

Resumen

Tungurahua, principal provincia productora de mora de Castilla en el Ecuador emplea *Trichoderma* spp. como alternativa agroecológica para el control de plagas de origen fúngico. Los mecanismos que aseguran el éxito de *Trichoderma* como biocontrol no se comprenden en su totalidad, para analizar el efecto de *Trichoderma* sobre la composición microbiana fúngica de rizósfera se estudiaron los suelos de cultivo de mora de Castilla de la Estación Experimental Granja “Píllaro” en Tungurahua, se muestrearon por triplicado dos tratamientos: T1 (rizósfera de plantas con síntomas de marchitez sin *Trichoderma*) y T2 (rizósfera de plantas sin marchitez con *Trichoderma*).

Se extrajo el ADN de las muestras y se secuenció en MR DNA (USA) y Biomol Ecuador mediante tecnología Illumina MiSeq, con cebadores ITS86F e ITS4. Los datos crudos fueron analizados en FastQC y MultiQC; filtrados y recortados en DADA2; procesados, analizados bioinformática y estadísticamente en Galaxy Europe, Nucleotide BLAST y R, empleando diferentes librerías de acceso libre. Se estimaron las diversidades taxonómicas, la composición diferencial entre tratamientos y se identificaron variantes de taxonomía no asignada en el reino Fungi. Se encontró que, existe diferencia significativa en la diversidad alfa y no existe diferencia significativa en la diversidad beta entre los tratamientos. Los géneros diferenciales significativamente fueron *Calophoma* y *Antrodia* para T1 y *Mortierella* para T2. *Calophoma rosae* parece ser un potencial patógeno de *Rubus glaucus*, mientras *Mortierella* puede representar un componente clave en la salud de los suelos tratados con *Trichoderma*. Las variantes sin taxonomía asignada correspondieron a secuencias del espaciador transcrito de *Rubus glaucus* y de algas verdes de la clase Chlorophyceae.

PALABRAS CLAVE:

- **DIVERSIDAD ALFA Y BETA**
- **GEN ESPACIADOR TRANSCRITO INTERNO**
- **AMPLICIÓN**

Abstract

Tungurahua, the main blackberry-producing province of Castilla in Ecuador, uses *Trichoderma* spp. as an agroecological alternative for the control of pests of fungal origin. The mechanisms that ensure the success of *Trichoderma* as a biocontrol are not fully understood. To analyze the effect of *Trichoderma* on the fungal microbial composition of the rhizosphere, the blackberry cultivation soils of Castilla from the “Píllaro” Farm Experimental Station in Tungurahua were studied. Two treatments were sampled in triplicate: T1 (rhizosphere of plants with wilt symptoms without *Trichoderma*) and T2 (rhizosphere of plants without wilt with *Trichoderma*).

The DNA of the samples was extracted and sequenced in MR DNA (USA) and Biomol Ecuador using Illumina MiSeq technology, with ITS86F and ITS4 primers. The raw data were analyzed in FastQC and MultiQC; filtered and trimmed in DADA2; processed, analyzed bioinformatically and statistically in Galaxy Europe, Nucleotide BLAST and R, using different open access libraries. Taxonomic diversities were estimated, the differential composition between treatments and variants of unassigned taxonomy were identified in the Fungi kingdom. It was found that there is a significant difference in the alpha diversity and there is no significant difference in the beta diversity between the treatments. The significantly differential genera were *Calophoma* and *Antrodia* for T1 and *Mortierella* for T2. *Calophoma rosae* appears to be a potential pathogen for *Rubus glaucus*, while *Mortierella* may represent a key component in the health of *Trichoderma*-treated soils. Variants without assigned taxonomy corresponded to sequences of the transcribed spacer from *Rubus glaucus* and from green algae of the class Chlorophyceae.

KEYWORDS:

- ALPHA AND BETA DIVERSITY
- INTERNAL TRANSCRIBED SPACER GENE
- AMPLICON