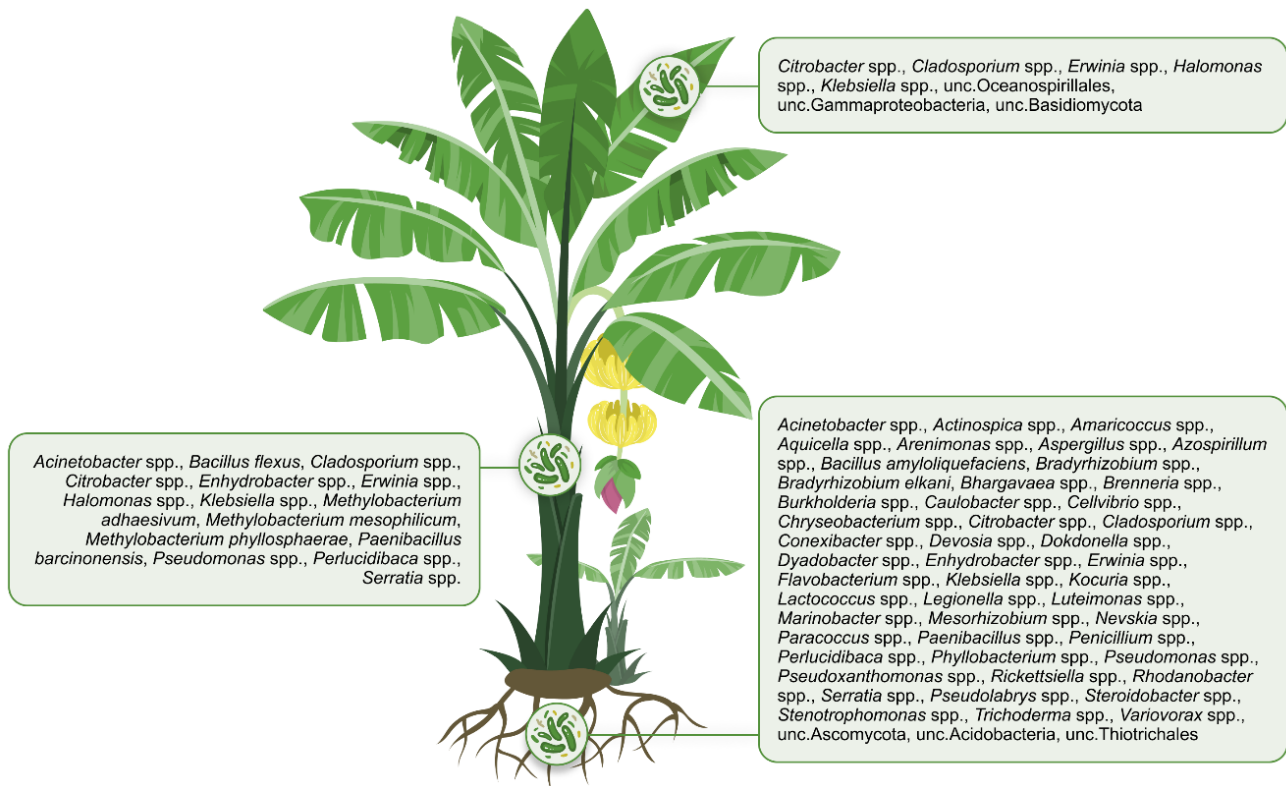


Figura 2. Diagrama de los diferentes grupos taxonómicos asociados a plantas de banano sanas (Birt *et al.* 2022 y 2023, Kaushal *et al.* 2020a, 2020b, Köberl *et al.* 2015, Köberl *et al.* 2017a).

Figure 2. Diagram of the different taxonomic groups associated with healthy banana plants (Birt *et al.* 2022 y 2023, Kaushal *et al.* 2020a, 2020b, Köberl *et al.* 2015, Köberl *et al.* 2017a).

Durante la infección por *Fusarium oxysporum* Liu *et al.* (2019a) registraron un incremento de la diversidad bacteriana y fúngica en las raíces del banano, lo que puede indicar un reclutamiento estratégico por parte de la planta para contrarrestar al patógeno. Otros autores han encontrado *Fusarium* y *Eurotium* como géneros predominantes en raíces infectadas (Liu *et al.* 2019a), y hongos como *Penicillium* y *Aspergillus*, conocidos por su capacidad para controlar a *Fusarium oxysporum* (Bubici *et al.* 2019). Estos resultados evidencian las variaciones en la respuesta de la microbiota a un proceso de infección dentro de la misma especie o cultivar. Estas variaciones han sido registradas también en otros cultivos. Mientras que en el frijol la infección por *Fusarium* promueve el establecimiento de *Bacillus*, un género asociado al control biológico de patógenos (Mendes *et al.* 2023) en tomate se ha reportado una disminución en la diversidad microbiana durante la infección por *F. oxysporum* (Zhou *et al.* 2021).

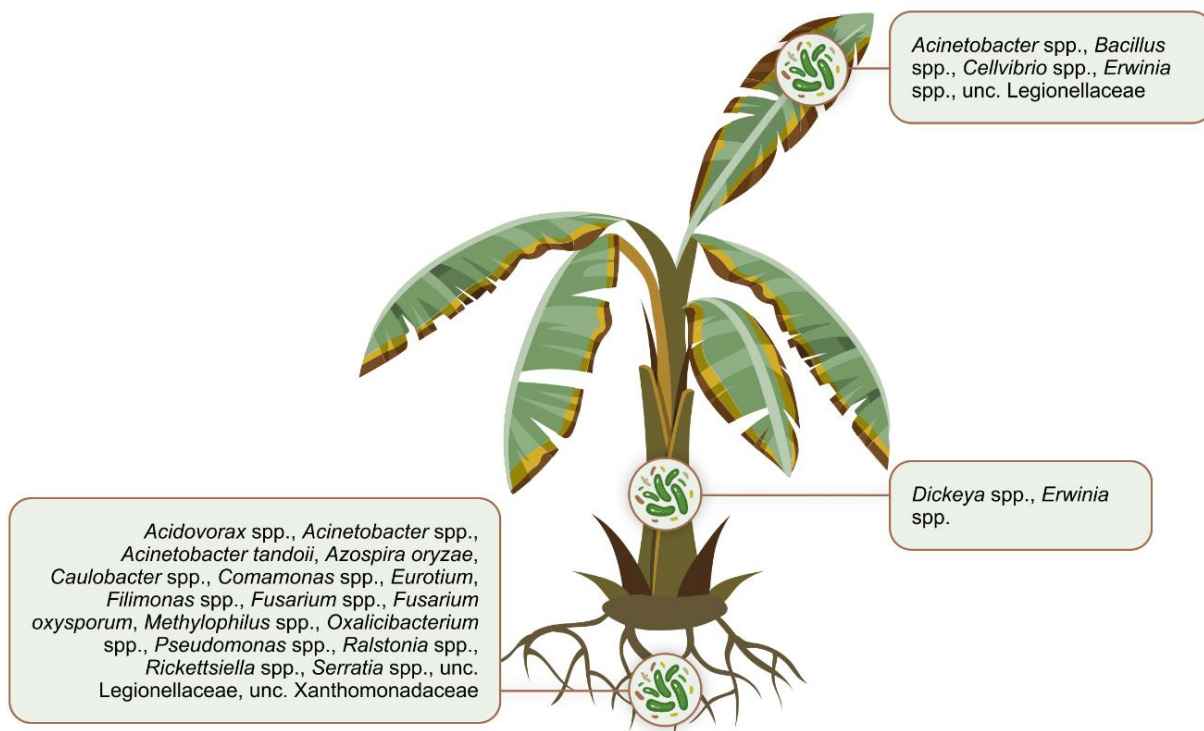


Figura 3. Diagrama de los diferentes grupos taxonómicos asociados a plantas de banano infectadas con *Fusarium oxysporum* (Jamil *et al.* 2022, Liu *et al.* 2019a, Kaushal *et al.* 2020a, 2020b, Köberl *et al.* 2017a, Shen *et al.* 2019b).

Figure 3. Diagram of the different taxonomic groups associated with banana plants infected with *Fusarium oxysporum* (Jamil *et al.* 2022, Liu *et al.* 2019a, Kaushal *et al.* 2020a, 2020b, Köberl *et al.* 2017a, Shen *et al.* 2019b).

Los resultados presentados anteriormente subrayan la importancia de monitorear la abundancia y diversidad de microorganismos benéficos y patógenos en los sistemas de producción de banano. La gestión adecuada del drenaje, la fertilización y la aplicación de enmiendas podrían ser herramientas para favorecer condiciones apropiadas para los microorganismos benéficos y desfavorable para los patógenos, como parte de un manejo integrado y preventivo. Los avances presentados en esta sección también proporcionan posibilidades valiosas para diseñar estrategias más efectivas de manejo integrado de plagas y enfermedades en el cultivo de banano, aprovechando las variaciones en la microbiota de la planta y los momentos más adecuados para realizar intervenciones.

Influencia de la gestión y las prácticas de manejo en la microbiota del suelo

La gestión de los sistemas agrícolas y las prácticas de manejo influyen significativamente en la estructura y función de la microbiota del suelo, generando efectos tanto positivos como negativos. En los sistemas de producción convencional de banano, la incorporación de insumos biológicos, como biofertilizantes, enmiendas orgánicas y biocontroladores, ha cobrado importancia en los últimos años, aunque sus efectos varían considerablemente (**Tabla 4**).

La aplicación de biofertilizantes ha demostrado múltiples beneficios, entre ellos, la reducción de la población de *Fusarium oxysporum* (Fu *et al.* 2017, Shen *et al.* 2015, Zhang *et al.* 2014), el aumento de la resistencia a Sigatoka negra (*Pseudocercospora fijiensis*) (Shen *et al.* 2019a) y la promoción de la actividad biológica y diversidad microbiana del suelo (Ortega 2013, Villalobos 2018). De manera similar, el uso de compost, enmiendas orgánicas y enmiendas a base de calcio como mejoradores del suelo ha resultado en una menor incidencia de patógenos (Zhang *et al.* 2019) y una reducción de *F. oxysporum* (Shen *et al.* 2018), además de incrementar la biomasa y actividad microbiana del suelo (Zhang *et al.* 2019). Por otro lado, la aplicación de biocontroladores, como *Bacillus* spp., *Streptomyces morookaensis*, *Pseudomonas* spp. y *Trichoderma* spp., ha potenciado la actividad antimicrobiana (Duan *et al.* 2020) y mejorado la supresión de patógenos en el suelo (Thangavelu y Gopi 2015, Xue *et al.* 2015). Estos resultados resaltan el potencial de los insumos biológicos para mejorar la salud del suelo y contribuir a una producción de banano más sostenible.

Al monocultivo continuo de banano, se le ha atribuido un cambio importante en la microbiota del suelo, que favorece la proliferación de patógenos y la reducción de su capacidad para suprimir enfermedades, lo que compromete su equilibrio biológico y funcionalidad (Ploetz *et al.* 2015). Por lo tanto, la transición hacia un nuevo esquema de manejo en la producción de banano representa tanto un desafío como una alternativa prometedora para los sistemas convencionales. El impacto de esta transición ha sido abordado en la literatura, desde el punto de vista de la rentabilidad, pero también por su efecto en la microbiota del suelo (**Tabla 5**).

Tabla 4. Efecto de diferentes prácticas agrícolas orientadas a la aplicación de insumos en la microbiota asociada al cultivo de banano.

Table 4. Effect of different agricultural practices aimed at the application of inputs on the microbiota associated with banana cultivation.

Objetivo	Práctica	Efecto en la microbiota	Referencia
Evaluar el efecto de la aplicación de insumos	Aplicación de biofertilizantes	↑ Resistencia a Sigatoka Negra (<i>Pseudocercospora fijiensis</i>)	Shen <i>et al.</i> (2019a)
		↓ <i>Fusarium oxysporum</i> , ↑ Bacterias benéficas	Zhang <i>et al.</i> (2014)
		↑ Bacterias benéficas, ↓ <i>Fusarium</i> sp.	Fu <i>et al.</i> (2017)
		↑ Diversidad bacteriana, ↓ Diversidad fúngica, ↓ <i>Fusarium</i> sp.	Shen <i>et al.</i> (2015)
		↑ Actividad biológica del suelo	Ortega (2013)
		↑ Actividad biológica del suelo	Soto (2014)
		↑ Diversidad microbiana	Villalobos (2018)
	Aplicación de biofertilizantes y compost	↑ Bacterias aeróbicas y anaeróbicas, actinomicetes y hongos	Araya (2010)
		↑ Biomasa y actividad microbiana	Araya <i>et al.</i> (2011)
		↔ Sin efecto sobre microbiota del suelo	Herrmann <i>et al.</i> (2024)
	Uso de enmiendas orgánicas y a base de calcio	↑ Microorganismos descomponedores y fijadores de nitrógeno	Shen <i>et al.</i> (2015)
		↑ Microbiota benéfica, ↓ Patógenos	Zhang <i>et al.</i> (2019)
	Aplicación de cal	↑ Microbiota supresiva	Shen <i>et al.</i> (2019a)
		↓ <i>Fusarium oxysporum</i> , ↑ <i>Bacillus</i> sp., <i>Pseudomonas</i> sp., <i>Mortierella</i> sp.	Shen <i>et al.</i> (2018)
	Fertilización convencional	↓ Respiración microbiana	Ortega (2013)
	Aplicación de bonos verdes	↓ Diversidad fúngica, ↑ Diversidad bacteriana	Yang <i>et al.</i> (2022)
	Aplicación de biocontroladores y formulaciones botánicas	↓ <i>Fusarium oxysporum</i>	Akila <i>et al.</i> (2011)
	Aplicación de <i>Piriformospora indica</i> y <i>Streptomyces morookaensis</i>	↑ Abundancia de biocontroladores, ↓ <i>Fusarium</i> sp.	Zhu <i>et al.</i> (2023)
	Aplicación de <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> NJN6	↑ <i>Bacillus</i> sp., ↓ <i>Fusarium</i> sp. en rizosfera	Xue <i>et al.</i> (2015)
	Priming con <i>Bacillus subtilis</i> en plántulas	↑ Resistencia a Sigatoka Negra (<i>Pseudocercospora fijiensis</i>)	García <i>et al.</i> (2022)
	Aplicación <i>Trichoderma</i> spp.	↑ Diversidad microbiana, ↓ <i>Fusarium oxysporum</i>	Thangavelu y Gopi (2015)
	Aplicación <i>Bacillus</i> spp. y <i>Pseudomonas</i> spp.	↑ Estimula formación de biofilms en raíces	Zhang <i>et al.</i> (2019)
	Aplicación Enterobacteriaceae	↑ Diversidad bacteriana, ↑ Abundancia de bacterias benéficas	Liu <i>et al.</i> (2019a)
	Aplicación de probióticos a base de endófitos	↑ Endófitos benéficos	Beltran <i>et al.</i> (2021)
	Aplicación <i>Streptomyces</i> spp.	↑ Actividad antimicrobiana	Duan <i>et al.</i> (2020)

↑: aumento. ↓: disminución. ↔: sin efecto.

Los sistemas agroforestales han favorecido comunidades microbianas más equilibradas y contribuido a la reducción de enfermedades en el suelo (Deltour *et al.* 2017, Köberl *et al.* 2015). De manera similar, la diversificación de cultivos se ha identificado como una estrategia clave para mejorar la microbiota del suelo y reducir la incidencia de enfermedades en plantaciones de banano. En particular, la rotación con cultivos como chile y berenjena ha promovido una mayor diversidad bacteriana (Wang *et al.* 2022a) y disminuido la incidencia de *Fusarium* spp. (Hong *et al.* 2020). Sin embargo, algunos estudios no han encontrado efectos significativos de la rotación de cultivos en la microbiota del suelo (Ntamwira *et al.* 2021), ni del uso de cultivares transgénicos (Nimusiima *et al.* 2015), lo que sugiere que la respuesta microbiana puede depender de factores adicionales, como las condiciones edafoclimáticas y el manejo agrícola.

El cambio a un sistema de manejo orgánico se ha asociado con una mayor diversidad microbiana en comparación con los sistemas convencionales (Zapata *et al.* 2022). No obstante, persisten dudas sobre la efectividad de ciertos biofertilizantes e insumos específicos en estos sistemas, lo que resalta la necesidad de estudios adicionales para evaluar su viabilidad en condiciones comerciales (Fu *et al.* 2017). Además, el debate sobre la superioridad del manejo orgánico frente al convencional sigue abierto. Un metaanálisis de 58 estudios indicó que el 38% reportó mayor diversidad microbiana en sistemas orgánicos, el 34% no encontró diferencias significativas y el 28% concluyó que el manejo convencional favorece la microbiota del suelo (Zapata *et al.* 2022). Si bien la agricultura orgánica ha demostrado potencial para incrementar la riqueza microbiana (Lupatini *et al.* 2017) y mitigar la pérdida de biodiversidad (Azarbad 2022), su implementación en sistemas comerciales de banano continúa limitada, lo que plantea la necesidad de estrategias adaptadas a las exigencias productivas y del mercado.

El uso de coberturas y el aprovechamiento de los residuos de cosecha han demostrado rasgos relevantes para la composición microbiana del suelo y promover sistemas más equilibrados (Rossmann *et al.* 2012, Shen *et al.* 2015, Vargas y Flores 1995) (**Figura 4**). El uso de coberturas vegetales en plantaciones de banano ha demostrado ser una estrategia efectiva para mejorar la retención de humedad y el secuestro de carbono, además de reducir la erosión del suelo (Delgado *et al.* 2024) y minimizar la lixiviación de nutrientes (Addiscot y Wagenet 1985, de la Cruz *et al.* 2001), en suelos de texturas francas y franco arenosas (de la Cruz *et al.* 2001). Un ejemplo de esto es el uso de *Geophila macropoda*, que ha mostrado reducir la erosión y el arrastre de partículas del suelo en sistemas bananeros (Murillo *et al.* 2016).

Tabla 5. Efecto de diferentes prácticas agrícolas orientadas al cambio de manejo y diversificación en la microbiota asociada al cultivo de banano.

Table 5. Effect of different agricultural practices aimed at changing management and diversification on the microbiota associated with banana cultivation.

Objetivo	Práctica	Efecto en la microbiota	Referencia
Evaluar el efecto del cambio de manejo y la diversificación en los sistemas convencionales	Implementación de sistemas agroforestales	↑ Diversidad microbiana	Köberl <i>et al.</i> (2015)
		↑ Bacterias benéficas	
		↑ Diversidad microbiana del suelo	Deltour <i>et al.</i> (2017)
	Rotación: Banano/chile dulce - Banano/berenjena - Banano/leguminosas/amaranto - Banano/piña	↑ Microbiota resiliente a estrés	Sánchez <i>et al.</i> (2024)
		↓ <i>Fusarium oxysporum</i> , ↑ Diversidad microbiana	Hong <i>et al.</i> (2020)
		↑ Microbiota antagonista	Hong <i>et al.</i> (2023)
		↔ Sin efecto sobre microbiota del suelo	Ntamwira <i>et al.</i> (2021)
		↑ Diversidad microbiana, ↓ <i>Fusarium</i> sp.	Wang <i>et al.</i> (2022a)
	Uso de cultivos transgénicos	↔ Sin efecto sobre microbiota del suelo.	Nimusiima <i>et al.</i> (2015)
	Manejo orgánico	↑ Diversidad en suelo y rizósfera	Zapata <i>et al.</i> (2022)
		↔ Sin efecto sobre microbiota del suelo	Kost <i>et al.</i> (2024)
		↑ Diversidad microbiana y promotores del crecimiento vegetal	Zapata <i>et al.</i> (2022)

↑: aumento. ↓: disminución. ↔: sin efecto.

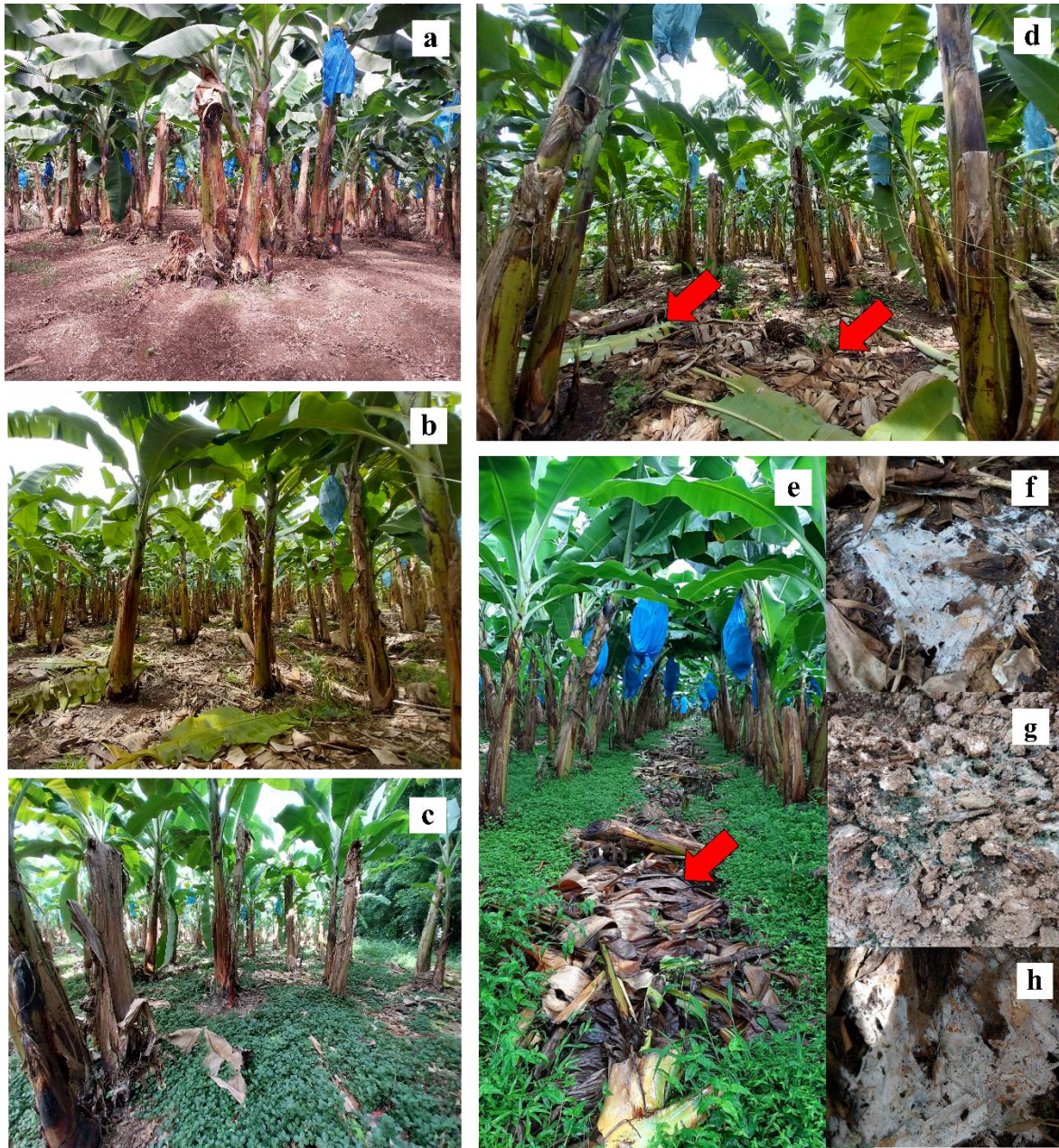


Figura 4. Plantación de banano de la región Huetar Caribe de Costa Rica con el suelo descubierto (a), con cobertura de vegetación nativa y residuos de cosecha (b), y con uso *Pilea nummulariifolia* como cobertura (c). Presencia de residuos de cosecha en una plantación comercial (d) y una siembra nueva (e), en los que se pueden encontrar crecimientos microbianos (f, g, h).

Figure 4. Banana plantation from the Huetar Caribe region of Costa Rica with uncovered soil (a), with native vegetation cover and crop residues (b), and with *Pilea nummulariifolia* as cover (c). Presence of crop residues in a commercial plantation (d) and a new planting (e), in which microbial growths can be found (f, g, h).

A pesar de que absorben nutrientes, estas coberturas funcionan como sumideros temporales que, al descomponerse, los reincorporan progresivamente al suelo (Ramos *et al.* 2016). Además, otras coberturas del grupo de las leguminosas tienen el potencial para fijar hasta 150 kg de nitrógeno por hectárea, de los cuales entre el 30-40% es aprovechado por el cultivo (Soto 2014). Estos beneficios se alinean con hallazgos globales que destacan cómo el uso de coberturas mejora la porosidad del suelo, aumenta la infiltración del agua y eleva la materia orgánica entre un 7 y 74%, lo que fortalece la salud del suelo y su sostenibilidad productiva (Çerçioğlu *et al.* 2025). No obstante, se requieren más estudios para comprender mejor su impacto en la microbiota del suelo y optimizar su manejo en el contexto del monocultivo bananero.

El cultivo de banano genera entre 150 y 200 toneladas de biomasa por hectárea, de las cuales el 67% corresponde a residuos de la cosecha como pseudotallo, hojas y raquis, ricos en biopolímeros como celulosa y lignina (Villalobos 2018). La degradación de estos residuos es impulsada por comunidades microbianas que incluyen *Burkholderia* spp., *Aeromonas* spp. y *Flavobacterium* spp., con tasas de descomposición entre el 21,4% y el 50,5% en los primeros siete días, según la relación carbono-nitrógeno del material (Villalobos 2018).

La liberación de los nutrientes contenidos en estos residuos ocurre en dos fases: primero, por la fragmentación mecánica causada por artrópodos, y luego, mediante la mineralización microbiana, que transforma los compuestos orgánicos en formas inorgánicas asimilables por la planta (Flores y Vargas 1991). Micronutrientes como Mn, Fe, Zn y Cu tienden a acumularse en la materia orgánica en descomposición al formar complejos con ácidos húmicos y fúlvicos (Flores y Vargas 1992). Incorporar consorcios microbianos con actividad celulolítica, lignolítica y hemicelulolítica, o potenciar los que ya existen en las plantaciones (Villalobos 2018), ha sido señalado como una estrategia clave para mejorar la descomposición de la biomasa y la reincorporación de nutrientes al suelo (de Lima Brossi *et al.* 2016, Fanin *et al.* 2016). Aunque estos mecanismos favorecen la sostenibilidad del cultivo, se requiere mayor investigación para optimizar su manejo y maximizar sus beneficios.

Microbiota no identificada: potencial para el cultivo de banano

En las secciones anteriores se han detallado algunos rasgos de la microbiota conocida y asociada al banano, con énfasis en su aplicación práctica en la producción y manejo del cultivo. A pesar de estos avances, una proporción significativa de su microbiota sigue sin identificarse, con hasta un 58% de las secuencias fúngicas y un 4% de las bacterianas aún sin clasificar en distintos estudios (Shen *et al.* 2015).

Este reservorio microbiano no descrito podría albergar microorganismos con propiedades biofertilizantes y biocontroladoras, y ofrecer un gran potencial para mejorar la productividad y sostenibilidad del cultivo (Kaushal *et al.* 2020a, Shen *et al.* 2015).

La exploración de estos microorganismos no identificados abre nuevas posibilidades para el control biológico de enfermedades y plagas de alto impacto en el cultivo de banano, incluidas *Ralstonia solanacearum*, *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 y *Pseudocercospora fijiensis*.

Un porcentaje considerable de estos microorganismos pertenece al grupo de los endófitos, entre los que destacan aquellos presentes en el pseudotallo del banano, conocidos por sus propiedades promotoras del crecimiento vegetal (Vo *et al.* 2022). Además, dentro de este grupo, algunas bacterias y hongos han demostrado actividad antagonista contra *Radopholus similis* (Chávez *et al.* 2009) y especies del género *Trichoderma* con capacidad supresora de *Fusarium* (Taribuka *et al.* 2017). Su estudio y aplicación permitirían el desarrollo de bioestimulantes y estrategias de biocontrol, lo que reduciría la dependencia de agroquímicos y favorecería una producción más sostenible y eficiente.

Otro aspecto clave de la microbiota no descrita es su potencial como fuente de metabolitos y genes de interés agrícola. Este reservorio microbiano podría contener compuestos bioactivos con aplicaciones en la protección del cultivo, como antibióticos naturales o metabolitos antifúngicos, abriendo nuevas oportunidades para el desarrollo de innovaciones biotecnológicas en la sanidad vegetal (Kaushal *et al.* 2020b, Liu *et al.* 2019a). En este contexto, la generación de conocimiento sobre la microbiota del banano no solo amplía las posibilidades de manejo agrícola, sino que también proporciona herramientas clave para el desarrollo de prácticas más sostenibles. La manipulación dirigida de comunidades microbianas benéficas podría reducir la necesidad de pesticidas y fertilizantes químicos, promoviendo un sistema de producción más resiliente y ambientalmente responsable (Azarbad 2022, Lupatini *et al.* 2017).

Conclusiones

El estudio de la microbiota asociada al cultivo de banano en Costa Rica y otras regiones del mundo ha revelado su relevancia para la salud del suelo y la productividad del cultivo. La microbiota del banano está influenciada por múltiples factores, como la sanidad de la planta, las condiciones edafoclimáticas y las prácticas de manejo agrícola. Los avances en técnicas independientes de cultivo, como la secuenciación masiva de ADN, posibilitaron una caracterización más precisa y detallada de las comunidades microbianas presentes en distintos compartimentos de la planta y el suelo, lo que permitió superar las limitaciones de los métodos tradicionales.

Se ha evidenciado que la microbiota del banano puede actuar como un indicador de la salud del suelo y la sostenibilidad del cultivo, al reflejar el impacto de las prácticas de manejo en la composición microbiana. Estrategias como el uso de coberturas, el aprovechamiento de los residuos orgánicos, la aplicación de biofertilizantes, enmiendas orgánicas y rotación de cultivos han mostrado potencial para mejorar la diversidad microbiana y reducir la incidencia de enfermedades. Además, la exploración de microorganismos no identificados abre nuevas oportunidades para el desarrollo de bioinsumos con aplicaciones en el control biológico y la promoción del crecimiento vegetal.

La investigación en este campo continúa como un desafío, especialmente en Costa Rica, donde el uso de tecnologías avanzadas es aún limitado. Sin embargo, el conocimiento generado hasta el momento establece las bases para la aplicación de estrategias que favorezcan un manejo más sostenible y eficiente del cultivo de banano.

Agradecimientos

A la Universidad de Costa Rica por el tiempo brindado para realizar esta revisión de literatura. Esta revisión fue uno de los objetivos de los cursos: Problemas especiales en ciencias del suelo I: Fundamentos de Bioinformática y análisis de comunidades microbianas con Qiime2®, y Problemas especiales en ciencias del suelo II: Microbioma de suelo en musáceas, del Programa de estudio del Posgrado en Ciencias Agrícolas y Recursos Naturales con énfasis en Suelos.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no hay conflicto de intereses.

Literatura citada

Acón-Ho, J; Alpízar, L; Wing Ching-Jones, R. 2013. Percolación y lixiviación de nutrimentos en suelos bananeros al este del río Reventazón, Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana* 24(2):329-336. DOI: <https://doi.org/10.15517/am.v24i2.12532>

Addiscot; T; Wagenet, R. 1985. Concepts of solute leaching in soils: a review of modelling approaches. *Journal of soil science* 36:411-124. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2389.1985.tb00347.x>

Afanador, L; Coca, D; Vargas, A; Bautista, M; Mendoza, A; Vallejo, V. 2020. Evaluation of soil quality in agroecosystems of Colombia through the selection of a minimum data set. Colombia Forestal 23(1):35-50. DOI: <https://doi.org/10.14483/2256201x.14856>

Akila, R; Rajendran, L; Harish, S; Saveetha, K; Raguchander, T; Samiyappan, R. 2011. Combined application of botanical formulations and biocontrol agents for the management of *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense (Foc) causing Fusarium wilt in banana. Biological Control 57(3):175-183. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2011.02.010>

Araya, F. 2010. Producción y caracterización de bioles para su uso en el cultivo de banano (*Musa* sp.), Río Frío, Sarapiquí, Heredia, Costa Rica (en línea). Tesis Lic. Cartago, Costa Rica, Instituto Tecnológico de Costa Rica. 124 p. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <https://hdl.handle.net/2238/3168>

Araya, M; Serrano, E; Vargas, A. 2011. Relación entre el contenido de nutrientes en suelo y raíces de banano (*Musa* AAA) con el peso de raíces y número de nematodos (en línea). Fitosanidad 15(3):163-177. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=209122682006>

Azarbad, H. 2022. Conventional vs. organic agriculture: which one promotes better yields and microbial resilience in rapidly changing climates? Frontiers in Microbiology 13:903500. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.903500>

Backiyarani, S; Uma, S; Anuradha, C; Chandrasekar, A. 2022. Application of “omics” in banana improvement. In Rout, G; Peter, K (eds.). Omics in horticultural crops. p. 165-191. Academic Press. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-89905-5.00006-9>

Banerjee, S; van der Heijden, M. 2023. Soil microbiomes and one health. Nature Reviews Microbiology 21:6-20. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00779-w>

Beltrán, MJ; Martínez, A; Olmos, I; Valdez, B; Chávez, YY; Di Mascio, P; White, JF. 2021. Probiotic endophytes for more sustainable banana production. Microorganisms 9(9):1805. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091805>

Birt, HW; Pattison, AB; Skarszewski, A; Daniells, J; Raghavendra, A; Dennis, PG. 2022. The core bacterial microbiome of banana (*Musa* spp.). *Environmental Microbiome* 17(1):46. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40793-022-00442-0>

Birt, HW; Pattison, AB; Skarszewski, A; Daniells, J; Raghavendra, A; Dennis, PG. 2023. The core fungal microbiome of banana (*Musa* spp.). *Frontiers in Microbiology* 14:1127779. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1127779>

Blomme, G; Dita, M; Jacobsen, K; Pérez, L; Molina, A; Ocimati, W; Poussier, S; Prior, P. 2017. Bacterial diseases of bananas and enset: Current state of knowledge and integrated approaches toward sustainable management. *Frontiers in Plant Science* 8:1290. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01290>

Brühl, CA; Andres, MA; Echeverria, S; Bundschuh, M; Knäbel, A; Mena, F; Stehle, S. 2023. Pesticide use in banana plantations in Costa Rica: a review of environmental and human exposure, effects, and potential risks. *Environment International* 174:107877. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.envint.2023.107877>

Bubici, G; Kaushal, M; Prigigallo, MI; Gómez, C; Mercado, J. 2019. Biological control agents against *Fusarium* wilt of banana. *Frontiers in Microbiology* 10:616. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00616>

Çerçioğlu, M; Udawatta, RP; Anderson, SH. 2025. Use of cover crops for sustainable management of soil condition and health: A review. *Soil Security* 18:100177. <https://doi.org/10.1016/j.soisec.2025.100177>

Chaves, NP; Pocasangre, LE; Elango, F; Rosales, FE; Sikora, R. 2009. Combining endophytic fungi and bacteria for the biocontrol of *Radopholus similis* (Cobb) Thorne and for effects on plant growth. *Scientia Horticulturae* 122(3):472-478. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.05.025>

CORBANA (Corporación Bananera Nacional). 2024. Estadísticas de exportación bananera 2023. Editorial Mundo Creativo S.A. Costa Rica. 70 p.

Dassou, AG; Tovignan, S; Vodouhè, F; Vodouhè, SD. 2023. Meta-analysis of agroecological technologies and practices in the sustainable management of banana pests and diseases. *Environment, Development and Sustainability* 26:21937-21954. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10668-023-03570-w>

de la Cruz, R; Rojas, C; Lobón, H; Burgos, C. 2001. El papel de las malezas en la reducción de la lixiviación en cultivos de banano en el trópico húmedo (en línea). *Manejo integrado de plagas* 62:29-37. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <https://www.sidalc.net/search/Record/KOHA-OAI-BVE:138217>

de Lima Brossi, MJ; Jiménez, DJ; Cortes, L; van Elsas, JD. 2016. Soil-derived microbial consortia enriched with different plant biomass reveal distinct players acting in lignocellulose degradation. *Microbial ecology* 71:616-627. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00248-015-0683-7>

Delgado, BL; Danilo, OJ; Pérez, ZJ; Bernal, MM; Zapata, HS; Castañeda, SD; Mayerli, VL. 2024. Evaluación de pérdida de suelos en plantaciones de banano (*Musa* AAA) en la zona de Urabá, Colombia. *Acorbat Revista de Tecnología y Ciencia* 1(1):108-116. DOI: <https://doi.org/10.62498.AR TC.2415>

Delgado, E; Trejos, J; Villalobos, M; Martínez, G; Lobo, D; Rey, J; Rodríguez, G; Rosales, F; Pocasangre, L. 2010. Determinación de un índice de calidad y salud de suelos para plantaciones bananeras en Venezuela (en línea). *Interciencia* 35(12):927-933. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en www.musalit.org/seeMore.php?id=13210

Deltour, P; França, SC; Pereira, OL; Cardoso, I; De Neve, S; Debode, J; Höfte, M. 2017. Disease suppressiveness to Fusarium wilt of banana in an agroforestry system: influence of soil characteristics and plant community. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 239:173-181. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.01.018>

Domínguez, Y; Quevedo, J; García, R; Chabla, J. 2022. Microbiota del suelo bananero: Identificación, selección, propagación y conservación de hongos benéficos. *Revista Científica Agroecosistemas* 10(1):104-114. Disponible en <https://aes.ucf.edu.cu/index.php/aes/article/view/524>

Duan, Y; Chen, J; He, W; Chen, J; Pang, Z; Hu, H; Xie, J. 2020. Fermentation optimization and disease suppression ability of a *Streptomyces* sp. FS-4 from banana rhizosphere soil. BMC Microbiology 20:24. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12866-019-1688-z>

Durango, W; Uribe, L; Henríquez, C; Mata, R. 2015. Respiración, biomasa microbiana y actividad fosfatasa del suelo en dos agroecosistemas y un bosque en Turrialba, Costa Rica. Agronomía Costarricense 39(1):59-68. DOI: <https://doi.org/10.15517/rac.v39i1.19543>

Fanin, N; Moorhead, D; Bertrand, I. 2016. Eco-enzymatic stoichiometry and enzymatic vectors reveal differential C, N, P dynamics in decaying litter along a land-use gradient. Biogeochemistry 129(1-2):21-36. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10533-016-0217-5>

Flores, C; Vargas, R. 1991. Liberación de nutrientes por los residuos vegetales en suelos bajo cultivo de banano en la Zona Atlántica de Costa Rica (en línea). In Contreras, MA; Guzmán, JA; Carrasco, LR (eds.). Memorias X Reunión de ACORBAT. Tabasco, México. p. 59-64. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en www.musalit.org/seeMore.php?id=2535

Flores, C; Vargas, R. 1992. Descomposición de los residuos vegetales en suelos bajo cultivo intensivo de banano en la Zona Atlántica de Costa Rica (en línea). In Contreras, MA; Guzmán, JA; Carrasco, LR (eds.). Memorias X Reunión de ACORBAT. Tabasco, México. p. 51-58. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en www.musalit.org/seeMore.php?id=1909

Fu, L; Penton, CR; Ruan, Y; Shen, Z; Xue, C; Li, R; Shen, Q. 2017. Inducing the rhizosphere microbiome by biofertilizer application to suppress banana Fusarium wilt disease. Soil Biology & Biochemistry 104:39-48. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.10.008>

García, G; Posada, LF; Pérez, JE. 2022. *Bacillus subtilis* EA-CB0575 inoculation of micropropagated banana plants suppresses black Sigatoka and induces changes in the root microbiome. Plant and Soil 479:513-527. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11104-022-05540-z>

Gauggel, C; Sierra, F; Arévalo, G. 2005. The problem of banana root deterioration and its impact on production: Latin America's experience (en línea). In Turner, D; Rosales, F (eds.). Banana root system: Towards a better understanding for its productive management. p. 13-22. International Network for the Improvement of Banana and Plantain. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <https://hdl.handle.net/10568/104730>

Golubouay, J; Vega, H. 1988. La actividad bananera en Costa Rica. In Facultad Latinoamericana de Ciencias Sociales (ed.). Cambio y continuidad en la economía bananera. Centro de Estudios Democráticos de América Latina. p. 131-161.

Gómez, C; Fernández, AJ; Cardoni, M; Valverde, A; López, J; Fernández, M; Mercado, J. 2021. The banana root endophytome: Differences between mother plants and suckers and evaluation of selected bacteria to control *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. Journal of Fungi 7(3):194. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof7030194>

González, H; Pedraza, A; Zambrano, M; Escalante, H; Rodríguez, G; Soto, A. 2021. Edaphic microbiota in plantain lots of contrasting vigor and relationships with soil properties (en línea). Bioagro 33(2):143-151. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <link.gale.com/apps/doc/A661739554/AONE?>

Hassani, M. A; Durán, P; Hacquard, S. 2018. Microbial interactions within the plant holobiont. Microbiome 6:58. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0445-0>

Herrmann, MN; Griffin, LG; John, R; Mosquera, SF; Nkebiwe, PM; Chen, X; Yang, H; Müller, T. 2024. Limitations of soil-applied non-microbial and microbial biostimulants in enhancing soil P turnover and recycled P fertilizer utilization - a study with and without plants. Frontiers in Plant Science 15:1465537. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1465537>

Hirsch, PR; Mauchline, TH; Clark, IM. 2010. Culture-independent molecular techniques for soil microbial ecology. Soil Biology and Biochemistry 42(6):878-887. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2010.02.019>

Hong, S; Jv, H; Lu, M; Wang, B; Zhao, Y; Ruan, Y. 2020. Significant decline in banana *Fusarium* wilt disease is associated with soil microbiome reconstruction under chilli pepper-banana rotation. European Journal of Soil Biology 97:103154. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2020.103154>

Hong, S; Yuan, X; Yang, J; Yang, Y; Jv, H; Li, R; Jia, Z; Ruan, Y. 2023. Selection of rhizosphere communities of diverse rotation crops reveals unique core microbiome associated with reduced banana *Fusarium* wilt disease. New Phytologist 238(5):2194-2209. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.18816>

Jamil, A; Hamid, M; Nasir, M; Fahad, S. 2022. Analysis of soil bacterial communities and physicochemical properties in banana plantations of Malaysia. Scientific Reports 12:4886. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-04886-9>

Jansson, JK; Hofmockel, KS. 2020. Soil microbiomes and climate change. Nature Reviews Microbiology 18(1):35-46. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0265-7>

Jinming, Y; Duan, Y; Liu, X; Sun, M; Wang, Y; Liu, M; Zhu, Z; Zongzhuan, S; Gao, W; Wang, B; Chang, C; Li, R. 2022. Reduction of banana *Fusarium* wilt associated with soil microbiome reconstruction through green manure intercropping. Agriculture Ecosystems & Environment 337:108065. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agee.2022.108065>

Kaushal, M; Mahuku, G; Swennen, R. 2020a. Metagenomic insights of the root colonizing microbiome associated with symptomatic and non-symptomatic bananas in *Fusarium* wilt infected fields. Plants 9(2):263. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants9020263>

Kaushal, M; Swennen, R; Mahuku, G. 2020b. Unlocking the microbiome communities of banana (*Musa* spp.) under disease stressed (*Fusarium* wilt) and non-stressed conditions. Microorganisms 8(3):443. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030443>

Kaushal, M; Kolombia, Y; Alakonya, AE; Kuate, AF; Ortega-Beltran, A; Amah, D; Masso, C. 2022. Subterranean microbiome affiliations of plantain (*Musa* spp.) under diverse agroecologies of western and central Africa. Microbial ecology 84(2):580-593. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00248-021-01873-x>

Köberl, M; Dita, M; Martinuz, A. 2017a. Members of Gammaproteobacteria as indicator species of healthy banana plants on *Fusarium* wilt-infested fields in Central America. Scientific Reports 7: 45318. DOI: <https://doi.org/10.1038/srep45318>

Köberl, M; Dita, M; Martinuz, A; Staver, C; Berg, G. 2015. Agroforestry leads to shifts within the *Gammaproteobacteria* microbiome of banana plants cultivated in Central America. Frontiers in Microbiology 6: Article 91. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00091>

Köberl, M; Dita, M; Nimusiima, J; Tumuhairwe, J. B; Kubiriba, J; Staver, C; Berg, G. 2017b. The banana microbiome: stability and potential health indicators. Acta Horticulturae 1196:1-8. DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1196.1>

Kost, E; Kundel, D; Conz, RF; Mäder, P; Krause, HM; Six, J; Hartmann, M. 2024. Soil microbial resistance and resilience to drought under organic and conventional farming. European Journal of Soil Biology 123:103690. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2024.103690>

Liu, Y; Zhu, A; Tan, H. 2019a. Engineering banana endosphere microbiome to improve *Fusarium* wilt resistance in banana. Microbiome 7:74. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0690-x>

Liu, Z; Marella, C; Hartmann, A; Hajirezaei, M; von Wirén, N. 2019b. An age-dependent sequence of physiological processes defines developmental root senescence. Plant Physiology 181(3):993-1007. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.19.00809>

Lupatini, M; Korthals, GW; Janssens, TK; Kuramae, EE. 2017. Soil microbiome is more heterogeneous in organic than in conventional farming systems. Frontiers in Microbiology 7:2064. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.02064>

Lyu, D; Zajonc, J; Pagé, A; Tanney, C; Shah, A; Monjezi, N; Msimbira, L; Antar, M; Nazari, M; Backer, R; Smith, D. 2021. Plant holobiont theory: the phytomicrobiome plays a central role in evolution and success. *Microorganisms* 9(4):675. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms9040675>

Martínez, GE; Rey, JC; Pargas, RE; Manzanilla, EE. 2020. *Fusarium* wilt by tropical race 4: current status and presence in the American continent. *Agronomía Mesoamericana* 31(1):259-276. DOI: <https://doi.org/10.15517/am.v31i1.37925>

Mendes, LW; Raaijmakers, JM; De Hollander, M; Sepo, E; Gómez, R; Chiorato, AF; Carrión, VJ. 2023. Impact of the fungal pathogen *Fusarium oxysporum* on the taxonomic and functional diversity of the common bean root microbiome. *Environmental Microbiome* 18(1):68. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40793-023-00524-7>

Murillo, J; Méndez, V; Brenes, S. 2016. Efecto de *Geophila macropoda* (Rubiaceae) como arvense de cobertura en la erosión hídrica en bananales de Guápiles, Limón, Costa Rica. *Cuadernos de Investigación UNED* 8(2):217-223. DOI: <http://dx.doi.org/10.22458/urj.v8i2.1564>

Nana, L; Tao, C; Ou, Y; Wang, J; Deng, X; Liu, H; Shen, Z; Li, R; Shen, Q. 2023. Root-associated antagonistic *Pseudomonas* spp. contribute to soil suppressiveness against banana *Fusarium* wilt disease. *Microbiology Spectrum* 11(2):e03525-22. DOI: <https://doi.org/10.1128/spectrum.03525-22>

Nimusiima, J; Köberl, M; Tumuhairwe, J. 2015. Transgenic banana plants expressing *Xanthomonas* wilt resistance genes revealed a stable non-target bacterial colonization structure. *Scientific Reports* 5: 18078. DOI: <https://doi.org/10.1038/srep18078>

Ntamwira, J; Ocimati, W; Kearsley, E; Safari, N; Bahati, L; Amini, D; Blomme, G. 2021. The integration of shade-sensitive annual crops in *Musa* spp. plantations in South Kivu, Democratic Republic of Congo. *Agronomy* 11(2):368. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy11020368>

Olivares, BO; Rey, JC; Perichi, G; Lobo, D. 2022. Relationship of microbial activity with soil properties in banana plantations in Venezuela. *Sustainability* 14(20):13531. DOI: <https://doi.org/10.3390/su142013531>

Ortega, RM. 2013. Evaluación del efecto de la aplicación de dos recetas de biofermentos (bioles) sobre propiedades físicas, químicas y microbiológicas de un suelo dedicado al cultivo de banano (*Musa* AAA) en el Caribe de Costa Rica (en línea). Tesis Lic, Universidad de Costa Rica. 81 p. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <https://repositorio.sibdi.ucr.ac.cr/handle/123456789/2792>

Ortega, RM; Torres, P; Segura, R; Echeverría, F; Uribe, L. 2022. *Bacillus cereus* isolates on the growth and nitrogen content in banana (*Musa* AAA). Agronomía Mesoamericana 33(3):49614. DOI: <https://doi.org/10.15517/am.v33i3.49614>

Paladines, A; León, A; Ramirez, DX; Zapata, CG. 2022. Caracterización del microbioma foliar de banano y su variación en presencia del patógeno Sigatoka Negra (*Pseudocercospora fijiensis*). ACI Avances en Ciencias e Ingenierías 14(1):1-16. DOI: <https://doi.org/10.18272/aci.v14i1.2299>

Ploetz, RC; Kema, GH; Ma, LJ. 2015. Impact of diseases on export and smallholder production of banana. Annual review of phytopathology 53(1):269-288. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080614-120305>

Prigigallo, MI; Gómez, C; Mercado, J; Bubici, G. 2022. Designing a synthetic microbial community devoted to biological control: the case study of *Fusarium* wilt of banana. Frontiers in Microbiology 13:967885. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.967885>

Prosser, JI. 2015. Dispersing misconceptions and identifying opportunities for the use of 'omics' in soil microbial ecology. Nature Reviews Microbiology 13(7):439-446. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrmicro3468>

Rames, E; Pattison, A; Czislawski, E; Smith, M. 2018. Soil microbial community changes associated with ground cover management in the cultivation of Ducasse banana (*Musa* sp. ABB, Pisang Awak subgroup) and suppression of *Fusarium oxysporum*. Australasian Plant Pathology 47(4):449-462. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13313-018-0578-4>

Ramos, E; Sol, Á; Guerrero, A; Obrador, J. 2016. Absorción de N, P y K por *Arachis pintoi* y arvenses asociadas a *Musa* AAB. Revista mexicana de ciencias agrícolas 7(14):2657-2670. DOI: <https://doi.org/10.29312/remexca.v0i14.436>

Rivera, A; Vázquez, D; Fernández, J; Rosete, M; Cesa, C; Morales, Y; Muñoz, J; Quintero, V. 2021. Aportes y dificultades de la metagenómica de suelos y su impacto en la agricultura. *Acta Biológica Colombiana* 26(3):449-461. DOI: <https://doi.org/10.15446/abc.v26n3.85760>

Rodríguez, A. 2009. Resultados del programa de análisis microbiológico de muestras de suelo, abonos orgánicos y biofermentos. *In* Sandoval, J (ed.). Informe anual de investigaciones Corporación Bananera Nacional. Editorial Grupo Diseños Impresos S.A. 321 p.

Rossmann, B; Müller, H; Smalla, K; Mpiira, S; Tumuhairwe, J; Staver, C; Berg, G. 2012. Banana-associated microbial communities in Uganda are highly diverse but dominated by Enterobacteriaceae. *Applied and Environmental Microbiology* 78(14):4933-4941. DOI: <https://doi.org/10.1128/AEM.00772-12>

Sánchez, A.; Gómez, R.; Rojas, L. 2024. Sistemas agrícolas diversificados y microbioma del suelo. *Global Food Security* 43:100820. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gfs.2024.100820>

Segura, R; Serrano, E; Pocasangre, L; Acuña, O; Bertsch, F; Stoorvogel, J; Sandoval, J. 2015. Chemical and microbiological interactions between soils and roots in commercial banana plantations (*Musa* AAA, cv. Cavendish). *Scientia Horticulturae* 197:66-71. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.10.028>

SEPSA (Secretaría Ejecutiva de Planificación Sectorial Agropecuaria). 2022. Boletín estadístico agropecuario (N°. 32) (en línea). Ministerio de Agricultura y Ganadería de Costa Rica. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en http://www.sepsa.go.cr/productos_BE.html

Serrano, E. 2005. Relationship between functional root content and banana yield in Costa Rica. *In* Turner, D; Rosales, F (eds.). Banana root system: towards a better understanding for its productive management (en línea). p. 25-34. International Network for the Improvement of Banana and Plantain. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <https://hdl.handle.net/10568/104730>

Shen, Z; Ruan, Y; Chao, X; Zhang, J; Rong, L; Shen, Q. 2015. Rhizosphere microbial community manipulated by two years of consecutive biofertilizer application associated with banana *Fusarium* wilt disease suppression. *Biology and Fertility of Soils* 51:553-562. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00374-015-1002-7>

Shen, Z; Thomashow, L; Ou, Y; Tao, C; Wang, J; Xiong, W; Liu, H; Li, R; Shen, Q; Kowalchuk, G. 2022. Shared core microbiome and functionality of key taxa suppressive to banana *Fusarium* wilt. *Research* 2022:9818073. DOI: <https://doi.org/10.34133/2022/9818073>

Shen, Z; Wang, B; Zhu, J; Hu, H; Tao, C; Ou, Y; Deng, X; Ling, N; Li, R; Shen, Q. 2019a. Lime and ammonium carbonate fumigation coupled with bio-organic fertilizer application steered banana rhizosphere to assemble a unique microbiome against Panama disease. *Microbial Biotechnology* 12(3):515-527. DOI: <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13391>

Shen, Z; Xue, C; Penton, R; Thomashow, L; Zhang, N; Wang, B; Ruan, Y; Li, R; Shen, Q. 2019b. Suppression of banana Panama disease induced by soil microbiome reconstruction through an integrated agricultural strategy. *Soil Biology and Biochemistry* 128:164-174. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.10.016>

Shen, Z; Xue, C; Taylor, P. 2018. Soil pre-fumigation could effectively improve the disease suppressiveness of biofertilizer to banana *Fusarium* wilt disease by reshaping the soil microbiome. *Biology and Fertility of Soils* 54(7):793-806. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00374-018-1303-8>

Singh, S; Aghdam, S. A; Lahowetz, R. M. 2023. Metapangenomics of wild and cultivated banana microbiome reveals a plethora of host-associated protective functions. *Environmental Microbiome* 18:36. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40793-023-00493-x>

Soto, M. 2014. Bananos, conceptos básicos. Cartago, Costa Rica: Tecnológico de Costa Rica. 338 p.

Stefani, FO; Bell, TH; Marchand, C; De La Providencia, IE; El Yassimi, A; St-Arnaud, M; Hijri, M. 2015. Culture-dependent and -independent methods capture different microbial community fractions in hydrocarbon-contaminated soils. *Plos one* 10(6):e0128272. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128272>

Stewart, E.J. 2012. Growing unculturable bacteria. *Journal of Bacteriology* 194(16):4151-4160. DOI: <https://doi.org/10.1128/jb.00345-12>

Su, C; Lei, L; Duan, Y; Zhang, K. Q; Yang, J. 2012. Culture-independent methods for studying environmental microorganisms: methods, applications, and perspectives. *Applied Microbiology and Biotechnology* 93(5):993-1003. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00253-011-3800-7>

Taribuka, J; Wibowo, A; Widyastuti, S. M; Sumardiyono, C. 2017. Potency of six isolates of biocontrol agents endophytic *Trichoderma* against *Fusarium* wilt on banana. *Journal of Degraded and Mining Lands Management* 4(2):723-730. DOI: <https://doi.org/10.15243/jdmlm.2017.042.723>

Teixeira, PP; Vidal, A; Teixeira, AP; Souza, IF; Hurtarte, LC; Silva, DH; Silva, IR. 2024. Decoding the rhizodeposit-derived carbon's journey into soil organic matter. *Geoderma* 443:116811. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2024.116811>

Thangavelu, R; Gopi, M. 2015. Combined application of native *Trichoderma* isolates possessing multiple functions for the control of *Fusarium* wilt disease in banana cv. Grand Naine. *Biocontrol Science and Technology* 25(10):1147-1164. DOI: <https://doi.org/10.1080/09583157.2015.1036727>

Torres, PE; Cotes, AM; Echeverría, F; Blanco, FA; Sandoval, JA; Segura, RA; Palomares, JE. 2023. Ensilaged biostimulants promoting root health and control of *Radopholus similis* in banana (*Musa* AAA) cv. Grande Naine. *European Journal of Plant Pathology* 165(3):465-474. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-022-02617-4>

Vargas, R. 2006. Biodiversity in humid tropical banana plantations where there has been long-term use of crop protection products. *Agronomía Costarricense* 30(2):83-109. DOI: <https://doi.org/10.15517/rac.v30i2.6812>

Vargas, R; Flores, C. 1995. Retribución nutricional de los residuos de hojas, pseudotallo y pinzote de banano (*Musa* AAA) en fincas de diferentes edades de cultivo. *Corbana* 20(44):33-47.

Villalobos, N. 2018. Caracterización de microorganismos aislados de suelo para la biodegradación de residuos agrícolas del cultivo de banano (*Musa AAA*) (en línea). Tesis Lic. Heredia, Costa Rica, Universidad Nacional. 68 p. Consultado 12 dic. 2024. Disponible en <http://hdl.handle.net/11056/18788>

Villarreal, J; Pla-Sentis, L; Agudo, L; Villaláz, J; Rosales, F; Pocasangre, L. 2013. Índice de calidad del suelo en áreas cultivadas con banano en Panamá. *Agronomía Mesoamericana* 24(2):301-315. DOI: <https://doi.org/10.15517/am.v24i2.12530>

Vo, TM; Vo, BT; Vo, TX; Nguyen, NN. 2022. Isolation of endophytic bacteria from Cavendish banana pseudostem (*Musa acuminata*) and plant growth-promoting characterization. *Research Journal of Biotechnology* 18(8):135-144. DOI: <https://doi.org/10.25303/1808rjbt1350144>

Wang, B; Sun, M; Yang, J; Shen, Z; Ou, Y; Fu, L; Zhao, Y; Li, R; Ruan, Y; Shen, Q. 2022a. Inducing banana *Fusarium* wilt disease suppression through soil microbiome reshaping by pineapple–banana rotation combined with biofertilizer application. *Soil* 8(1):17-29. DOI: <https://doi.org/10.5194/soil-8-17-2022>

Wang, L; Rengel, Z; Zhang, K; Jin, K; Lyu, Y; Zhang, L; Cheng, L; Zhang, F; Shen, J. 2022b. Ensuring future food security and resource sustainability: insights into the rhizosphere. *iScience* 25:104168. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104168>

Wilhelm, RC; van Es, HM; Buckley, DH. 2022. Predicting measures of soil health using the microbiome and supervised machine learning. *Soil Biology and Biochemistry* 164:108472. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108472>

Xue, C; Ryan, C; Shen, Z. 2015. Manipulating the banana rhizosphere microbiome for biological control of Panama disease. *Scientific Reports* 5:11124. DOI: <https://doi.org/10.1038/srep11124>

Yang, J; Duan, Y; Liu, X; Sun, M; Wang, Y; Liu, M; Li, R. 2022. Reduction of banana *Fusarium* wilt associated with soil microbiome reconstruction through green manure intercropping. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 337:108065. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agee.2022.108065>

Zapata, CG; Paladines, A; León, A; Ramírez, DX. 2022. Caracterización del microbioma de plantas de banano (*Musa paradisiaca* L.) bajo sistemas de producción orgánico y convencional. ACI Avances en Ciencias e Ingenierías 14(2):2298. DOI: <https://doi.org/10.18272/aci.v14i2.2298>

Zhang, J; Bei, S; Li, B; Zhang, J; Christie, P; Li, X. 2019. Organic fertilizer, but not heavy liming, enhances banana biomass, increases soil organic carbon and modifies soil microbiota. Applied Soil Ecology 136:67-79. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2018.12.017>

Zhang, N; Wang, D; Liu, Y; Li, S; Shen, O; Zhang, R. 2014. Effects of different plant root exudates and their organic acid components on chemotaxis, biofilm formation, and colonization by beneficial rhizosphere-associated bacterial strains. Plant and Soil 374(1-2):689-700. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11104-013-1915-6>

Zhou, X; Wang, J. T; Wang, W. H; Tsui, C. K; Cai, L. 2021. Changes in bacterial and fungal microbiomes associated with tomatoes of healthy and infected by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. Microbial Ecology 81:1004-1017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00248-020-01535-4>

Zhu, Z; Wu, G; Deng, R; Hu, X; Tan, H; Chen, Y; Tian, Z; Li, J. 2023. Spatiotemporal biocontrol and rhizosphere microbiome analysis of *Fusarium* wilt of banana. Communications Biology 6(1):27. DOI: <https://doi.org/10.1038/s42003-023-04417-w>

Zolkhairi, NAM; Ismail, INA. 2022. Soil microbiome and banana plant diseases: a review. Malaysian Journal of Science Health & Technology 8(1):85-91. DOI: <https://doi.org/10.33102/mjosht.v8i1.246>



Agronomía Costarricense, Universidad de Costa Rica.

Se encuentra licenciada con [Creative Commons Atribución-NoComercial-SinDerivar 4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

Para mayor información escribir a rac.cia@ucr.ac.cr