

ABSTRACT

Since 2012, blackberry crops from the province of Tungurahua that show symptoms of the disease of the black foot that produces wilting, are treated with *Trichoderma* spp. The objective of the present work was to characterize the fungal community of the rhizosphere of blackberry plants treated and not treated with *Trichoderma* sp., As a treatment for the disease of the black foot, eight samples were collected from the rhizosphere of blackberry cultures of Tisaleo , DNA was extracted from the soil and next generation sequencing ITS was performed, *Trichoderma* was isolated from the samples and two antagonism assay were carried out *T. asperellum* and *T. hamatum* against species of *Ilyonectria* and *Dactylonectria* associated with the black foot disease in the blackberry, which resulted after 144 hours a percentage of inhibition of radial growth an average of 45.50 %. After the bioinformatic processing of the sequences, an average of 125,254.5 sequences per sample were obtained, which were grouped by operational taxonomic unit in 289 different OTUs, from which taxonomic profiles were elaborated. Additionally, the trophic group to which they belong was assigned and it was found that the highest percentage of pathotrophic fungi, 38.1 %, belongs to the sample of plant soil with symptoms of disease and with *Trichoderma* treatment and the highest percentage of saprotrophic fungi, 75.4 %, is found in the sample of plant soil without symptoms of disease and with *Trichoderma* treatment.

KEY WORDS:

- **TRICHODERMA**
- **TAXONOMIC PROFILING**
- **TROPHIC GUILDS**
- **PHYTOPATHOGENS**
- **ANTAGONISM**

RESUMEN

Desde el año 2012, cultivos de mora de la provincia de Tungurahua que presentan síntomas de la enfermedad del pie negro que produce marchitez, son tratadas con *Trichoderma* spp. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar la comunidad fúngica de la rizosfera de plantas de mora de Castilla tratadas y no tratadas con *Trichoderma* spp., como tratamiento para la enfermedad del pie negro, ocho muestras fueron recolectadas de la rizosfera de cultivos de mora de Tisaleo, se extrajo ADN del suelo mediante un kit y se realizó secuenciación masiva de ITS, adicionalmente se aisló *Trichoderma* de las muestras y se realizó dos ensayos de antagonismo enfrentando a *T. asperellum* y *T. hamatum* contra especies de *Ilyonectria* y *Dactylonectria* asociados con esta enfermedad en la mora, en el cual se obtuvo como resultado a las 144 horas un porcentaje de inhibición de crecimiento radial en promedio de 45,50 %. Después del procesamiento bioinformático de las secuencias se obtuvo como promedio 125.254,5 secuencias por muestra, las cuales fueron agrupadas por unidad taxonómica operativa en 289 distintos OTUs, a partir de los cuales se elaboraron perfiles taxonómicos. Adicionalmente, se asignó el grupo trófico al que pertenecen y se encontró que el mayor porcentaje de hongos patrótrofos, 38,1 %, pertenece a la muestra de suelo de planta con síntomas de enfermedad y con tratamiento de *Trichoderma* y el mayor porcentaje de hongos saprofitos, 75,4 %, se encuentra en la muestra de suelo de planta sin síntomas de enfermedad y con tratamiento de *Trichoderma*.

PALABRAS CLAVE:

- **TRICHODERMA**
- **PERFILES TAXONÓMICOS**
- **GRUPOS TRÓFICOS**
- **FITOPATÓGENOS**
- **ANTAGONISMO**