

## Resumen

En el sector de Floricultura de la Hacienda “El Prado” - IASA I, se obtuvieron un total de 62 aislamientos de hongos del suelo a partir de trampas microbianas de arroz.

A 36 hongos filamentosos purificados se los caracterizó morfológicamente a nivel macroscópico y microscópico, con el empleo de claves dicotómicas. La caracterización molecular, se llevó a cabo con la extracción de ADN y amplificación de las regiones conservadas ITS con los *primers* ITS1 e ITS4, los productos de PCR convencional fueron enviados para el proceso de secuenciación por el método de Sanger a los Laboratorios de Investigación UDLA.

La identificación molecular, se realizó al comparar las secuencias consenso con la base de datos NCBI-GenBank, específicamente, usando la herramienta bioinformática BLAST. Se identificaron 27 especies en el sector de Floricultura, distribuidas en 14 géneros: *Clonostachys*, *Mucor*, *Trichoderma*, *Niesslia*, *Irpex*, *Fusarium*, *Minimedusa*, *Clarireedia*, *Flavocillium*, *Xylariales*, *Penicillium*, *Absidia*, *Epicoccum*, *Pseudopithomyces*.

Con las especies morfo-molecularmente identificadas, se elaboró un cepario crioconservando discos de agar colonizados, en una solución de glicerol 10% y peptona 0.1%. Se evidenciaron los procesos mediante la elaboración de fichas técnicas que detallan los resultados.

Finalmente, el estudio estableció 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. Esta información es preliminar para estudios complementarios de biorrestauración.

*Palabras clave:* caracterización morfo-molecular, hongos filamentosos, secuenciación, biodiversidad, crioconservación.

## Abstract

In the Floriculture sector of Hacienda "El Prado" - IASA I, a total of 62 soil fungus isolates were obtained from rice microbial traps.

Thirty-six purified filamentous fungi were morphologically characterized at both macroscopic and microscopic levels using dichotomous keys. Molecular characterization was carried out by DNA extraction and amplification of the conserved ITS regions with the *primers* ITS1 and ITS4. The PCR products were then sent for Sanger sequencing at the UDLA Research Laboratories.

Molecular identification was performed by comparing the consensus sequences with the NCBI-GenBank database, specifically using the bioinformatics tool BLAST. Twenty-seven species were identified in the Floriculture sector, distributed in 14 genera:

*Clonostachys*, *Mucor*, *Trichoderma*, *Niesslia*, *Irpex*, *Fusarium*, *Minimedusa*,  
*Clarireedia*, *Flavocillium*, *Xylariales*, *Penicillium*, *Absidia*, *Epicoccum*,  
*Pseudopithomyces*.

With the morpho-molecularly identified species, a culture collection was established by cryopreserving colonized agar disks in a 10% glycerol and 0.1% peptone solution. The processes were documented by elaborating technical sheets detailing the results.

Finally, the study established a baseline of filamentous fungi grouped according to their ecological role. In the Floriculture sector, of the total isolated individuals, 46.8% are antagonists, 35.5% are saprophytes, and 17.7% are phytopathogens. This information is preliminary for complementary biorestoration studies.

*Keywords:* morpho-molecular characterization, filamentous fungi, sequencing, biodiversity, cryopreservation.