



**ESPE**  
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS  
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y DE LA AGRICULTURA  
CARRERA EN BIOTECNOLOGÍA

TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR

**Caracterización morfológica y molecular de hongos filamentosos asociados a los suelos del sector de Floricultura de la Hacienda “El Prado” - IASA I, para el establecimiento de una línea base con fines de biorrestauración**

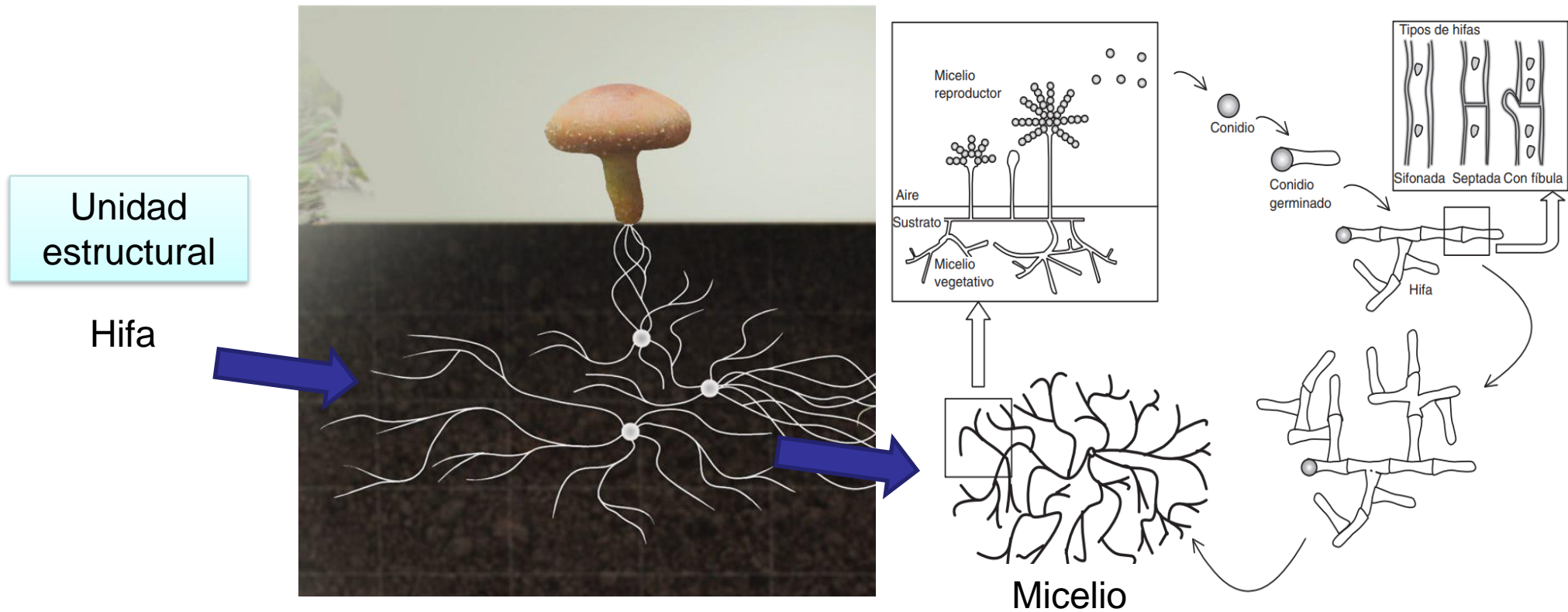
**Autor:** Villacis Méndez Romina Fernanda  
**Director:** Dr. Darwin Arturo Rueda Ortiz

Sangolquí, 15 de marzo de 2024



# INTRODUCCIÓN

## Hongos filamentosos



*Nota.* Recuperado de: (Liébana Ureña, 2002)

# INTRODUCCIÓN

## Biodiversidad



Ochoa Cabrera (2017)



Bosque Protector  
Aguarongo

Carreño et al. (2018)



Bosque Protegido  
de Prosperina

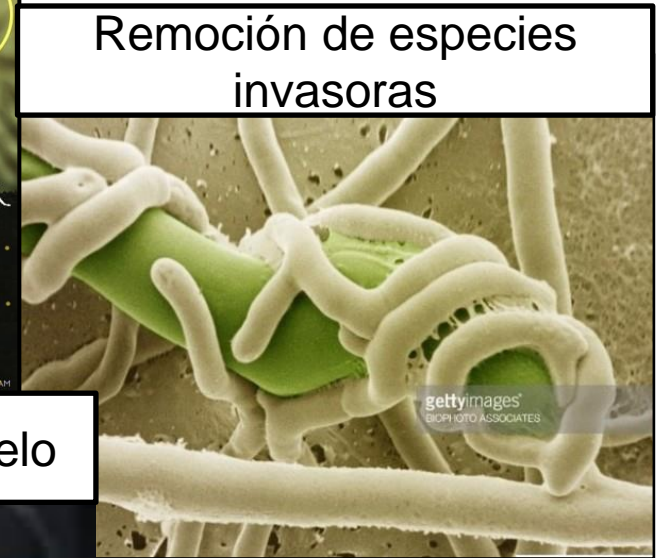
## Actividad humana y cambio climático



**ESPE**  
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS  
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

# INTRODUCCIÓN

## Biorrestauración



# JUSTIFICACIÓN

## Sector de floricultura



Hasta julio de 2023, el 75% de las exportaciones de flores las concentra las rosas, este comportamiento ubica al Ecuador en el segundo exportador a nivel mundial.

Flores Perugachi (2012)



- Baja oferta comercial de hongos benéficos
- Alto costo

Zambrano-Salazar & Quinde-Alvear (2023)



- Afecta la salud de los trabajadores



Estudio de hongos benéficos para control biológico

Castillo Guamán  
(2021)

*Bauveria bassiana*

*Penicillium oxalicum*



# OBJETIVOS

## Objetivo General

Caracterizar morfológica y molecularmente hongos filamentosos asociados a los suelos del sector de Floricultura de la Hacienda “El Prado” - IASA I, para el establecimiento de una línea base con fines de biorestauración.

## Objetivos Específicos

- Identificar morfológica y molecularmente las especies de hongos filamentosos recolectados en los suelos del sector de Floricultura
- Evaluar la biodiversidad presente en el suelo a base de las especies registradas.
- Establecer un cepario de microorganismos con potencial benéfico.



## Nula

No existe diferencia significativa entre la riqueza de especies de hongos filamentosos observada y la riqueza esperada según el estimador no paramétrico Chao 1



# METODOLOGÍA

Ubicación del estudio



Instituto Agropecuario Superior Andino (IASA I)



Sector de Floricultura



Elaboración



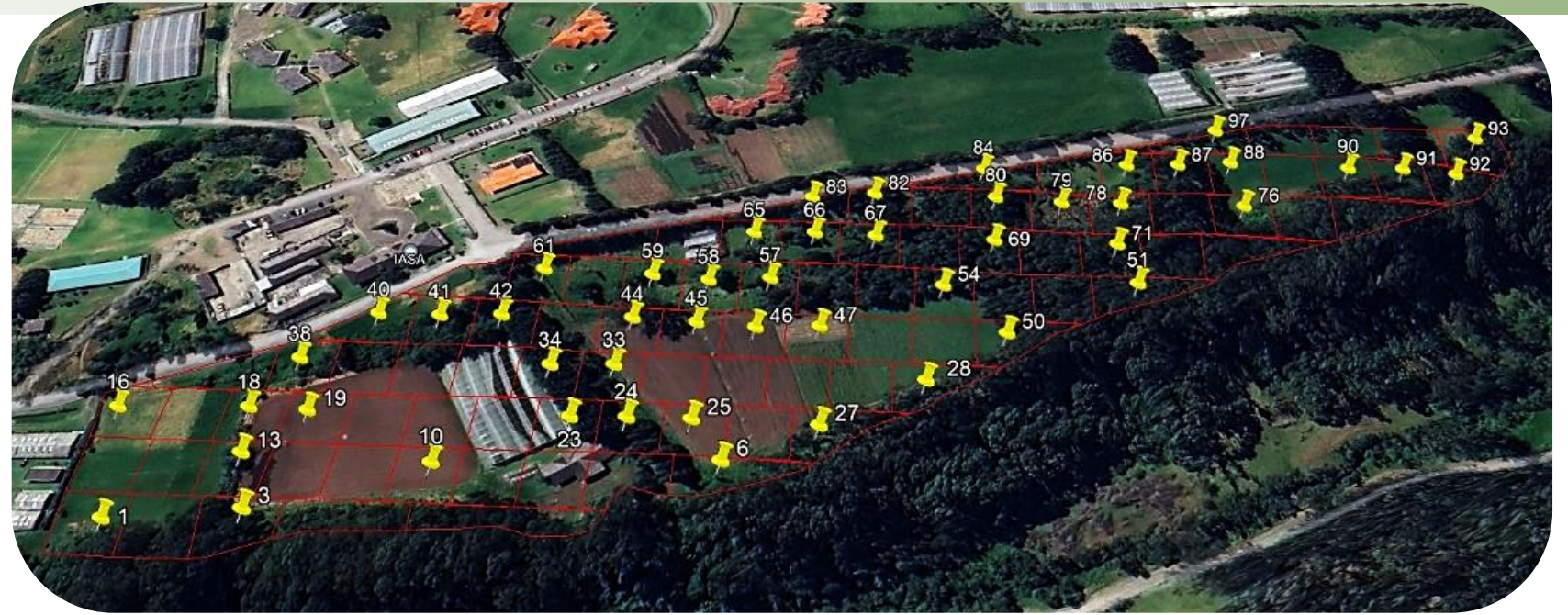
Área aprox. : 75 565.34 m<sup>2</sup>



# METODOLOGÍA

## Plan de muestreo

1 Parcela  
100 subparcelas  
50 elegidas aleatoriamente



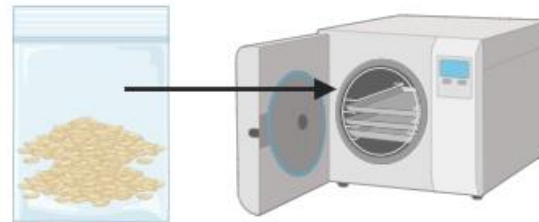
## Trampas microbianas de arroz

1 Cocción



6 min

2 Esterilización



121°C, 15 PSI, 15 min

3 Elaboración



50 g de  
arroz al  
dente

4 Colocación



# METODOLOGÍA

Aislamiento y purificación de hongos filamentosos

1 Abrir trampa microbiana



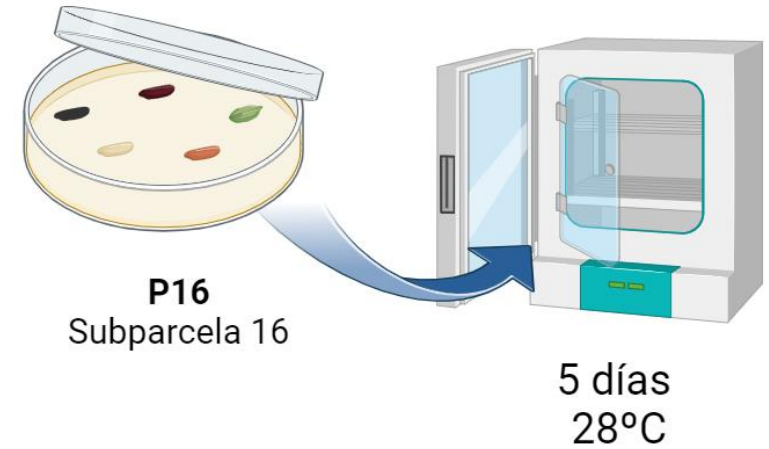
2 Cultivo primario

Tabla 1

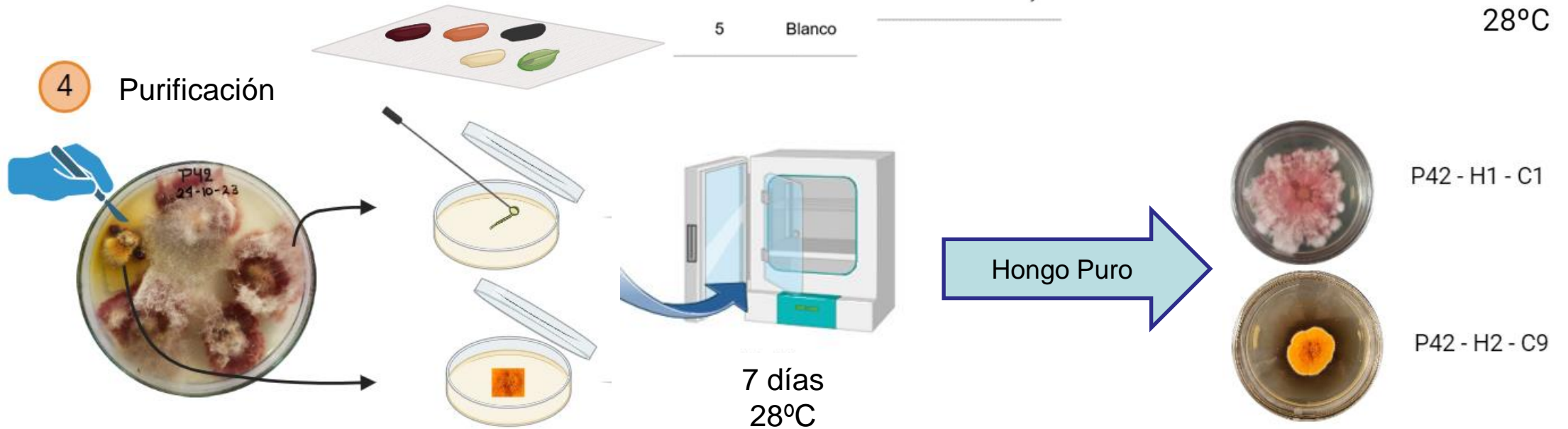
Clave de colores para los granos de arroz sembrados

Número	Color	Número	Color
1	Rojo	6	Verde
2	Morado	7	Amarillo
3	Lila	8	Negro
4	Gris	9	Naranja
5	Blanco		

3 Incubación



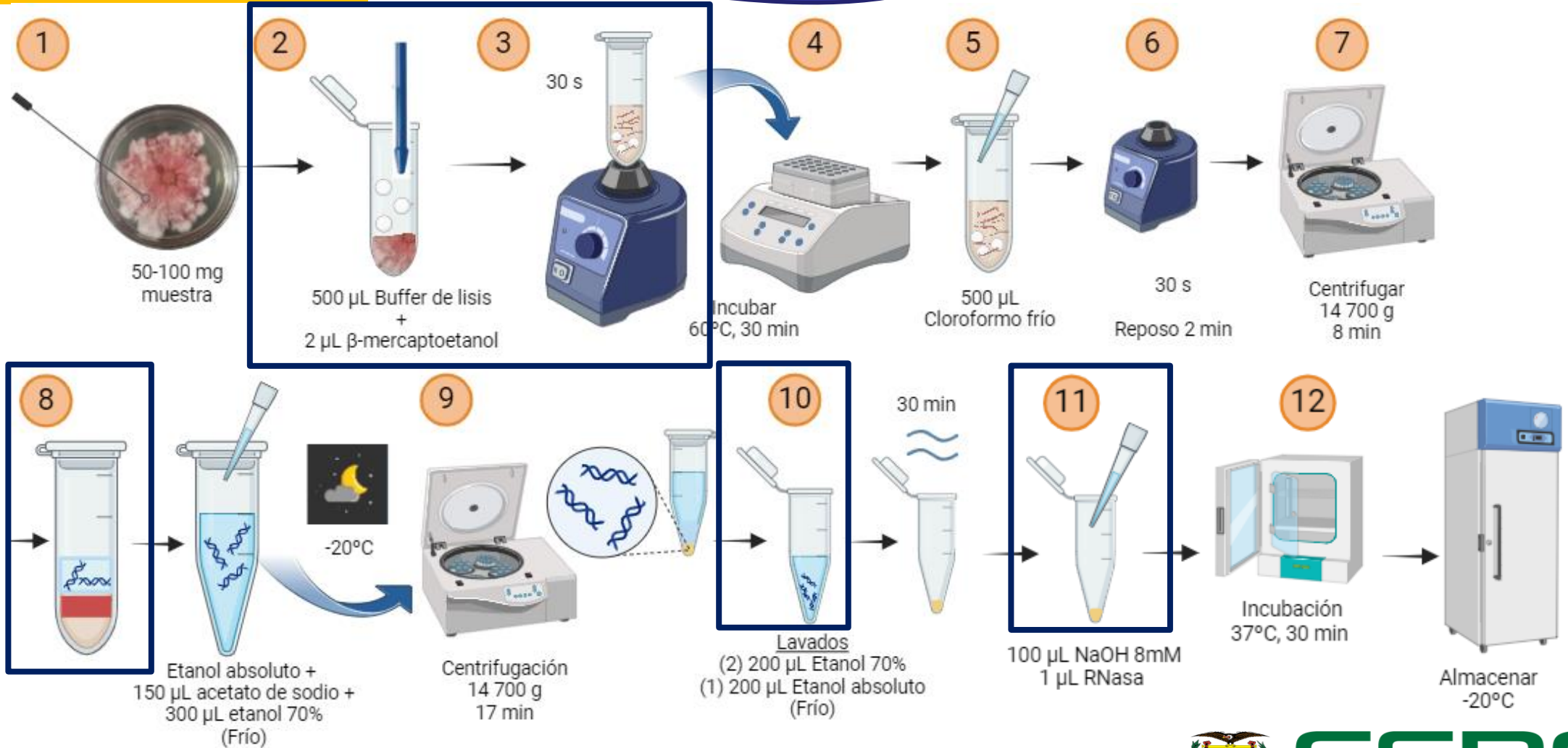
4 Purificación



# METODOLOGÍA

## Extracción de ADN

## Método orgánico



# METODOLOGÍA

## Calidad del ADN

Electroforesis en gel



- Agarosa 0.7%
- TBE 1X
- 4  $\mu\text{L}$  de Diamond™



2  $\mu\text{L}$   
Blue Juice

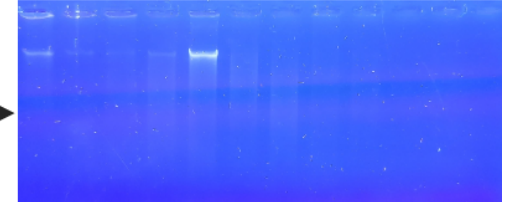
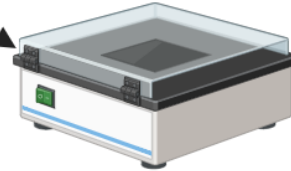
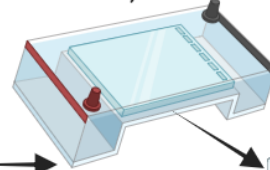


5  $\mu\text{L}$   
ADN

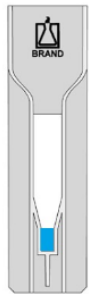


3  $\mu\text{L}$   
H2Oup

60 min, 90V



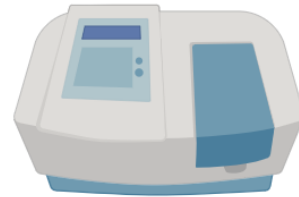
## Cantidad del ADN



Blanco  
80  $\mu\text{L}$   
H2Oup



20  $\mu\text{L}$  de ADN  
+  
60  $\mu\text{L}$  H2Oup



Espectrofotómetro

260 nm  
230 nm  
280 nm

$$[ADN]_{(\mu\text{g}/\text{mL})} = A_{260} \times 50 \frac{\mu\text{g}}{\text{mL}} \times FD_{ADN} \quad (\text{Ecuación 1})$$

Donde:

- $[ADN]_{(\mu\text{g}/\text{mL})}$  = Concentración de la muestra de ADN en  $\frac{\mu\text{g}}{\text{mL}}$  o  $\frac{\text{ng}}{\mu\text{L}}$
- $A_{260}$  = Valor de absorbancia de la muestra de ADN a 260 nm
- $FD_{ADN}$  = Factor de dilución de la muestra de ADN = 4

# METODOLOGÍA

## PCR convencional

Tabla 2

Primers empleados para amplificar la región ITS

Primer	Secuencia	Tamaño amplificado (pb)
ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	600
ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	600

Nota. pb=pares de bases. Recuperado de: (White et al., 1990).

Tabla 3

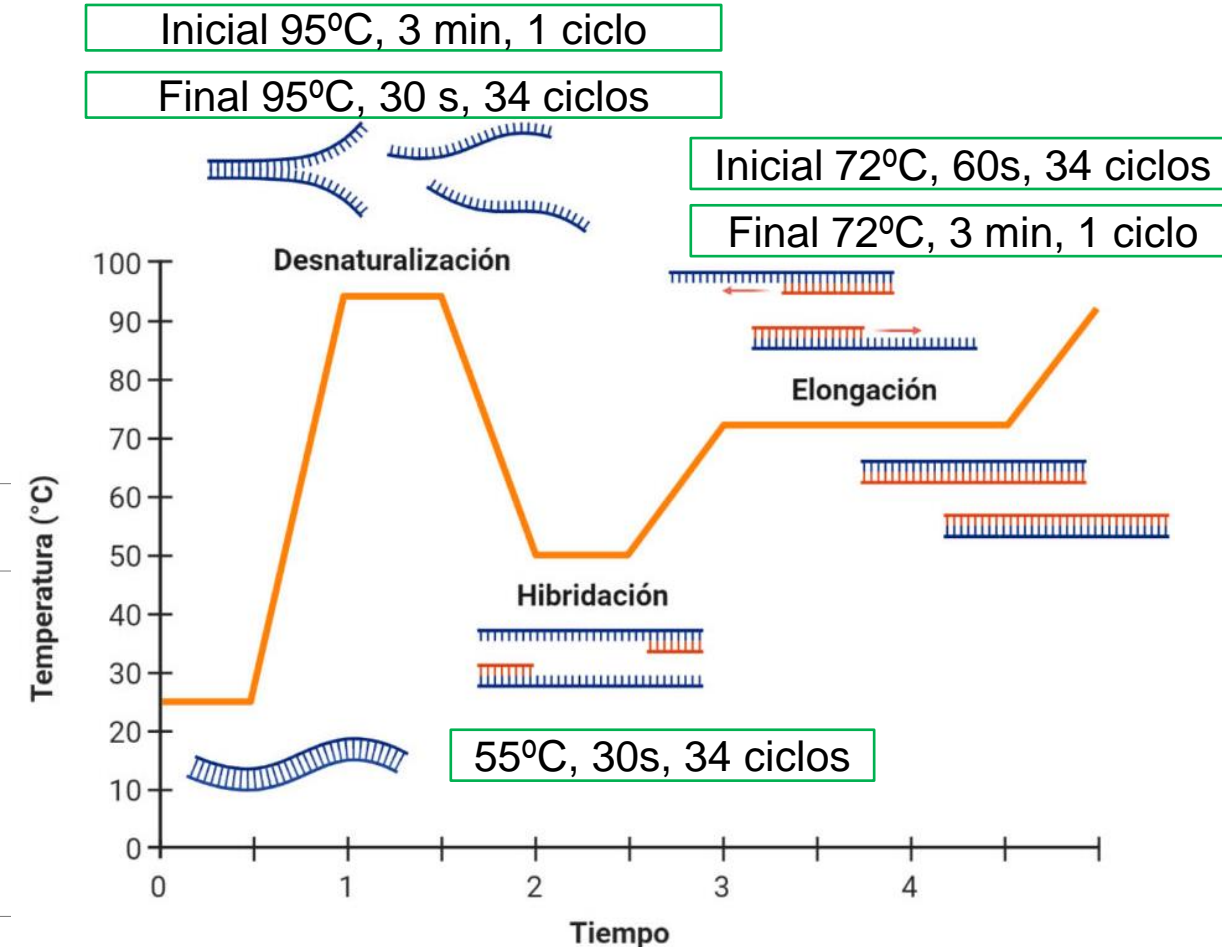
Master mix de reacción para un volumen de 25 µL

Reactivo	Concentración inicial	Concentración final	Volumen por reacción (1X)
PCR Buffer sin Mg <sup>2+</sup>	10X	1X	2,5 µL
dNTP's mixture	10mM	0,2 mM	0,5 µL
MgCl <sub>2</sub>	50 mM	1,5 mM	3 µL
Primer forward (ITS1)	10 µM	0,2 µM	0,5 µL
Primer reverse (ITS4)	10 µM	0,2 µM	0,5 µL
Platinum™ Taq	5U/ µL	1U	0,1 µL
Agua ultrapura	-	-	19,15 µL
Template DNA	-	< 250 µg	1 µL

Nota. dNTP's= desoxinucleótido trifosfato.

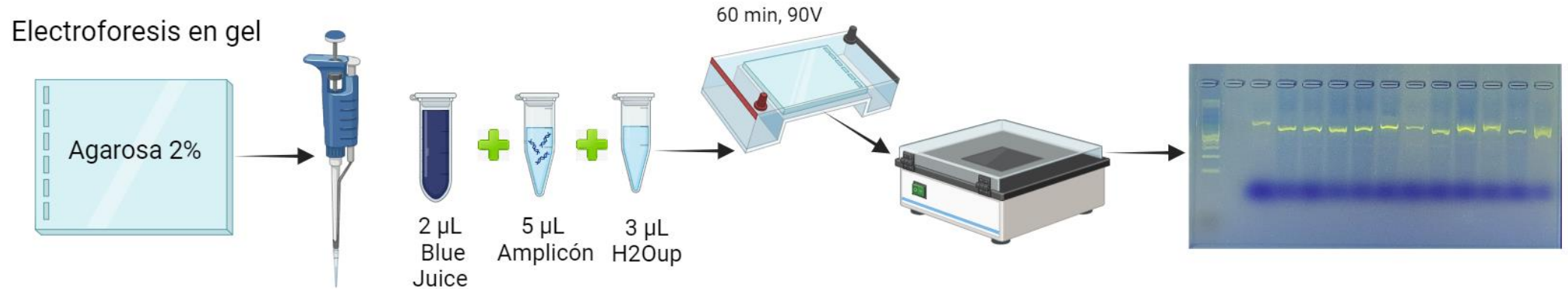
Tabla 4

Condiciones de la PCR



# METODOLOGÍA

## Comprobación del producto amplificado

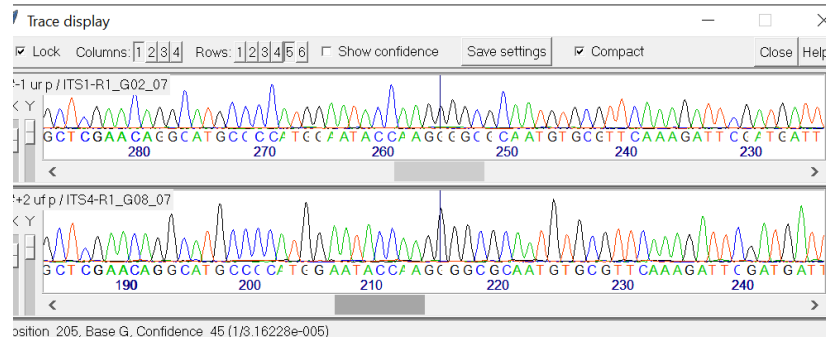


## Secuenciación y análisis bioinformático



INVESTIGACIÓN  
Y VINCULACIÓN

Secuenciación Sanger



**ESPE**  
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS  
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

# METODOLOGÍA

## Análisis de diversidad

- Estimador no paramétrico Chao 1 ( $S_{Chao1}$ )
- Abundancia relativa ( $\mathcal{P}_i$ )
- Índice de diversidad de Shannon ( $H'$ )
- Índice de diversidad de Simpson ( $D'$ )
- Índice de dominancia de Simpson ( $D$ )
- Índice de Margalef ( $D_{Mg}$ )
- Índice de Pielou ( $J'$ )

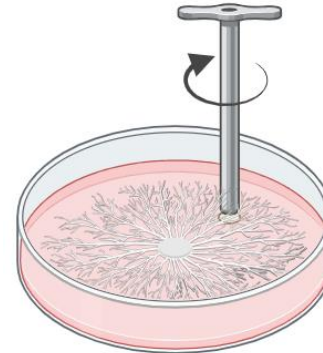
## Análisis filogenético



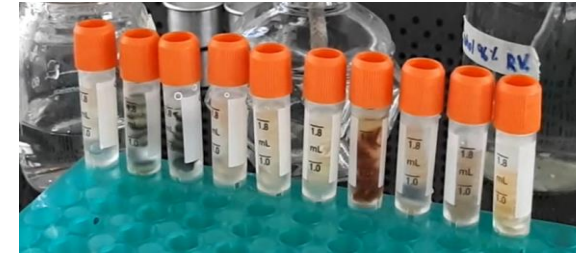
- Método de máxima verosimilitud
- Bootstrap 500 iteraciones

## Cepario

Hongos Identificados

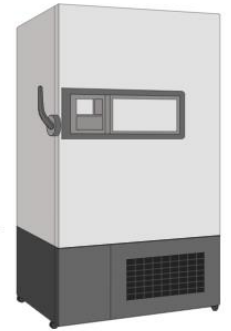


Crioviales



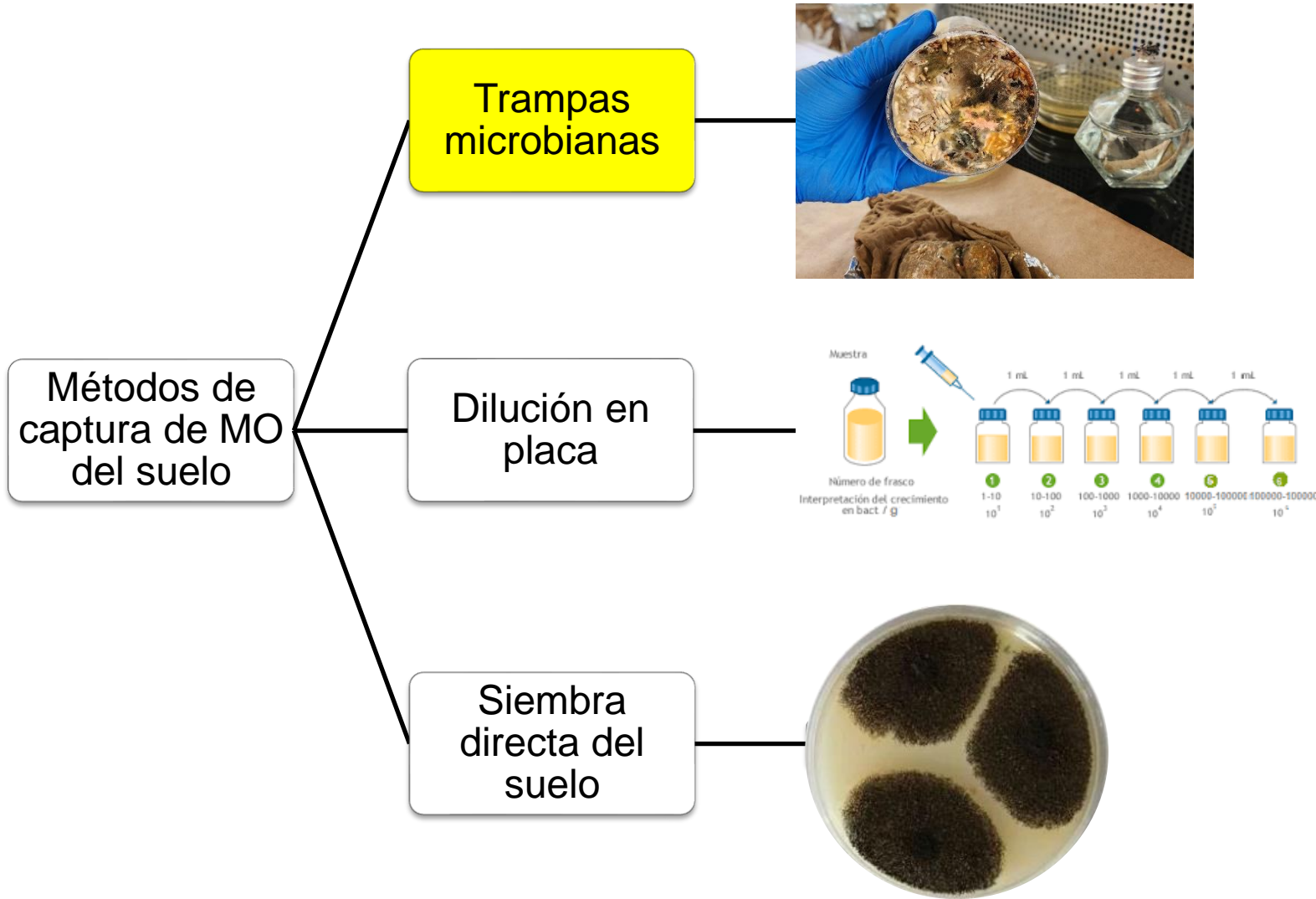
1.8 mL Solución de preservación  
(Glicerol 10% + Peptona 0.1%)

Ultracongelador



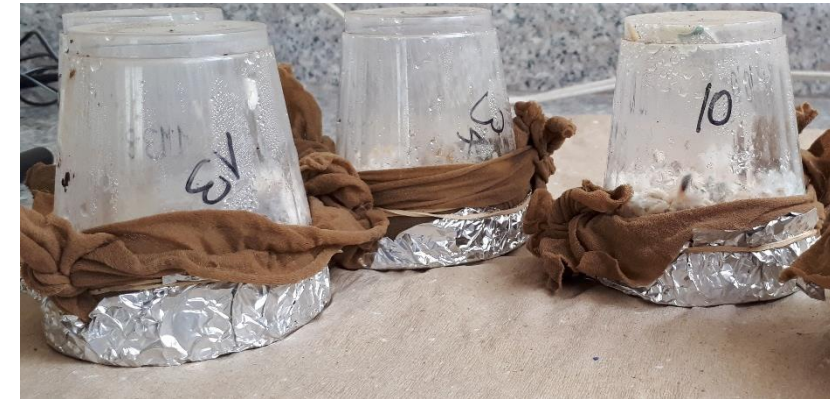
-80°C

# RESULTADOS Y DISCUSIÓN



## Plan de muestreo

50	Trampas microbianas colocadas
- 3	Perdidas en campo
- 2	Presencia de insectos
- 2	Crecimiento de bacterias
<b>43</b>	<b>Trampas microbianas recuperadas y analizadas</b>





# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Aislamiento de hongos filamentosos



62 aislamientos de hongos filamentosos



Cultivo primario



Tabla 5

Descripción de los aislamientos realizados a partir de los cultivos primarios

ID Subparcela	Coordenadas geográficas	Nº de hongos aislados	Código asignado
P01	0°23'05"S 78°25'04"W	2	P01-H1-C3 P01-H2-C4
P03	0°23'07"S 78°25'03"W	2	P03-H1-C7 P03-H2-C6
P06	0°23'13"S 78°25'02"W	4	P06-H1-C5 P06-H2-C6 P06-H3-C8 P06-H4-C2
P10	0°23'09"S 78°25'03"W	4	P10-H1-C7 P10-H2-C6 P10-H3-C8

\* El código asignado consiste de P: ID subparcela, H: hongo aislado, C: código de color asignado a cada grano de arroz

# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Caracterización morfológica

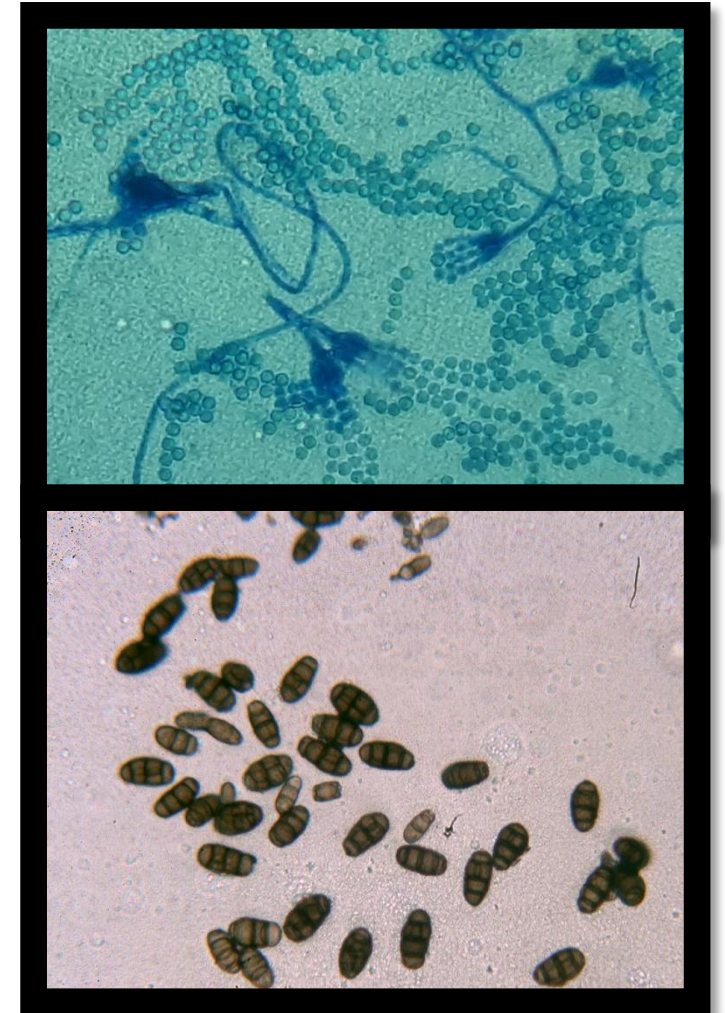


## Macroscópicas

- Color del anverso y reverso de la colonia
- Textura
- Altura del micelio
- Forma de crecimiento
- Exudado
- Esporulación

## Microscópicas

- Hifas septadas o no
- Forma y color de esporas
- Forma de los conidióforos








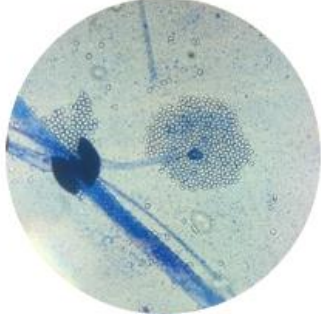
# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Purificación de hongos filamentosos

36 ejemplares puros y representativos

Tabla 6

Hongos purificados y representativos de los aislamientos

Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
1				P06-H1-C5* P01-H2-C4
2				P06-H3-C8* P91-H1-C8 P06-H4-C2

Alsohaili & Bani-Hasan (2018)

Macroscópicas + Microscópicas









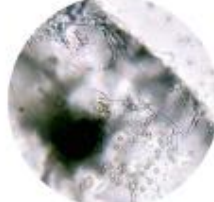


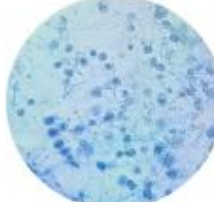



Clasificación a nivel de familia o género



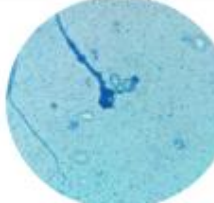


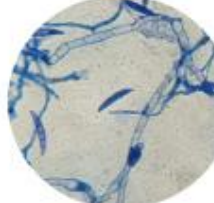


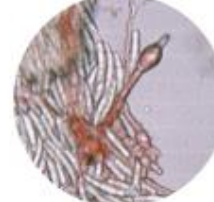


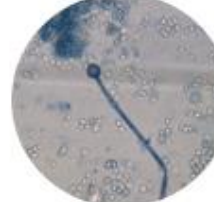


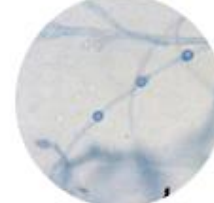


Especie = Análisis moleculares



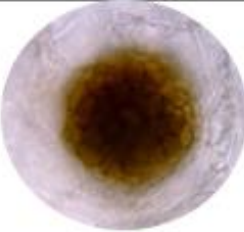





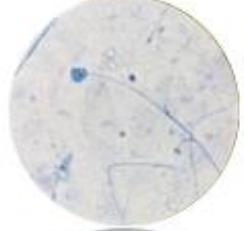


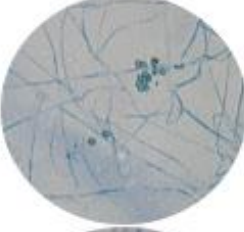


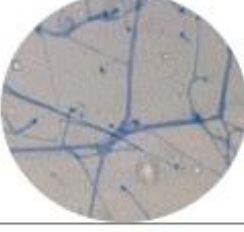
Potencial del hongo filamentososo






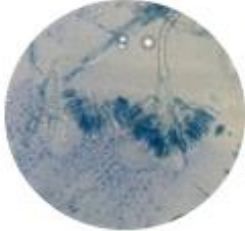





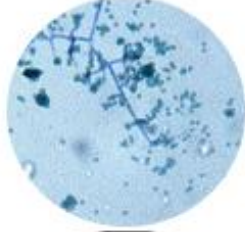



- Causar enfermedades
- Utilidad en aplicaciones industriales y ambientales

Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
3				P10-H1-C7* P10-H2-C6
4				P10-H3-C8*
5				P10-H4-C1* P57-H1-C4
6				P13-H1-C7*
7				P13-H2-C7*


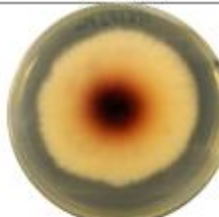
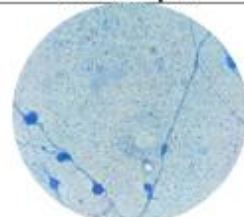


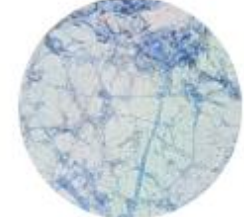





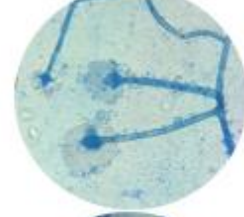


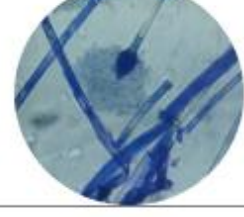
Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
8				P13-H3-C8*
9				P16-H2-C1*
10				P16-H3-C1*
11				P19-H1-C1* P01-H1-C3 P13-H4-C1 P25-H1-C9
12				P19-H2-C7*



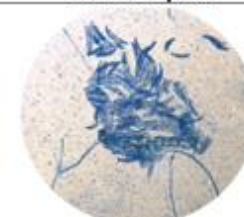


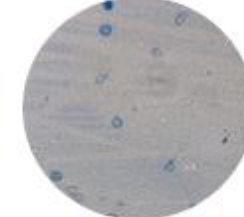


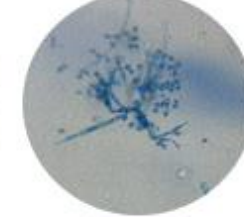





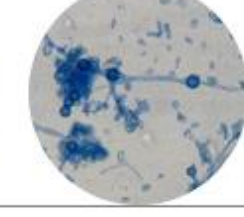


Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
13				P23-H1-C7*
14				P23-H2-C8*
15				P27-H1-C8*
16				P28-H1-C5*
17				P28-H2-C8* P03-H2-C6 P03-H1-C7 P78-H2-C7



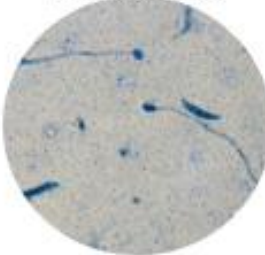


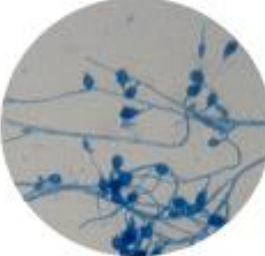


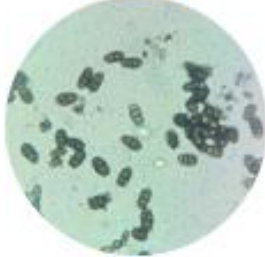


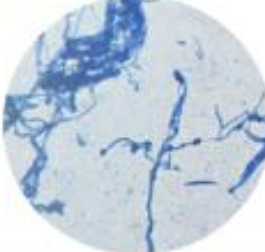
Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
18				P34-H1-C8*
19				P34-H2-C7*
20				P38-H1-C8* P93-H1-C5
21				P58-H1-C7* P58-H2-C9 P54-H1-C7
22				P59-H1-C6* P25-H2-C6 P06-H2-C6



Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
23				P61-H1-C3* P71-H1-C2
24				P66-H1-C9* P24-H1-C6 P41-H1-C4 P41-H2-C5
25				P67-H1-C8* P65-H1-C1
26				P69-H1-C1*
27				P69-H2-C8* P50-H1-C1 P82-H1-C8

Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
28				P69-H3-C8* P86-H1-C6 P84-H3-C3
29				P78-H1-C8*
30				P78-H3-C1*
31				P80-H1-C9*
32				P83-H1-C6*



Orden	Crecimiento en PDA		Caracterización microscópica	Cepas de hongos
	Anverso	Reverso		
33				P84-H1-C4* P82-H2-C6
34				P84-H2-C3*
35				P92-H1-C4*
36				P93-H2-C9*

Nota. Los códigos que contienen un asterisco (\*) son las cepas puras de los hongos representativos.

\*\* Fotografías de los hongos identificados y su caracterización (Ver Anexo A).



# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Extracción de ADN

Tabla 7

Resultados de concentración y pureza de ADN

Muestra	Concentración µg/ mL	Pureza (A260/A280)		Pureza (A260/A230)
P06-H1-C5	70.4	1.98	++	0.89
P06-H3-C8	83.4	1.63	+	0.86
P10-H1-C7	208.8	1.66	+	0.93
P10-H3-C8	182.6	1.58		0.88
P10-H4-C1	193.2	1.96	++	1.04
P13-H1-C7	128.4	1.85	++	1
P13-H2-C7	226.6	2.10	++	1.21
P13-H3-C8	261.2	1.96	++	0.95
P16-H2-C1	81	1.97	++	0.87
P16-H3-C1	173.8	1.70	+	0.83
P19-H1-C1	260	2.03	++	1.05
P19-H2-C7	85	1.57		0.77
P23-H1-C7	370.6	1.74	+	1.10
P23-H2-C8	78.4	1.82	++	0.84
P27-H1-C8	336.0	1.4		0.90
P28-H1-C5	201.2	2.05	++	1.24
P28-H2-C8	87.2	1.68	+	0.75

Concentración promedio de ADN	Pureza (A260/A280)				Pureza (A260/230)
	≥ 1.8-2.1 Óptima (++)	≥ 1.6-1.7 Aceptable (+)	< 1.6 Cont. compuestos aromáticos	> 2.1 Cont. ARN	< 1.5 Altamente contaminado con fenoles o carbohidrato
<b>183.5 ± 82.8 µg/mL</b>	<b>66.7%</b>	<b>19.4%</b>	<b>11.1%</b>	<b>2.8%</b>	<b>100%</b>

1 Concentración de ADN

- Cantidad de muestra
- Edad y estado del crecimiento
- Lisis celular incompleta

2 Pureza de ADN

- Proceso de extracción

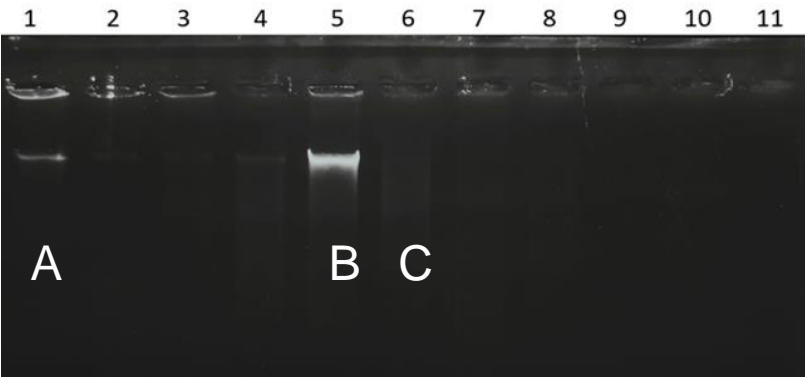


# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

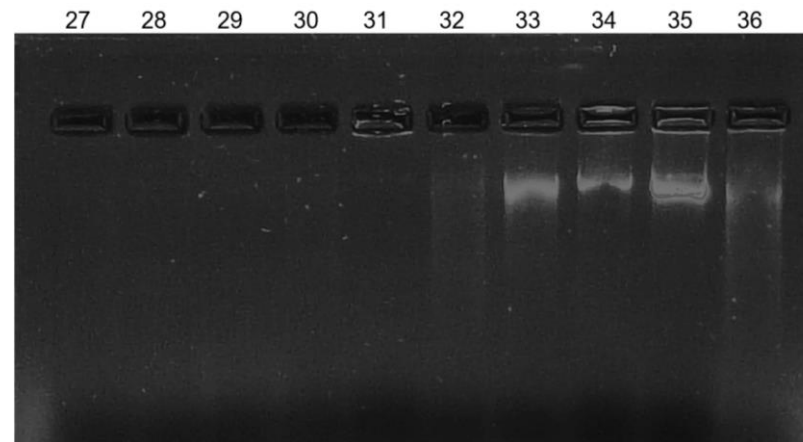
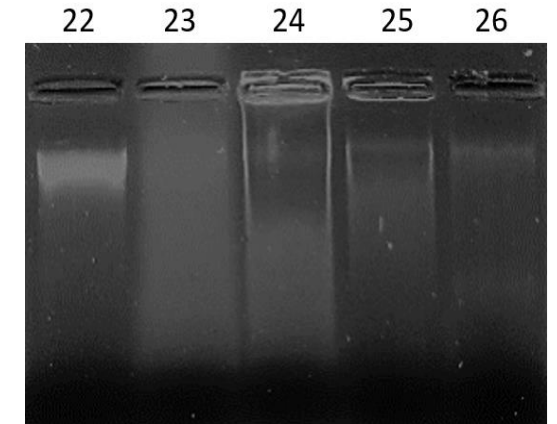
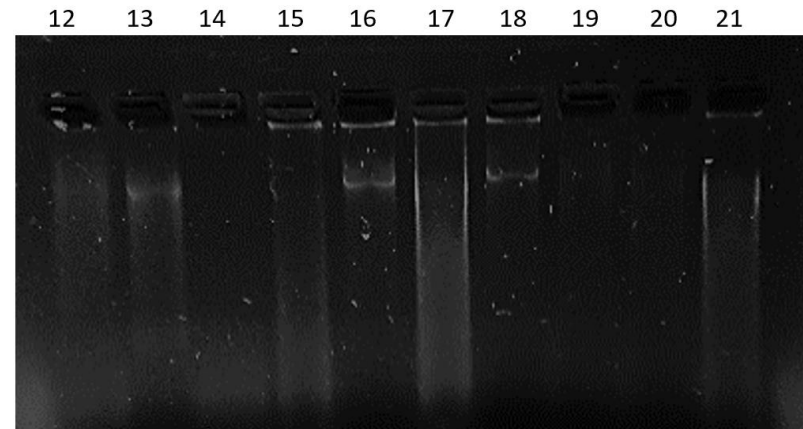
## Integridad de ADN

Figura 8

*Integridad de la extracción de ADN*



<b>A</b>	Integridad alta	22.3%
<b>B</b>	Integridad adecuada	19.4%
<b>C</b>	Parcialmente degradado	58.3%

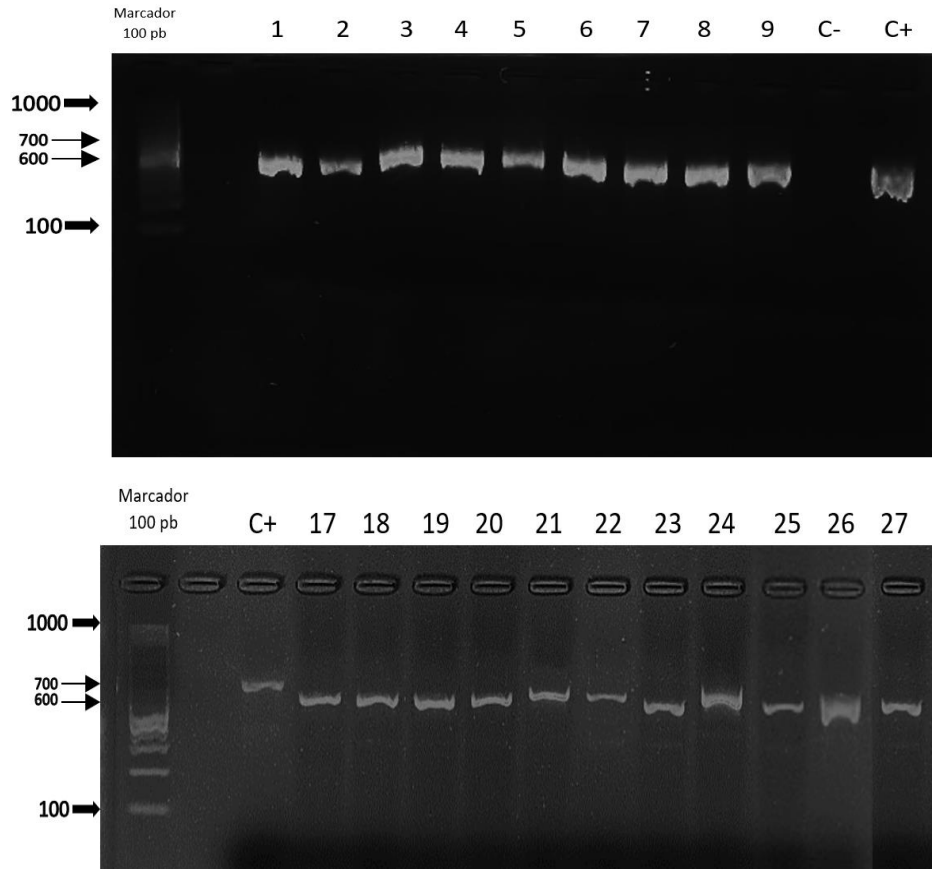


# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Productos de PCR

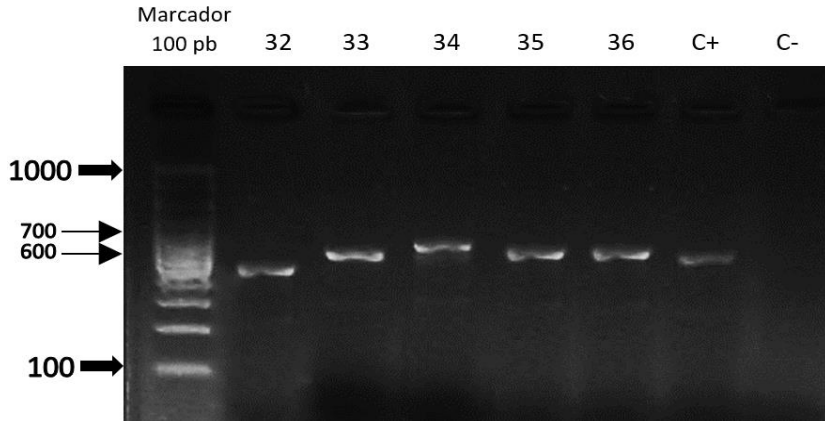
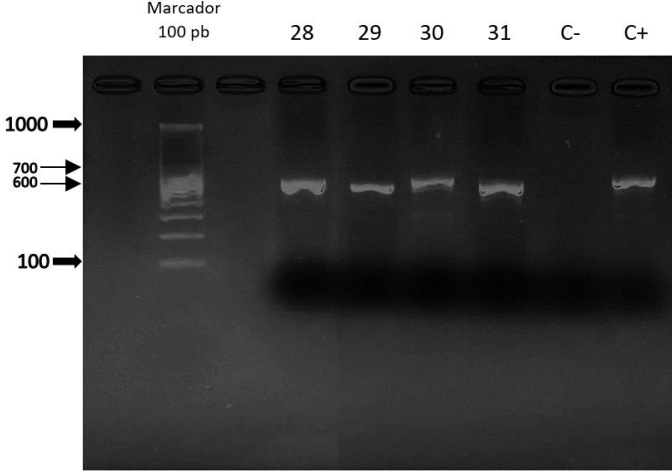
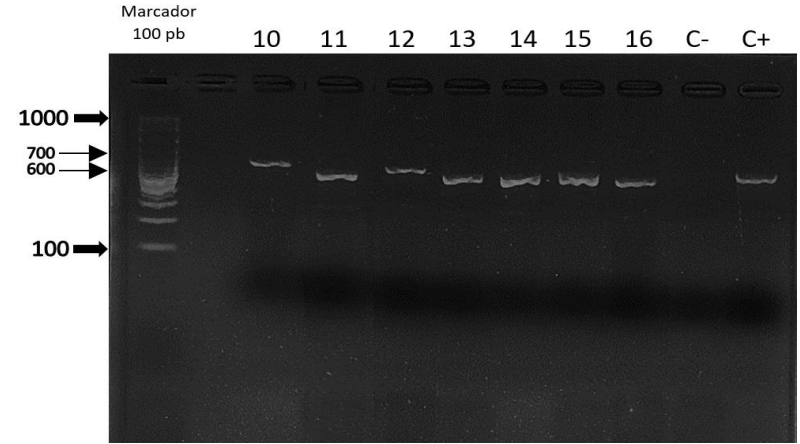
Figura 14

Productos de la amplificación ITS por PCR



500 a 650 pb

Banda del amplicón	25%
Banda del amplicón y banda inespecífica	75%



# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Identificación molecular de hongos

97.3% identificadas

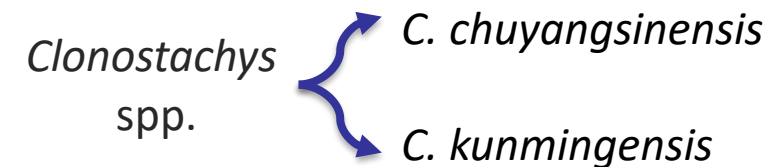
Umaña-Castro et al. (2019)

El gen del factor de elongación de la traducción (TEF1- $\alpha$ )



Wang et al. (2023)

TEF1 y TUB ( $\beta$ -tubulina)



Muestra	Longitud	Organismo	% Identidad	N.º Accesoión	Muestra	Longitud	Organismo	% Identidad	N.º Accesoión
P06-H1-C5	568	<i>Clonostachys rosea</i> <i>f. catenulata</i>	99.07%	<a href="#">NR_165993.1</a>	P28-H2-C8	528	<i>Xylariales</i> sp.	98.11%	<a href="#">OP443871.1</a>
P06-H3-C8	637	<i>Mucor griseocyaneus</i>	99.50%	<a href="#">MH857592.1</a>	P34-H1-C8	595	<i>Trichoderma harzianum</i>	99.83%	<a href="#">MT584872.1</a>
P10-H1-C7	611	<i>Trichoderma atroviride</i>	100.00%	<a href="#">AF456917.1</a>	P34-H2-C7	613	<i>Trichoderma spirale</i>	98.62%	<a href="#">KP009301.1</a>
P13-H1-C7	592	<i>Niesslia mucida</i>	100.00%	<a href="#">MG826939.1</a>	P38-H1-C8	583	<i>Clonostachys solani</i>	100.00%	<a href="#">MW199072.1</a>
P13-H2-C7	627	<i>Irpex laceratus</i>	98.48%	<a href="#">KU535645.1</a>	P59-H1-C6	591	<i>Penicillium camemberti</i>	99.82%	<a href="#">MT530220.1</a>
P13-H3-C8	548	<i>Fusarium equiseti</i>	100.00%	<a href="#">MK780235.1</a>	P66-H1-C9	601	<i>Trichoderma gamsii</i>	99.82%	<a href="#">MK361138.1</a>
P16-H2-C1	523	<i>Fusarium graminearum</i>	100.00%	<a href="#">MF497389.2</a>	P69-H1-C1	563	<i>Absidia glauca</i>	100.00%	<a href="#">MG813192.1</a>
P19-H2-C7	538	<i>Fusarium solani</i>	100.00%	<a href="#">MK483219.1</a>	P69-H3-C8	644	<i>Mucor hiemalis</i>	99.51%	<a href="#">LC413619.1</a>
P23-H1-C7	719	<i>Minimedusa polyspora</i>	98.31%	<a href="#">NR_145335.1</a>	P78-H1-C8	572	<i>Trichoderma hamatum</i>	99.83%	<a href="#">MT348552.1</a>
P23-H2-C8	573	<i>Clariireedia bennettii</i>	97.07%	<a href="#">NR_157488.1</a>	P80-H1-C9	516	<i>Epicoccum nigrum</i>	100.00%	<a href="#">KU574691.1</a>
P27-H1-C8	601	<i>Mucor irregularis</i>	96.38%	<a href="#">ON209714.1</a>	P83-H1-C6	600	<i>Mucor moelleri</i>	98.34%	<a href="#">MK390491.1</a>
P28-H1-C5	587	<i>Flavocillium bifurcatum</i>	98.92%	<a href="#">OK090968.1</a>	P84-H1-C4	539	<i>Fusarium culmorum</i>	100.00%	<a href="#">MH681154.1</a>
					P84-H2-C3	545	<i>Fusarium oxysporum</i>	100.00%	<a href="#">MN535091.1</a>
					P92-H1-C4	603	<i>Pseudopithomyces palmicola</i>	98.44%	<a href="#">MT214353.1</a>
					P93-H2-C9	527	<i>Fusarium asiaticum</i>	100.00%	<a href="#">LC543655.1</a>



**ESPE**  
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS  
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

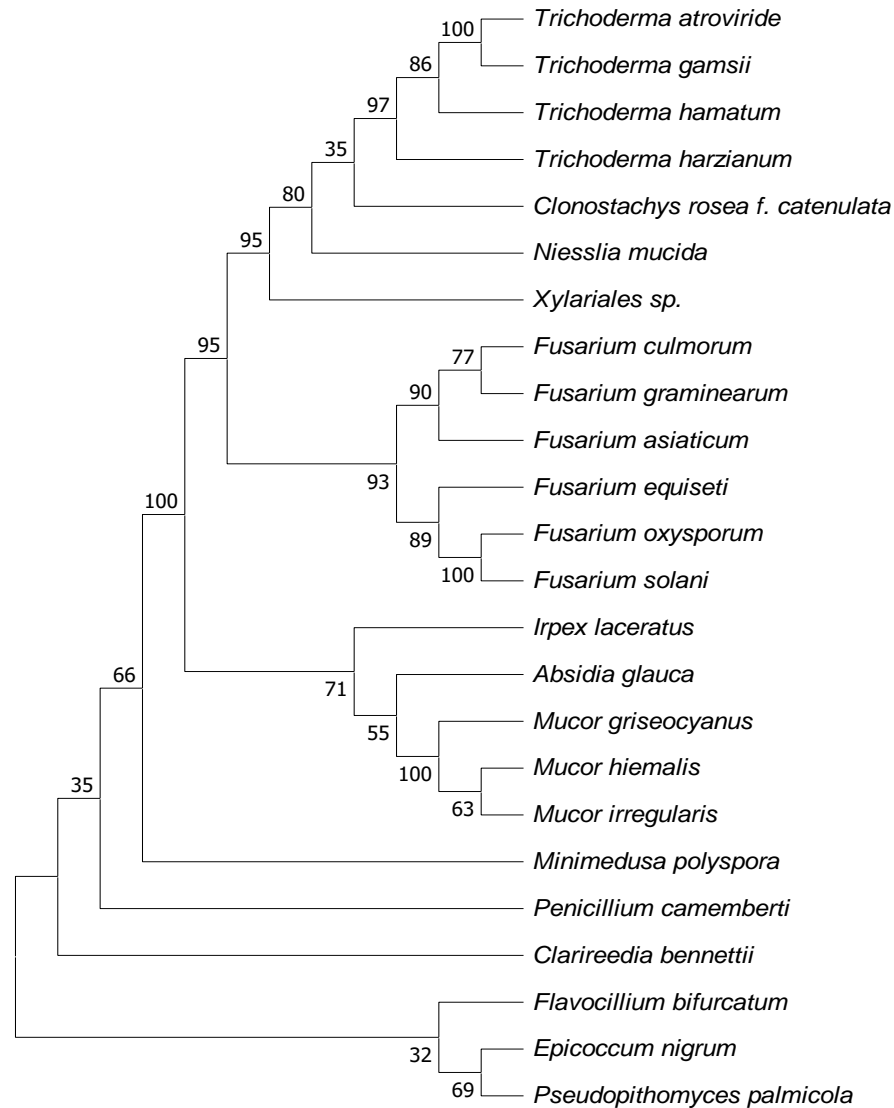
## Análisis de filogenia

Géneros *Trichoderma* y *Fusarium* se agrupan cercanos al pertenecer al orden Hypocreales

Especie *Absidia glauca* se agrupa cercano a los géneros de *Mucor* por pertenecer al orden de Mucorales

Pernía et al. (2012)

Especies de hongos relacionados a sus órdenes



Wang (2020)

Reconstruir un nuevo marco filogenético de la familia Cordycipitaceae

*Flavocillium bifurcatum*

Wang et al. (2023)

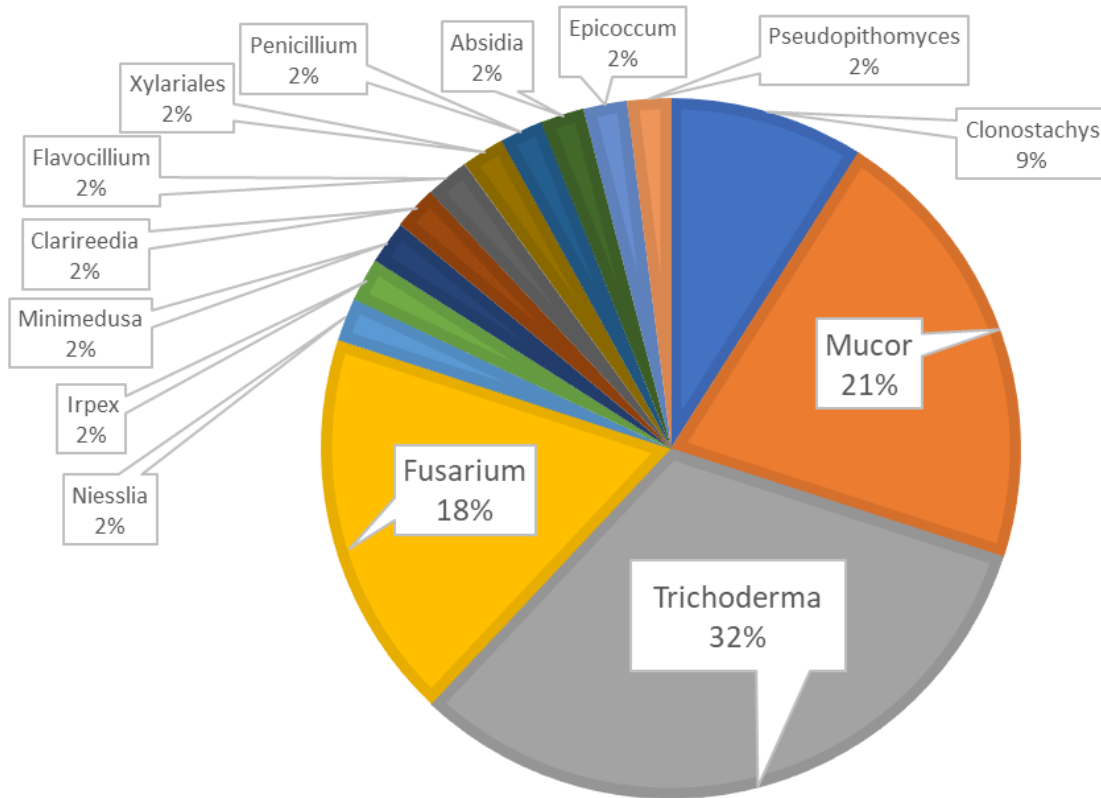
*Clonostachys*  
(Bionectriaceae, Hypocreales)

# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Análisis de diversidad

Figura 17

Abundancia de acuerdo al género



Cultivo puro es considerado una entidad individual

Tabla 10

Estimadores de riqueza y abundancia

Estimadores de diversidad	Resultado
Estimador no paramétrico Chao 1	52
Índice de diversidad Shannon ( $H'$ )	3.021
Índice de Margalef ( $D_{Mg}$ )	6.399
Índice de diversidad de Simpson ( $D'$ )	0.938
Índice de dominancia de Simpson ( $D$ )	0.062
Índice de equidad de Pielou ( $J'$ )	0.916

Samaniego-Gaxiola & Chew-Madinaveitia (2007)

( $H'=1,89$ ;  $D'=0,22$ ;  
 $J'=0,62$ )

Luna-Guevara (2012)

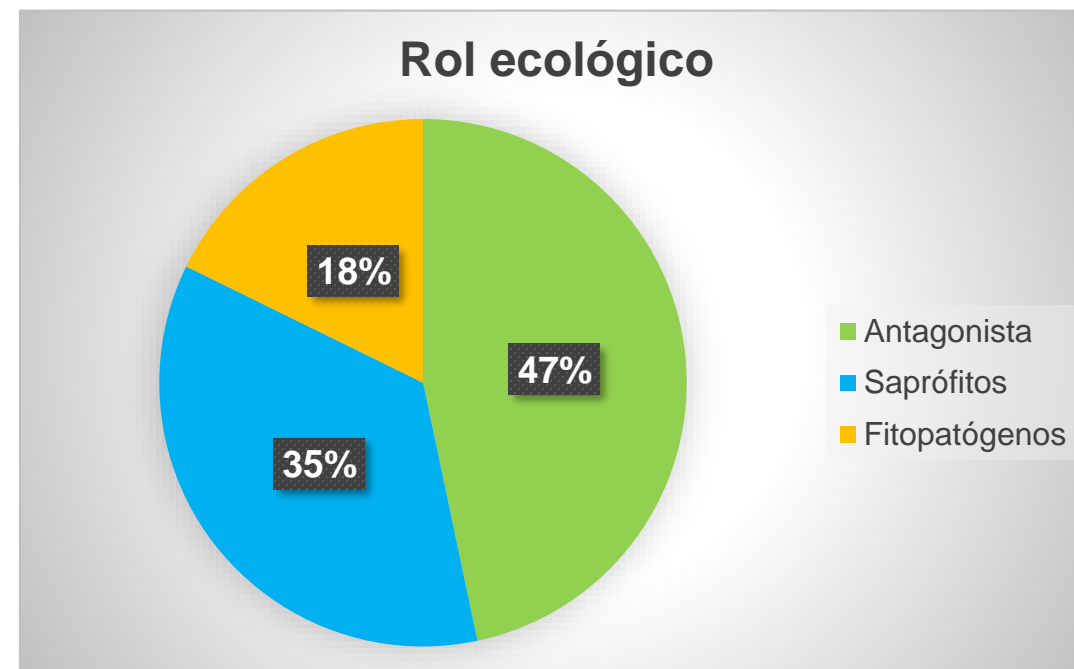
Valores altos de  
 $H'$  y Chao1  
= materia orgánica

## Análisis de diversidad

Tabla 9

Abundancia relativa de las especies identificadas

Especie	# individuos	Abundancia relativa ( $P_i$ )	Categoría
<i>Clonostachys rosea f. catenulata</i>	2	0,032	Antagonista
<i>Mucor griseocyanus</i>	3	0,048	Saprófito
<i>Trichoderma atroviride</i>	8	0,129	Antagonista
<i>Niesslia mucida</i>	1	0,016	Saprófito
<i>Irpex laceratus</i>	1	0,016	Saprófito
<i>Fusarium equiseti</i>	1	0,016	Fitopatógeno
<i>Fusarium graminearum</i>	2	0,032	Fitopatógeno
<i>Fusarium solani</i>	1	0,016	Fitopatógeno
<i>Minimedusa polyspora</i>	1	0,016	Antagonista
<i>Clariireedia bennettii</i>	1	0,016	Fitopatógeno
<i>Mucor irregularis</i>	1	0,016	Saprófito
<i>Flavocillium bifurcatum</i>	1	0,016	Saprófito
<i>Xylariales sp.</i>	4	0,065	Saprófito
<i>Trichoderma harzianum</i>	2	0,032	Antagonista
<i>Trichoderma spirale</i>	1	0,016	Antagonista
<i>Clonostachys solani</i>	3	0,048	Antagonista
<i>Penicillium camemberti</i>	3	0,048	Antagonista y saprófito
<i>Fusarium oxysporum</i>	3	0,048	Fitopatógeno
<i>Trichoderma gamsii</i>	6	0,097	Antagonista
<i>Absidia glauca</i>	3	0,048	Saprófito
<i>Mucor hiemalis</i>	7	0,113	Saprófito
<i>Trichoderma hamatum</i>	1	0,016	Antagonista y saprófito
<i>Epicoccum nigrum</i>	1	0,016	Antagonista y saprófito
<i>Mucor moelleri</i>	1	0,016	Saprófito
<i>Fusarium culmorum</i>	2	0,032	Fitopatógeno
<i>Pseudopithomyces palmicola</i>	1	0,016	Antagonista
<i>Fusarium asiaticum</i>	1	0,016	Fitopatógeno



# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## Cepario

### Anexo C




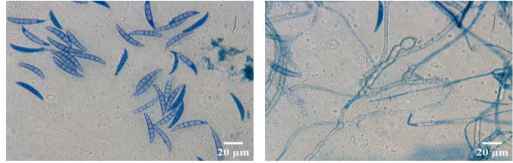
Codificación del cepario

Código del cepario	Especie identificada
R1	<i>Clonostachys rosea</i> f. <i>catenulata</i>
R2	<i>Mucor griseocyanus</i>
R3	<i>Trichoderma atroviride</i>
R5	<i>Trichoderma atroviride</i>
R6	<i>Niesslia mucida</i>
R7	<i>Irpex laceratus</i>
R8	<i>Fusarium equiseti</i>
R10	<i>Fusarium graminearum</i>
R12	<i>Fusarium solani</i>
R13	<i>Minimedusa polyspora</i>
R14	<i>Clarireedia bennettii</i>
R15	<i>Mucor irregularis</i>
R16	<i>Flavocillium bifurcatum</i>
J42	<i>Xylariales</i> sp.
R18	<i>Trichoderma harzianum</i>
R19	<i>Trichoderma spirale</i>
R20	<i>Clonostachys solani</i>
R21	<i>Trichoderma atroviride</i>
R22	<i>Penicillium camemberti</i>
R25	<i>Trichoderma gamsii</i>
R26	<i>Absidia glauca</i>

Fichas Técnicas

27 hongos filamentosos  
crioconservados



 COLECCIÓN DE HONGOS FILAMENTOSOS IASA I - LABORATORIO AGROBIOTECNOLOGÍA				
Ficha # 9	Fecha: marzo 2024	Especie: <i>Fusarium graminearum</i>		
CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS				
Cultivo a los 7 días de incubación				
Código del cepario: R10		Color anverso	Centro: Rojo Medio: Rosado Anillo: — Borde: Blanco	
Anverso		Textura	Algodonosa X Polvosa	
		Aspecto	Irregular X Radiado	
Reverso		Altura del micelio	Alto	
			Medio	
			Bajo	
			Irregular X	
Color reverso	Centro: Rojo Medio: Rosado Borde: Blanco	Esporulación	—	
			Exudado	SI
				Color del exudado: Rojo
MICROSCOPIA				
				
Tamaño promedio de conidióforo: 34.9 µm ± 1				
El hongo <i>Fusarium graminearum</i> presenta conidios con forma ligeramente curvada, miden aproximadamente 10-25 µm de longitud; los conidióforos son simples de aproximadamente 10 a 100 µm; sus colores pueden variar desde blanco a rosa y rojo, dependiendo de las condiciones de crecimiento y la maduración de las esporas.				

# CONCLUSIONES

- Se realizó un total de 62 aislamientos, a partir de los cuales se **identificaron morfo-molecularmente 27 especies**, distribuidas en 14 géneros (*Clonostachys*, *Mucor*, *Trichoderma*, *Niesslia*, *Irpex*, *Fusarium*, *Minimedusa*, *Clarireedia*, *Flavocillium*, *Xylariales*, *Penicillium*, *Absidia*, *Epicoccum*, *Pseudopithomyces*).
- Se determinó que el sector presenta una **alta biodiversidad** ( $D_{Mg} = 6.399$ ;  $D' = 0.938$ ) y uniformidad en la abundancia de las especies ( $H' = 3.021$ ;  $J' = 0.916$ ;  $D = 0.062$ ). Sin embargo, **el estimador no paramétrico Chao 1** (52 especies) demuestra que la técnica presenta limitaciones.
- Con las especies identificadas morfo-molecularmente, se estableció un **cepario a largo a plazo**, usando crioviales que contienen discos de agar colonizados y una solución de preservación, adicionalmente se registraron las características morfológicas detalladas en fichas técnicas, que son complemento al cepario.
- Se creó una **línea base de hongos filamentosos** agrupados de acuerdo al rol ecológico que cumplen; en el sector de Floricultura del total de individuos aislados: 46.8% son antagonistas, 35.5% saprófitos y 17,7% fitopatógenos, información preliminar con la que se puede continuar con procesos complementarios para biorestauración.





# RECOMENDACIONES

- En relación a los resultados de identificación molecular obtenidos, se recomienda la utilización de marcadores moleculares adicionales, como TUB ( $\beta$ -tubulina) y Tef1 (factor de alargamiento de la traducción 1 alfa) para una mejor discriminación entre especies muy emparentadas, especies híbridas y otras que han evolucionado rápidamente.
- Debido a la presencia de hongos no cultivables o de menor prevalencia en el suelo, que no son capturados por técnicas convencionales de aislamiento, es recomendable la utilización de la secuenciación masiva, como la secuenciación de nueva generación (NGS), que se utiliza para estudios más complejos de diversidad.
- Emplear como guía base el cepario y la información obtenidos para realizar estudios complementarios, como la competencia interespecífica entre hongos y otras actividades que permitan la aplicación en campo.





A todo el equipo del  
**Laboratorio de Agrobiotecnología – IASA I**

**Compañeros del laboratorio**

**Familia y Amigos**

Dr. Darwin Arturo Rueda Ortiz  
**Director del proyecto**

Ing. Ariana Drouet  
**Técnicos del laboratorio**

Dr. Carlos Chiriboga  
Ing. Gabriela Morales  
**Laboratorio de Microbiología – IASA I**

