

## Resumen

Los hongos filamentosos desempeñan un papel esencial en el funcionamiento de los ecosistemas del planeta, de los que se destaca su rol como patógenos, descomponedores o mutualistas. Sin embargo, el equilibrio ecológico se ha visto afectado por actividades como el monocultivo, compactación de suelos y uso extendido de fertilizantes químicos. En el presente estudio se desarrolló la caracterización morfológica e identificación molecular de hongos filamentosos presentes en el suelo del sector de avicultura de la Hacienda “El Prado” IASA – I. El aislamiento de las cepas se realizó mediante la captura con trampas microbianas con arroz como sustrato. Se purificaron las cepas empleando medio de cultivo PDA y se identificaron mediante claves taxonómicas de acuerdo con sus estructuras microscópicas. La identificación molecular empleó extracción convencional de ADN genómico con CTAB, amplificación de la región ITS por PCR convencional y secuenciación Sanger. Se obtuvieron 51 aislamientos puros agrupados en 24 morfoespecies, de las cuales 20 se identificó a nivel de especie y 4 a nivel de género, distribuidos en 9 géneros y 7 órdenes. Los géneros con más especies identificadas fueron *Fusarium*, *Mucor* y *Trichoderma*. La evaluación de la biodiversidad del suelo mostró que el sector de avicultura presenta una alta biodiversidad ( $D_{mg} = 5.85$ ,  $H' = 3.03$ ), y homogeneidad de abundancia entre especies de hongos filamentosos ( $D = 0.055$ ,  $D' = 0.945$  y  $J' = 0.954$ ). El estimador no paramétrico de riqueza Chao 1 (29 especies) y la proporción de singletons y doubletons (70.8%), indican que la técnica de recolección tiene limitaciones para la captura de especies poco frecuentes. Se estableció el cepario morfo-molecular a partir de aislados criopreservados en discos de agar colonizados con solución protectante de glicerol (10%) y peptona (0.1%). Se clasificaron los aislamientos puros en antagonistas (41.18%), fitopatógenos (35.29%), patógenos oportunistas de animales (3.92%) y saprófitos (19.61%).

*Palabras clave:* Hongos filamentosos, identificación molecular, criopreservación, espaciador transcrito interno.

## Abstract

Filamentous fungi play an essential role in the functioning of the planet's ecosystems, particularly their role as pathogens, decomposers or mutualists. However, the ecological balance has been affected by activities such as monoculture, soil compaction and the widespread use of chemical fertilizers. In this study, we carried out morphological characterization and molecular identification of filamentous fungi present in the soil of the poultry sector of the Hacienda "El Prado" IASA - I. The isolation of the strains was done by capturing microorganisms with microbial traps with semi-cooked rice as a substrate. The strains were purified using PDA culture medium and identified by taxonomic keys according to their microscopic structures. Molecular identification employed conventional genomic DNA extraction with CTAB, amplification of the ITS region by conventional PCR and Sanger sequencing. We obtained 51 pure isolates grouped into 24 morphospecies, of which 20 were identified to species level and 4 to genus level, distributed in 9 genera and 7 orders. The genera with the most species identified were *Fusarium*, *Mucor* and *Trichoderma*. The evaluation of soil biodiversity showed that the poultry sector presents high biodiversity ( $D_{mg} = 5.85$ ,  $H' = 3.03$ ), and homogeneity of abundance among species of filamentous fungi ( $D = 0.055$ ,  $D' = 0.945$  and  $J' = 0.954$ ). The non-parametric Chao 1 richness estimator (29 species) and the proportion of singletons and doubletons (70.8%) indicate that the collection technique has limitations for the capture of rare species. The morpho-molecular strain was established from isolates cryopreserved on agar discs colonized with protective solution of glycerol (10%) and peptone (0.1%). Pure isolates were classified into antagonists (41.18%), phytopathogens (35.29%), opportunistic animal pathogens (3.92%) and saprophytes (19.61%).

*Key words:* Filamentous fungi, molecular identification, cryopreservation, internal transcribed spacer.