



**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**  
**FACULTAD DE RECURSOS NATURALES**  
**CARRERA INGENIERIA FORESTAL**

**ESTUDIO DE LA MICROBIOTA FUNGICA ASOCIADA A  
SUELOS DE BOSQUES NATIVOS Y PLANTACIONES  
FORESTALES USANDO TÉCNICAS INDEPENDIENTES DE  
CULTIVO EN LA PROVINCIA DE CHIMBORAZO.**

**Trabajo de Integración Curricular**

Tipo: Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

**INGENIERA FORESTAL**

**AUTORA: BEXY STEPHANIA QUINTERO GARCIA**

**DIRECTOR: Dr. PABLO ISRAEL ÁLVAREZ ROMERO Ph.D.**

Riobamba - Ecuador

2021

**©2021, Bexy Stephania Quintero García**

Se autoriza la reproducción total o parcial, con fines académicos, por cualquier medio o procedimiento, incluyendo la cita bibliográfica del documento, siempre y cuando se reconozca el Derecho de Autor.

Yo, Bexy Stephania Quintero García, declaro que el presente trabajo de Integración Curricular es de mi autoría y los resultados del mismo son auténticos. Los textos en el documento que provienen de otras fuentes están debidamente citados y referenciados.

Como autora asumo la responsabilidad legal y académica de los contenidos de este trabajo de Integración Curricular; El patrimonio intelectual pertenece a la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo.

Riobamba, 22 de noviembre del 2021



Bexy Stephania Quintero García

**210054695-7**

**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**  
**FACULTAD DE RECURSOS NATURALES**  
**CARRERA INGENIERÍA FORESTAL**

El Tribunal del trabajo de Integración Curricular certifica que: El trabajo de Integración Curricular; tipo: Proyecto de Investigación, **ESTUDIO DE LA MICROBIOTA FUNGICA ASOCIADA A SUELOS DE BOSQUES NATIVOS Y PLANTACIONES FORESTALES USANDO TÉCNICAS INDEPENDIENTES DE CULTIVO EN LA PROVINCIA DE CHIMBORAZO**, realizado por la señorita **BEXY STEPHANIA QUINTERO GARCÍA**, ha sido minuciosamente revisado por los Miembros del Tribunal del trabajo de Integración Curricular, el mismo que cumple con los requisitos científicos, técnicos, legales, en tal virtud el Tribunal Autoriza su presentación.

<b>TRIBUNAL</b>	<b>FIRMA</b>	<b>FECHA</b>
Ing. Norma Ximena Lara Vasconez <b>PRESIDENTE DEL TRIBUNAL</b>	 Firmado electrónicamente por: <b>NORMA XIMENA LARA VASCONEZ</b>	2021- noviembre-22
Ing. Pablo Israel Álvarez Romero Ph.D. <b>DIRECTOR DEL TRABAJO DE INTEGRACION CURRICULAR</b>	PABLO ISRAEL ALVAREZ ROMERO Firmado digitalmente por PABLO ISRAEL ALVAREZ ROMERO	2021- noviembre-22
Ing. Juan Hugo Rodríguez Guerra M.Sc. <b>MIEMBRO DE TRIBUNAL</b>	JUAN HUGO RODRIGUEZ GUERRA Firmado digitalmente por JUAN HUGO RODRIGUEZ GUERRA Fecha: 2021.11.22 09:05:10 -05'00'	2021- noviembre-22

## **DEDICATORIA**

Dedico este trabajo de titulación a mi familia, en especial a mis padres Nancy G. y José Luis Q. que nunca dejaron de apoyarme e impulsarme a seguir estudiando, a mis hermanos José y Alejandro, a Roberth porque siempre estuvo presente en cada momento. A mi tío Carlos a quien siempre recuerdo con cariño y sé que desde el cielo siempre me cuida. A todos ellos por ser parte fundamental en mi vida.

Bexy Stephania Quintero García

## **AGRADECIMIENTO**

En primer lugar, a Dios por permitirme estar con vida, a mis padres José Luis y Nancy por todas sus enseñanzas, valores y virtudes, por cada palabra de amor en momentos difíciles, por su apoyo incondicional, a mis hermanos José y Alejandro por sus ocurrencias y ánimo en cada momento, a Roberth por ser el mejor acompañante que pude tener en esta etapa de mi vida y de mi carrera, a toda mi familia en general porque siempre estaban pendientes de mi dándome consejos y palabras de aliento. A mi tribunal, Dr. Pablo Álvarez por todo su tiempo, conocimientos y enseñanzas, por toda la paciencia y apoyo, al Ing. Hugo Rodríguez por estar siempre presente motivándome a pesar de todas las adversidades, al Ing. Daniel Román que fue parte de este proyecto, una excelente persona que siempre estuvo dispuesto a acompañarme en los primeros pasos para mi trabajo de integración curricular, al Ing. Juan Luis Guerra, por acompañarme y guiarme en la recolección de muestras, por su amistad y apoyo en este proyecto. Al Ingeniero Álvaro Rivera técnico del laboratorio de Fitopatología de la Facultad de Recursos Naturales quien estuvo al inicio de mi trabajo de investigación y supo direccionarme y ayudarme siempre que necesité. A mis amigos y compañeros por acompañarme en esta aventura llena de momentos buenos y malos, por cada sonrisa y por cada palabra de aliento y apoyo.

Bexy Stephania Quintero García

## TABLA DE CONTENIDO

ÍNDICE DE TABLAS.....	IX
ÍNDICE DE FIGURAS.....	X
ÍNDICE DE GRÁFICOS.....	XI
ÍNDICE DE ANEXOS .....	XII
RESUMEN.....	XIII
ABSTRACT.....	XIV
INTRODUCCIÓN .....	1

### CAPÍTULO I

1. MARCO TEÓRICO REFERENCIAL.....	4
1.1. Bosques nativos.....	4
1.1.1. <i>Importancia de los bosques en el Ecuador</i> .....	4
1.2. Plantaciones forestales .....	5
1.2.1. <i>Importancia de las plantaciones forestales en el Ecuador</i> .....	5
1.3. Microbiota.....	5
1.3.1. <i>Microbiota del suelo</i> .....	6
1.3.2. <i>Importancia</i> .....	6
1.4. <i>Hongos</i> .....	7
1.5. Técnicas dependientes de cultivo.....	8
1.6. Técnicas independientes de cultivo .....	8
1.7. <i>Técnicas de Metagenómica</i> .....	8
1.7.1. <i>Metagenómica de suelos</i> .....	8
1.7.2. <i>Técnicas independientes de cultivo para el estudio de la metagenómica</i> .....	9
1.7.3. <i>Secuenciación de próxima generación del ADN genómico</i> .....	9
1.7.4. <i>Metagenómica dirigida ITS</i> .....	10
1.7.5. <i>Características de la región ITS</i> .....	10
1.8. <i>Usos biotecnológicos potenciales de microorganismos de suelos en la producción silvicultural y biocontrol.</i> .....	10

## CAPÍTULO II

<b>2.</b>	<b>MARCO METODOLÓGICO</b> .....	12
<b>2.1.</b>	<b>Materiales y métodos</b> .....	12
<b>2.1.1.</b>	<b>Caracterización del lugar</b> .....	12
2.1.1.1.	<i>Localización</i> .....	12
2.1.1.2.	<i>Ubicación Geográfica y características climáticas de las zonas de estudio</i> .....	13
<b>2.1.2.</b>	<b>Materiales y equipos</b> .....	15
2.1.2.1.	<i>Materiales de campo</i> .....	15
2.1.2.2.	<i>Materiales de laboratorio</i> .....	15
2.1.2.3.	<i>Materiales y equipos de oficina e informáticos</i> .....	15
<b>2.2.</b>	<b>Metodología</b> .....	15
2.2.1.	<i>Especificaciones de muestreo</i> .....	15
2.2.2.	<i>Extracción del ADN genómico de las muestras de suelo</i> .....	16
2.2.3.	<i>Preparación de librerías y secuenciamiento</i> .....	16
2.2.4.	<i>Procesamiento de secuencias brutas y análisis</i> .....	16
2.2.5.	<i>Tratamientos</i> .....	17
2.2.5.1.	<i>Factores de estudio</i> .....	17
2.2.6.	<i>Tipos de análisis estadísticos utilizados en este estudio</i> .....	17

## CAPÍTULO III

<b>3.</b>	<b>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b> .....	18
<b>3.1.</b>	<b>Resultados de la secuenciación</b> .....	18
<b>3.1.1.</b>	<b>Principales grupos de hongos asociados a suelos de ecosistemas de bosques nativos y plantaciones forestales</b> .....	18
3.1.1.1.	<i>Abundancia relativa a nivel de filo, clase, orden, familia y género en relación al tipo de suelo de bosques nativos y plantaciones forestales.</i> .....	18
3.1.1.2.	<i>Abundancia relativa a nivel de filo, clase, orden, familia y género en relación a los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales.</i> .....	29
3.1.2.	<i>Diversidad de la microbiota fúngica en diferentes suelos de bosques nativos y plantaciones forestales.</i> .....	44
3.1.3.	<i>Estructuración de las comunidades fúngicas basado en la naturaleza del bosque</i> ...50	
<b>3.2.</b>	<b>Discusión</b> .....	52
<b>CONCLUSIONES</b> .....		54

<b>RECOMENDACIONES</b> .....	55
<b>GLOSARIO</b>	
<b>BIBLIOGRAFIA</b>	
<b>ANEXOS</b>	

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1-2:</b>	Características de los lugares de muestreo en la provincia de Chimborazo.....	14
<b>Tabla 2-2:</b>	Tratamiento de estudio.....	17
<b>Tabla 1-3:</b>	Índice de riqueza de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de chimborazo.....	44
<b>Tabla 2-3:</b>	Diversidad de shannon de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de chimborazo.....	46
<b>Tabla 3-3:</b>	Diversidad de simpson de bosques nativos y plantaciones forestales de la provincia de chimborazo.....	48

## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1-2:</b> Mapa de lugares de muestreo de suelo en la provincia de Chimborazo .....	13
<b>Figura 2-2:</b> Esquema de toma de sub muestra en diagonal.....	15

## ÍNDICE DE GRÁFICOS

<b>Gráfico 1-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de filo de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo .....	20
<b>Gráfico 2-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de clase de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo. ....	22
<b>Gráfico 3-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de orden de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales de la Provincia de Chimborazo .....	24
<b>Gráfico 4-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de familia de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo. ....	26
<b>Gráfico 5-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de género de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo. ....	28
<b>Gráfico 6-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de filo de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.....	31
<b>Gráfico 7-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de clase de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.....	34
<b>Gráfico 8-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de orden de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.....	37
<b>Gráfico 9-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de familia de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.....	40
<b>Gráfico 10-3:</b>	Abundancia relativa a nivel de género de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.....	43
<b>Gráfico 11-3:</b>	Índice de riqueza de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo. ....	45
<b>Gráfico 12-3:</b>	Índice de Shannon de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales de la Provincia de Chimborazo.....	47
<b>Gráfico 13-3:</b>	Índice de Simpson de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo.....	49
<b>Gráfico 14-3:</b>	Estructuración de las comunidades fúngicas de suelos basado en la naturaleza del bosque.....	51

## **ÍNDICE DE ANEXOS**

**ANEXO A:** LABORES REALIZADAS EN LA FASE DE CAMPO

**ANEXO B:** LABORES REALIZADAS EN FASE DE LABORATORIO

**ANEXO C:** PROTOCOLO DE EXTRACCION DE ADN

## RESUMEN

El objetivo de este estudio fue estudiar la microbiota fúngica asociada a suelos de bosques nativos y plantaciones forestales usando técnicas independientes de cultivo, para lo cual se recolectaron 10 muestras de suelo en diferentes localidades de la provincia de Chimborazo, las muestras fueron enviadas al laboratorio para su procesamiento. La extracción de ADN genómico fue tercerizada por la empresa IDgen en Quito, la cual utilizó el kit de extracción Herculase II Fusion DNA Polymerase Nextera XT y el protocolo recomendado por la empresa. Para la preparación de librerías se utilizó el protocolo ITS Metagenomic Sequencing Library Preparation Part # 15044223 Rev. B. La plataforma utilizada para el secuenciamiento fue Illumina MiSeq, la secuenciación fue de 300 pares de bases (bp) pair end, y fue realizada en la empresa Macrogen Korea. Se realizó un procesamiento adicional de la secuencia utilizando Mothur versión 1.39.5. Las secuencias se agruparon previamente para disminuir el error de secuenciación y se realizaron la detección y eliminación de quimeras. Finalmente, las secuencias fúngicas se clasificaron utilizando la base de datos UNITE-ITS. Todas las secuencias se agruparon en 97% de unidades taxonómicas operativas (OTU). Se utilizó una estadística descriptiva y multivariada de tipo no paramétrica para el análisis de información. Todos los análisis fueron realizados en el programa R versión 4.0. La secuenciación del microbioma fúngico generó 816 342 secuencias que pertenecieron a suelos de bosques nativos, 412 796 secuencias de suelos de plantaciones forestales y finalmente 135 658 secuencias del suelo alterado. Se concluye que los suelos de plantaciones forestales presentaron menor diversidad fúngica en relación a los suelos de bosques nativos que presentaron mayor diversidad fúngica. Se recomienda realizar estudios y aislamiento de hongos en los suelos de bosques nativos de mayor diversidad presentados en este estudio, para evaluar el potencial de estos en silvicultura.

**Palabras clave:** <MICROBIOTA>, <MICROBIOMA>, <TRANSICIÓN>, <TÉCNICAS>, <INDEPENDIENTES>, <TÉCNICAS DEPENDIENTES>, <METAGENOMICA>.

CRISTHIAN  
FERNANDO  
CASTILLO  
RUIZ

Firmado  
digitalmente por  
CRISTHIAN  
FERNANDO  
CASTILLO RUIZ  
Fecha: 2021.12.10  
18:11:41 -05'00'



2233-DBRA-UTP-2021

## ABSTRACT

The aim of this research was to study the fungal microbiota associated with soils of native and plantations forest using independent cultivation techniques, for that reason, 10 soil samples were collected in different localities of the province of Chimborazo, the samples were sent to the processing laboratory. Genomic DNA extraction was outsourced to IDgen in Quito, which used the Herculase II Fusion DNA Polymerase Nextera XT extraction kit and the company recommended protocol. For library preparation, the protocol ITS Metagenomic Sequencing Library Preparation Part # 15044223 Rev. B was used. The platform used for sequencing was Illumina MiSeq, the sequencing was 300 base pairs (bp) pair end, and was performed at Macrogen Korea. Additional sequence processing was executed using Mothur version 1.39.5. The sequences were pre-clustered to reduce sequencing error, chimera detection and elimination were performed. Finally, fungal sequences were classified using the UNITE-ITS database. All sequences were grouped into 97% operational taxonomic units (OTU). Descriptive and multivariate nonparametric statistics were used for data analysis. All analyses were performed in R software version 4.0. The sequencing of the fungal microbiome generated 816 342 sequences belonging to native forest soils, 412 796 sequences from forest plantation soils and finally 135 658 sequences from disturbed soil. It is concluded that the forest plantation soils presented lower fungal diversity in relation with the native forest soils, which presented higher fungal diversity. It is recommended to carry out studies and isolation of fungi in native forest soils of higher diversity presented in this study, to evaluate their potential in silviculture.

**Key words:** <MYCROBIOT>, <MYCROBIOME>, <TRANSITION>, <TECHNICS>, <INDEPENDENT>, <DEPENDENT TECHNIQUES>, <METAGENOMICS>.



Firmado electrónicamente por:  
**ELSA AMALIA  
BASANTES  
ARIAS**

## INTRODUCCIÓN

Los microbios son componentes clave de los suelos que controlan el funcionamiento de los ecosistemas agrícolas y forestales, controlan las reservas de carbono orgánico de los suelos, contribuyen a la estabilidad estructural de los agregados de los suelos, suprimen patógenos de suelo de plantas y consecuentemente, interfieren en la salud de las plantas y en su producción (Bonanomi et al. 2016, pp 327-336). Durante las últimas décadas, la alteración antropogénica de los suelos está provocando cambios en la biodiversidad y, por tanto, una creciente preocupación por la sostenibilidad de los sistemas agrícolas y forestales intensivos. La intensificación en las actividades agrícolas y forestales tienen un impacto sustancial en la diversidad vegetal, animal y microbiana (Lupatini et al. 2017, pp 2064).

Sin embargo, los efectos de la producción agrícola y forestal en los suelos, cultivos y la diversidad microbiana todavía no están bien entendida. Esta falta de conocimiento genera una preocupación porque los microorganismos del suelo y de las plantas, especialmente hongos y bacterias, representan la mayor parte de la biodiversidad en estos ecosistemas y estos microorganismos están involucrados en múltiples funciones incluyendo el ciclo de nutrientes y la sanidad forestal. Los hongos constituyen fuentes potenciales de productos biotecnológicos como metabolitos, enzimas y fitoreguladores, teniendo un papel fundamental en el crecimiento, desarrollo y sanidad de las plantas, sin embargo, actualmente no se tiene información sobre la composición y diversidad de hongos de los suelos de especies forestales nativas y exóticas en el Ecuador y esta información es de vital importancia para establecer estrategias de manejo silvicultural que permitan obtener un aprovechamiento sostenible y sustentable de los bosques.

Una de las principales limitantes en los estudios sobre microbiota fúngica y diversidad microbiana es la poca cantidad de microorganismos que se consiguen recuperar con técnicas dependientes de cultivo. En la actualidad, gracias a técnicas de biología molecular independientes de cultivo como metagenómica, metabarcoding y secuenciamiento de nueva generación (NGS), es posible conocer profundamente la composición, estructura y diversidad microbiana presentes en los diferentes ecosistemas, aprovechando de mejor manera los microorganismos potencialmente candidatos a ser usados en aplicaciones biotecnológicas como biofertilizantes, bioestimulantes y biocontroladores.

## **ANTECEDENTES**

Ecuador ha sido considerado un país megadiverso con diferentes tipos de bosques nativos. Cuando las plantas crecen en condiciones alejadas de sus centros de origen y diversidad, necesariamente ensamblan su microbiota asociada a partir de microbiomas *ex situ*, este ensamblaje comunitario probablemente contrasta con los microbiomas *in situ* con los que sus parientes silvestres coevolucionaron. El microbioma de los bosques nativos puede desempeñar un papel importante, aunque en gran parte desconocido, en la salud forestal, proporcionando un recurso para estudiar las comunidades microbianas beneficiosas.

El estudio de la microbiota asociada de los bosques nativos se ha descuidado en gran medida. Es necesario llenar muchas lagunas relevantes, pero la investigación de la composición de la comunidad que interactúa con los parientes silvestres del bosque *in situ* utilizando un enfoque de microbioma es una opción poderosa para buscar y descubrir agentes de control biológico efectivos. En última instancia, estos agentes pueden ayudar a mejorar la tolerancia de los bosques al estrés biótico o abiótico. La información sobre la composición y diversidad de la microbiota en los bosques ecuatorianos es fundamental para el desarrollo de una estrategia de manejo forestal sostenible más focalizada.

## **PROBLEMA**

Actualmente no se dispone de información sobre la microbiota fúngica asociada a suelos de bosques nativos y plantaciones forestales de la provincia de Chimborazo. El conocimiento de la microbiota fúngica presente en los suelos de los bosques es fundamental para establecer estrategias de manejo silvicultural que permita obtener un aprovechamiento sostenible y sustentable de los bosques.

## **JUSTIFICACIÓN**

Considerando la importancia de los hongos en los sistemas agrícolas y forestales, este estudio representa una gran alternativa para la obtención de hongos con potenciales diferenciados para investigaciones científicas y utilización en la biotecnología e industria forestal. Tomando en cuenta, el papel fundamental de los hongos en los suelos de sistemas agrícolas y forestales, la gran diversidad de especies forestales nativas existentes en el Ecuador y de la ausencia de estudios de diversidad microbiana de suelos de especies forestales en nuestro país, este trabajo propone el

estudio de la microbiota fúngica asociada a suelos de bosques nativos y plantaciones forestales usando técnicas independientes de cultivo en la provincia de Chimborazo.

## **OBJETIVOS**

### **GENERAL**

- Estudiar la microbiota fúngica asociada a suelos de bosques nativos y plantaciones forestales usando técnicas independientes de cultivo en la provincia de Chimborazo.

### **ESPECÍFICOS**

- Identificar los principales grupos de hongos asociados a suelos de ecosistemas de bosques nativos y plantaciones forestales.
- Determinar la diversidad de la microbiota fúngica en diferentes suelos de bosques.
- Examinar si existe una estructuración de las comunidades fúngicas basada en la naturaleza del bosque.

## **HIPÓTESIS**

### **NULA**

Suelos de bosques nativos y plantaciones forestales no divergen en la composición, estructura y diversidad microbiana.

### **ALTERNATIVA**

Suelos de bosques nativos y plantaciones forestales divergen en la composición, estructura y diversidad microbiana.

# CAPÍTULO I

## MARCO TEÓRICO REFERENCIAL

### 1.1. Bosques nativos

Son ecosistemas arbóreos caracterizados por la presencia de árboles y arbustos de múltiples especies que son originarias de ese hábitat, regenerados por sucesión natural, con una asombrosa biodiversidad de flora, fauna y microorganismos. Los bosques nativos se los puede clasificar como: primarios y secundarios. El bosque nativo primario, es aquel que mantiene su estructura original, de manera inalterada o con diferentes grados de intervención humana. El bosque nativo secundario es aquel cuya estructura natural ha sido alterada o intervenida por la mano del hombre (EcuadorForestal 2007, p. 140).

La superficie de bosque nativo en el Ecuador es de alrededor de 12'753.387 de hectáreas, el 74% se encuentra en la región amazónica, cerca del 16% en la Costa y el 10% restante en la Sierra (Ministerio de Ambiente 2015, p. 20). Factores como la ubicación geográfica del país, la presencia de la Cordillera de los Andes y la influencia de corrientes marinas determinan que el Ecuador disponga de gran variedad de climas y formaciones vegetales, situándose entre los 10 países de mayor biodiversidad del mundo. Parte de esta riqueza constituyen sus bosques, en los cuales crecen alrededor de 5000 especies de arbóreas. El bosque nativo provee cerca del 88 % del total de madera en Ecuador (EcuadorForestal 2007, p. 140).

#### *1.1.1. Importancia de los bosques en el Ecuador*

En el Ecuador existen una gran variedad de bosques nativos en las distintas regiones, Costa, Sierra y Amazonía. La mayoría de estos bosques nativos están considerados como áreas protegidas. Los bosques nativos tienen un rol importante para el desarrollo de la vida, tanto para las personas como para animales, ya que de ellos se han obtenido medicinas y frutos comestibles, así como sustancias para el desarrollo de industrias del caucho, madera, para curtir pieles, calzado y para biotecnología. Los bosques en Ecuador son de suma importancia ya que estos son un recurso económicamente renovable que ayuda a captar dióxido de carbono (CO<sub>2</sub>), producir oxígeno, ayudando a retener agua en el suelo, deteniendo la erosión y adornando los paisajes. (Granda Muñoz 2015, p. 42).

## **1.2. Plantaciones forestales**

Se denominan plantaciones forestales a bosques predominantemente compuestos de árboles establecidos por plantación y/o siembra deliberada, en el cual las especies forestales plantadas y/o sembradas son introducidas, para uso industrial o comercial. Se estima que en el Ecuador existen 14.4 millones de hectáreas de tierra de uso preferentemente forestal, es decir, más del 50% del territorio nacional; correspondiendo a plantaciones forestales, alrededor de 164.000 ha. que representan el 1.14% de la superficie forestal del Ecuador (Saab 2019, pp. 27-40).

### ***1.2.1. Importancia de las plantaciones forestales en el Ecuador***

Los productos forestales madereros que se obtienen de las plantaciones forestales corresponden a madera, principalmente para fines industriales. La producción de los principales productos forestales para la industria corresponde a madera aserrada, tableros, pasta de madera, astillas y papel (Saab 2019, pp. 27-40).

Las plantaciones forestales además cumplen un importante papel en la preservación del equilibrio ecológico contribuyendo en la disminución de los efectos del cambio climático, en la captura del carbono a fin de contrarrestar los efectos del CO<sub>2</sub> y principalmente disminuyendo la presión sobre los bosques nativos. En el Ecuador existen plantaciones forestales principalmente de *Pinus* spp. y *Eucalyptus* spp. en la Región Sierra y de Teca-*Tectona grandis* en la Región Costa, que proveen maderas de mayor valor comercial en el mercado mundial (Saab 2019, pp. 27-40).

Gran parte de la producción de madera de bosques plantados en el Ecuador tiene la finalidad de abastecer la industria maderera local que se ha desarrollado considerablemente, tanto en el corte de troncos como en la madera procesada para construcciones, muebles, madera contrachapada y aglomerada, así como la industria de las manufacturas de madera. Así mismo, la madera que se destina a las exportaciones tiene como principales mercados, Japón (Eucalipto), India (Teca) y Estados Unidos (otras maderas) (Saab 2019, pp. 27-40).

## **1.3. Microbiota**

La microbiota es definida como el conjunto total de microorganismos (hongos filamentosos bacterias, actinomicetos, protozoarios, virus, etc.) que habitan un hábitat determinado (raíz, semillas, tallo, hojas, intestino de los animales, piel) que cumplen una función importante en

diferentes procesos esenciales para procesos fundamentales de desarrollo de organismos que forman parte de ese hábitat (Reyes y Valery 2007, pp. 117-126).

### ***1.3.1. Microbiota del suelo***

La microbiota de suelo está conformada por microorganismos presentes en el suelo, que realizan funciones de vital importancia en la fertilidad, reciclaje de nutrientes, estructura y conservación del suelo (Reyes y Valery 2007, pp 117-126). La microbiota del suelo está compuesta por una gran variedad de microorganismos como: millones de bacterias, actinomicetos, hongos, protozoarios, etc. (Rodríguez 2011, pp. 14-24).

Los microorganismos de la microbiota del suelo están relacionados a diversos procesos del suelo, como: la descomposición de la materia orgánica e inorgánica, los ciclos naturales del nitrógeno, carbono, fósforo, la solubilización de compuestos minerales, etc.; siendo beneficiosos para el desarrollo de las plantas nativas como para las cultivadas (Berg y Smalla 2009, pp. 1-13).

### ***1.3.2. Importancia***

La microbiota del suelo es de gran importancia debido a los procesos que se realizan en el suelo como: descomposición, mineralización de la materia orgánica, formación y estabilización de los agregados de suelo, ataques a rocas y minerales, ciclos biogeoquímicos, son altamente dependientes de la microbiota del suelo. Debido a ello, la microbiota del suelo es considerada por muchos autores como un agente importante en la fertilidad del suelo y en la nutrición de las plantas (Montilla, Herrera y Monasterio 1992, pp. 59-70).

Entre las actividades de los microorganismos como hongos, bacterias y otros, están el mantenimiento de la fertilidad del suelo; siendo los responsables de la degradación de la materia orgánica muerta para transformarla en humus, retornando al suelo y a la atmósfera las sustancias transformadas por otros seres vivos (Vega González 2013, p. 2). La fracción biótica de la materia orgánica, formada por microorganismos vivos, desempeña un papel básico en los suelos, al ser la responsable última del estado de la materia orgánica, y en general, del desarrollo y funcionalidad del ecosistema (Smith et al. 1992, pp. 65-94).

La microbiota del suelo influye además en el establecimiento de los ciclos biogeoquímicos como en la formación de la estructura de los suelos (Roldán, García-Orenes y Lax 1994, pp. 1699-1707). por lo que resulta de gran interés en conocer los factores que regulan su tamaño, actividad y estructura

(Zeller, Bardgett y Tappeiner 2001, pp. 639-649). La microbiota es responsable además entre el 80 y el 90% de procesos que tienen lugar en el suelo (Marando 2013, p. 6). La microbiota del suelo puede ser muy numerosa, dicha población puede alcanzar entre  $10^8$  y  $10^9$  células por gramo de peso seco, valorado microscópicamente. Hay que tener en cuenta que sólo han sido cultivados aproximadamente un 10% de los organismos microscópicamente observables de la biomasa del suelo, (Morales et al. 2011, p. 17)

#### ***1.4. Hongos***

Los hongos, según (Wild 1992) representan el 70% de la población microbiana y constituyen el segundo grupo de microorganismos del suelo. Todos son eucariotas heterótrofos y se incluyen entre las especies que necesitan nitrógeno, ya sea en forma de sales minerales o de compuestos orgánicos nitrogenados, pues están desprovistos de capacidad fijadora (Julca-Otiniano et al. 2006, pp. 49-61).

Los hongos del suelo presentan una alta heterogeneidad y diversidad. Han sido estudiados ampliamente por su importancia en la descomposición de tejidos vegetales y animales, por sus diferentes funciones a nivel de la rizósfera. Son organismos que por regla general aerobios estrictos y además son capaces de degradar un alto número de sustratos, como la lignina, celulosa, quitina, o la queratina, entre otros (Morales et al. 2011, pp. 17-18).

Los hongos, tienen una gran capacidad metabólica para producir una amplia variedad de moléculas bioactivas y actualmente se utilizan para producir numerosos productos comerciales en un mercado que se estima en miles de millones de dólares. La comercialización de productos terapéuticos microbianos comenzó con el descubrimiento de la penicilina hace 70 años (Ferrara 2006, p. 73).

Inicialmente utilizados solamente como agentes antibacterianos, estos productos han evolucionado para los usos más diversos, que incluyen la inhibición de la biosíntesis de colesterol y terapias tan sofisticadas como la inmunosupresión en pacientes trasplantados (Cragg y Newman 2001, pp. 52-60). A pesar de la variedad de agentes terapéuticos derivados de hongos, esta es un área con enorme potencial y en auge, ya que las estimaciones indican la existencia de 1,5 millones de especies de hongos, de los cuales solamente el 5% se ha descrito y estudiado en la literatura (Hawksworth 2001, pp. 1422-1432).

### **1.5. Técnicas dependientes de cultivo**

Los estudios realizados en el pasado para determinar poblaciones microbianas fueron basadas en métodos dependientes de cultivo (Doctoral 2011, p. 27). Las técnicas de microbiología clásica eran basadas en el aislamiento de microorganismos en medios de cultivo sintéticos (Técnicas dependientes de cultivo) (Doctoral 2011, p. 45).

### **1.6. Técnicas independientes de cultivo**

Entre estas técnicas moleculares se encuentra la amplificación y posterior secuenciación de regiones conservadas del DNA, tales como la región ITS de hongos, que permite la identificación de los integrantes de la microbiota fúngica (Doctoral 2011, p. 52). Estas técnicas independientes de cultivo, se han convertido en una herramienta muy útil para estudiar la estructura de la comunidad microbiana presente en muestras ambientales (técnicas conocidas también como técnicas de metagenómica) prescindiendo del cultivo previo de los microorganismos (Schabereiter-Gurtner et al. 2001, pp. 77-87).

### ***1.7. Técnicas de Metagenómica***

La metagenómica es una ciencia que surge como una rama de las ciencias genómicas, la cual se refiere al estudio del metagenoma (genomas e información genética de la totalidad de organismos presentes en un hábitat) de un nicho en particular (Riesenfeld, Goodman y Handelsman 2004, pp. 981-989). Se han investigado metagenomas de diversos ambientes, incluyendo ecosistemas acuáticos, minas, suelos agrícolas y forestales. Al estudiar el metagenoma de un ambiente en particular, se utilizan técnicas de biología molecular que analizan el DNA de toda la microbiota en conjunto (Hernández-León et al. 2010, pp. 133-139).

#### ***1.7.1. Metagenómica de suelos***

El suelo es probablemente uno de los ambientes más complejos por su diversidad y complejidad microbiológica, (Mocali y Benedetti 2010, pp. 497-505). Entender la ecología de los microorganismos es otro desafío para la biología, debido a la gran cantidad de interacciones con factores bióticos y abióticos. Es también una excelente oportunidad para lograr un mayor entendimiento de los aspectos evolutivos y biológicos de los microorganismos, así como de sus aspectos ecológicos.

### ***1.7.2. Técnicas independientes de cultivo para el estudio de la metagenómica***

Hernández, León, Velázquez & Sepúlveda (2010, p. 134), afirma: “Los métodos que han sido utilizados, para medir la diversidad microbiana en suelo están categorizados dentro de dos grupos: las técnicas basadas en bioquímica y técnicas basadas en biología molecular”. Dentro de las técnicas moleculares para estudiar la diversidad se incluye la re-asociación de ADN, hibridación ADN-ADN y ARNm-ADN, clonación ADN, secuenciación de alto rendimiento (high-throughput) y otros métodos basados en PCR como electroforesis de gradiente denaturante (DGGE). Una de las técnicas de hibridación que ha estado adquiriendo mucha fuerza, dentro de los estudios de diversidad, es el microarreglo de ADN, que se basa en la hibridación del ADN-ADN o ADNc-ADN para detectar e identificar especies bacterianas o para evaluar la diversidad microbiana.

Este microarreglo puede contener genes blancos específicos para proveer información de la diversidad funcional o puede contener una muestra de ambientes —estándar (fragmentos con menos del 70% de hibridación) representando diferentes especies encontradas en la muestra ambiental (Hernández, León, Velázquez & Sepúlveda 2010, p. 134).

### ***1.7.3. Secuenciación de próxima generación del ADN genómico***

Las tecnologías de secuenciación masiva incluyen una serie de pasos universales que se agrupan en términos generales en la preparación de bibliotecas y templado, reacción de secuenciación, y análisis de datos. La combinación única de protocolos específicos distingue a cada una de las tecnologías y determina el tipo y cantidad de datos producidos de una plataforma a otra. Las diferencias entre plataformas son notables al comparar los datos obtenidos en calidad, cantidad y costo de la secuenciación (Metzker 2010, pp. 31-46).

Aunque las puntuaciones de calidad y precisión de las estimaciones son proporcionadas por cada fabricante, no hay consenso establecido para determinar una “calidad mínima” de las secuencias, es decir, no se puede hacer una equivalencia entre una plataforma y otra, debido a diversas métricas de secuenciación utilizadas por las diferentes tecnologías. Los distintos sistemas de secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés: Next-Generation Sequencing) tienen en común la alta producción de datos, a partir de la secuenciación masiva en paralelo en el orden de las “Gigabases” o “Terabases”. A menudo, los instrumentos de NGS se clasifican como tecnologías de secuenciación de segunda y tercera generación (Mantilla, Torres 2019, pp. 2-4).

#### ***1.7.4. Metagenómica dirigida ITS***

Para evaluar la biodiversidad de los hongos es necesario hacer primero su identificación. En los últimos años el desarrollo de las herramientas moleculares ha permitido conocer la estructura, dinámica y variabilidad genética de la población de hongos. La más útil para el estudio de las comunidades fúngicas ha sido la reacción en cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés) que permite identificar los microorganismos (Bruns y Gardes 1993, pp. 233-242).

Los procedimientos basados en PCR, ya sean reacciones simples o complejas (anidadas), abarcan un vasto número de protocolos; entre los más empleados están: Las regiones hipervariables del rDNA (ITS o espacio transcrito interno) (Tovar, Cásarez y Valdés 2004, pp. 267-278).

#### ***1.7.5. Características de la región ITS***

Las regiones más divergentes de los genes ribosomales son los espacios intergénicos ITS. La ecología microbiana en estudios de comunidades fúngicas le ha dado un uso muy frecuente a la amplificación de los genes ribosomales, casi exclusivamente para identificar los componentes de la misma comunidad, a diferencia de lo que se hace en las comunidades de procariontes en las que se utiliza tanto para identificar como para cuantificar (Tovar, Cásarez y Valdés 2004, pp. 267-278).

La variabilidad en la secuenciación observada en las 2 regiones ITS de los genes ribosomales que separan la subunidad ribosomal pequeña 5.8 de la subunidad ribosomal grande 25S, ha sido determinante para distinguir un hongo de otro. La mayoría de los estudios de ecología molecular de los hongos se ha hecho con restricción de estas regiones que están separadas por el gen ribosomal 5.8S. En los hongos es de un tamaño de 650 a 900 pb e incluye al gene 5.8S. La variabilidad interespecie del ITS1 y del ITS2, ha sido especialmente estudiada para establecer marcadores para algunas especies de hongos (Tovar, Cásarez y Valdés 2004, pp. 267-278).

#### ***1.8. Usos biotecnológicos potenciales de microorganismos de suelos en la producción silvicultural y biocontrol.***

Desde el punto de vista de la biotecnología, el suelo es visto como una gran reserva de enzimas, antibióticos y otros productos naturales por descubrir (Riesenfeld, Goodman y Handelsman 2004, pp. 981-989). De hecho, una gran parte de drogas contra el cáncer han sido descubiertas a partir de microorganismos del suelo (Pettit 2004, pp. 1-6): por ejemplo, la bleomicina y actinomicina D, que fueron aisladas de *Streptomyces* spp. y *Actinomyces* spp., respectivamente (Hernández-León et al. 2010, pp. 133-139).

Desde el descubrimiento de la penicilina, el siglo XX acompañó la descubierta, el aislamiento y la caracterización química de una amplia variedad de productos naturales a partir de hongos, incluyendo alcaloides, terpenoides, flavonoides, ácidos fenólicos, quinonas, esteroides y otros (Hoffmeister y Keller 2007; Tan y Zou 2001, pp. 393-416).

En relación a biocontrol, este puede ser definido como un producto conteniendo organismos vivos, sus metabolitos activos y/o subproductos con actividad directa en la fisiología de la planta y/o control de enfermedades de plantas y el suelo es una fuente de muchos hongos con capacidad antagonista de otros fitopatógenos (Wilson 1997, pp. 188-191).

## CAPÍTULO II

### MARCO METODOLÓGICO

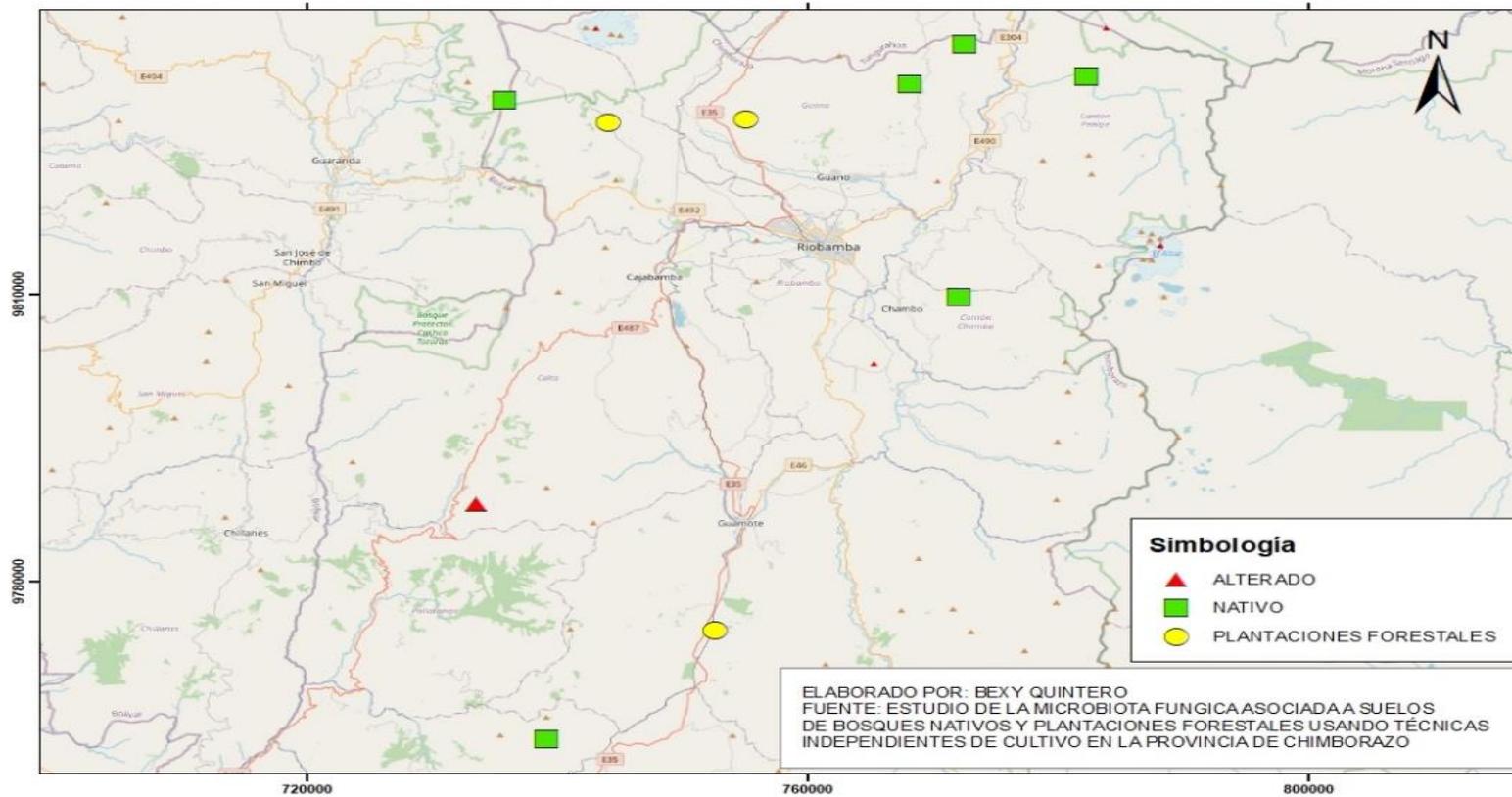
#### 2.1. Materiales y métodos

##### 2.1.1. *Caracterización del lugar*

###### 2.1.1.1. *Localización*

Las muestras de suelo utilizadas en la presente investigación se recolectaron entre octubre y diciembre del 2019, en localidades pertenecientes a la Provincia de Chimborazo (Figura 1-2). Se obtuvieron 10 muestras de las cuales 6 correspondieron a muestras de suelos de bosques nativos, 3 a muestras de suelos de plantaciones forestales y 1 muestra de suelo alterado o en transición, mayores detalles de cada una de las localidades donde fueron obtenidas las muestras se encuentran en la (Tabla 1-2). Posteriormente la extracción del ADN se realizó en el laboratorio ID Gen en la ciudad de Quito y finalmente la secuenciación se realizó en la empresa MACROGEN-Korea.

2.1.1.2. Ubicación Geográfica y características climáticas de las zonas de estudio.



**Figura 1-2.** Mapa de lugares de muestreo de suelo en la provincia de Chimborazo

Realizado por: Quintero, B. 2021.

**Tabla 1-2:** Características de los lugares de muestreo en la Provincia de Chimborazo

Número de la muestra	Código de la muestra	Lugar	Latitud	Altitud	Longitud	Temperatura media (°C)	Humedad relativa (%)
1	MST 001	Chambo	9809682	3386 msnm	772090	28,00	80,23
2	MST 002	Machay-Guano	9831844	3617 msnm	768158	11,58	83,68
3	MST 003	Santa fe de Galán	9835998	3412 msnm	772592	19,83	82,39
4	MST 004	Puela	9788006	2720 msnm	733600	28,00	80,23
5	MST 005	Puela	9832627	2492 msnm	782262	28,00	80,26
6	MST 006	Bosque de Polylepis	9830219	4236 msnm	735780	28,00	80,23
7	MST 007	San Juan	9827819	3528 msnm	744126	28,00	80,23
8	MST 008	La curia	9828232	3151 msnm	755042	29,00	80,23
9	MST 009	Sibambe	9763659	2866 msnm	739196	28,20	75,60
10	MST 010	Palmira	9774952	3265 msnm	752584	28,00	80,36

Fuente: <https://power.larc.nasa.gov>

Realizado por: Quintero Garcia, Bexy, 2021.

### **2.1.2. Materiales y equipos**

#### **2.1.2.1. Materiales de campo**

- Libreta de apuntes, cámara fotográfica, GPS, lápiz, papel adhesivo, pala, barreno, cooler, fundas ziploc, alcohol (70%), agua destilada, balde de 5 litros, azadas, guantes.

#### **2.1.2.2. Materiales de laboratorio**

- Refrigeradora, congelador, kit, la secuenciación fue de 300 bp pair end. Se usó el kit Herculase II Fusion DNA Polymerase Nextera XT Index Kit V2.

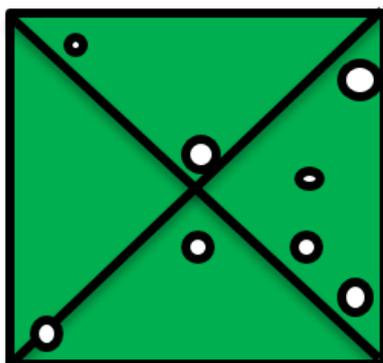
#### **2.1.2.3. Materiales y equipos de oficina e informáticos**

- Computador, Impresora, Carpetas, Hojas de Registro, Papel de impresión.

## **2.2. Metodología**

### **2.2.1. Especificaciones de muestreo**

- Se realizó las mediciones correspondientes de altitud longitud, de cada una de las localidades que fueron seleccionadas para el muestreo.
- El esquema de muestreo utilizado por localidad es el que está en la Figura 2-2.



**Figura 2-2.** Esquema de toma de sub muestra en diagonal

Realizado por: Quintero, B. 2021.

- Con la pala metálica previamente desinfectada con hipoclorito de sodio al 5% y agua estéril, se retiró la superficie del suelo del lugar a ser muestreado y se hizo una hendidura en forma de

V de una profundidad aproximada de 20 cm en la superficie del suelo, posteriormente a esta profundidad se procedió a hacer la recolección de la muestra.

- En un balde previamente esterilizado se mezclaron un número de 5 a 10 submuestras de suelo por localidad de muestreo, y de esta mezcla se seleccionó aproximadamente 0,5 kg de suelo, el cual fue depositado en fundas ziploc estériles de 40cm x 48cm y etiquetadas.
- Finalmente, las muestras obtenidas fueron colocadas en un cooler a una temperatura aproximada de 8 °C, y de ahí las muestras fueron transportadas al laboratorio hasta su procesamiento.

### ***2.2.2. Extracción del ADN genómico de las muestras de suelo***

La extracción de ADN genómico fue tercerizada por la empresa IDgen Quito, la cual utilizó el kit de extracción Herculase II Fusion DNA Polymerase Nextera XT y el protocolo recomendado por la empresa detallado en el ANEXO C.

### ***2.2.3. Preparación de librerías y secuenciamiento***

Para la preparación de librerías se utilizó el protocolo ITS Metagenomic Sequencing Library Preparation Part # 15044223 Rev. B. los primers utilizados para la obtención de los amplicones fueron los: ITS 3F-4R (3F GCATCGATGAAGAACGCAGC; 4R TCCTCCGCTTATTGATATGC) con extremos cohesivos P5-P7 (P5 TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAG; P7 GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAG) para la adición de primers y códigos de barras de Nextera. La plataforma utilizada para el secuenciamiento fue Illumina MiSeq, la secuenciación fue de 300 pares de bases (bp) pair end, y fue realizada en la empresa MacroGen Korea.

### ***2.2.4. Procesamiento de secuencias brutas y análisis***

Todas las secuencias fueron demultiplexadas utilizando el software CASAVA (Consensus Assessment of Sequence and Variation) versión 1.8.2. Se realizó un procesamiento adicional de la secuencia utilizando Mothur versión 1.39.5. Brevemente, las secuencias de extremos emparejados se combinaron en contigs y se eliminaron las secuencias de mala calidad. Las secuencias de hongos no se alinearon con una base de datos debido a la frecuencia de inserciones y deleciones en ITS, y en su lugar se realizó una alineación de novo dentro del conjunto de datos. Las secuencias se agruparon previamente para disminuir el error de secuenciación y se realizaron

la detección y eliminación de quimeras. Finalmente, las secuencias fúngicas se clasificaron utilizando la base de datos UNITE-ITS. Todas las secuencias se agruparon en 97% de unidades taxonómicas operativas (OTU) mediante distancias por pares sin corregir y agrupación de vecinos más lejanos. La cobertura fue evaluada por la cobertura de Good calculada en Mothur. Todos los análisis estadísticos se realizaron en R v4.1.0 (R Development Core Team, 2017) utilizando paquetes vegan v2.4-1 (Noetzli et al., 2007), phyloseq v1.19.1 (McMurdie & Holmes, 2013), ggplot2 v2. 2.1 (Bodenhof et al., 2011) e iNEXT v2.0.12 (Hsieh et al., 2016). Los números de Hills ( $q = 0$ , riqueza de especies,  $q = 1$ , diversidad de Shannon y  $q = 2$ , diversidad de Simpson) se utilizaron para estimar la diversidad de especies y construir las curvas de rarefacción de extrapolación / interpolación. La riqueza de especies, la diversidad de Shannon y la diversidad de Simpson se utilizaron para evaluar la diversidad de hongos en las muestras recolectadas. La diversidad  $\alpha$  se resumió por tipo de bosque y/o lugar. Con el fin de estudiar la estructura de la comunidad, se calculó la métrica de distancia de Bray-Curtis para determinar la diversidad  $\beta$  y las matrices de disimilitud resultantes se utilizaron para evaluar la agrupación de las comunidades por tipo de bosque, utilizando el análisis de ordenación como análisis de coordenadas principales (PCoA).

### 2.2.5. Tratamientos

**Tabla 2-2:** Tratamiento de estudio.

TRATAMIENTO	TIPO DE BOSQUE	CODIGO	LUGAR
1	Bosque nativo	MST 001	CHAMBO- LA MATRIZ- LLUCUD
2	Bosque nativo	MST 002	MACHAY- GUANO
3	Bosque nativo	MST 003	SANTA FE DE GALAN
4	Bosque nativo	MST 004	PENIPE - PUEBLA
5	Suelo alterado	MST 005	PENIPE - PUEBLA
6	Bosque nativo	MST 006	VIA GUARANDA
7	Plantación forestal	MST 007	SAN JUAN
8	Plantación forestal	MST 008	LA CURIA
9	Bosque nativo	MST 009	SIBAMBE - ALAUSI
10	Plantación forestal	MST 010	GUAMOTE - PALMIRA

**Realizado por:** Quintero García, Bexy, 2021.

#### 2.2.5.1. Factores de estudio

Los factores en estudio se constituyeron los tipos de bosque y los lugares de muestreo.

### 2.2.6. Tipos de análisis estadísticos utilizados en este estudio

Se utilizó una estadística descriptiva y multivariada de tipo no paramétrica para el análisis de información. Todos los análisis fueron realizados en el programa R versión 4.0.

## CAPÍTULO III

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 3.1. Resultados de la secuenciación

La secuenciación del microbioma fúngico de los suelos de bosques nativos y plantaciones forestales utilizando la porción ITS1 de la región del espaciador transcrito interno (ITS) del cistron de ARNr generó 136 479,6 secuencias, con un promedio de 136 479,6 secuencias por muestra, de las cuales 816 342 secuencias pertenecieron a bosques nativos, con un promedio de 136 057 por muestra de suelo de bosque nativo. Por otro lado, de los suelos de plantaciones forestales se obtuvieron 412 796 secuencias con un promedio de 137 598,667 números de secuencias de suelos de plantaciones forestales. Finalmente, del suelo alterado fueron obtenidas 135 658 secuencias.

El procesamiento de secuencias fúngicas en el programa Mothur generó 15.537 secuencias abundantes y 1.432 secuencias raras. La longitud de la mayoría de las secuencias varió de 300 a 602 pares de bases y el parámetro de cobertura de Good para la mayoría de ellas fue 1.0. La clasificación de las secuencias brutas obtenidas se logró utilizando la base de datos de referencia de la comunidad Unite y asumiendo un porcentaje de identidad del 97% agrupando a la secuencia de alta calidad en 6378 unidades taxonómicas operativas (OTUs).

##### **3.1.1. Principales grupos de hongos asociados a suelos de ecosistemas de bosques nativos y plantaciones forestales**

###### *3.1.1.1. Abundancia relativa a nivel de filo, clase, orden, familia y género en relación al tipo de suelo de bosques nativos y plantaciones forestales.*

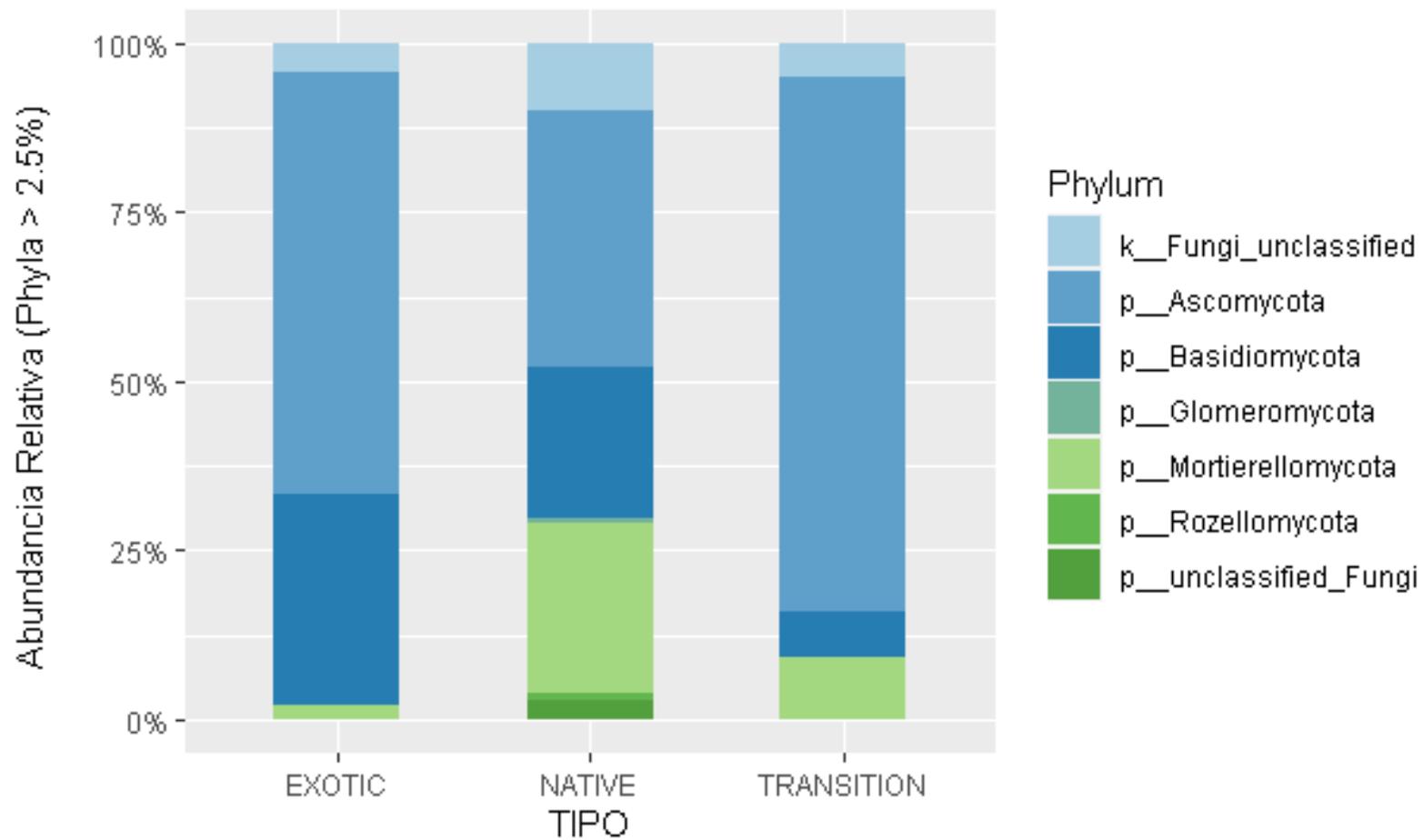
La composición microbiana a nivel de filo que se observa en el Gráfico 1-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de los suelos de plantaciones exóticas se encontraron tres diferentes filos: Ascomycota con un 63%, Basidiomycota con un 31%, Mortierellomycota con un 2% y un porcentaje de 4% de hongos desconocidos.

En el caso de los suelos de bosques nativos se encontraron cinco diferentes filos: Ascomycota 38%, Mortierellomycota 25%, Basidiomycota 22%, Glomeromycota 1%, Rosellomycota 1% y

dos pequeñas partes que no se consiguieron clasificar a nivel de filo (Fungi\_unclassified 10%, Unclassified\_Fungi 3%).

En el caso de los suelos de transición se encontraron tres diferentes filos: Ascomycota con un 79.5%, Mortierellomycota con un 9.5%, Basidiomycota con un 6%, y un 5 % de hongos desconocidos que no se consiguió clasificar a nivel de filo.



**Gráfico 1-3.** Abundancia relativa a nivel de filo de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo

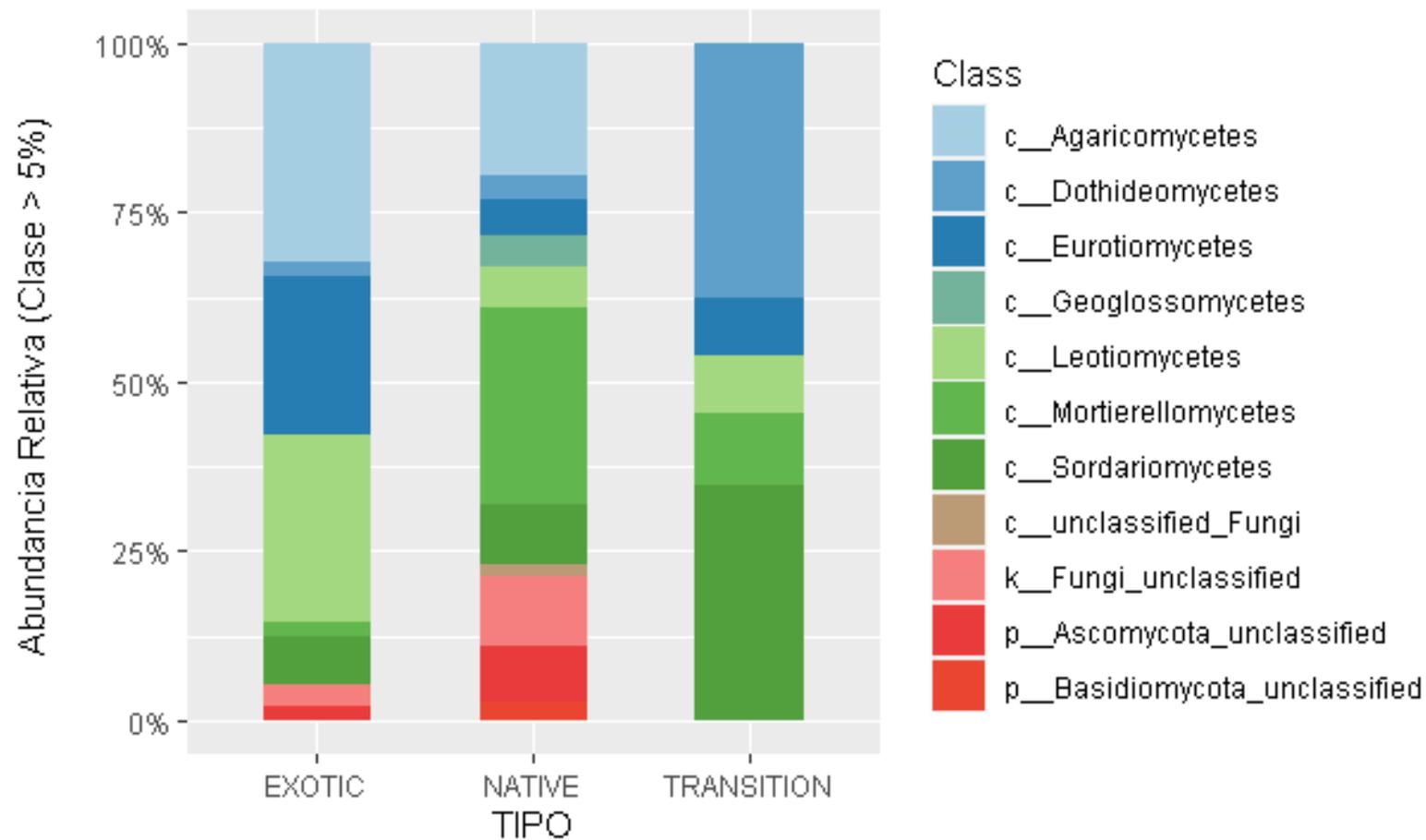
Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de clase que se observa en el Gráfico 2-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de los suelos de plantaciones exóticas se encontraron seis diferentes clases: Agaricomycetes con un 32%, Leotiomycetes con un 28%, Eurotiomycetes con un 23%, Sordariomycetes con un 7%, Dothideomycetes con un 3%, Mortierellomycetes con un 2% y dos perfiles que no se consiguió clasificar a nivel de clase (Fungi\_unclassified 3%, Ascomycota\_unclassified 2%).

En el caso de los suelos de bosque nativo se encontraron siete diferentes clases: Agaricomycetes con un 20%, Mortierellomycetes con un 29%, Sordariomycetes con un 8%, Leotiomycetes con un 6%, Eurotiomycetes con un 5%, Geoglossomycetes con un 5%, Dothideomycetes con un 4% y cuatro perfiles que no se consiguieron clasificar a nivel de clase (Fungi\_unclassified 10%, Ascomycota\_unclassified 8%, Basidiomycota\_unclassified 3%, unclassified\_fungi 2%).

En el caso de los suelos de transición se encontraron cinco diferentes clases Dothideomycetes con un 38%, Eurotiomycetes con un 8%, Leotiomycetes con un 8%, Mortierellomycetes con un 11% y Sordariomycetes con un 35%.



**Gráfico 2-3.** Abundancia relativa a nivel de clase de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.

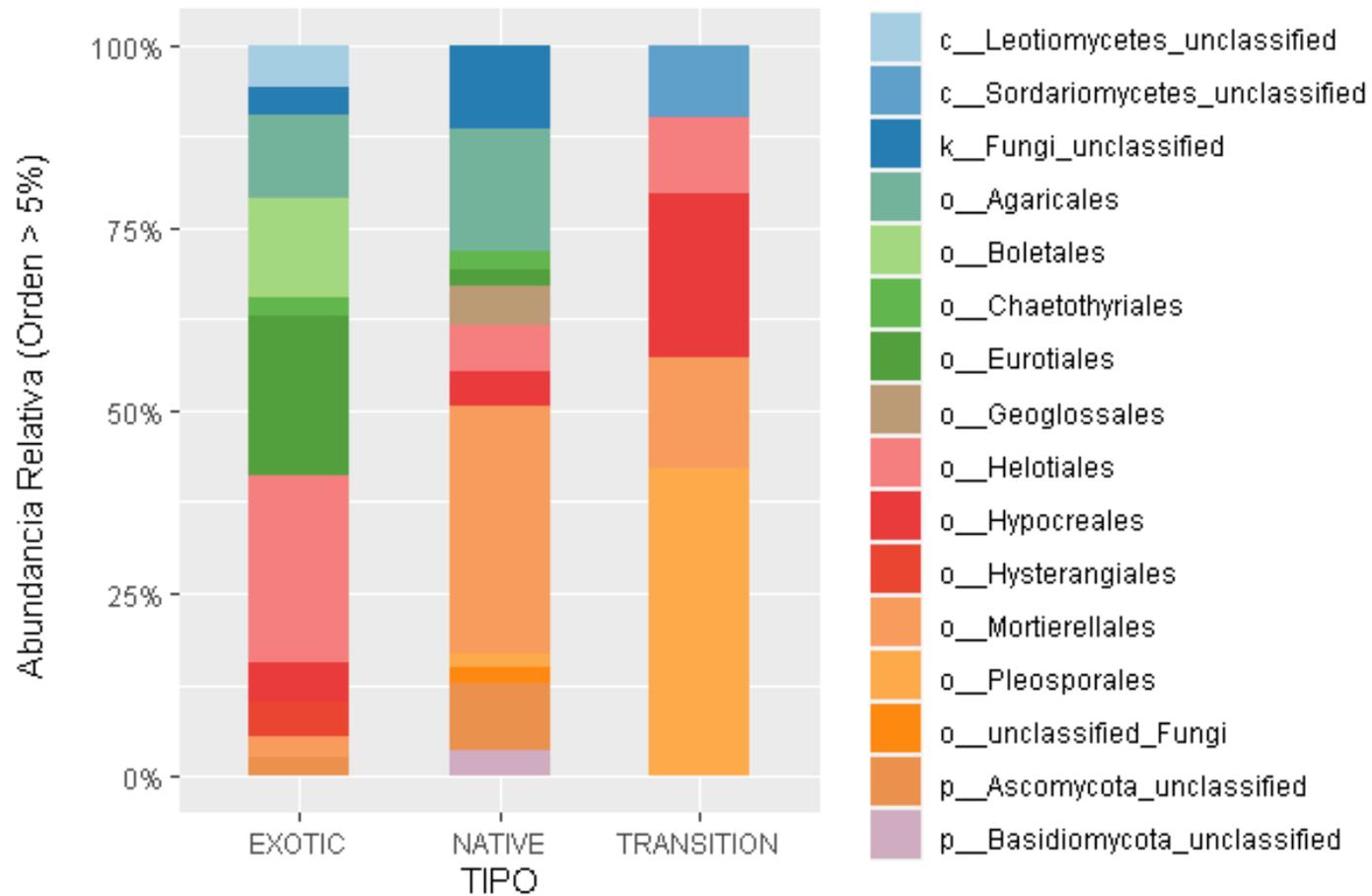
Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de orden que se observa en el Gráfico 3-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de los suelos de plantaciones exóticas se encontraron ocho diferentes órdenes de hongos: Helotiales con un 22.5%, Eurotiales con un 22%, Boletales con un 14%, Agaricales con un 11%, Hypocreales con un 5%, Hysterangiales con un 5%, Mortierellales con un 2.5%, Chaetothyriales con un 2.5% y tres partes que no se consiguieron clasificar (Leotiomycetes no clasificados 6%, Hongos no clasificados 4% y hongos del filo Ascomycota no clasificados 2.5%).

En los suelos de bosque nativo se encontraron nueve diferentes órdenes: Mortierellales con un 34%, Agaricales con un 17%, Chaetothyriales con un 2.5%, Eurotiales con un 2.5%, Helotiales con un 6%, Geoglossales con un 5%, Hypocreales con un 5%, Pleosporales con un 2.5% y cuatro pequeñas partes que no se consiguieron clasificar (hongos no clasificados a nivel de reino 11%, , hongos no clasificados a nivel de clase 2.5 %, hongos del filo Ascomycota no clasificados 9%, hongos del filo Basidiomycota no clasificados 3%).

En los suelos de transición se encontraron cuatro diferentes órdenes: Pleosporales con un 42 %, Hypocreales con un 22 %, Mortierellales 16 %, Helotiales con un 10%, y un grupo que no se consiguió clasificar a nivel de orden (hongos de la clase Sordariomycetes con un 10 %).



**Gráfico 3-3.** Abundancia relativa a nivel de orden de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales de la Provincia de Chimborazo

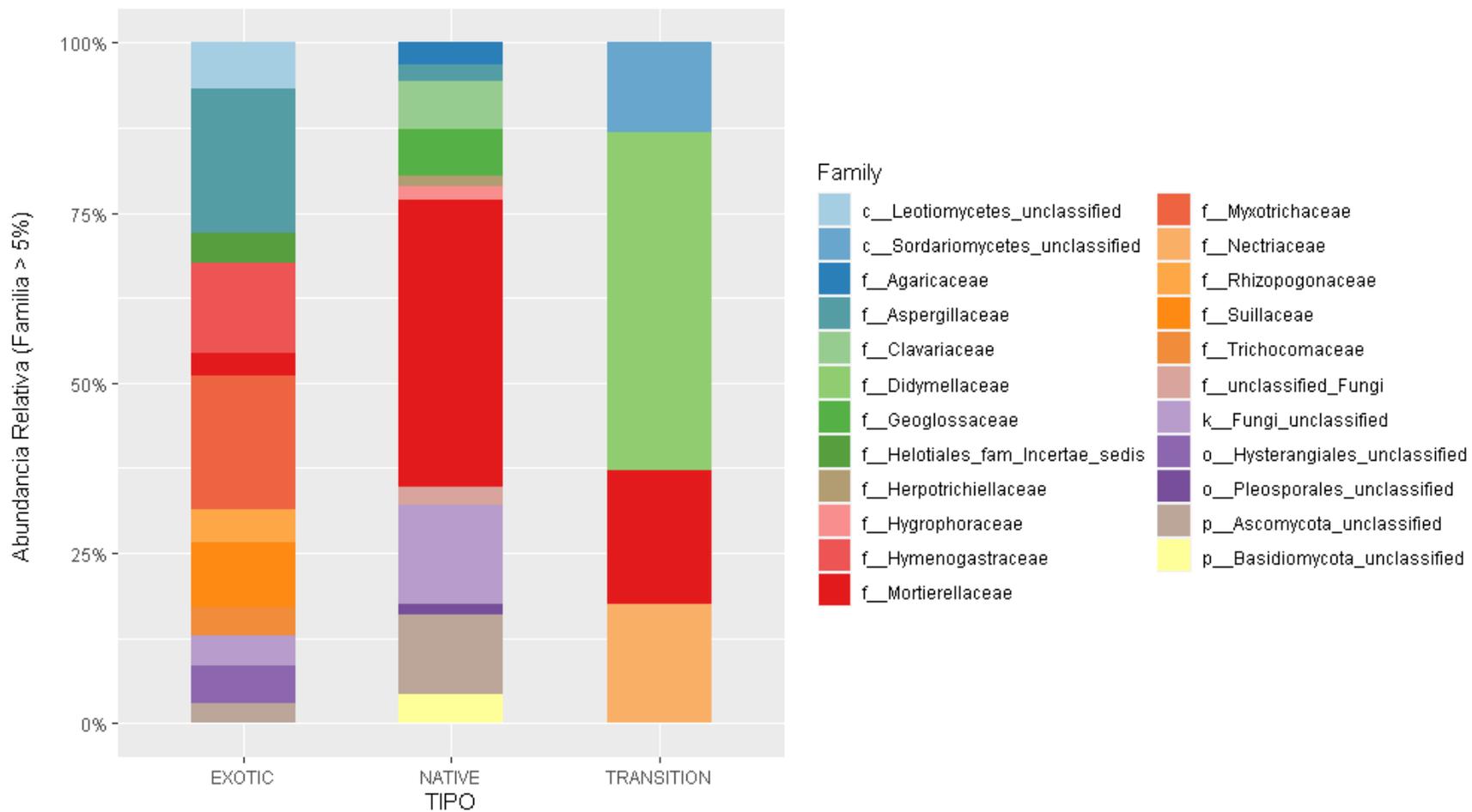
Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de familia que se observa en el Gráfico 4-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En los suelos de plantaciones exóticas se encontraron ocho diferentes familias: Aspergillaceae con un 21%, Myxotrichaceae con un 20 %, Hymenogastraceae con un 13 %, Suillaceae con un 9 %, Rhizopogonaceae con un 5 %, Trichocomaceae con un 4 %, Helotiales\_fam\_Incertae\_sedis con un 4.5 %, Mortierellaceae con un 3.5 % y cuatro pequeñas partes que no se consiguió clasificar (Leotiomyces\_unclassified con un 7 %, Fungi\_unclassified con un 4.5 %, Hysterangiales\_unclassified con un 5.5 %, Ascomycota\_unclassified con un 3 %).

En los suelos de bosque nativo se encontraron siete diferentes familias: Mortierellaceae con un 42 %, Clavariaceae con un 7 %, Geoglossaceae con un 7 %, Agaricaceae con un 3%, Aspergillaceae con un 2.5 %, Hygrophoraceae con un 2 %, Herpotrichiellaceae con un 1.5 %, y cinco partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified con un 15 %, Ascomycota\_unclassified con un 11.5 %, Basidiomycota\_unclassified con un 4.5 %, unclassified\_Fungi con un 2.5 %, Pleosporales\_unclassified con un 1.5 %).

En los suelos de transición se encontraron tres diferentes familias: Didymellaceae con un 50%, Mortierellaceae con un 19.5 %, Nectriaceae con un 17.5 % y una pequeña parte que no se consiguió clasificar (Sordariomyces\_unclassified con un 13 %).



**Gráfico 4-3.** Abundancia relativa a nivel de familia de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo.

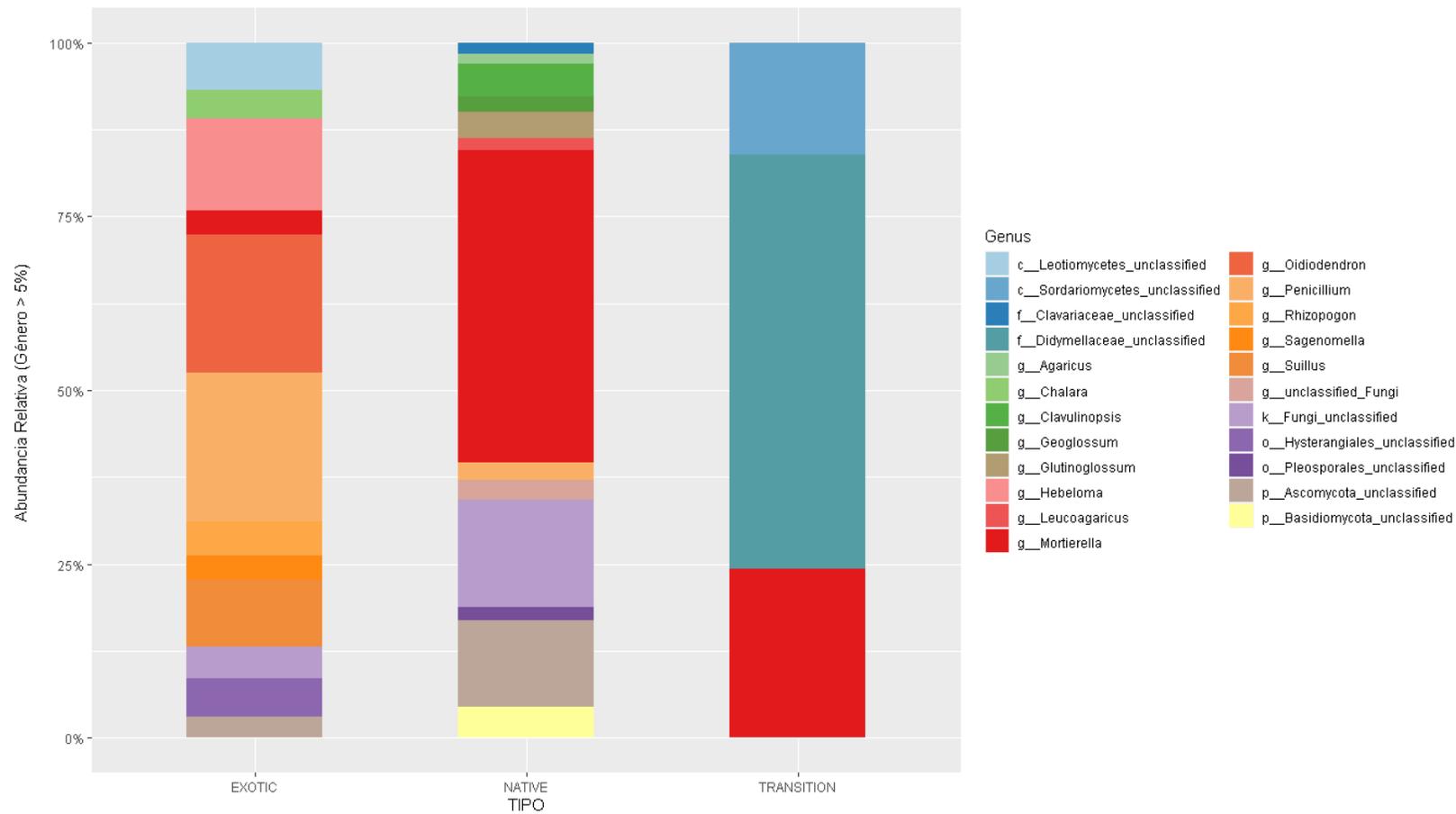
Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de género que se observa en el Gráfico 5-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En los suelos de plantaciones exóticas se encontraron ocho diferentes géneros: *Penicillium* con un 21 %, *Oidiodendron* con un 20 %, *Hebeloma* con un 13 %, *Suillus* con un 10 %, *Rhizopogon* con un 5 %, *Chalara* con un 4 %, *Sagenomella* con un 3 %, *Mortierella* con un 3 % y cuatro pequeñas partes que no se consiguió clasificar (*Leotiomycetes\_unclassified* con un 7 %, *Fungi\_unclassified* con un 5 %, *Hysteriangiales\_unclassified* con un 6 %, *Ascomycota\_unclassified* con un 3 %).

En los suelos de bosque nativo se encontraron siete diferentes géneros: *Mortierella* con un 44 %, *Clavulinopsis* con un 5 %, *Glutinoglossum* con un 4 %, *Leucoagaricus* con un 2 %, *Geoglossum* con un 2 %, *Rhizopogon* con un 2 %, *Agaricus* con un 1.5 % y seis pequeñas partes que no se consiguieron (*Fungi\_unclassified* con un 15 %, *Ascomycota\_unclassified* con un 13 %, *Basidiomycota\_unclassified* con un 5 %, *unclassified\_Fungi* con un 3 %, *Pleosporales\_unclassified* con un 2 %, *Clavariaceae\_unclassified* con un 1.5 %).

En los suelos de transición se encontró un género: *Mortierella* con un 24 % y dos que no se consiguieron clasificar (*Didymellaceae\_unclassified* con un 60 %, *Sordariomycetes\_unclassified* con un 16 %).



**Gráfico 5-3.** Abundancia relativa a nivel de género de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.

Realizado por: Bexy Q. 2021

*3.1.1.2. Abundancia relativa a nivel de filo, clase, orden, familia y género en relación a los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales.*

La composición microbiana a nivel de filo que se observa en el Gráfico 6-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en los lugares de suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de la Reserva de Producción Faunística de Chimborazo se encontraron tres diferentes filos (Basidiomycota 39 %, Ascomycota 33 %, Mortierellomycota 15 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Unclassified\_Fungi 10 %, Fungi\_unclassified 3 %).

En el caso del Bosque Leonan de Lluclud ubicado en el cantón Chambo se encontraron tres diferentes filos (Mortierellomycota 50 %, Basidiomycota 28,5 % y Ascomycota 18 %) y una pequeña parte que no se consiguió clasificar con un porcentaje de 3,5 % (Fungi\_unclassified).

En el caso del bosque de Polylepis de Machay ubicado en el cantón Guano se encontraron cuatro diferentes filos (Mortierellomycota 31 %, Ascomycota 29 %, Basidiomycota 16 % y Glomeromycota 4 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 16,5 % y Unclassified\_Fungi 3,5 %).

En el caso de la Plantación forestal de pino ubicada en Palmira se encontraron dos diferentes filos (Basidiomycota 50 % y Ascomycota 50 %).

En el caso del Bosque nativo de la Hacienda Tocche, ubicado en Puela cantón Penipe, se encontraron tres diferentes filos (Ascomycota 44 %, Basidiomycota 21 %, Mortierellomycota 15,5 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 16,5 % y Unclassified\_Fungi 3 %).

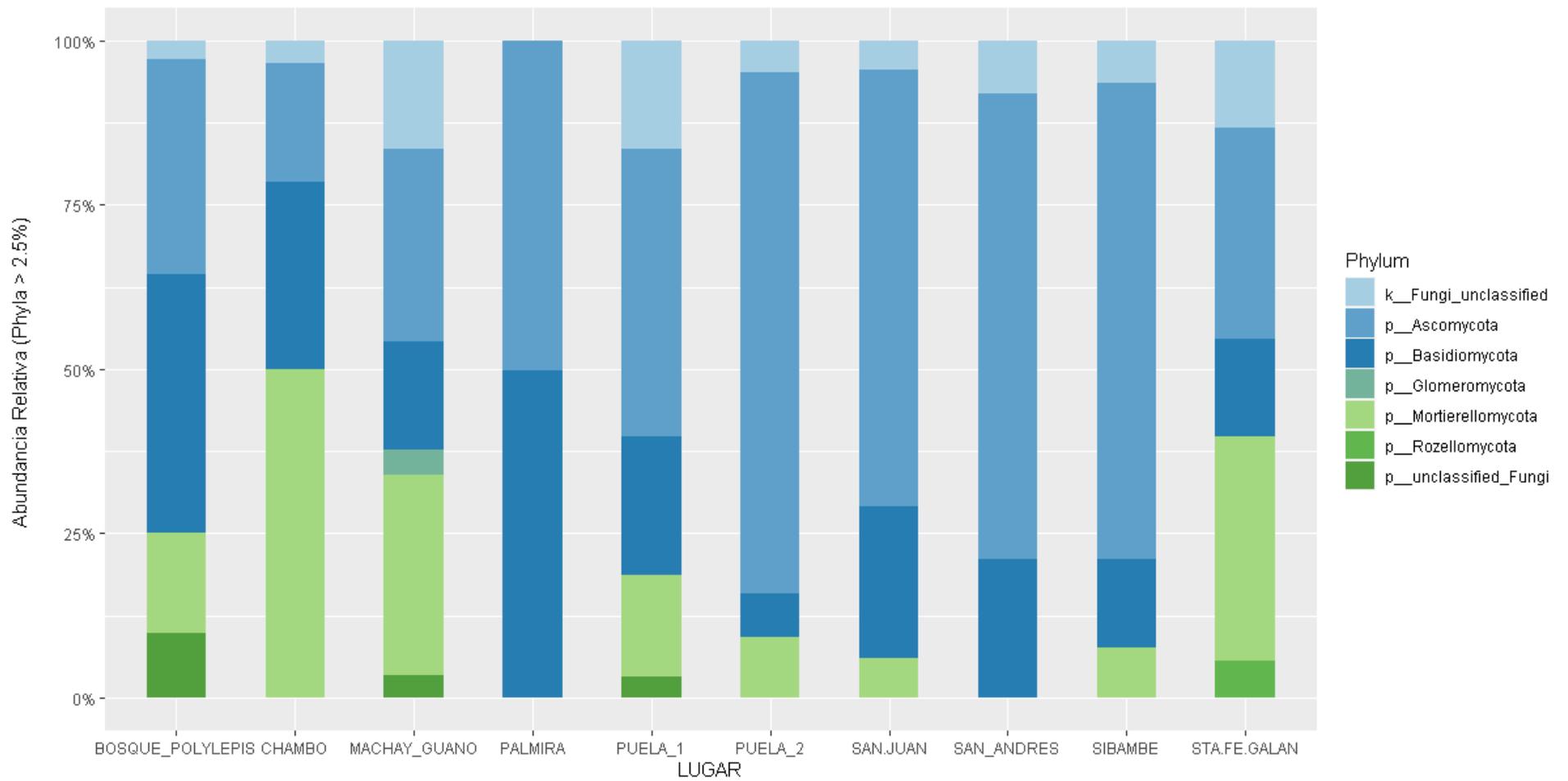
En el caso del suelo en transición ubicado en Puela cantón Penipe se encontraron tres diferentes filos (Ascomycota 79 %, Mortierellomycota 9,5 % y Basidiomycota 6,5 %) y una parte que no se consiguió clasificar con un porcentaje de 5 % (Fungi unclassified).

En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en San Juan se encontraron tres diferentes filos (Ascomycota 66 %, Basidiomycota 23 % y Mortierellomycota 6 %) y una parte que no se consiguió clasificar con un porcentaje de 5 % (Fungi unclassified).

En el caso de la plantación forestal de eucalipto de La Curia ubicada en San Andrés se encontraron dos diferentes filos (Ascomycota 71 % y Basidiomycota 21 %) y una pequeña parte que no se consiguió clasificar con un porcentaje de 8 % (Fungi\_unclassified).

En el caso del bosque nativo ubicado en Sibambe cantón Alausí se encontraron tres diferentes filos (Ascomycota 72 %, Basidiomycota 13 % y Mortierellomycota 8 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Fungi unclassified 7 %).

En el caso del Bosque nativo de Santa fe de Galán se encontraron cuatro diferentes filos (Mortierellomycota 34,5 %, Ascomycota 32 %, Basidiomycota 15 % y Rozellomycota 5,5 %) y una pequeña parte que no se consiguió clasificar (Fungi unclassified 13 %).



**Gráfico 6-3.** Abundancia relativa a nivel de filo de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.

Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de clase que se observa en el Gráfico 7-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en los lugares de suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de la Reserva de Producción Faunística de Chimborazo se encontraron cuatro diferentes clases (Agaricomycetes 39,5 %, Mortierellomycetes 17 %, Leotiomyces 11 % y Eurotiomyces 8 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 13,5 % y unclassified\_Fungi 11 %).

En el caso del Bosque Leonan de Lluçud Chambo se encontraron dos diferentes clases (Mortierellomycetes 59,5 % y Agaricomycetes 22 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Basidiomycota\_unclassified 11 % y Ascomycota\_unclassified 7,5 %).

En el caso del bosque de Polylepis Machay Guano se encontraron cuatro diferentes clases (Mortierellomycetes 36,5 %, Sordariomycetes 12 %, Leotiomyces 8,5 % y Agaricomycetes 7,5 %) y tres partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 20 %, Ascomycota\_unclassified 8 % y Basidiomycota\_unclassified 7,5 %).

En el caso de la Plantación forestal de pino ubicada en Palmira se encontraron tres diferentes clases (Agaricomycetes 56 %, Eurotiomyces 22 % y Leotiomyces 22 %).

En el caso del Bosque nativo de la Hacienda Tocche, ubicado en Puela cantón Penipe, se encontraron cinco diferentes clases (Agaricomycetes 21,5 %, Mortierellomycetes 18 %, Sordariomycetes 15,5 %, Dothideomycetes 12 % y Eurotiomyces 6,5 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 19 % y Ascomycota\_unclassified 7,5 %).

En el caso del suelo en transición ubicado en Puela cantón Penipe se encontraron cinco diferentes phylos (Dothideomycetes 7,5 %, Sordariomycetes 34 %, Mortierellomycetes 11 %, Eurotiomyces 9 % y Leotiomyces 8,5 %).

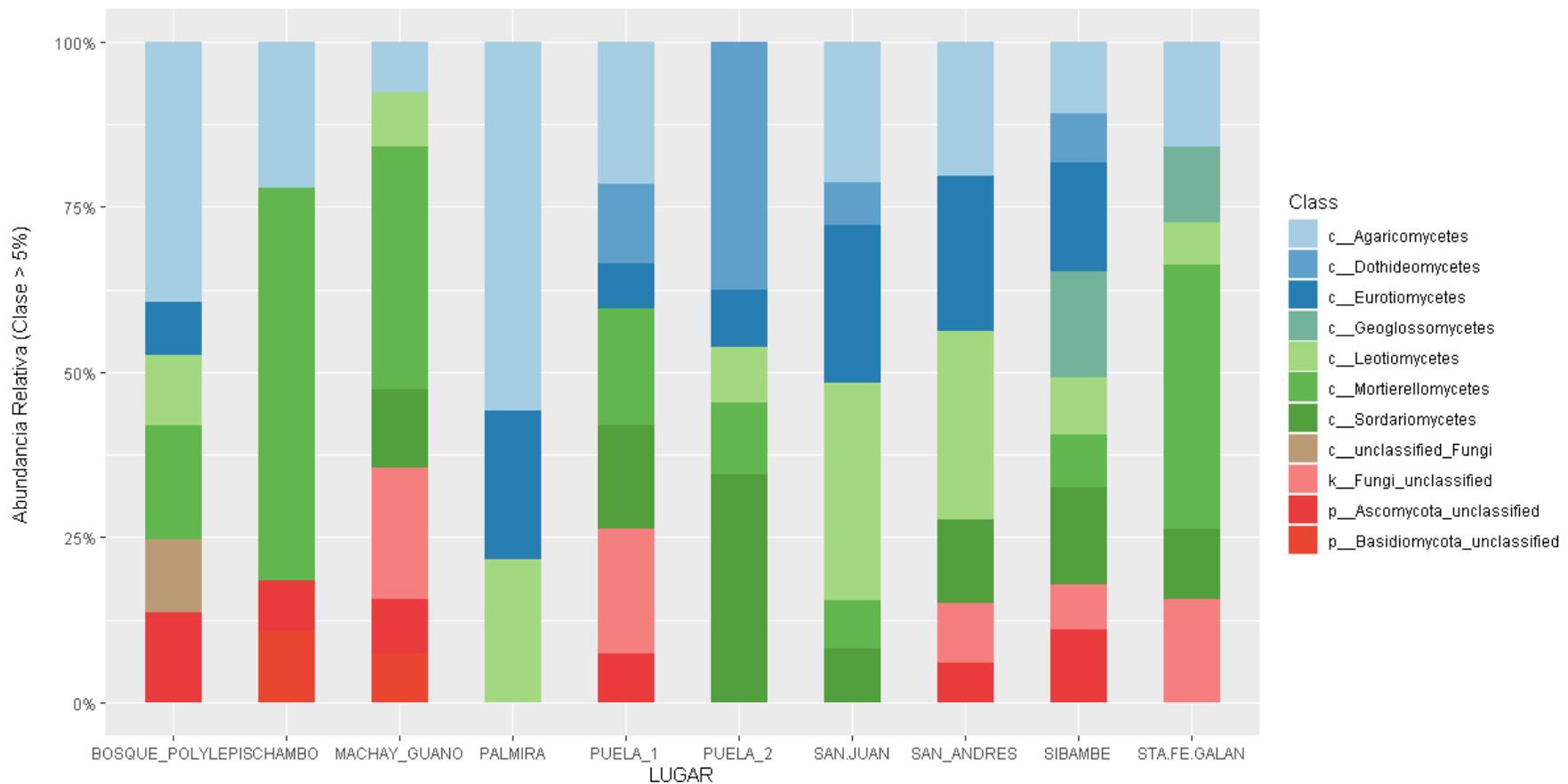
En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en San Juan se encontraron seis diferentes clases (Leotiomyces 33 %, Eurotiomyces 24 %, Agaricomycetes 21 %, Sordariomycetes 8,5 %, Mortierellomycetes 7 % y Dothideomycetes 6,5 %).

En el caso de la plantación forestal de eucalipto de La Curia ubicada en San Andrés se encontraron cuatro diferentes clases (Leotiomyces 29 %, Eurotiomyces 23 %, Agaricomycetes 20 % y

Sordariomycetes 13 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 9 % y Ascomycota\_unclassified 6 %).

En el caso del bosque nativo ubicado en Sibambe cantón Alausí se encontraron siete diferentes phyls (Geoglossomycetes 16 %, Eurotiomycetes 16 %, Sordariomycetes 14,5 %, Agaricomycetes 11 %, Leotiomycetes 9 %, Mortierellomycetes 8 % y Dothideomycetes 7,5 %) y dos porcentajes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 11 % y Fungi\_unclassified 7 %).

En el caso del Bosque nativo de Santa fe de Galán se encontraron cinco diferentes phyls (Mortierellomycetes 40 %, Agaricomycetes 16 %, Geoglossomycetes 11 %, Sordariomycetes 10,5 % y Leotiomycetes 6,5 %) y una pequeña parte que no se consiguió clasificar (Fungi\_unclassified 16 %).



**Gráfico 7-3.** Abundancia relativa a nivel de clase de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.

Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de orden que se observa en el Gráfico 8-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en los lugares de suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de la Reserva de Producción Faunística de Chimborazo se encontraron cuatro diferentes órdenes (Agaricales 38 %, Mortierellales 18 %, Helotiales 10 % y Chaetothyriales 7 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 14,5 % y unclassified\_Fungi 12,5 %).

En el caso del Bosque Leonan de Lluclud ubicado en el cantón Chambo se encontraron dos diferentes órdenes (Mortierellales 64 % y Agaricales 8 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Basidiomycota\_unclassified 11,5 % y Ascomycota\_unclassified 8,5 %).

En el caso del bosque de Polylepis de Machay ubicado en el cantón Guano se encontraron dos órdenes (Mortierellales 46 % y Helotiales 9 %) y tres partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 25 %, Ascomycota\_unclassified 10,5 % y Basidiomycota\_unclassified 9,5%).

En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en Palmira se encontraron cuatro diferentes órdenes (Agaricales 31 %, Eurotiales 23 %, Boletales 24,5 % y Helotiales 8 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Leotiomycetes\_unclassified 16 %).

En el caso del Bosque nativo de la Hacienda Tocche, ubicado en Puela cantón Penipe, se encontraron cuatro diferentes órdenes (Mortierellales 23 % y Agaricales 20 %, Pleosporales 12 % e Hypocreales 11,5 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 24,5%, Ascomycota\_unclassified 9 %).

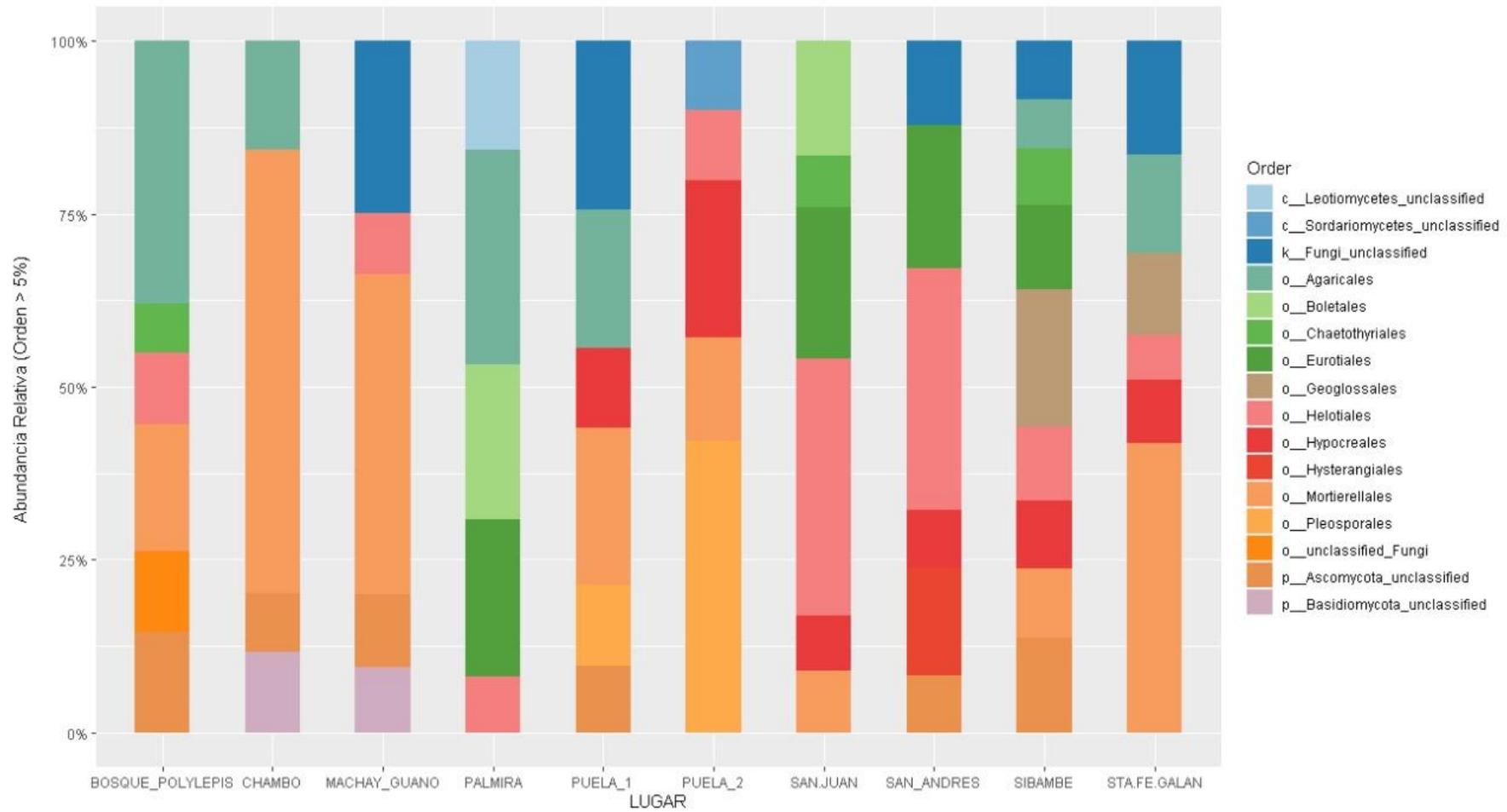
En el caso del suelo en transición ubicado en Puela cantón Penipe se encontraron cuatro diferentes órdenes (Pleosporales 43 %, Hypocreales 22 %, Motierellales 15 % y Helotiales 10 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Sordariomycetes\_unclassified 10 %).

En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en San Juan se encontraron cinco diferentes órdenes (Helotiales 37,5 %, Eurotiales 22 %, Boletales 16 %, Hypocreales 8 % y Chaetothyriales 7,5 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Ascomycota\_unclassified 9 %).

En el caso de la plantación forestal de eucalipto de La Curia ubicada en San Andrés se encontraron cuatro diferentes órdenes (Helotiales 35 %, Eurotiales 21 %, Hysterangiales 15,5 % y Hypocreales 8,5 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 12 % y Ascomycota\_unclassified 8 %).

En el caso del bosque nativo ubicado en Sibambe cantón Alausí se encontraron siete diferentes órdenes (Geoglossales 20 %, Eurotiales 12 %, Helotiales 11 %, Hypocreales 10 %, Mortierellales 10 %, Chaetothyriales 8 % y Agaricales 7 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 14 % y Fungi\_unclassified 8 %).

En el caso del Bosque nativo de Santa fe de Galán se encontraron cuatro diferentes órdenes (Agaricales 14%, Geoglossales 12 %, Hypocreales 9 % y Helotiales 6,5 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 42 % y Fungi\_unclassified 16,5 %).



**Gráfico 8-3.** Abundancia relativa a nivel de orden de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo.

Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de familia que se observa en el Gráfico 9-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en los lugares de suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de la Reserva de Producción Faunística de Chimborazo se encontraron tres diferentes familias (Clavariaceae 30 %, Mortierellaceae 24,5 % e Higrophoraceae 11 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 19 % y unclassified\_Fungi 15,5 %).

En el caso del Bosque Leonan de Lluçud ubicado en el cantón Chambo se encontraron dos diferentes familias (Mortierellaceae 70 % y Agaricaceae 8 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar con un porcentaje de (Basidiomycota\_unclassified 13 % y Ascomycota\_unclassified 9%).

En el caso del bosque de Polylepis de Machay ubicado en el cantón Guano se encontró una familia (Mortierellaceae 51 %) y tres partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 27 %, Basidiomycota\_unclassified 11 % y Ascomycota\_unclassified 11 %).

En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en Palmira se encontraron tres diferentes familias (Hymenogastraceae 33,5 %, Suillaceae 24,5 % y Aspergillaceae 24,5 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Leotiomycetes\_unclassified 17,5 %).

En el caso del Bosque nativo de la Hacienda Tocche, ubicado en Puela cantón Penipe, se encontraron dos diferentes familias (Mortierellaceae 31 % y Agaricaceae 11 %) y tres partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 33 %, Ascomycota\_unclassified 13 % y Pleosporales\_unclassified 12 %).

En el caso del suelo en transición ubicado en Puela cantón Penipe se encontraron tres diferentes familias (Didymellaceae 50 %, Mortierellaceae 20 % y Nectriaceae 17 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Sordariomycetes\_unclassified 13 %).

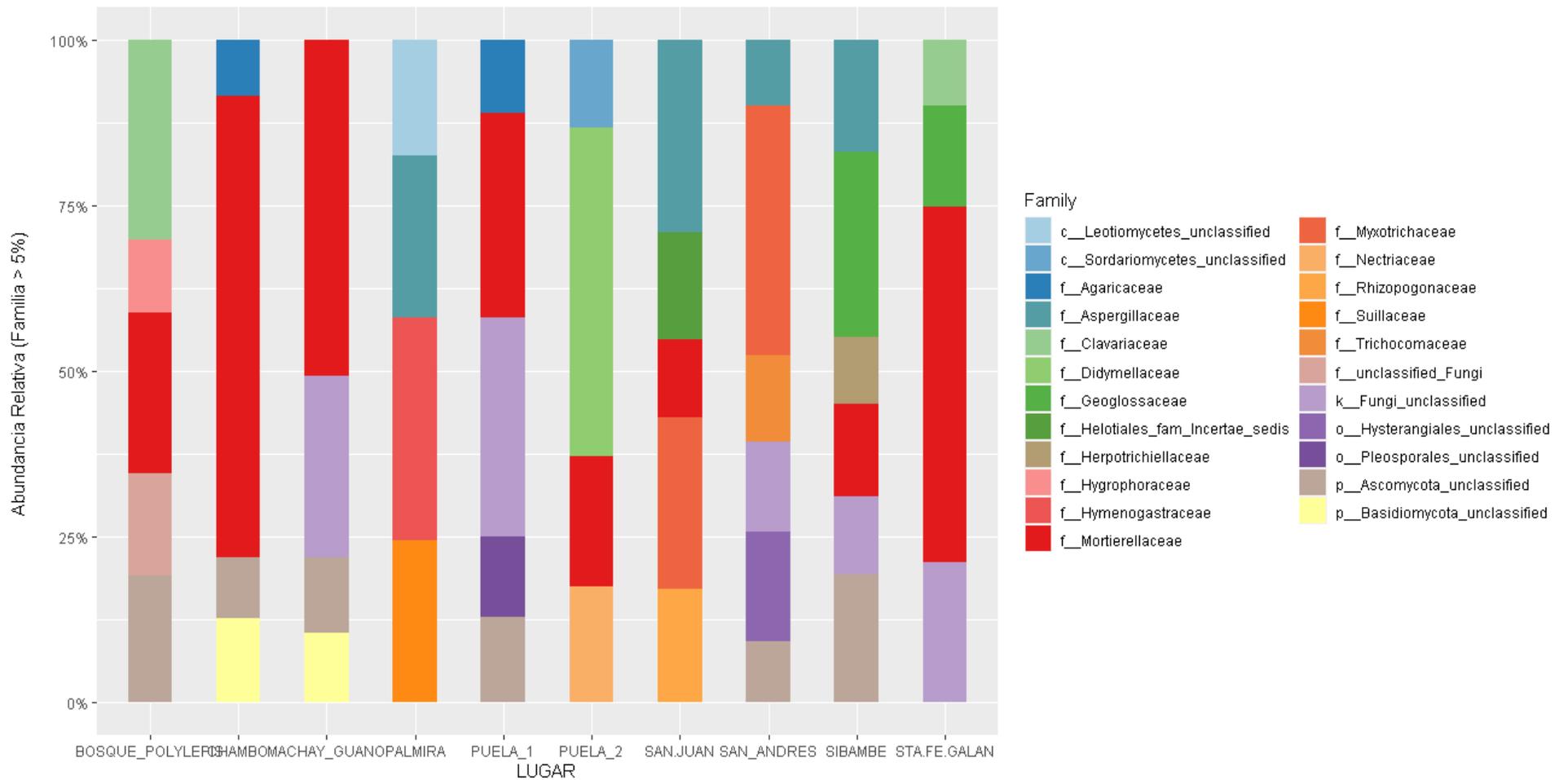
En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en San Juan se encontraron cinco diferentes familias (Aspergillaceae 29 %, Myxotrichaceae 26 %, Rhizopogonaceae 17 %, Helotiales\_fam\_Incertae\_sedis 16 % y Mortierellaceae 12 %).

En el caso de la plantación forestal de eucalipto de La Curia ubicada en San Andrés se encontraron tres diferentes familias (Myxotrichaceae 38 %, Trichocomaceae 13 % y Aspergillaceae 10 %) y

tres partes que no se consiguieron clasificar (Hysterangiales\_unclassified 16 %, Fungi\_unclassified 14 % y Ascomycota\_unclassified 9 %).

En el caso del bosque nativo ubicado en Sibambe cantón Alausí se encontraron cuatro diferentes familias (Geoglossaceae 28 %, Aspergillaceae 17 %, Mortierellaceae 14 % y Herpotrichlellaceae 10 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 19 % y Fungi\_unclassified 12 %).

En el caso del Bosque nativo de Santa fe de Galán se encontraron tres diferentes familias (Mortierellaceae 54 %, Geoglossaceae 15 % y Clavariaceae 10 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Fungi\_unclassified 21 %).



**Gráfico 9-3.** Abundancia relativa a nivel de familia de los lugares de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la Provincia de Chimborazo

Realizado por: Bexy Q. 2021

La composición microbiana a nivel de género que se observa en el Gráfico 10-3 de abundancia relativa, nos mostró que existen diferentes perfiles de composición fúngica en los lugares de suelos de bosques nativos, plantaciones forestales y suelo en transición.

En el caso de la Reserva de Producción Faunística de Chimborazo se encontraron dos diferentes géneros (*Clavulinopsis* 29,5 % y *Mortierella* 29 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Ascomycota\_unclassified 22,5 % y unclassified\_Fungi 19 %).

En el caso del Bosque Leonan de Lluçud Chambo se encontraron dos diferentes géneros (*Mortierella* 70 % y *Leucoagaricus* 8 %) y dos partes que no se consiguió clasificar con un porcentaje de (Basidiomycota\_unclassified 13 % y Ascomycota\_unclassified 9 %).

En el caso del bosque de *Polylepis* de Machay ubicado en el cantón Guano se encontró un género (*Mortierella* 50,5 %) y tres partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 27,5 %, Basidiomycota\_unclassified 11,5 % y Ascomycota\_unclassified 10,5 %).

En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en Palmira se encontraron tres diferentes géneros (*Hebeloma* 33,5 %, *Penicillium* 24,5 % y *Suilus* 24,5 %) y una parte que no se consiguió clasificar (Leotiomycetes\_unclassified 17,5 %).

En el caso del Bosque nativo de la Hacienda Tocche, ubicado en Puela cantón Penipe, se encontraron dos diferentes géneros (*Mortierella* 31% y *Agaricus* 11 %) y tres partes que no se consiguieron clasificar (Fungi\_unclassified 33 %, Ascomycota\_unclassified 13 % y Pleosporales\_unclassified 12 %).

En el caso del suelo en transición ubicado en Puela cantón Penipe se encontró un género (*Mortierella* 24 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (Didymellaceae\_unclassified 60% y Sordariomycetes\_unclassified 16 %).

En el caso de la plantación forestal de pino ubicada en San Juan se encontraron cinco géneros (*Penicillium* 30 %, *Oidiodendron* 26,5 %, *Rhizopogon* 17 %, *Chalara* 14,5 % y *Mortierella* 12 %).

En el caso de la plantación forestal de eucalipto de La Curia ubicada en San Andrés se encontraron tres diferentes géneros (*Oidiodendron* 38 %, *Sagenomella* 11 % y *Penicillium* 10 %) y tres partes

que no se consiguieron clasificar (*Hysterangiales\_unclassified* 17 %, *Fungi\_unclassified* 14 % y *Ascomycota\_unclassified* 10 %).

En el caso del bosque nativo ubicado en Sibambe cantón Alausí se encontraron tres diferentes géneros (*Glutinoglossum* 27,5 %, *Penicillium* 19 %, *Mortierella* 16,5 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (*Ascomycota\_unclassified* 23 % y *Fungi\_unclassified* 14 %).

En el caso del Bosque nativo de Santa fe de Galán se encontraron dos diferentes géneros (*Mortierella* 56 % y *Geoglossum* 13 %) y dos partes que no se consiguieron clasificar (*Fungi\_unclassified* 22 % y *Clavariaceae\_unclassified* 9 %).



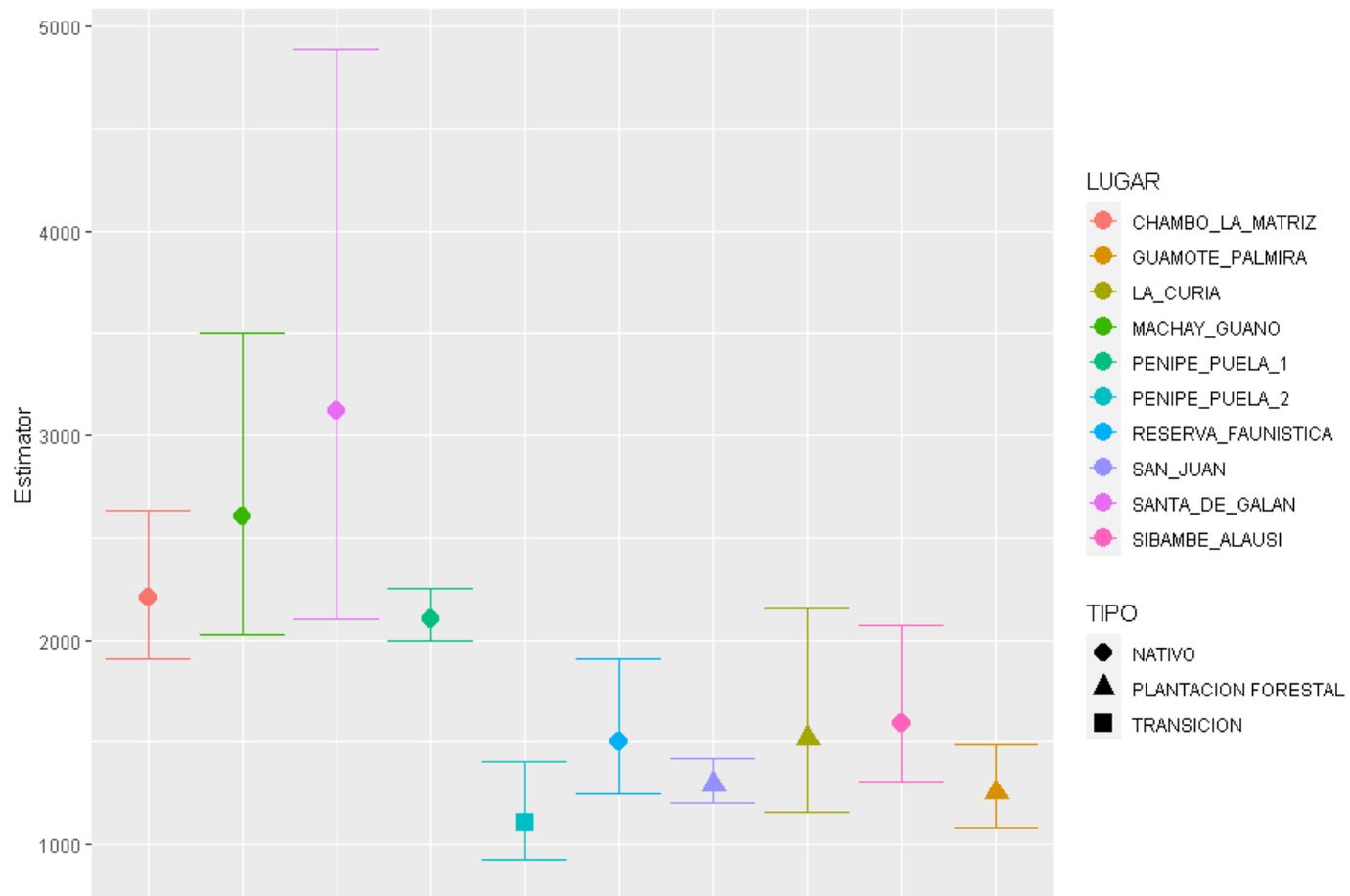
**3.1.2. Diversidad de la microbiota fúngica en diferentes suelos de bosques nativos y plantaciones forestales.**

El suelo que presentó mayor índice de riqueza fue el suelo de Santa Fe de Galán, que correspondió a varias especies de bosque nativo, con un índice de riqueza de 3120,01. Por otro lado el suelo que presentó el menor índice de riqueza fue el suelo de Penipe Puela 2 con un valor de 1104,18, este suelo correspondía a un suelo de transición (Tabla 1-3). Cabe recalcar que, en la mayor parte de suelos de bosques nativos, Machay Guano, Chambo La\_Matriz y Penipe Puela 1 se evidenció mayor riqueza fúngica con índices de riqueza 2604,16, 2209, 2104,82 en comparación a todos los suelos colectados de las plantaciones forestales (La curia, San Juan y Guamote Palmira, con índices de riqueza 1518,27, 1292,11, 1251,07) (Grafico 11-3).

**Tabla 1-3:** Índice de riqueza de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo.

LUGAR	TIPO	Índice de riqueza	Intervalo de confianza inferior	Intervalo de confianza superior
SANTA_DE_GALAN	NATIVO	3120,01	2099,51	4888,91
MACHAY_GUANO	NATIVO	2604,16	2027,16	3504,64
CHAMBO_LA_MATRIZ	NATIVO	2209,12	1902,98	2631,82
PENIPE_PUELA_1	NATIVO	2104,82	1998,84	2250,38
SIBAMBE_ALAUSI	NATIVO	1590,59	1302,80	2073,36
LA_CURIA	PLANTACION FORESTAL	1518,27	1157,56	2156,09
RESERVA_FAUNISTICA	NATIVO	1504,90	1245,29	1909,36
SAN_JUAN	PLANTACION FORESTAL	1292,11	1202,28	1419,78
GUAMOTE_PALMIRA	PLANTACION FORESTAL	1251,07	1081,59	1489,66
PENIPE_PUELA_2	TRANSICION	1104,18	923,34	1406,44

**Realizado por:** Quintero Garcia, Bexy, 2021.



**Gráfico 11-3.** Índice de riqueza de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo.

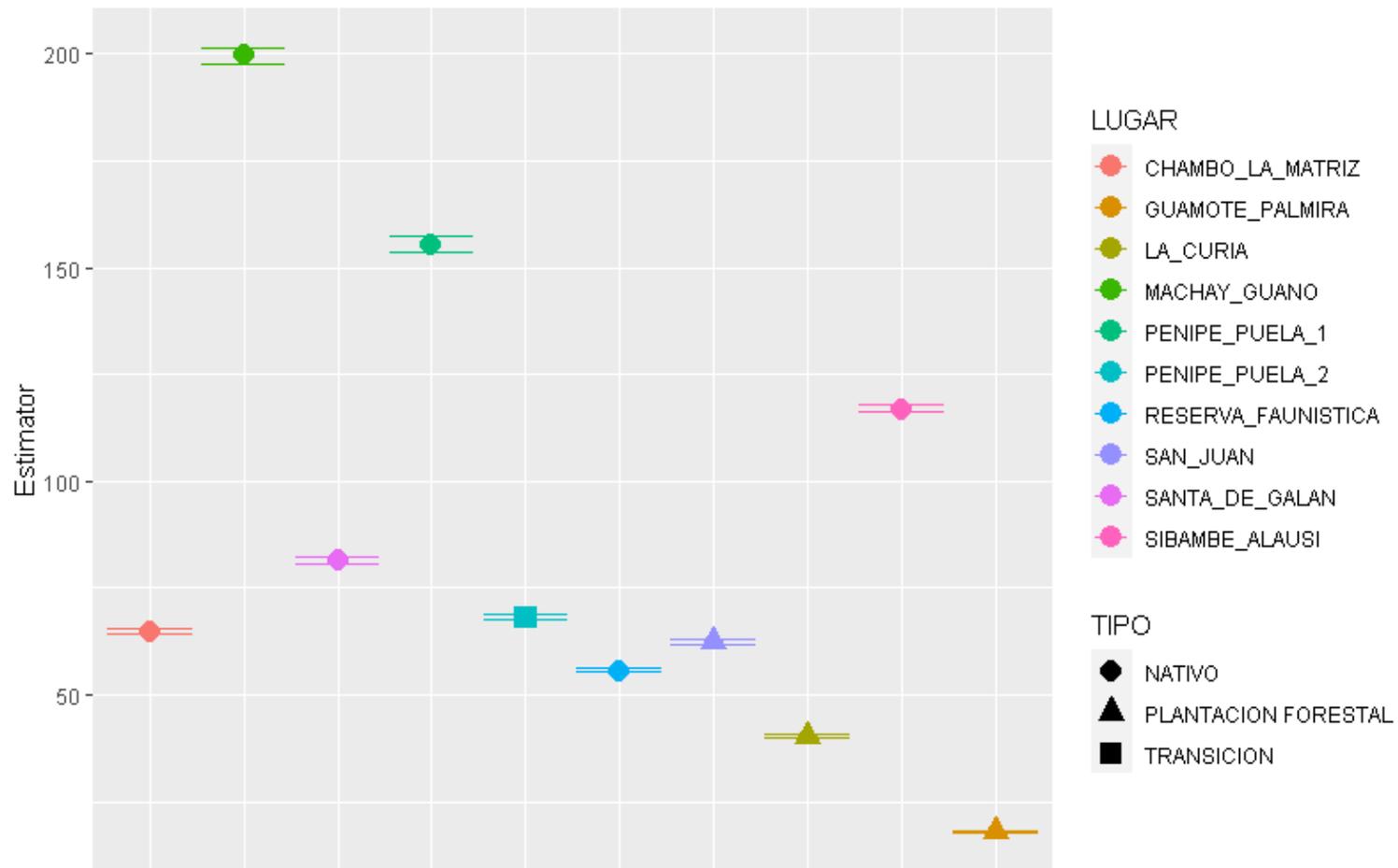
Realizado por: Bexy Q. 2021

El suelo que presentó mayor índice de Shannon fue el suelo de Machay Guano, que corresponde a varias especies de bosque nativo, con un índice de Shannon de 199,62. Por otro lado el suelo que presentó el menor índice fue el suelo de Guamote Palmira con un valor de 17,93, este suelo correspondía a un suelo de plantación forestal con especies de Pino (Tabla 2-3). Cabe recalcar que, en la mayor parte de suelos de bosques nativos, Penipe Puela 1, Sibambe Alausi y Santa fe de Galan se evidenció mayor riqueza fúngica con índices de 155,20, 116,79, 81,52 en comparación a todos los suelos colectados de plantaciones forestales, San Juan y La curia, con índices de 62,27 y 40,14 (Gráfico 12-3).

**Tabla 2-3:** Diversidad de Shannon de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo.

LUGAR	TIPO	Índice de Shannon	Intervalo inferior	Intervalo superior
MACHAY_GUANO	NATIVO	199,62	197,66	201,58
PENIPE_PUELA_1	NATIVO	155,20	153,56	157,27
SIBAMBE_ALAUSI	NATIVO	116,79	116,15	118,04
SANTA_DE_GALAN	NATIVO	81,52	80,69	82,48
PENIPE_PUELA_2	TRANSICION	68,08	67,77	68,92
CHAMBO_LA_MATRIZ	NATIVO	64,78	64,09	65,69
SAN_JUAN	PLANTACION FORESTAL	62,27	61,91	62,91
RESERVA_FAUNISTICA	NATIVO	55,59	55,22	56,19
LA_CURIA	PLANTACION FORESTAL	40,14	39,93	40,62
GUAMOTE_PALMIRA	PLANTACION FORESTAL	17,93	17,81	18,13

Realizado por: Quintero García, Bexy, 2021.



**Gráfico 12-3.** Índice de Shannon de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales de la Provincia de Chimborazo

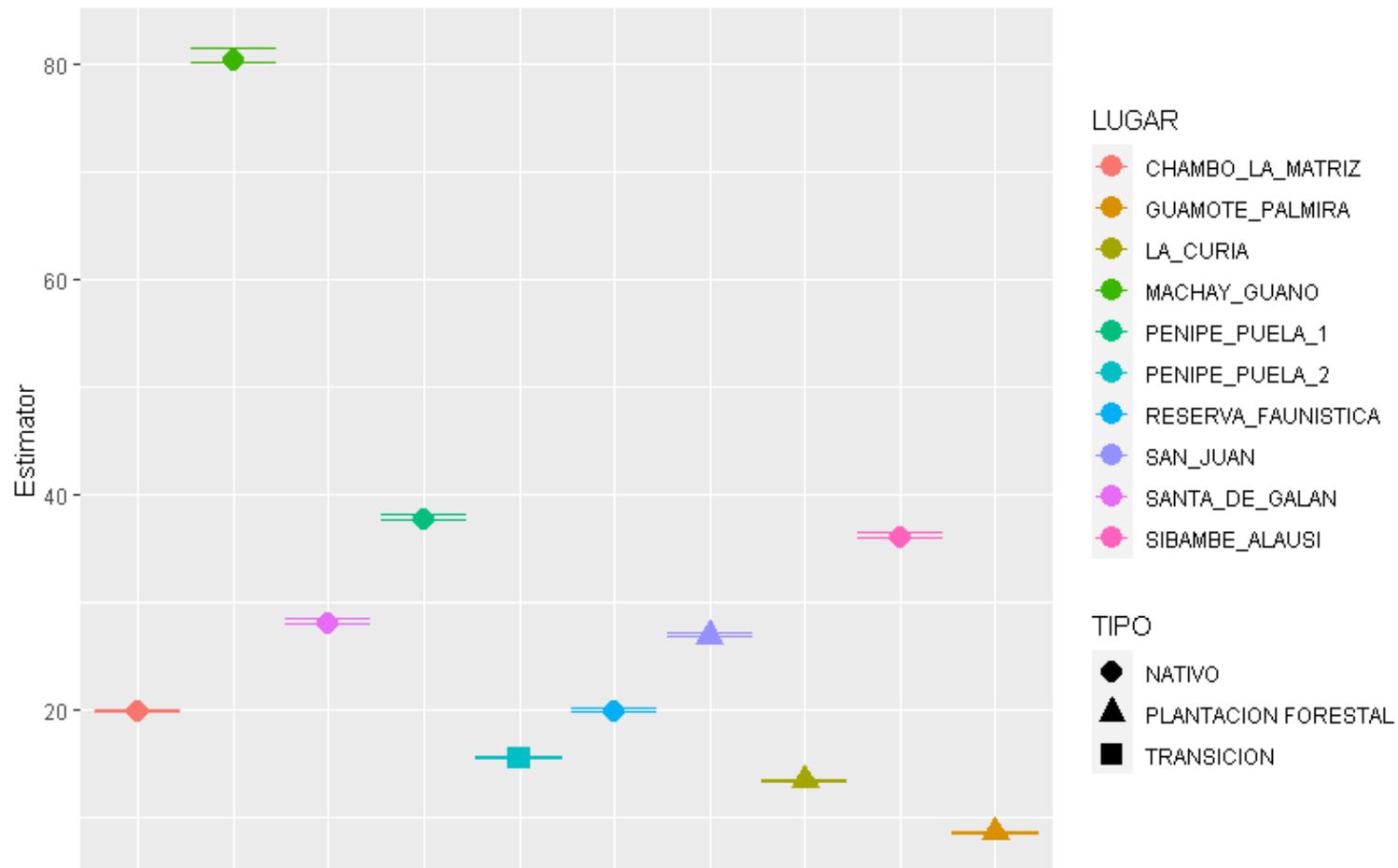
Realizado por: Bexy Q. 2021.

El suelo que presentó mayor índice de Simpson fue el suelo de Machay Guano, que corresponde a varias especies de bosque nativo, con un índice de Simpson de 80,26. Por otro lado el suelo que presentó el menor índice fue el suelo de Guamote Palmira con un valor de 8,48, este suelo correspondía a un suelo de plantación forestal con especies de Pino (Tabla 3-3). Cabe recalcar que, en la mayor parte de suelos de bosques nativos, Penipe\_Puela\_1, Sibambe Alausi y Santa fe de Galan se evidenció mayor riqueza fúngica con índices de 37,55; 35,89; 28,00 en comparación a los suelos colectados de plantaciones forestales, San Juan y La curia, con índices de 26,80 y 13,34 y a suelos de transición Penipe\_Puela\_2 con índice de 15,40 (Gráfico 13-3).

**Tabla 3-3:** Diversidad de Simpson de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales de la provincia de Chimborazo.

LUGAR	TIPO	Índice De Simpson	Intervalo inferior	Intervalo superior
MACHAY_GUANO	NATIVO	80,26	80,19	81,54
PENIPE_PUELA_1	NATIVO	37,55	37,53	38,18
SIBAMBE_ALAUSI	NATIVO	35,89	35,88	36,47
SANTA_DE_GALAN	NATIVO	28,00	27,99	28,39
SAN_JUAN	PLANTACION FORESTAL	26,80	26,79	27,03
RESERVA_FAUNISTICA	NATIVO	19,76	19,76	20,03
CHAMBO_LA_MATRIZ	NATIVO	19,75	19,75	19,99
PENIPE_PUELA_2	TRANSICION	15,40	15,40	15,67
LA_CURIA	PLANTACION FORESTAL	13,34	13,34	13,51
GUAMOTE_PALMIRA	PLANTACION FORESTAL	8,48	8,48	8,56

Realizado por: Quintero García, Bexy, 2021

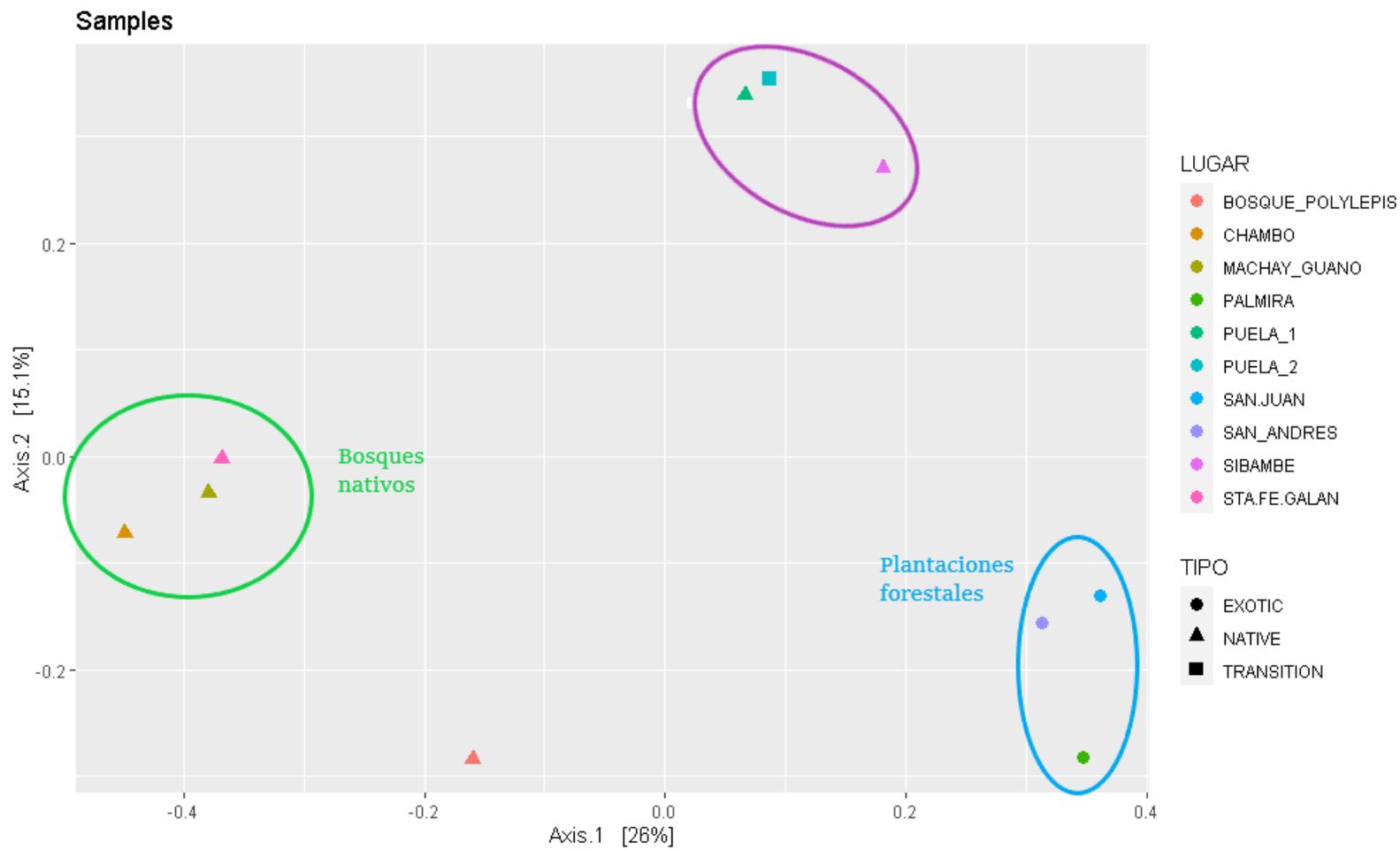


**Gráfico 13-3.** Índice de Simpson de suelos de bosques nativos y plantaciones forestales en la provincia de Chimborazo.

Realizado por: Bexy Q. 2021

### ***3.1.3. Estructuración de las comunidades fúngicas basado en la naturaleza del bosque***

En el Grafico 14-3 se puede observar 3 principales grupos, el primero que se conforma de tres bosques nativos (Santa Fe de Galan, Machay Guano, y Chambo), otro que está agrupado de plantaciones forestales (San Juan, San Andres y Palmira), y otro en la cual se encuentran suelos en transición y 2 bosques nativos (Puela 2, Puela 1 y Sibambe).



**Gráfico 14-3.** Estructuración de las comunidades fúngicas de suelos basado en la naturaleza del bosque.

Realizado por: Bexy Q. 2021

### 3.2. Discusión

Este es uno de los primeros estudios que utilizan el enfoque de secuenciación de próxima generación (NGS-Next Generation Sequencing) o técnicas independientes de cultivo, que se realizó para investigar las comunidades microbianas de hongos en los ecosistemas de suelo de bosques y plantaciones forestales de la provincia de Chimborazo, en Ecuador.

Los hongos tienen un papel primordial en el microbioma de las plantas y son un determinante clave de la salud de las plantas (Shoresh et al., 2010; Pieterse et al., 2014). Desentrañar sus funciones biológicas podría conducir a nuevos enfoques para el manejo de enfermedades de las plantas. Por ejemplo, los hongos producen una diversidad de compuestos estructuralmente distintivos con propiedades antimicrobianas (Porrás-Alfaro y Bayman, 2011; Aldrich et al., 2015). Considerando las limitadas opciones de fungicidas con nuevos modos de acción que cumplan con los requisitos de seguridad y eficacia, la prospección de moléculas de origen biológico puede ser una alternativa interesante para incrementar el portafolio de fungicidas para ser utilizados en la protección de cultivos y para incrementar los productos bioestimulantes y fertilizantes basados en microorganismos en la silvicultura.

Ascomycota fue el filo más abundante asociado al suelo de bosques nativos, plantaciones forestales y suelos de transición. De manera similar a nuestros hallazgos, varios estudios informaron que Ascomycota fue el filo fúngico más relativamente abundante en diferentes suelos (Kazeeroni & Al-Sadi, 2016).

Algunos suelos principalmente de bosques nativos tuvieron mayor diversidad de hongos en comparación con las plantaciones forestales. Los diferentes genotipos de plantas de la misma especie pueden diferir en la composición del microbioma del suelo (Pérez-Jaramillo et al., 2016). Por ejemplo, la porción de OTUs observada en tres cultivares de papa diferentes fue específica de cultivar (Weinert et al., 2011). Se observaron efectos similares dependientes de cultivares para las comunidades de rizobacterias en la rizósfera de las plantas de papa (İnceoğlu et al., 2011). Peiffer y colaboradores (2013) observaron en un estudio con 27 líneas de maíz modernas, cultivadas en ambientes de campo, que la riqueza de OTU estaba influenciada por genotipos de maíz. Esta gran diversidad encontrada puede estar asociada a un aumento global de la biomasa microbiana del suelo y es una mayor oportunidad para estudiar cómo desarrollar y establecer ambientes competitivos que pueden ser perjudiciales para los patógenos vegetales (Lareen et al., 2016). Por lo tanto, los suelos de bosques nativos con mayor diversidad fúngica son potencialmente fuentes para ser explorados para la obtención de nuevos microorganismos que puedan ser utilizados como biocontroladores de patógenos. El valor de la diversidad puede

mostrar nuevos microorganismos y múltiples mecanismos distintos que se pueden utilizar para controlar diferentes enfermedades de las plantas. Presumiblemente, la diversidad está bien establecida y esto permite la estabilidad funcional en una amplia gama de comunidades ecológicas.

De la misma manera la microbiota fúngica se estructuró y la mayoría de bosques nativos y plantaciones forestales formaron grupos claramente diferentes, lo cual puede ser explicado por la naturaleza del bosque, con respecto a este, algunos autores como Pérez-Jaramillo y colaboradores (2016) manifiestan que especies de plantas nativas tienen capacidad diferente de reclutar y atraer microorganismos diferentes en relación a plantas exóticas o introducidas.

La descripción de las comunidades microbianas en los suelos de bosques es un primer paso fundamental hacia la comprensión del potencial de la microbiota para proteger los cultivos contra los patógenos de las plantas. La diversidad de los suelos de bosques ha sido reconocida como fundamental para mejorar la explotación silvicultural y este estudio en los bosques nativos y plantaciones forestales de la provincia de Chimborazo proporciona información adicional para considerar la conservación de las especies nativas de bosques y fomentar la biodiversidad invisible que esconden.

## CONCLUSIONES

- La composición microbiana fue diferente en los diferentes suelos de bosques colectados, pero de manera general la composición microbiana fúngica asociada a suelos de bosques nativos fue similar entre los bosques nativos, y diferente a los suelos de plantaciones forestales.
- Los suelos de plantaciones forestales presentaron menor diversidad fúngica en relación a los suelos de bosques nativos que presentaron mayor diversidad fúngica.
- Existió una estructuración o agrupamiento de las comunidades microbianas fúngicas de suelos de plantaciones forestales, y existió una agrupación o estructuración de microbiota fúngica en la mayoría de suelos de bosques nativos.

## RECOMENDACIONES

- Investigar la funcionalidad de los principales grupos fúngicos de bosques nativos.
- Realizar estudios y aislamiento de hongos en los suelos de bosques nativos de mayor diversidad presentados en este estudio, para evaluar el potencial de estos en silvicultura.
- Promover la explotación de microorganismos fúngicos asociados a suelos de bosques nativos como potenciales fuentes de nuevos productos para utilización en la industria agrícola y forestal.

## GLOSARIO

**Bosque nativo:** Son ecosistemas arbóreos caracterizados por la presencia de árboles y arbustos de múltiples especies que son originarias de ese hábitat, regenerados por sucesión natural, con una asombrosa biodiversidad de flora, fauna y microorganismos (EcuadorForestal 2007).

**Diversidad Fúngica:** La riqueza o variedad de especies de hongos de un ecosistema (Calonge 2004).

**Microbioma:** El microbioma es el conjunto de microbios (bacterias, arqueas, virus, hongos y protistas) incluyendo sus genes y metabolitos, así como las condiciones ambientales que les rodean (López-Goñi 2020).

**Microbiota:** Es el conjunto de microorganismos que colonizan establemente la superficie epidérmica y los conductos y cavidades del organismo que tienen comunicación con el exterior (Sánchez Rodríguez 2018).

**Plantación Forestal:** Se denominan plantaciones forestales a bosques predominantemente compuestos de árboles establecidos por plantación y/o siembra deliberada, en el cual las especies forestales plantadas y/o sembradas son introducidas, para uso industrial o comercial (Saab 2019).

**Secuenciamiento de próxima generación:** Es un grupo de tecnologías diseñadas para secuenciar gran cantidad de segmentos de ADN de forma masiva y en paralelo, en menor cantidad de tiempo (Rubio et al. 2020).

**Suelo de transición o alterado:** Proceso de deforestación de los bosques y su posterior transformación en áreas agropecuarias (Valdivieso-Pérez et al. 2012).

## BIBLIOGRAFIA

**BERG, G. y SMALLA, K.** "Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere." *FEMS microbiology ecology* [en línea], vol. 68, no. 1, 2009. pp. 1-13. ISSN 0168-6496. [ Consulta 2020-10-10]. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/9a420ad8-fcc1-3b1d-86e3-92dce40d8858/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7B24ec7ec8-72e0-4f1e-bab7-d78c66498a71%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/9a420ad8-fcc1-3b1d-86e3-92dce40d8858/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7B24ec7ec8-72e0-4f1e-bab7-d78c66498a71%7D).

**BONANOMI, G., DE FILIPPIS, F., CESARANO, G., LA STORIA, A., ERCOLINI, D. y SCALA, F.** "Organic farming induces changes in soil microbiota that affect agro-ecosystem functions." *Soil Biology and Biochemistry* [en línea], vol. 103, 2016. pp. 327-336. ISSN 0038-0717. [ Consulta 2020-08-10]. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/db2b924a-c40d-3542-8cf6-e9c6e9a5de6a/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7Bcce19988-2cf0-48ea-8aa3-145230124a1a%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/db2b924a-c40d-3542-8cf6-e9c6e9a5de6a/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7Bcce19988-2cf0-48ea-8aa3-145230124a1a%7D).

**BRUNS, T.D. y GARDES, M.** *Molecular tools for the identification of ectomycorrhizal fungi-taxon-specific oligonucleotide probes for suilloid fungi. Molecular Ecology*, vol. 2, no. 4, 1993, pp. 233-242.

**CALONGE, F.D.** Biodiversidad fúngica y aprovechamiento sostenible de las setas. [en línea], 2004. [Consulta 2020-10-12]. Disponible en: [https://digital.csic.es/bitstream/10261/93903/1/CALONGE\\_A\\_PANTORRA.pdf](https://digital.csic.es/bitstream/10261/93903/1/CALONGE_A_PANTORRA.pdf).

**CRAGG, G.M. y NEWMAN, D.J.** Medicinals for the millennia: The historical record. *Annals of the New York Academy of Sciences* [en línea]. S.l.: s.n., DOI 10.1111/j.1749-6632.2001.tb11356.x. 2001. [Consulta 2020-10-12]. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/5d8c0a4c-38c0-326f-8ec9-ee40efde8296/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7Baa0c97ed-96df-4ca7-acd9-912a9769307b%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/5d8c0a4c-38c0-326f-8ec9-ee40efde8296/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7Baa0c97ed-96df-4ca7-acd9-912a9769307b%7D).

**DOCTORAL, T.** Identificación y caracterización de comunidades microbianas presentes en pinturas sobre lienzo . Estudio de su capacidad como agentes de biodeterioro [en línea]. S.l.: s.n. ISBN 9788469469354. 2011. [Consulta 2020-10-12] Disponible en: <https://www.mendeley.com/catalogue/a46ba357-566e-389d-a737->

[d37fb2432a91/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7B5834c970-5e1a-48da-84e4-d7faca4d00cb%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/d37fb2432a91/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7B5834c970-5e1a-48da-84e4-d7faca4d00cb%7D).

**ECUADORFORESTAL.** *Planificación Estratégica Bosques Nativos en el Ecuador.* 2007, pp. 140.

**FERRARA, M.A.** Fungos Endofíticos . Potencial para a Produção de Substâncias Bioativas Endophytic F otential for the Production of Bioactive Substances. *Revista Fitos* [en línea], 2006. pp. 73. [Consulta 2020-10-12]. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/d4e87108-d662-344c-ab779b094b2405c3/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7B00e5c47d-db0b-4c24-932e-4329e67cefd9%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/d4e87108-d662-344c-ab779b094b2405c3/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7B00e5c47d-db0b-4c24-932e-4329e67cefd9%7D).

**GRANDA MUÑOZ, M.J.** *Análisis Socio-Ambiental en doce parroquias amazónicas de Ecuador y su relación con actividades de conservación de bosques nativos* [en línea]. 2015. S.l.: Quito/UIDE/2015. pp. 42 [Consulta 2020-10-12] Disponible en: <https://repositorio.uide.edu.ec/bitstream/37000/738/1/T-UIDE-0673.pdf>.

**HAWKSWORTH, D.L.,** The magnitude of fungal diversity: the 1.5 million species estimate revisited. *Mycological Research* [en línea], vol. 105, no. 12, 2001. pp. 1422-1432. [Consulta 2020-10-12]. ISSN 09537562. DOI 10.1017/S0953756201004725. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/8d1c2d60-ee2f-3b8e-b33f-14718301a93f/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7B6a3e31c6-c087-4dd3-b322-3b224ba2510f%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/8d1c2d60-ee2f-3b8e-b33f-14718301a93f/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7B6a3e31c6-c087-4dd3-b322-3b224ba2510f%7D).

**HERNÁNDEZ-LEÓN, R., VELÁZQUEZ-SEPÚLVEDA, I., OROZCO-MOSQUEDA, M.C. y SANTOYO, G.,** *Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas.* *Phyton (Buenos Aires)*, vol. 79, no. 2, 2010, pp. 133-139. ISSN 1851-5657.

**HERNÁNDEZ LEÓN, R. y VELÁZQUEZ SEPÚLVEDA, V.** Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas. *REVISTA INTERNACIONAL DE BOTÁNICA EXPERIMENTAL* [en línea], vol. 0, no. 0, 2010, pp. 134. [Consulta 2020-10-12]. Disponible en: [https://www.researchgate.net/profile/Gustavo-Santoyo/publication/343582390\\_Soil\\_Metagenomics\\_new\\_challenges\\_and\\_biotechnological\\_opportunities/links/5f35f5e9299bf13404c1bbeb/Soil-Metagenomics-new-challenges-and-biotechnological-opportunities.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Gustavo-Santoyo/publication/343582390_Soil_Metagenomics_new_challenges_and_biotechnological_opportunities/links/5f35f5e9299bf13404c1bbeb/Soil-Metagenomics-new-challenges-and-biotechnological-opportunities.pdf).

**HOFFMEISTER, D. y KELLER, N.P.** *Natural products of filamentous fungi: enzymes, genes, and their regulation.* *Nat. Prod. Rep.* [en línea], vol. 24, no. 2, 2007, pp. 393-416. [Consulta 2020-10-12]. ISSN 0265-0568. DOI 10.1039/B603084J. Disponible en: <https://pubs.rsc.org/en/content/articlelanding/2007/np/b603084j/unauth>.

**JULCA-OTINIANO, A., MENESES-FLORIÁN, L., BLAS-SEVILLANO, R. y BELLO-AMEZ, S.** *La materia orgánica, importancia y experiencia de su uso en la agricultura.* *Idesia (Arica)* [en línea], vol. 24, no. 1, 2006, pp. 49-61. [Consulta 2020-10-14]. ISSN 0718-3429. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/f6bb60df-a547-33ad-a923-e3cf1315336e/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&use\\_rDocumentId=%7Bf19a2638-9a77-4a72-9667-94b4500f33b4%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/f6bb60df-a547-33ad-a923-e3cf1315336e/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&use_rDocumentId=%7Bf19a2638-9a77-4a72-9667-94b4500f33b4%7D).

**LÓPEZ-GOÑI, I.** *Microbioma humano: un universo en nuestro interior.* *Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular* [en línea], 2020. [Consulta 2020-10-14]. Disponible en: <https://revista.sebbm.es/articulos/500-microbioma-humano-un-universo-en-nuestro-interior.pdf>.

**LUPATINI, M., KORTHALS, G.W., DE HOLLANDER, M., JANSSENS, T.K.S. y KURAMAE, E.E.** *Soil microbiome is more heterogeneous in organic than in conventional farming system.* *Frontiers in microbiology* [en línea], vol. 7, 2017, pp. 2064. [Consulta 2020-10-14]. ISSN 1664-302X. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2016.02064/full>.

**MANTILLA, M. y TORRES, G.** *Metagenomic approaches for characterization of poultry microbiomee.* *Revista Colomb. Biotecnol* [en línea], vol. 11, no. 0, 2019, pp. 2-4. [Consulta 2020-10-14]. Disponible en: [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0123-34752019000200077](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0123-34752019000200077).

**MARANDO, G.** *Estudio de los cambios, durante el proceso de restauración, en la materia orgánica, la biomasa microbiana y la actividad biológica de suelos degradados enmendados con lodos de EDAR sometidos a diferentes pos-tratamientos.* [en línea], 2013, pp. 6 [Consulta 2020-10-14]. Disponible en: <https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/94855/TGM1de1.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.

**METZKER, M.L.** Sequencing technologies—the next generation. *Nature reviews genetics* [en línea], vol. 11, no. 1, 2010, pp. 31-46. [Consulta 2020-10-14]. ISSN 1471-0064. Disponible en: [https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as\\_sdt=0%2C5&scioq=Metagenómica+de+suelos%3A+grandes+desafíos+y+nuevas+oportunidades+biotecnológicas&q=Sequencing+technologies—the+next+generation&btnG=](https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&scioq=Metagenómica+de+suelos%3A+grandes+desafíos+y+nuevas+oportunidades+biotecnológicas&q=Sequencing+technologies—the+next+generation&btnG=).

**MINISTERIO DE AMBIENTE.** Estadísticas de Patrimonio Natural. *Estadísticas de Patrimonio Natural* [en línea], 2015, pp. 20. [Consulta 2020-10-14]. ISSN 03009246. DOI 10.1039/DT9960002403. Disponible en: <https://mluisforestal.files.wordpress.com/2016/01/estadisticas-patrimonio-natural-mae.pdf>.

**MOCALI, S. y BENEDETTI, A.** Exploring research frontiers in microbiology: the challenge of metagenomics in soil microbiology. *Research in Microbiology* [en línea], vol. 161, no. 6, 2010, pp. 497-505. [Consulta 2020-10-15]. ISSN 0923-2508. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/bc84c440-7f4d-3488-80a9-794945a2ec22/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7Bfc266a73-a5cf-41ef-8be3-35e84c863954%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/bc84c440-7f4d-3488-80a9-794945a2ec22/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7Bfc266a73-a5cf-41ef-8be3-35e84c863954%7D).

**MONTILLA, M., HERRERA, R.A. y MONASTERIO, M.** Micorrizas vesículo–arbusculares en parcelas que se encuentran en sucesión–regeneración en los Andes Tropicales. *Suelo y Planta* [en línea], vol. 2, no. 1, 1992, pp. 59-70. [Consulta 2020-10-14]. Disponible en: <http://www.ciens.ula.ve/icae/publicaciones/paramo/pdf/montilla1992.pdf>.

**MORALES, O., NERET, C., ALBERTO, F. y GUTIÉRREZ, U.** *Determinación de la actividad microbiana como indicador biológico en suelos agrícolas del Occidente de Nicaragua (en el periodo abril 2009 marzo 2011)* [en línea]. 2011. S.l.: s.n. 2011. pp. 17-18 [Consulta 2020-10-14]. Disponible en: <http://riul.unanleon.edu.ni:8080/jspui/bitstream/123456789/3596/1/219852.pdf>.

**PETTIT, R.K.** Soil DNA libraries for anticancer drug discovery. *Cancer chemotherapy and pharmacology* [en línea], vol. 54, no. 1, 2004, pp. 1-6. [Consulta 2020-10-16]. ISSN 0344-5704. Disponible en: [https://www.mendeley.com/catalogue/61f6db2f-2403-3aa5-b57b-fd0abc6cf756/?utm\\_source=desktop&utm\\_medium=1.19.6&utm\\_campaign=open\\_catalog&userDocumentId=%7Bf6008abf-b6c9-41e7-ad79-fcf38af566f2%7D](https://www.mendeley.com/catalogue/61f6db2f-2403-3aa5-b57b-fd0abc6cf756/?utm_source=desktop&utm_medium=1.19.6&utm_campaign=open_catalog&userDocumentId=%7Bf6008abf-b6c9-41e7-ad79-fcf38af566f2%7D).

**REYES, I. y VALERY, A.** Efecto de la fertilidad del suelo sobre la microbiota y la promoción del crecimiento Del maíz (*Zea mays* L.) Con *Azotobacter* spp. *Bioagro* [en línea], vol. 19, no. 3, 2007, pp. 117-126. [Consulta 2020-10-16]. ISSN 1316-3361. Disponible en: [http://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S1316-33612007000300001&script=sci\\_arttext](http://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S1316-33612007000300001&script=sci_arttext).

**RIESENFELD, C.S., GOODMAN, R.M. y HANDELSMAN, J.** Uncultured soil bacteria are a reservoir of new antibiotic resistance genes. *Environmental microbiology* [en línea], vol. 6, no. 9, 2004, pp. 981-989. [Consulta 2020-10-16]. ISSN 1462-2912. Disponible en: <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1462-2920.2004.00664.x>.

**RODRÍGUEZ, V.** Efecto antagonico y biocontrolador de algunos microorganismos saprofiticos contra *Rhizoctonia solani* un fitopatogeno causante del (damping off) en plantas de tomate. [en línea], 2011, pp. 14-24. [Consulta 2020-10-16]. Disponible en: [http://sisbib.unmsm.edu.pe/bibvirtualdata/Tesis/Salud/Rodriguez\\_LV/Introduc.PDF](http://sisbib.unmsm.edu.pe/bibvirtualdata/Tesis/Salud/Rodriguez_LV/Introduc.PDF).

**ROLDÁN, A., GARCÍA-ORENES, F. y LAX, A.** An incubation experiment to determine factors involving aggregation changes in an arid soil receiving urban refuse. *Soil Biology and Biochemistry* [en línea], vol. 26, no. 12, 1994, pp. 1699-1707. [Consulta 2020-09-05]. ISSN 0038-0717. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0038071794903239>.

**RUBIO, S., PACHECO-OROZCO, R.A., MILENA GÓMEZ, A., PERDOMO, S. y GARCÍA-ROBLES, R.** Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Medica* [en línea], vol. 61, no. 2, 2020, pp. 49-63. [Consulta 2020-09-05]. ISSN 2011-0839. Disponible en: [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2011-08392020000200006](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2011-08392020000200006).

**SAAB, A.A.** Planeación estratégica. *El plan estratégico de comunicación* [en línea], 2019, pp. 27-40. [Consulta 2020-09-06]. DOI 10.2307/j.ctvn5twd2.5. Disponible en: [http://ecuadorforestal.org/wp-content/uploads/2013/03/PE\\_Plantaciones.pdf](http://ecuadorforestal.org/wp-content/uploads/2013/03/PE_Plantaciones.pdf).

**SÁNCHEZ RODRÍGUEZ, M.T.** Formas farmacéuticas sólidas destinadas a la bioterapia con microorganismos probióticos. [en línea], 2018, pp. 42-49. [Consulta 2020-09-06]. ISSN 8491638377. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=147877>.

**SCHABEREITER-GURTNER, C., PINAR, G., LUBITZ, W. y RÖLLEKE, S.** An advanced molecular strategy to identify bacterial communities on art objects. *Journal of Microbiological*

*Methods* [en línea], vol. 45, no. 2, 2001, pp. 77-87. [Consulta 2020-09-07]. ISSN 0167-7012. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0167701201002275>.

**SMITH, J.L., PAPENDICK, R.I., BEZDICEK, D.F. y LYNCH, J.M.** *Soil organic matter dynamics and crop residue management. Soil microbial ecology: Applications in agricultural and environmental management.*, 1992, pp. 65-94. ISSN 0824787374.

**TAN, R.X. y ZOU, W.X.** *Endophytes: A rich source of functional metabolites.* 2001, pp. 393-416. S.l.: s.n.

**TOVAR, A.R., CÁSAZ, B.X. y VALDÉS, M.** Ecología molecular de los hongos ectomicorrízicos. *Revista Fitotecnica Mexicana* [en línea], vol. 27, no. 3, 2004, pp. 267-278. [Consulta 2020-09-10]. ISSN 0187-7380. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/610/61027307.pdf>.

**VALDIVIESO-PÉREZ, I.A., GARCÍA-BARRIOS, L.E., ÁLVAREZ-SOLÍS, D. y NAHED-TORAL, J.** De maizales a potreros: cambio en la calidad del suelo. *Terra Latinoamericana* [en línea], vol. 30, no. 4, 2012, pp. 363-374. [Consulta 2020-09-11]. ISSN 0187-5779. Disponible en: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0187-57792012000400363](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-57792012000400363).

**VEGA GONZÁLEZ, B.E.** *Descomposición de materia orgánica y mejoramiento del suelo utilizando el inoculante biológico bacthon* [en línea]. S.l.: Quevedo-Ecuador. 2013, pp 2. [Consulta 2020-09-04]. Disponible en: <https://repositorio.uteq.edu.ec/bitstream/43000/2756/1/T-UTEQ-0340.pdf>.

**WILD, A.** *Condiciones del suelo y desarrollo de las plantas según Russell.* 1992.

**WILSON, M.** Biocontrol of aerial plant diseases in agriculture and horticulture: current approaches and future prospects. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology* [en línea], vol. 19, no. 3, 1997, pp. 188-191. [Consulta 2020-09-12]. ISSN 1367-5435. DOI 10.1038/sj.jim.2900436. Disponible en: <https://academic.oup.com/jimb/article/19/3/188/5991506?login=true>.

**ZELLER, V., BARDGETT, R.D. y TAPPEINER, U.** Site and management effects on soil microbial properties of subalpine meadows: a study of land abandonment along a north-south gradient in the European Alps. *Soil Biology and Biochemistry* [en línea], vol. 33, no. 4-5, 2001,

pp. 639-649. [Consulta 2020-09-15]. ISSN 0038-0717. Disponible en:  
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S003807170000208X>.

## ANEXOS

### ANEXO A: LABORES REALIZADAS EN LA FASE DE CAMPO.

<b>REGISTRO FOTOGRÁFICO DE LA FASE DE CAMPO</b>		
Reconocimiento del lugar de muestreo Chambo (Bosque nativo)	Reconocimiento del lugar de muestreo Machay (Bosque nativo)	
		
Reconocimiento del lugar de muestreo Puela (Bosque nativo)	Reconocimiento del lugar de muestreo Guamote (Plantación forestal "Pino")	
		

## REGISTRO FOTOGRÁFICO DE LA FASE DE CAMPO



Desinfeccion de materiales para la recoleccion



Toma de submuestras de suelo



Mezcla de submuestras



Obtencion de 2 muestras de suelo



## ANEXO B: LABORES REALIZADAS EN FASE DE LABORATORIO

<h3>REGISTRO FOTOGRÁFICO DE LA FASE DE LABORATORIO</h3>			
Etiquetado de las muestras	Congelador		
			

## ANEXO C: PROTOCOLO DE EXTRACCION DE ADN

### PROTOCOLO

Kit FastDNA™ SPIN para flujo de trabajo típico del suelo

<b>1.</b>	<b>Preparar</b> la muestra	Hasta 500 mg de muestra de suelo		978 µL de tampón de fosfato de sodio Tampón MT de 122 µL
<b>2.</b>	<b>Homogeneizar</b> con FastPrep instrumento <i>(o instrumento similar)</i>	 40 segundos  5 - 10 minutos → 14.000 g	 	Cargue el tubo en el instrumento FastPrep. Proceso: 40 s a un ajuste de velocidad de 6,0 m / s  Centrifugar para sedimentar los desechos
<b>3.</b>	<b>Precipitar</b> proteínas	 5 minutos → 14.00 g		Transfiera el sobrenadante a un recipiente limpio de 2 ml. tubo de microcentrífuga. Agregue 250 µL de PPS y mezclar 10 veces.  Centrifugar para sedimentar el precipitado
<b>4.</b>	<b>Ajustar</b> Condiciones vinculantes	Tubo de 15 ml		Transfiera el sobrenadante a un tubo de 15 mL. Agregue 1 ml de solución de matriz de unión. Invierta 2 minutos y coloque el tubo en una rejilla durante 3 min. Deseche 500 µl de sobrenadante
<b>5.</b>	<b>Enlazar</b> El ADN	 1 minuto → 14.000 g		Transfiera un máximo de 600 µL de solución de ADN a un Tubo de filtro SPIN™. Tubo de recogida vacío. Repita el paso 5 si el volumen de la mezcla es superior a 600 µL.
<b>6.</b>	<b>Lavar</b> el filtro SPIN™	 1 minuto → 14.000 g		Añada 500 µL de solución SEWS-M preparada. Tubo de recogida vacío.
<b>7.</b>	<b>Seco</b> el filtro SPIN™	 2 minutos → 14.000 g		Seque al aire el filtro SPIN™ durante 5 minutos a temperatura ambiente.
<b>8.</b>	<b>Eluir</b> el ADN	Utilice un nuevo tubo de captura  1 minuto → 14.000 g		50-100 µL de solución de elución DES. El ADN del tubo de captura está listo para usar



ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE  
CHIMBORAZO  
DIRECCIÓN DE BIBLIOTECAS Y RECURSOS DEL  
APRENDIZAJE



UNIDAD DE PROCESOS TÉCNICOS  
REVISIÓN DE NORMAS TÉCNICAS, RESUMEN Y BIBLIOGRAFÍA

Fecha de entrega: 11/01/2022

**INFORMACIÓN DEL AUTOR/A (S)**

**Nombres – Apellidos:** BEXY STEPHANIA QUINTERO GARCIA

**INFORMACIÓN INSTITUCIONAL**

**Facultad:** *Recursos Naturales*

**Carrera:** Ingeniería forestal

**Título a optar:** Ingeniera Forestal

CRISTHIAN FERNANDO  
O  
CASTILLO  
RUIZ

Firmado digitalmente  
por CRISTHIAN  
FERNANDO  
CASTILLO RUIZ  
Fecha:  
2022.01.11  
08:38:15 -05'00'



2233-DBRA-UTP-2021