



**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**  
**FACULTAD DE RECURSOS NATURALES**  
**CARRERA AGRONOMÍA**

**DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA FÚNGICA DE TUNA (*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.) EN TUNSHI, LOS CHINGAZOS Y ALACAO DE LA PROVINCIA DE CHIMBORAZO.**

**Trabajo de Integración Curricular**

**Tipo:** Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

**INGENIERO AGRÓNOMO**

**AUTOR:**

**KEVIN SANTIAGO GAVILANEZ CASTILLO**

Riobamba – Ecuador

2024



**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**  
**FACULTAD DE RECURSOS NATURALES**  
**CARRERA AGRONOMÍA**

**DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA FÚNGICA DE TUNA (*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.) EN TUNSHI, LOS CHINGAZOS Y ALACAO DE LA PROVINCIA DE CHIMBORAZO.**

**Trabajo de Integración Curricular**

**Tipo:** Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

**INGENIERO AGRÓNOMO**

**AUTOR:** KEVIN SANTIAGO GAVILANEZ CASTILLO

**DIRECTOR:** ING. PABLO ISRAEL ALVAREZ ROMERO Ph. D

Riobamba – Ecuador

2024

© 2024, Kevin Santiago Gavilanez Castillo

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, Kevin Santiago Gavilanez Castillo, declaro que el presente Trabajo de Integración Curricular es de mi autoría y los resultados de este son auténticos. Los textos en el documento que provienen de otras fuentes están debidamente citados y referenciados.

Como autor 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, 10 de junio de 2024

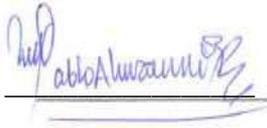


**Kevin Santiago Gavilanez Castillo**

**060438320-8**

**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**  
**FACULTAD DE RECURSOS NATURALES**  
**CARRERA AGRONOMÍA**

El Tribunal del Trabajo de Integración Curricular certifica que: El Trabajo de Integración Curricular; Tipo: Proyecto de Investigación, **DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA FÚNGICA DE TUNA (*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.) EN TUNSHI, LOS CHINGAZOS Y ALACAO DE LA PROVINCIA DE CHIMBORAZO**, realizado por el señor: **KEVIN SANTIAGO GAVILANEZ CASTILLO**, 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>FIRMA</b>	<b>FECHA</b>
Ing. Víctor Alberto Lindao Córdova, Ph.D <b>PRESIDENTE DEL TRIBUNAL</b>		2024-06-10
Ing. Pablo Israel Álvarez Romero, Ph.D <b>DIRECTOR DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR</b>		2024-06-10
Ing. Norma Soledad Erazo Sandoval, Ph.D <b>ASESORA DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR</b>		2024-06-10

## **DEDICATORIA**

Dedico este trabajo a mis padres, cuya inquebrantable fe en mí ha sido el faro que ha iluminado mis días más oscuros y ha guiado cada uno de mis pasos hacia este logro. A mis amigos, por su apoyo incondicional y por hacer de este viaje una aventura inolvidable. A mis profesores, por sembrar en mí la semilla del conocimiento y por su paciencia infinita. Y a mis ángeles guardianes, que desde el cielo me acompañan, inspirándome a ser la mejor versión de mí mismo. Este trabajo es un reflejo de su amor, su esfuerzo y su confianza. Gracias, de todo corazón.

Kevin Santiago Gavilanez Castillo

## **AGRADECIMIENTO**

Agradezco a Dios y a mi familia por cada momento que formo mi carácter como profesional, sin ellos no habría sido posible llegar hasta este punto y en especial a una persona que estuvo para mí desde el momento en que la conocí hasta que nos dimos cuenta que podíamos ser lo que el otro buscaba sin ella no podría haber cambiado y seguir mejorando día a día.

Kevin Santiago Gavilanez Castillo

## ÍNDICE DE CONTENIDO

ÍNDICE DE TABLAS.....	x
ÍNDICE DE ILUSTRACIONES.....	xi
ÍNDICE DE ANEXOS.....	xiii
RESUMEN.....	xiv
ABSTRACT.....	xv
INTRODUCCIÓN.....	1

### CAPÍTULO I

1.	DIAGNÓSTICO DEL PROBLEMA.....	2
1.1	Planteamiento del problema.....	2
1.2	Objetivo.....	2
1.2.1	<i>Objetivo general</i> .....	2
1.2.2	<i>Objetivo específico</i> .....	2
1.3	Justificación.....	2
1.4	Hipótesis.....	3
1.4.1	<i>Nula</i> .....	3
1.4.2	<i>Alternativa</i> .....	3

### CAPÍTULO II

2.	MARCO TEÓRICO.....	4
2.1	Cultivo de Tuna.....	4
2.1.1	<i>Descripción botánica</i> .....	4
2.1.2	<i>Importancia del cultivo</i> .....	5
2.1.3	<i>Condiciones edafoclimáticas</i> .....	5
2.1.4	<i>Plagas y enfermedades</i> .....	6
2.1.5	<i>Manejo Integrado</i> .....	7
2.2	Microbiota Patogénica.....	8
2.3	Microbiota benéfica.....	9
2.4	Principales hongos reportados en tuna.....	11

### CAPÍTULO III

<b>3.</b>	<b>MARCO METODOLÓGICO.....</b>	<b>14</b>
<b>3.1</b>	<b>Características del lugar.....</b>	<b>14</b>
<b>3.1.1.</b>	<b><i>Localización en campo.....</i></b>	<b>14</b>
<b>3.3.4.</b>	<b><i>Ubicación geográfica de las áreas de estudio.....</i></b>	<b>14</b>
<b>3.3.5.</b>	<b><i>Condiciones climáticas .....</i></b>	<b>14</b>
<b>3.3.6.</b>	<b><i>Localización de laboratorio .....</i></b>	<b>15</b>
<b>3.4.</b>	<b>Materiales y equipos .....</b>	<b>15</b>
<b>3.2.1.</b>	<b><i>Materiales y equipos de campo .....</i></b>	<b>15</b>
<b>3.4.4.</b>	<b><i>Materiales y equipos de oficina .....</i></b>	<b>15</b>
<b>3.4.5.</b>	<b><i>Materiales y equipos de laboratorio.....</i></b>	<b>15</b>
<b>3.4.5.2.</b>	<b><i>Material biológico .....</i></b>	<b>15</b>
<b>3.4.5.3.</b>	<b><i>Materiales de laboratorio .....</i></b>	<b>15</b>
<b>3.4.5.4.</b>	<b><i>Reactivos e insumos .....</i></b>	<b>16</b>
<b>3.4.5.5.</b>	<b><i>Equipos.....</i></b>	<b>16</b>
<b>3.5.</b>	<b>Metodología.....</b>	<b>16</b>
<b>3.5.1.</b>	<b><i>Colecta de material vegetal y suelo para la identificación de la diversidad fúngica de tuna .....</i></b>	<b>16</b>
<b>3.5.1.1.</b>	<b><i>Proceso de recolección de muestras .....</i></b>	<b>17</b>
<b>3.5.2.</b>	<b><i>Método de evaluación y registro de datos .....</i></b>	<b>20</b>
<b>3.5.2.1.</b>	<b><i>Evaluación de muestras de tejido vegetal .....</i></b>	<b>20</b>
<b>3.5.3.</b>	<b><i>Aislamiento de microorganismos fúngicos asociados a tuna.....</i></b>	<b>20</b>
<b>3.5.3.1.</b>	<b><i>Aislamiento indirecto para tejido vegetal .....</i></b>	<b>20</b>
<b>3.5.3.2.</b>	<b><i>Aislamiento con diluciones seriadas para suelo .....</i></b>	<b>22</b>
<b>3.5.3.3.</b>	<b><i>Cultivos puros.....</i></b>	<b>23</b>
<b>3.5.4.</b>	<b><i>Caracterización de los microorganismos fúngicos prevalentes de tuna de las localidades en estudio .....</i></b>	<b>24</b>
<b>3.5.4.1.</b>	<b><i>Caracterización cultural.....</i></b>	<b>24</b>
<b>3.5.4.2.</b>	<b><i>Caracterización molecular .....</i></b>	<b>24</b>
<b>3.5.5.</b>	<b><i>PCR con primers genéricos (ITS).....</i></b>	<b>26</b>
<b>3.5.6.</b>	<b><i>Electroforesis .....</i></b>	<b>27</b>
<b>3.5.7.</b>	<b><i>Secuenciamiento y análisis .....</i></b>	<b>29</b>
<b>3.5.8.</b>	<b><i>Análisis de la diversidad fúngica asociada a Tuna .....</i></b>	<b>29</b>
<b>3.5.9.</b>	<b><i>Preservación de cultivos fúngicos puros usando el método de Castellani .....</i></b>	<b>29</b>
<b>3.5.10.</b>	<b><i>Índices de diversidad.....</i></b>	<b>30</b>
<b>3.5.11.</b>	<b><i>Riqueza de especies .....</i></b>	<b>30</b>

## CAPÍTULO IV

<b>4.</b>	<b>MARCO DE RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....</b>	<b>32</b>
<b>4.2.</b>	<b>Diversidad de los microorganismos fúngicos asociados al cultivo de tuna en las tres localidades de estudio .....</b>	<b>40</b>
<b>4.2.1.</b>	<b><i>Riqueza de especies</i> .....</b>	<b>41</b>
<b>4.2.2.</b>	<b><i>Diversidad de Shannon</i>.....</b>	<b>42</b>
<b>4.3.</b>	<b>Caracterización cultural de los microorganismos fúngicos prevalentes de tuna de las localidades en estudio.....</b>	<b>42</b>
<b>4.4.</b>	<b>Identificación y caracterización molecular de la microbiota fúngica asociada al cultivo de tuna .....</b>	<b>51</b>
<b>4.5.</b>	<b>Discusión de resultados.....</b>	<b>57</b>
<b>4.6.</b>	<b>Comprobación de la hipótesis .....</b>	<b>72</b>

## CAPÍTULO V

<b>5.</b>	<b>CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....</b>	<b>73</b>
<b>5.1.</b>	<b>Conclusiones.....</b>	<b>73</b>
<b>5.2.</b>	<b>Recomendaciones .....</b>	<b>73</b>
	<b>GLOSARIO .....</b>	<b>74</b>
	<b>BIBLIOGRAFÍA</b>	
	<b>ANEXOS</b>	

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 2-1:</b>	Taxonomía de la Tuna.....	4
<b>Tabla 3-1:</b>	Ubicación geográfica de las localidades en estudio de la Provincia de Chimborazo.....	14
<b>Tabla 3-2:</b>	Condiciones climáticas de las localidades en estudio de la Provincia de Chimborazo.....	14
<b>Tabla 3-3:</b>	Matriz de información tejido vegetal.....	17
<b>Tabla 3-4:</b>	Matriz de información muestras de suelo.....	19
<b>Tabla 3-5:</b>	Primers utilizados para el proceso de PCR.....	26
<b>Tabla 3-6:</b>	Perfil térmico usado para realizar PCR.....	27
<b>Tabla 4-1:</b>	Índice de riqueza de aislados fúngicos provenientes de cladodios asintomáticos y sintomáticos de las localidades en estudio.....	41
<b>Tabla 4-2:</b>	Índice de Shannon de aislados fúngicos provenientes de cladodios asintomáticos y sintomáticos de las localidades en estudio.....	42
<b>Tabla 4-3:</b>	Características culturales de los morfotipos aislados.....	43
<b>Tabla 4-4:</b>	Blast de los morfotipos aislados.....	51
<b>Tabla 4-5:</b>	Resumen Blast de los morfotipos aislados.....	55
<b>Tabla 4-6:</b>	Datos de los géneros encontrados.....	57

## ÍNDICE DE ILUSTRACIONES

<b>Ilustración 3-1:</b>	a) Selección de muestras, b) Recolección de muestras en las localidades de estudio, c) Conservación de tejido vegetal. ....	19
<b>Ilustración 3-2:</b>	a) Proceso de recolección de muestras de suelo en las localidades de estudio, b) Proceso de conservación de muestras de suelo en las localidades de estudio. ....	19
<b>Ilustración 3-3:</b>	a) Recolección de tejido vegetal, b) Cladodios sanos, c) Cladodio sintomático, d) Cladodio asintomático. ....	20
<b>Ilustración 3-4:</b>	Procedimiento de aislamiento indirecto para tejido vegetal .....	21
<b>Ilustración 3-5:</b>	a) Lavado con agua corriente, b) Cortado de tejido de 8-10mm, c) Proceso de desinfección, d) Secado de muestras y colocación en cajas Petri con medio PDA al 3,9%, e) Incubación, f) Purificación de aislados mediante repicados consecutivos. ....	21
<b>Ilustración 3- 6:</b>	Procedimiento para aislamiento con diluciones seriadas para suelo.....	22
<b>Ilustración 3-7:</b>	a) Procesamiento y tamizado de la muestra, b) Secado de muestras, c) Preparación de la solución madre y homogeneización, d) Dilución a concentraciones más bajas, e) Siembra en medio de cultivo PDA, f) Incubación y control de crecimiento. ....	23
<b>Ilustración 3-8:</b>	Procedimiento para cultivos puros .....	23
<b>Ilustración 3- 9:</b>	a) Selección de hongos, b) Repicado hacia una nueva caja e incubación, c) Almacenado de cultivos puros. ....	24
<b>Ilustración 3-10:</b>	Procedimiento para caracterización molecular.....	25
<b>Ilustración 3-11:</b>	a) Raspado de hongos b) Almacenamiento a menos 40° c) Colocar solución de lisis d) Homogeneización con el vortex, e) Adición de Isopropanol, f) Formación de hilos de ADN, g) Centrifugación, h) Lavado con etanol, i) Segundo lavado, j) Incubar a 65° por 20 min, k) Adición de la solución de rehidratación, l) Cuantificación.....	25
<b>Ilustración 3-12:</b>	a) Calibración del Bio Espectrómetro con 2uL de DNA Rehydration Solution (PROMEGA), b) Cargado de la muestra en la cámara de cuarzo, c) Ejecución del programa y registro de las relaciones A260/280 Y A260/230. ....	26
<b>Ilustración 3-13:</b>	Proceso de electroforesis .....	27
<b>Ilustración 3-14:</b>	a) Preparación de reactivos y materiales para preparar TBE 1x y gel de Agarosa, b) Preparación de las disoluciones, c) Homogeneización de la agarosa en 60 mL de TBE 1X, d) Colocación del intercalante, e) Mezcla de Loading Dye y el producto de PCR, f) Distribución de muestras en el gel, g)	

	Ejecución del paso de la corriente, h) Colocación del gel en el transiluminador y recopilación de información.....	28
<b>Ilustración 3-15:</b>	a) Colocación del gel en el transiluminador, b) Amplificación positiva de bandas.....	28
<b>Ilustración 3-16:</b>	a) Preparación de material, b) Esterilización mediante calor húmedo, c) Corte de 1 cm <sup>3</sup> de micelio esporulado y colocar en el tubo con 10 mL de agua destilada estéril, d) Identificar a -10°.....	30
<b>Ilustración 4-1:</b>	Abundancia relativa por clases en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio.....	32
<b>Ilustración 4-2:</b>	Abundancia relativa por Orden en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio.....	33
<b>Ilustración 4-3:</b>	Abundancia relativa por Familia en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio.....	35
<b>Ilustración 4-4:</b>	Abundancia relativa por Género en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio.....	37
<b>Ilustración 4-5:</b>	Diagrama de Venn de géneros compartidos y únicos en las localidades de estudio a nivel de cladodios sintomáticos y asintomáticos.....	38
<b>Ilustración 4-6:</b>	Diagrama de Venn de géneros encontrados en sintomáticos en las localidades de estudio.....	39
<b>Ilustración 4-7:</b>	Diagrama de Venn de géneros reportados en cladodios asintomáticos en las localidades en estudio.....	40
<b>Ilustración 4-8:</b>	Forma, borde y elevación de los morfotipos aislados.....	43
<b>Ilustración 4-9:</b>	Características culturales de aislados prevalentes en tuna color anverso a) M1 Blanco, b) M2 Gris claro, c) M3 Aceituna grisáceo, d) M4 Gris verdes claro, e) M5 Amarillo ligero, f) M6 Amarillo, g) M7 Gris rojizo ligero, h) M8 Gris aceituna, i) M9 Blanco grisáceo, j) M10 Negro parduzco, k) M11 Gris aceituna claro.....	50
<b>Ilustración 4-10:</b>	Características culturales de aislados prevalentes en tuna color reverso a) M1 Blanco, b) M2 Gris claro, c) M3 Aceituna grisáceo, d) M4 Gris verdoso claro, e) M5 Amarillo ligero, f) M6 Amarillo, g) M7 Gris rojizo ligero, h) M8 Gris aceituna, i) M9 Blanco grisáceo, j) M10 Negro parduzco, k) M11 Gris aceituna claro.....	51

## ÍNDICE DE ANEXOS

- ANEXO A: RECETA DE MALTA MODIFICADO
- ANEXO B: RECETA DE AGAR AVENTA
- ANEXO C: MORFOTIPOS POR LOCALIDADES
- ANEXO D: ABUNDANCIA
- ANEXO E: ABUNDANCIA LOCALIDAD TUNSHI- ENFERMAS
- ANEXO F: ABUNDANCIA LOCALIDAD TUNSHI-SANAS
- ANEXO G: ABUNDANCIA LOCALIDAD ALACAO-ENFERMAS
- ANEXO H: ABUNDANCIA LOCALIDAD ALACAO-SANAS
- ANEXO I: ABUNDANCIA LOCALIDAD LOS CHINGAZOS-ENFERMAS
- ANEXO J: ABUNDANCIA LOCALIDAD LOS CHINGAZOS-SANAS
- ANEXO K: ABUNDANCIA DE MICROORGANISMOS FÚNGICOS PREVALENTES DE TUNA AGRUPADA POR MORFOTIPO (COLOR)
- ANEXO L: ABUNDANCIA LOCALIDAD TUNSHI CLADODIOS SINTOMÁTICOS
- ANEXO M: ABUNDANCIA LOCALIDAD TUNSHI CLADODIOS ASINTOMÁTICOS
- ANEXO N: ABUNDANCIA LOCALIDAD ALACAO CLADODIOS SINTOMÁTICOS
- ANEXO O: ABUNDANCIA LOCALIDAD ALACAO CLADODIOS ASINTOMÁTICOS
- ANEXO P: ABUNDANCIA LOCALIDAD LOS CHINGAZOS CLADODIOS SINTOMÁTICOS
- ANEXO Q: ABUNDANCIA LOCALIDAD LOS CHINGAZOS CLADODIOS ASINTOMÁTICOS
- ANEXO R: CUANTIFICACION DE MUESTRAS DE ADN DE LAS LOCALIDADES EN ESTUDIO
- ANEXO S: MATRIZ DE UNIDADES FORMADORAS DE COLONIAS (UFC)
- ANEXO T: MATRIZ DE IDENTIFICACIÓN DE CLADODIOS
- ANEXO U: BLAST DE LOS MORFOTIOS AISLADOS
- ANEXO V: MATRIX\_MACROGEN

## RESUMEN

La presente investigación se planteó como objetivo general determinar la diversidad de la microbiota fúngica en plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus indica* (L.) Mill.) en la Provincia Chimborazo. Para la realización del estudio se recolectaron 18 muestras de cladodios que fueron subdivididos hasta obtener 54 muestras que presentaban lesiones características por microorganismos fúngicos y otros aparentemente asintomáticos. Adicionalmente se colectó una muestra de suelo por localidad. Se realizaron aislamientos directos e indirectos de los agentes microbianos fúngicos, así como la caracterización a nivel cultural mediante la observación directa y la descripción de las colonias formadas en los medios de cultivo PDA y Agar Malta modificado. Luego se procedió a la caracterización molecular partiendo de los cultivos puros aislados mediante replicados sucesivos. Las conclusiones obtenidas determinaron que las mayores variedades de microorganismos fungos en los cladodios de tuna fueron del género *Epicoccum*, *Fusarium*, *Clonostachys*, *Alternaria*, *Penicillium*, *Colletotrichum*, *Neopestalotiopsis*, *Hypoxyylon*, *Nigrospora*, *Lasioidiplodia*, presentando síntomas como necrosis, manchas cloróticas, hendiduras, pústulas y halos de colores.

Palabras clave: <MICROORGANISMOS FÚNGICOS>, <TUNA (*Opuntia ficus indica* (L.) Mill.)>, <CARACTERIZACIÓN>, <CHIMBORAZO (PROVINCIA)>, <ASILAMIENTO>, <SINTOMATOLOGÍA>, <AGENTES CAUSALES>, <HONGOS>.

0752-DBRA-UPT-2024

17-06-2024



## ABSTRACT

This investigation aimed to determine the diversity of the fungal microbiota in plantations of prickly pear (*Opuntia ficus indica* (L.) Mill.) in Chimborazo Province. For the study, 18 samples of cladodes were gathered and subdivided in order to get 54 samples which showed particular lesions by fungal microorganisms and other apparently asymptomatic ones. In addition, one soil sample was gathered per locality. Direct and indirect isolations of the fungal microbial agents were carried out, as well as characterisation at the cultural level by direct observation and description of the colonies formed on PDA and modified Malta Agar culture media. Molecular characterisation was then carried out because of the pure cultures isolated by means of successive replicates. The conclusions obtained determined that the major strains of fungal microorganisms on prickly pear cladodes were *Epicoccum*, *Fusarium*, *Clonostachys*, *Alternaria*, *Penicillium*, *Colletotrichum*, *Neopestalotiopsis*, *Hypoxyton*, *Nigrospora*, *Lasiodiplodia*, showing symptoms such as necrosis, chlorotic spots, clefts, pustules and coloured halos.

**Key words:** <FUNGAL MICROORGANISMS>, <PRICKLY PEAR (*Opuntia ficus indica* (L.) Mill.)>, <CHARACTERISATION>, <CHIMBORAZO (PROVINCE)>, <ISOLATION>, <SYMPTOMATOLOGY>, <CAUSAL AGENTS>, <FUNGI>.



**Esthela Isabel Colcha Guashpa**

0603020678

## INTRODUCCIÓN

La tuna o nopal llamada científicamente *Opuntia ficus indica* (L.) Mill., es una planta xerófica nativa de América que pertenece a la familia de las cactáceas y a la subfamilia opuntioideae (Erazo et al., 2021). A nivel mundial, México es el país que cuenta con la mayor producción de esta planta; aunque en la actualidad en diferentes países de América la producción de la tuna se ha incrementado debido al aumento del consumo principalmente por sus altos valores nutricionales y su implementación en usos medicinales (Erazo et al., 2021).

En Ecuador el cultivo de tuna evidencia un incremento productivo debido a la alta demanda de su fruta y a las recientes exportaciones del producto. Las provincias con mayor producción de tuna son Imbabura, Loja, Santa Elena y Tungurahua (Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG), 2017). En Chimborazo también se ha incrementado la producción de tuna en algunos sectores como Santa Rosa de Guano, Miraflores, Chingazo Alto, Chingazo Bajo, Alacao, Tunshi y otros (Chamorro y Erazo, 2019). En cada uno de estos sectores se pueden apreciar diferentes variedades de tuna, cuya variación depende principalmente de las características ambientales y climáticas de la región (Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG), 2017).

A pesar de este aumento en la producción, a nivel nacional se evidencia cierto desconocimiento y falta de investigación técnica asociada con el cultivo de las diferentes variedades de tuna (Chamorro y Erazo, 2019). Es por esta falta de conocimiento técnico que se pueden apreciar diferentes problemas a nivel sanitario en los cultivos, siendo la principal problemática la aparición de agentes patógenos como hongos y bacterias, que perjudican la producción. Estos agentes ocasionan una serie de síntomas como manchas, cambios en la coloración, adelgazamiento de los cladodios, entre otros, que afectan notablemente la apariencia, sabor y crecimiento de la planta y de los frutos (Espinoza et al., 2023).

De acuerdo con esto, el presente estudio buscó analizar y caracterizar la diversidad de la microbiota fúngica que se encuentra en plantaciones de Tuna en tres localidades de la Provincia de Chimborazo, para contribuir con los procesos de investigación asociados al cultivo de la tuna.

## CAPÍTULO I

### 1. DIAGNÓSTICO DEL PROBLEMA

#### 1.1 Planteamiento del problema

Se desconoce cuál es la microbiota fúngica presente en los cultivos de tuna en las diferentes localidades de la Provincia de Chimborazo. El Ecuador alberga una gran diversidad genética y variabilidad fenotípica del fruto de tuna (*Opuntia ficus indica* (L.) MILL.), este posee una gran importancia tanto cultural como económica en la soberanía alimentaria del país.

#### 1.2 Objetivo

##### 1.2.1 *Objetivo general*

Determinar la diversidad de la microbiota fúngica en plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus indica* (L.) Mill.) en la Provincia Chimborazo

##### 1.2.2 *Objetivo específico*

- Analizar la diversidad de la microbiota fúngica asociada a plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.) en la provincia de Chimborazo.
- Caracterizar la microbiota fúngica en plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.) en la provincia de Chimborazo.

#### 1.3 Justificación

La investigación científica asociada a la microbiota fúngica que afecta el cultivo de tuna es indispensable para comprender y abordar los retos que enfrenta esta actividad agrícola en la actualidad. El cultivo de tuna, ha adquirido una especial importancia en la actualidad, debido al fortalecimiento de la economía y el reciente interés de la sociedad en mantener una alimentación saludable y balanceada (Paucara y Del Castillo, 2021). A pesar de esto, la producción de tuna puede verse amenazada por los cambios climáticos y ambientales que inciden en la aparición de algunas enfermedades de tipo fúngicas que pueden ocasionar daños significativos en los cultivos y a su vez, afectar la seguridad alimentaria y los medios de subsistencia de las comunidades agrícolas (Alvarado y Santín, 2017).

La identificación y caracterización de la microbiota fúngica que afectan al cultivo de tuna son elementos fundamentales para desarrollar estrategias adecuadas de manejo y control de enfermedades efectivos que contribuyan al mantenimiento y conservación de los cultivos. Además, favorece la comprensión y estudio de la biología de estos hongos, permitiendo evaluar su impacto en la producción. De esta forma, se pueden encontrar soluciones innovadoras y sostenibles en el tiempo.

La investigación en este campo no solo contribuye al conocimiento científico del cultivo, sino que también tiene aplicaciones directas en la agricultura, al proporcionar las herramientas pertinentes para prevenir y mitigar la propagación de patógenos fúngicos en los cultivos de tuna. Al mismo tiempo que, contribuye a mejorar la resiliencia de las comunidades agrícolas al desarrollar variedades resistentes a ciertas enfermedades y promueve prácticas de manejo adecuadas.

## **1.4 Hipótesis**

### ***1.4.1 Nula***

Ninguna de las localidades con plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus- indica* (L.) Mill.) en la provincia de Chimborazo difieren en la diversidad de la microbiota fúngica.

### ***1.4.2 Alternativa***

Por lo menos una de las localidades con plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus- indica* (L.) Mill.) en la provincia de Chimborazo difieren en la diversidad de la microbiota fúngica.

## CAPÍTULO II

### 2. MARCO TEÓRICO

#### 2.1 Cultivo de Tuna

##### 2.1.1 Descripción botánica

La *Opuntia ficus indica* (L.) Mill. es una especie de planta cuyas características morfológicas se pueden resumir de la siguiente manera:

- Planta arbustiva, con una longitud de 1,7 m de altura aproximadamente (Luján y Trillo, 2017).
- Tallo: contiene un tallo primario que puede ser de color castaño oscuro, verde o gris. Tiene forma cilíndrica y un diámetro de 20 cm aproximadamente y unos 45 cm de altura (Quynh et al., 2024).
- Cladodios: generalmente tienen forma elíptica, aunque en algunas variedades pueden ser ovados o circulares, tienen un peso aproximado de entre 40 y 100 g. Dependiendo de su edad pueden alcanzar una longitud de alrededor 60 cm de largo, 30 cm de ancho y uno 3 cm de grosor (Quynh et al., 2024).
- Flores: las flores de la tuna son de anthesis diurna, cada cladodio puede albergar alrededor de 10 flores en la parte apical. La mayoría de las veces las flores poseen un pericarpelo cilíndrico con una medida de 5 cm de longitud, y 2 cm de diámetro. Las flores poseen estambres erectos, filamentos de color blanco o amarillo y estigma verde radiante con 7 lóbulos (Quynh et al., 2024).
- Fruto: crece en los tejidos del tallo de un ovario inferior y puede variar en peso de 80 a 200 g. El fruto de la planta es turbinado, esférico o cilíndrico, casi siempre de color amarillo (Quynh et al., 2024).

**Tabla 2-1:** Taxonomía de la Tuna

<i>Opuntia ficus indica</i> (L.) Mill	
Reino	Plantae
División	Antophyta.
Clase	Dicotiledónea.
Subclase	Archyclamidea.
Orden	Opuntiales (Cactales).
Familia	Opuntiaceae (Cactaceae).

Subfamilia	Opuntioidea
Género	<i>Opuntia</i>
Especie	<i>Opuntia</i> spp.
N. binomial	<i>O. ficus-indica</i> (L.) 1768 Mill.
N. Vulgar	“Tuna”, “nopal”

**Fuente:** Bravo y Sánchez, 1978.

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.

### 2.1.2 *Importancia del cultivo.*

El cultivo de la tuna ha cobrado importancia a nivel económico, principalmente en las zonas rurales y áridas, ya que su producción puede satisfacer distintas necesidades de la población (Espinoza et al., 2023). Una de las principales características del cultivo de tuna es su facilidad, lo que implica que pueda ser producida y distribuida en diferentes zonas que presentan una gran variedad de climas y condiciones que, no es favorable para otras especies. Es por esto, que se pueden encontrar cultivos de tuna en diversas regiones de América, África, Asia, Europa y Oceanía (Luján y Trillo, 2017).

Dentro de los principales usos de este cultivo, se relaciona con las propiedades nutricionales y medicinales que posee (Paucara y Del Castillo, 2021). La cosecha de sus frutos y cladodios es apta para el consumo siendo empleado principalmente como verduras aportando a la dieta minerales como el calcio, fósforo, potasio, selenio, cobre, zinc, además de vitamina C. Sus cladodios, también pueden ser utilizados con diferentes fines agrícolas y comerciales, entre los que se pueden mencionar su uso como alimento para ganado bobino y como hábitat para el crecimiento y producción de la cochinilla del carmín *Dactylopius coccus* C (Espinoza et al., 2023). Del mismo modo, se pueden emplear sus partes como ingredientes para preparaciones antidiabéticas y diuréticas (Alvarado y Santín, 2017).

### 2.1.3 *Condiciones edafoclimáticas*

Las condiciones climáticas y del suelo son elementos esenciales para que prospere el cultivo de tuna, este conjunto de características es denominado condiciones edafoclimáticas. Dentro de estas condiciones, se incluyen variables como la altitud de la región, las pendientes que poseen las zonas de cultivo, las texturas y características propias del suelo, la ubicación geográfica, entre otras. Todos estos, son elementos que afectan el desarrollo de la planta que puede producirse en un periodo de entre 59 a 150 días (Espinoza et al., 2023).

- **Altitud:** el cultivo de la tuna requiere una altitud aproximada de 800 y hasta los 2 600 de altura sobre el nivel del mar (Granata et al., 2018). Esta altitud y las zonas de producción puede incidir en que el clima sea de tipo Templado subhúmedo.
- **Temperatura:** la temperatura aproximada para el cultivo debe ubicarse en un promedio de entre 6- 28°C (Granata et al., 2018).
- **Precipitación:** aunque el cultivo de tuna puede darse en zonas áridas, la precipitación promedio puede oscilar entre los 300 y 700 mm de lluvia anual (Granata et al., 2018).
- **Topografía:** el cultivo de tuna puede darse en terrenos planos y valles, aunque es más común observar estos cultivos en laderas con fuertes pendientes (Granata et al., 2018).
- **Suelo:** el suelo idóneo para el cultivo de tuna es aquel que posee textura franca, es decir, que no sea arenoso ni arcilloso, sino calcáreos con buen drenaje y con poca profundidad. El pH apropiado es preferiblemente alcalino, de entre 6,5 y 8,5 Ph (Granata et al., 2018).

#### **2.1.4 Plagas y enfermedades**

La tuna puede sufrir varias enfermedades bióticas y abióticas, que se pueden presentar en cualquier región donde se cultiva por la presencia de agentes patógenos y de las condiciones climáticas; y bióticos, causados por organismos vivos como hongos, levaduras, bacterias, fitoplasmas y otros (Zimmermann y Granata, 2002). En el caso de la tuna, la mayoría de las enfermedades son producidas por hongos. En total, la tuna puede sufrir aproximadamente 22 enfermedades que pueden ser de tipo fungosas, bacterianas y virales (Zimmermann y Granata, 2002). Algunas de las enfermedades que se pueden presentar en el cultivo son las siguientes:

- **Roya (*Aecidium* spp.):** esta enfermedad se manifiesta con viruelas esféricas de coloración amarillenta, tanto en las pencas como en los frutos, ocasionando un orificio en el cladodio (Granata et al., 2018).
- **Pudrición de la raíz (*Armillaria mellea*, *Sclerotinia* spp., *Phytophthora* spp.):** esta enfermedad es producida por hongos que afectan el sistema radicular de la planta. Suele presentarse con marchitamiento o arrugamientos de los cladodios (Granata et al., 2018).
- **Enfermedad dorada o mácula de oro (*Alternaria* spp.):** esta enfermedad se presenta con síntomas como anillos en los cladodios de diferentes tonalidades que van desde el olivo al dorado. La aparición de estos anillos disminuye la acción fotosintética (Granata et al., 2018).
- **Descomposición acuosa (*Phytophthora cactorum*):** al presentarse esta enfermedad, la planta empieza a experimentar espacios blandos y putrefacción del fruto (Granata et al., 2018).
- **Mácula gris (*Phytophthora* spp. y *Mycosphaerella* spp.):** esta enfermedad se presenta con rotura de la epidermis del cladodio acompañada de necrosis (Granata et al., 2018).

- Bacteriosis o Descomposición pastosa (*Erwinia* spp.): los síntomas de esta enfermedad se pueden apreciar desde el ápice hasta la base del cladodio. Los síntomas que se observan son que la epidermis del cladodio se vuelve suave y pastosa, hasta volverse una mancha redonda de color marrón con bordes húmedos. Posteriormente se presentan exudados amarillentos con fetideces (Granata et al., 2018).
- Virosis: la enfermedad se presenta con una prominencia en el cladodio y detrimento de la tonalidad verde de la planta, así como la evidente disminución de retoños y flores (Granata et al., 2018).

Del mismo modo, se pueden presentar algunas plagas que atacan a los cultivos de tuna, y que son las principales responsables del desarrollo de estas enfermedades. Algunas de estas plagas son las siguientes:

- La grana cochinilla (*Dactylopius opuntiae*), esta plaga se caracteriza por presentar un cuerpo blando con estructuras cuticulares. Estas estructuras, son las responsables de excretar una cera de color blanco que envuelve el cuerpo del insecto para protegerlo de las condiciones ambientales y de los depredadores. El daño que origina esta plaga en la planta, es la clorosis de los cladodios, debilitando a la planta y provocando la caída prematura de los frutos. Una alta cantidad de esta plaga puede ocasionar la muerte de la planta (Granata et al., 2018).

### **2.1.5 Manejo Integrado**

El control de plagas y enfermedades de las plantas, es necesario para identificar el tipo de infección y los agentes causales que afectan a los cultivos y de esta forma atender cada caso en particular, considerando las características y condiciones individuales del cultivo y de la especie (Granata et al., 2018). Este permite garantizar que los cultivos crezcan y se desarrollen en las condiciones más apropiadas. El principal objetivo del manejo integrado de enfermedades, es mantener bajo el nivel de la intensidad con la que se presenta la enfermedad para evitar el riesgo de pérdida económica, al igual que la disminución del rendimiento y calidad de los cultivos (Granata et al., 2018).

En el caso de las enfermedades que se presentan en los cultivos de tuna, el manejo está orientado a contrarrestar los efectos negativos de las enfermedades en las poblaciones, es decir, en la totalidad del cultivo y no considerando las plantas de forma individual. Los métodos empleados varían dependiendo del tipo de patógeno, el hospedero, la relación o interacción que se establece entre ambos elementos, las condiciones ambientales y climáticas, etc. (Méndez et al., 2018). Para esto, es necesario implementar varias estrategias que permitan alcanzar los siguientes objetivos:

eliminar o reducir lo más posible el inóculo inicial, disminuir la tasa de infección de la enfermedad y el tiempo de interacción entre los patógenos y los hospederos, con la finalidad de reducir la intensidad de la enfermedad (Méndez et al., 2018).

Algunos métodos de control que se suelen emplear es el uso intensivo de plaguicidas sintéticos como el malatión, tricolorfon y paratión metílico, aunque su uso indiscriminado puede causar daños en la salud de los individuos al producir una alta toxicidad en los cultivos (Méndez et al., 2018).

En respuesta a este método de control, han surgido otras alternativas que implican un manejo del cultivo más ecológico. Estos métodos son los siguientes:

- Asociación de cultivos con características similares y rotación de los cultivos, con atención al manejo de las densidades asociadas a la producción, así como a las fechas de siembra (Méndez et al., 2018).
- Empleo de controles físicos y mecánicos, esto incluye el uso de recursos físicos como trampas o barreras físicas y naturales (Méndez et al., 2018).
- Implementar el control biológico aplicado, es decir, utilizar estrategias de conservación para los depredadores tanto nativos como los introducidos empleando hongos, bacterias y virus benéficos para los cultivos (Méndez et al., 2018).
- Mejoramiento genético, esto implica utilizar en los cultivos variedades de productos que sean más tolerantes a las enfermedades, plagas y condiciones climáticas y ambientales (Méndez et al., 2018).

El manejo integrado de los cultivos comprende el uso de un variado conjunto de estrategias y técnicas alternativas que ayudan a reducir la aparición de plagas y enfermedades sin generar daños o riesgos para la producción de los cultivos (Méndez et al., 2018).

## **2.2 Microbiota Patogénica**

La microbiota hace referencia a la diversidad de microorganismos que habitan y colonizan el suelo donde se realizan los cultivos de diferentes especies. Este ecosistema influye en la salud, desarrollo y crecimientos de las especies. La microbiota patógena puede incluir una variedad de microorganismos, como bacterias, hongos y virus, que pueden causar enfermedades en las plantas de tuna, estos microorganismos pueden denominarse patógenas (Cisterna, 2007).

La patogenicidad se refiere a la capacidad que tiene un organismo parásito para causar daño o

producir enfermedades al huésped. Existen distintos tipos de patógenos, entre los que se pueden mencionar los siguientes:

- Patógenos potenciales facultativos, que son aquellos que pueden vivir en el huésped sin producir ningún daño a las especies durante algún tiempo (Cisterna, 2007). Estos microorganismos actúan como patógenos en ciertas condiciones, sin embargo, en otras circunstancias pueden ser beneficiosos. En el cultivo de tuna, algunos de estos microorganismos pueden estar presentes en la microbiota del suelo y representar un riesgo potencial para la salud de las plantas si las condiciones son favorables para su desarrollo patogénico (Cisterna, 2007). Algunos ejemplos de patógenos potenciales facultativos que podrían estar presentes en la microbiota del suelo en el cultivo de tuna incluyen *Pseudomonas spp.*, *Bacillus spp.*, *Streptomyces spp.*
- Patógenos estrictos o patógenos obligados, son aquellos que no están vinculados al huésped con la finalidad de producir daño (Cisterna, 2007). Los patógenos estrictos son microorganismos que requieren de un huésped vivo para completar su ciclo de vida y causar enfermedades. (Cisterna, 2007). Algunos ejemplos de patógenos estrictos que podrían afectar el cultivo de tuna incluyen: *Phytophthora spp.*, *Fusarium spp.*, *Verticillium spp.*
- Patógenos oportunistas, son aquellos que causan daño solo bajo determinadas circunstancias y condiciones (Cisterna, 2007). Algunos ejemplos de patógenos oportunistas que podrían afectar el cultivo de tuna incluyen: *Rhizoctonia spp.*, *Alternaria spp.*, *Pythium spp.*

### 2.3 Microbiota benéfica

La microbiota benéfica es aquella que está relacionada con el grupo de microorganismos que se pueden encontrar en el suelo y que no ocasionan daños a las especies cultivadas. Las diversas especies microbianas que se encuentran en los suelos pueden afectar positivamente los procesos biológicos que ocurren en estos (Leiva y Morocho, 2019). Es a partir de estos, que los cultivos obtienen múltiples beneficios que pueden incluir la disminución de alteraciones exógenas que contribuyen con el crecimiento vegetal, al mismo tiempo que promueven la actividad de biocontrol, la producción de nutrientes, entre otros (Cruz et al., 2021).

La implementación de estos microorganismos en los cultivos depende de varios factores como la calidad del suelo, las condiciones climáticas, las formas de cultivo, entre otras. Los beneficios que pueden ofrecer son la mejora en la retención del agua, aumento de la materia orgánica en el suelo que contribuye con el equilibrio iónico (Leiva y Morocho, 2019). Al ser empleados, la germinación de las semillas es más favorable, el crecimiento y desarrollo de los frutos se

incrementa, así como la reproducción de las plantas. Igualmente contribuye a mejorar las condiciones físicas y químicas de los suelos (Cruz et al., 2021).

Algunos ejemplos de estos microorganismos son:

- El ácido láctico, un compuesto orgánico producido principalmente por el proceso de fermentación de carbohidratos en algunas bacterias relacionadas principalmente con la familia *Lactobacillus* (Leiva y Morocho, 2019). Este compuesto en la agricultura, es empleado de varias formas entre las que se pueden mencionar la fermentación ácido láctico para producir inoculantes que contienen microorganismos beneficiosos que contribuyen a mejorar la salud del suelo, promover la descomposición de la materia orgánica y competir contra patógenos (Soto et al., 2017). Así mismo, este compuesto es considerado un promotor del crecimiento vegetal ya que estimula la germinación de semillas, optimiza la absorción de los nutrientes y promueve la formación de raíces. Igualmente, se ha demostrado en algunos estudios que contribuye con el control de enfermedades por sus propiedades antimicrobianas, lo que puede contribuir al control de patógenos en el suelo y en las plantas (Leiva y Morocho, 2019).
- Las bacterias fotosintéticas, son llamadas también bacterias fototróficas, estos son microorganismos que favorecen la fijación de nitrógeno para ayudar a reducir la dependencia de los fertilizantes nitrogenados y mejorar la salud del suelo (Su et al., 2017). Esto contribuye a la estimulación del crecimiento de las plantas al actuar como biofertilizantes, proporcionando nutrientes esenciales a las plantas y mejorando la fertilidad del suelo de manera natural y sostenible. Estas bacterias hacen que las plantas adquieran mayor resistencia contra ciertas enfermedades y plagas (Su et al., 2017).
- Las levaduras, son un tipo de microorganismos que forman parte de la microbiota del suelo ya que promueven la descomposición de la materia orgánica presente en el suelo que contribuirá a obtener una mayor disponibilidad de nutrientes para las plantas de tuna (Leiva y Morocho, 2019). Igualmente, las levaduras pueden fijar el nitrógeno atmosférico para convertirlo en formas utilizables por las plantas y beneficiar su crecimiento al proporcionarles un suministro adicional de nitrógeno (Leiva y Morocho, 2019). Algunas levaduras pueden establecer interacciones simbióticas con las raíces de las plantas de tuna, promoviendo su crecimiento y salud (Leiva y Morocho, 2019).
- Actinomicetos, son componentes importantes de la microbiota del suelo en los cultivos de tuna y pueden desempeñar varios roles beneficiosos para las plantas (Vurukonda et al., 2018). Algunos de estos son la descomposición de la materia orgánica formando humus y liberando nutrientes esenciales para el desarrollo de las plantas de tuna (Leiva y Morocho, 2019). Estos

microorganismos actúan como controladores de patógenos por lo que protegen los cultivos contra enfermedades causadas por hongos patógenos y bacterias (Vurukonda et al., 2018).

- Hongos filamentosos que tienen actividad fermentativa llamados también hongos miceliarios, estos son un grupo de organismos que realizan la fermentación de carbohidratos en ausencia de oxígeno para producir productos como ácidos orgánicos y otros compuestos (Leiva y Morocho, 2019). En este grupo se pueden incluir el *Aspergillus spp.*, *Penicillium spp.*, *Trichoderma*.

#### **2.4 Principales hongos reportados en tuna.**

En el cultivo de la tuna existen algunas enfermedades que son provocadas específicamente por la presencia de hongos fitopatógenos, estos generan enfermedades principalmente en el filoplano. Algunos de los hongos que se han reportado en los cultivos de tuna son los siguientes:

- *Geotrichum sp.*, éstos se suelen desarrollar en los sustratos líquidos de los nutrientes, aguas residuales del cultivo, en materiales vegetales descompuestos y en varios alimentos. De este hongo, se han encontrado aproximadamente 18 especies (Jaramillo y Santín, 2017).

Algunos de los síntomas asociados a la presencia de este hongo son: pudrición blanda, parda, acuosa y acompañada por un olor agrio. Mientras la enfermedad se desarrolla, sobre la superficie se forma una superficie blanquecina que produce una secreción que desintegra la piel y que genera un olor específico que permite el diagnóstico de la enfermedad (Jaramillo y Santín, 2017).

- *Alternaria sp.*, son un tipo de hongo patógenos foliares causantes de la destrucción de los tejidos vegetales del hospedero, y que disminuye la acción fotosintética. Suele presentarse en especies que tienen ciertas características particulares como saprófitos, endófitos y patógenos. Al poseer características específicas se ha expandido en los cultivos a pesar de las condiciones ambientales, climáticas o propias del cultivo, es decir que ha logrado adaptarse a diferentes escenarios (Jaramillo y Santín, 2017).

Este género de hongo tiene dos características que la diferencian de las demás, una es la producción de melanina y la otra la producción de toxinas específicas del huésped. Por esto, es conocida como Mancha Plateada o mal de Oro. Algunos de los síntomas que se presentan comienzan en la base de la planta produciendo algunas áreas cloróticas que se evidencian en una puntuación rojiza alrededor de espinas sobre los cladodios y frutos los cuales después se tornan oscuros y necróticos (Espinoza et al., 2023). Esta coloración aumenta a medida que se desarrolla la enfermedad (Jaramillo y Santín, 2017).

- *Fusarium* sp., este género de hongos son ascomicetos lo que genera que el comportamiento de las especies sea endófito, saprófito o patógeno tanto en plantas como en el suelo. Algunos de los síntomas que causan este género de hongo es la producción de metabolitos secundarios que contienen micotoxinas tóxicas y cancerígenas (Jaramillo y Santín, 2017).

Por sus características la enfermedad generada por este hongo se conoce como Lágrima de espelma o de vela. Esta denominación surge porque produce una secreción blanca en los cladodios que se solidifica al ser excretada. Cuando avanza la enfermedad la mancha producida puede alcanzar una longitud de 2,5 cm y hasta los 5 cm, pero con una coloración café a lo largo de todos los bordes del cladodio. Cuando esta mancha se extiende provoca perforaciones y la posterior muerte de la planta (Jaramillo y Santín, 2017).

- *Colletotrichum* sp., este es un género fitopatógeno. Algunos de los síntomas que originan son la antracnosis que puede ocasionar enfermedades como el cáncer o pudrición. Su forma de presentación incluye lesiones con hundimientos en forma de anillos, en algunos casos presenta manchas negras (Espinoza et al., 2023).
- *Pseudocercospora* sp., la enfermedad ocasionada por este tipo de hongo comienza con la decoloración de la planta, para luego producir manchas de color café oscuro con un diámetro aproximado de entre 3 y 4 cm. Estas manchas forman orificios en los cladodios de forma parcial o total dependiendo de lo avanzada de la enfermedad (Espinoza et al., 2023).
- *Cladosporium* sp., este hongo es conocido como el moho, y se manifiesta en puntos negros sobre los cladodios. Este hongo ocasiona tanto en los frutos como en los cladodios clorosis y pudrición. Cuando la enfermedad es considerada más grave produce una considerable disminución del rendimiento y de la calidad del fruto obtenido en la cosecha, pudiendo generar la muerte de la planta. (Espinoza et al., 2023).
- *Scytalidium* sp., este tipo de hongo ocasiona enfermedades que presentan síntomas parecidos a los del cáncer de tallo. La infección comienza con la pudrición de los cladodios y los tejidos comienzan a expulsar un líquido exudado de color amarillento. Cuando aparece esta infección puede producir la muerte de los cladodios. (Espinoza et al., 2023).
- *Armillaria* sp., las enfermedades que se originan con la infección de este tipo de hongo producen clorosis en los cladodios y esto ocasiona que el desarrollo de los frutos se vea afectado. Ataca principalmente a las raíces de la planta produciendo rizomorfos, que se esparcen por todos los tejidos afectados generando la pudrición basal de la planta (Espinoza et al., 2023).

- *Rhizopus* sp., este tipo de hongo produce una enfermedad que se caracteriza por el desarrollo de la descomposición interna de la planta, afectando los tejidos y desprendiendo un olor rancio (Espinoza et al., 2023).
- *Aecidium opuntiae* Magn sin. *Puccinia opuntiae* (Magnus), este hongo origina la enfermedad denominada roya. Se manifiesta con la producción de pústulas amarillo-anaranjadas principalmente en la superficie de los cladodios y de las frutas. (Espinoza et al., 2023).

## CAPÍTULO III

### 3. MARCO METODOLÓGICO

#### 3.1 Características del lugar

##### 3.1.1. Localización en campo

La presente investigación se realizó en tres localidades de la provincia de Chimborazo que cultivan tuna ubicadas en los Cantones de Chingazo, Alacao y Tunshi, en la cual se muestreo un total de 18 cladodios; 9 cladodios aparentemente asintomáticos y 9 cladodios con síntomas.

##### 3.3.4. Ubicación geográfica de las áreas de estudio.

**Tabla 3-1:** Ubicación geográfica de las localidades en estudio de la Provincia de Chimborazo

Localidad	Latitud	Longitud	Altitud(msnm)
Estación experimental Tunshi	1°45'00"S	78°37'29"W	2725
Los Chingazos	1°36'46"S	78°34'58"W	2703
Alacao	1°35'58"S	78°36'58"W	2753

Fuente: Espinoza et al., 2023.

Realizado por: Gavilanez, 2024.

##### 3.3.5. Condiciones climáticas

Los datos climáticos como la temperatura ( $T^{\circ}$ ), la humedad relativa (%HR) y precipitación (PP), se obtuvieron mediante la librería NASA-POWER, una página web que proporciona datos meteorológicos de investigación de la NASA mediante satélites.

**Tabla 3-2:** Condiciones climáticas de las localidades en estudio de la Provincia de Chimborazo

Localidad	Estación experimental Tunshi	Los Chingazos	Alacao
Temperatura	14 a 16 °C	12 a 20 °C	10 a 20 °C
Humedad relativa	59%	58%	72%
Precipitación Anual	500 a 1250 mm. (PDOT, Licto, 2015).	500 a 2000 mm. (PDOT, San Gerardo, 2015).	31,15 mm. (PDOT, La Matriz, 2015).

Fuente: Espinoza et al., 2023.

Realizado por: Gavilanez, 2024.

### **3.3.6. Localización de laboratorio**

Las actividades relacionadas con la investigación de la diversidad de la microbiota fúngica de la tuna se realizó en el Laboratorio de Fitopatología de la Facultad de Recursos Naturales de la Escuela Politécnica Superior del Chimborazo (ESPOCH), ubicado en la Av. Pedro Vicente (Panamericana Sur km 1 1/2), cantón Riobamba, provincia de Chimborazo, en Ecuador.

## **3.4. Materiales y equipos**

### **3.2.1. Materiales y equipos de campo**

Los materiales que se utilizaron en la investigación de campo fueron: Navaja, Libreta, GPS, Contenedores plásticos y Marcadores indelebles.

### **3.4.4. Materiales y equipos de oficina**

Los materiales y equipos de oficina que se emplearon fueron: Computadora, Calculadora, Regla, Impresora, Red de internet, Papelería básica, Lápices y carpetas.

### **3.4.5. Materiales y equipos de laboratorio**

#### **3.4.5.2. Material biológico**

Se emplearon para el estudio cladodios de tuna que presentaban síntomas y asintomáticos obtenidos de las tres localidades en estudio.

#### **3.4.5.3. Materiales de laboratorio**

Entre los equipos de laboratorio necesarios para la realización del estudio fueron los siguientes: Cajas Petri de vidrio (90 mm), botellas de vidrio de tapa roscable (500 ml), sorbetes, palillos, morteros y pistilos esterilizados, guantes de nitrilo (DHISVE), papel toalla, puntas para micropipetas de 10  $\mu$ L, 100  $\mu$ L y 1000  $\mu$ L (CITOTEST®), cinta adhesiva, papel aluminio, Erlenmeyer de 120 ml, microtubos de 1,5  $\mu$ L y 0,2 ml, mascarillas, probeta (500 ml y 1000 ml), micropipeta (10  $\mu$ L, 100  $\mu$ L y 1000  $\mu$ L), cucharillas desechables, jeringa.

#### 3.4.5.4. *Reactivos e insumos*

Los reactivos necesarios para la realización del estudio fueron los siguientes: Alcohol al 70%, agua destilada estéril, potato dextrose agar PDA (DIFCO™), medio SNA (ANEXO A), agar Avena (ANEXO B), Bacto agar (BD DIFCO™), extracto de malta (MERCK), maltosa (GIBCO), Cloranfenicol, Kit de extracción de ADN (PROMEGA Wizard® Genomic DNA) , isopropanol de grado para biología molecular frío, cloroformo-alcohol-isoamílico (24:1), etanol 70%, agua ultrapura (PROMEGA), Taq 2x Ready Mix with loading dye (Fast Gene ®), PRIMERS ITS 1 e ITS 4 (PROMEGA), Intercalante Diamond™ Nucleic Acid Dye (PROMEGA), Agarose LE Analytical Grade (PROMEGA), Bench top 100 bp DNA Ladder (PROMEGA), Blue/Orange 6x DNA ladder (PROMEGA), TBE Buffer 1x Molecular Biology Grade (PROMEGA).

#### 3.4.5.5. *Equipos*

Los equipos utilizados fueron: Cámara de flujo laminar (OASIS 200038), incubadora (J.P SELECTA S.A 2001249), destilador de agua (BOECO WS 8000), autoclave (BIOBASE BKQ-B100II), microondas (PANASONIC 900W), balanza de precisión (RADWAG AS220.R2), secador de vidrio (SELECTA 200038), centrífuga (EPPENDORF 5424), termociclador (EPPENDORF Vapo.protect), bioespectrofotómetro (EPPENDORF basic), refrigeradora (DUREX), vortex (QILINBEIER QL-901), transiluminador UV (FISHER SCIENTIFIC 88A), termobloque (HM100-PRO), agitador magnético (STABLE TEMP 03407-00), cuba de electroforesis (FISHER SCIENTIFIC FB-SB-710), fuente de poder para electroforesis (FISHER SCIENTIFIC FB300).

### 3.5. **Metodología**

#### 3.5.1. *Colecta de material vegetal y suelo para la identificación de la diversidad fúngica de tuna*

Para la realización del estudio se recolectaron 18 muestras de cladodios que presentaban lesiones características por microorganismos fúngicos y otros aparentemente asintomáticos. Adicionalmente se colectó una muestra de suelo de un kilogramo por localidad. Todo esto, conformó un total de 20 submuestras que fueron recolectadas durante los meses de octubre de 2023 y marzo de 2024, en las localidades de Tunshi, Chingazos y Alacao en la provincia de Chimborazo.

Dichas muestras se recolectaron, identificaron, georreferenciaron y se codificaron apropiadamente. El material recolectado se extrajo directamente de la planta y se registró en la matriz de información con código, nombre, lugar y fecha de recolección. Las muestras se conservaron a una temperatura ambiente para su inmediato procesamiento en el laboratorio de Fitopatología de la Facultad de Recursos Naturales de la Escuela Politécnica Superior del Chimborazo (ESPOCH).

### 3.5.1.1. Proceso de recolección de muestras

En el mes de noviembre de 2023 se realizó la recolección de cladodios de tuna en las localidades de Los Chingazos, Alacao y Tunshi. El total de muestras recolectadas fueron 18 que incluyen cladodios sintomáticos y asintomáticos. Estas fueron divididas en seis muestras provenientes de la localidad de Los Chingazos, seis de la localidad de Alacao y seis en el sector de Tunshi subdividiendo a cada cladodio en tres submuestras dando un total de 54, tal como se reporta en la Tabla 3-3.

Los cladodios de tuna fueron extraídos de las plantas empleando una navaja y pinzas previamente desinfectadas. Una vez recolectadas fueron envueltas en papel periódico y distribuidas uniformemente en cajas de cartón etiquetadas con los datos de identificación (Código, nombre, lugar y fecha de recolección). Para conservar adecuadamente las muestras se mantuvieron a una temperatura de 22°C.

**Tabla 3-3:** Matriz de información tejido vegetal

Código	Nombre	Lugar	Fecha De Recolección
CH1S1	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH1S2	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH1S3	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH1E1	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH1E2	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH1E3	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH2S1	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH2S2	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH2S3	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH2E1	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH2E2	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH2E3	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH3S1	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH3S2	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013

CH3S3	Cladodio Sano	Los Chingazos	24/11/2013
CH3E1	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH3E2	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
CH3E3	Cladodio Enfermo	Los Chingazos	24/11/2013
A1S1	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A1S2	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A1S3	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A1E1	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A1E2	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A1E3	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A2S1	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A2S2	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A2S3	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A2E1	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A2E2	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A2E3	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A3S1	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A3S2	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A3S3	Cladodio Sano	Alacao	24/11/2013
A3E1	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A3E2	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
A3E3	Cladodio Enfermo	Alacao	24/11/2013
T1S1	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T1S2	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T1S3	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T1E1	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T1E2	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T1E3	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T2S1	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T2S2	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T2S3	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T2E1	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T2E2	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T2E3	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T3S1	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T3S2	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T3S3	Cladodio Sano	Tunshi	24/11/2013
T3E1	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T3E2	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013
T3E3	Cladodio Enfermo	Tunshi	24/11/2013

Realizado por: Gavilanez, 2024.



**Ilustración 3-1:** a) Selección de muestras, b) Recolección de muestras en las localidades de estudio, c) Conservación de tejido vegetal.

Realizado por: Gavilanez, 2024.

**Tabla 3-4:** Matriz de información muestras de suelo

Código	Nombre	Lugar	Fecha De Recolección
TMS	Muestra 1	Tunshi	24/11/2013
AMS	Muestra 2	Alacao	24/11/2013
CHMS	Muestra 3	Los Chingazos	24/11/2013

Realizado por: Gavilanez, 2024.



**Ilustración 3-2:** a) Proceso de recolección de muestras de suelo en las localidades de estudio, b) Proceso de conservación de muestras de suelo en las localidades de estudio.

Realizado por: Gaviláneez, 2024.

### 3.5.2. Método de evaluación y registro de datos

#### 3.5.2.1. Evaluación de muestras de tejido vegetal

Para registrar los datos obtenidos se elaboró una matriz que contempla las siguientes características: número de cladodios sanos, número de cladodios sintomáticos y asintomáticos, color de la corteza y pulpa, descripción de signos y síntomas. El total de cladodios recolectados fue de 18 y sus diferentes submuestras (Ilustración 3-3).



**Ilustración 3-3:** a) Recolección de tejido vegetal, b) Cladodios sanos, c) Cladodio sintomático, d) Cladodio asintomático.

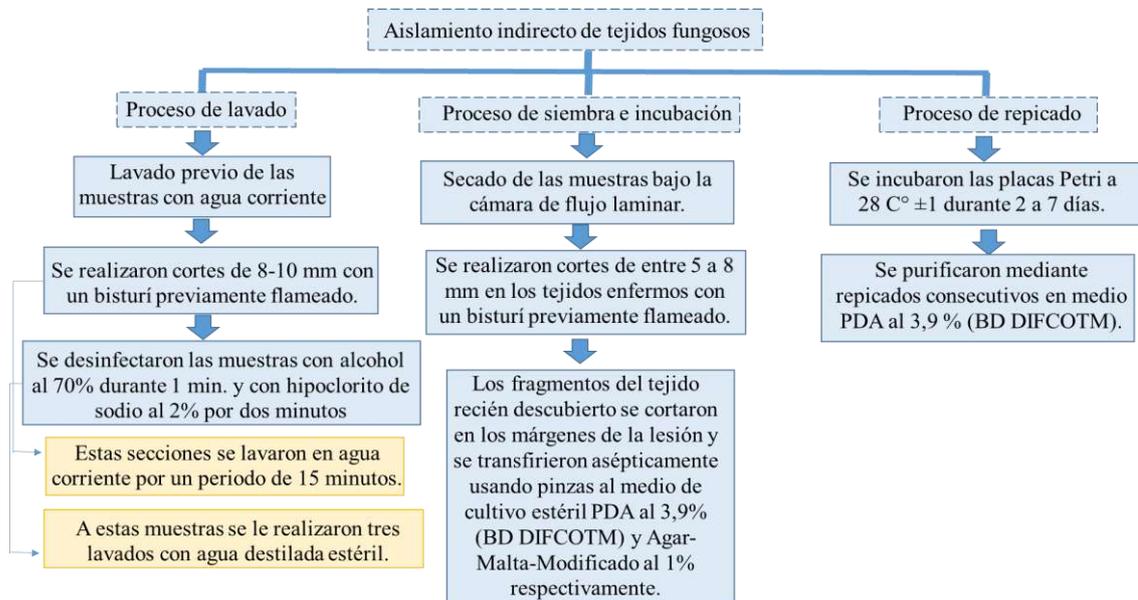
Realizado por: Gavilánez, 2024.

### 3.5.3. Aislamiento de microorganismos fúngicos asociados a tuna

El aislamiento se hizo de tejido vegetal sintomático, asintomático y suelo asociados a plantas de tuna, realizado en el Laboratorio de Fitopatología de la ESPOCH; donde se efectuó el aislamiento indirecto utilizando la metodología referida por Alfenas y Mafia (2016).

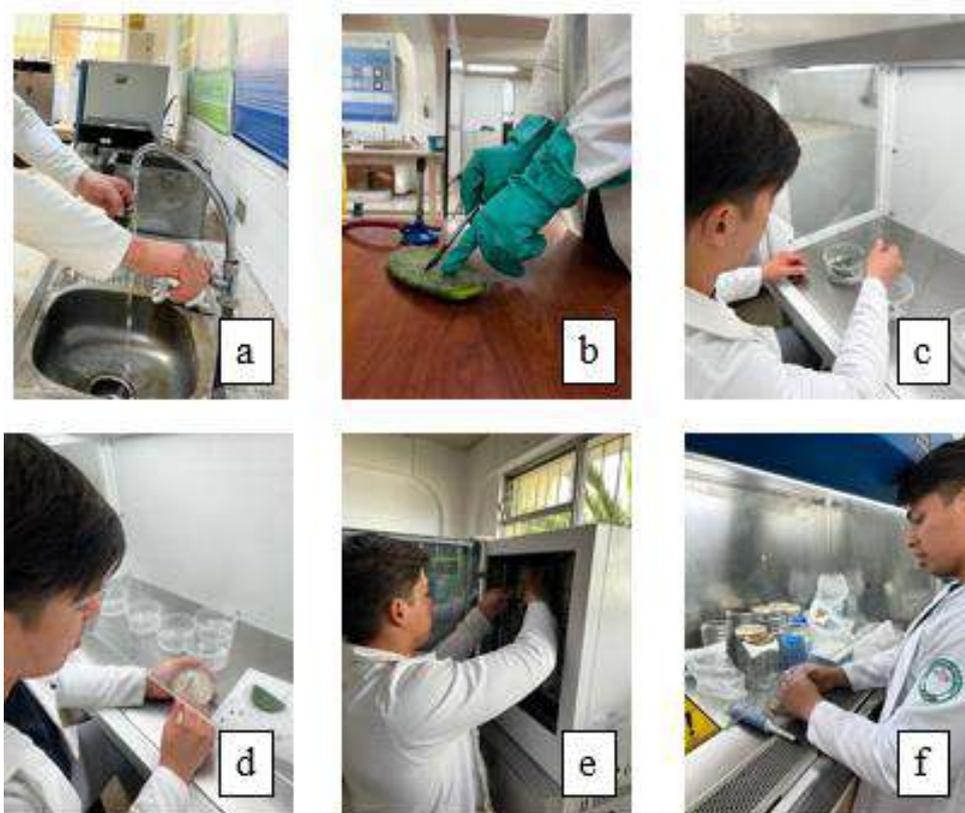
#### 3.5.3.1. Aislamiento indirecto para tejido vegetal

El aislamiento indirecto de microorganismos fúngicos de tejido vegetal con síntomas y asintomáticos, utilizando la metodología acorde con lo referido por Alfenas y Mafia (2016).



**Ilustración 3-4:** Procedimiento de aislamiento indirecto para tejido vegetal

Realizado por: Gavilanez, 2024.

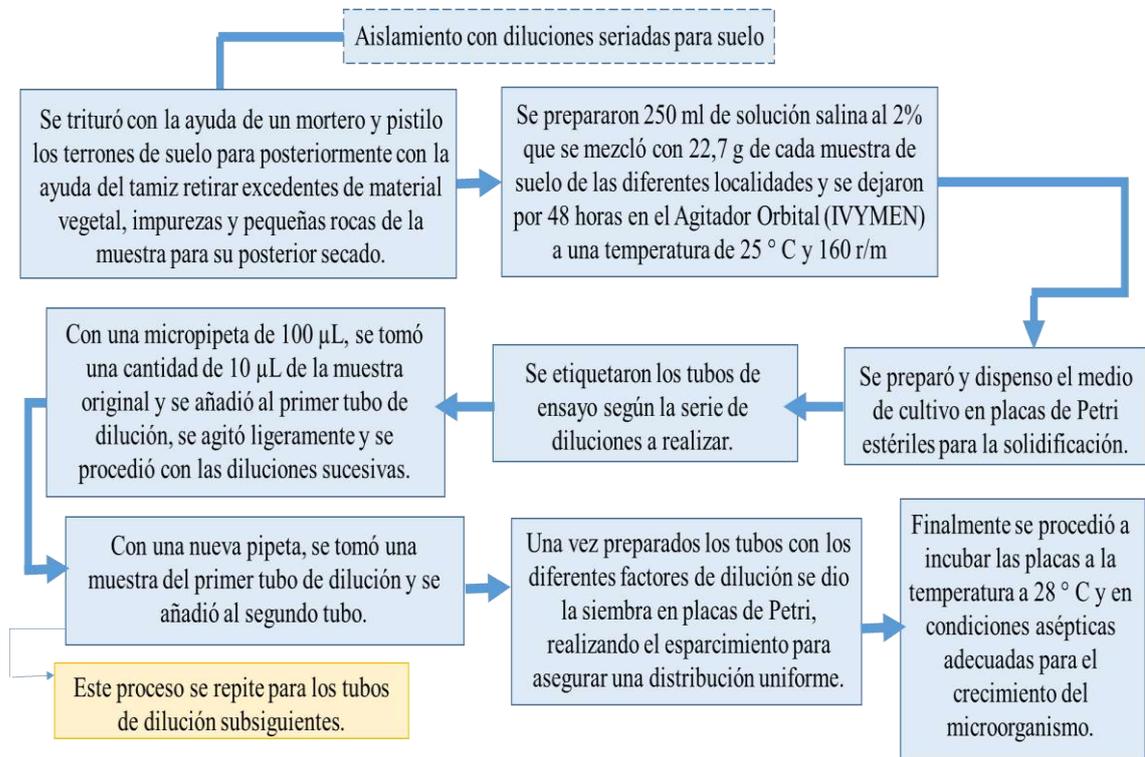


**Ilustración 3- 5:** a) Lavado con agua corriente, b) Cortado de tejido de 8-10mm, c) Proceso de desinfección, d) Secado de muestras y colocación en cajas Petri con medio PDA al 3,9%, e) Incubación, f) Purificación de aislados mediante repicados consecutivos.

Realizado por: Gavilanez, 2024.

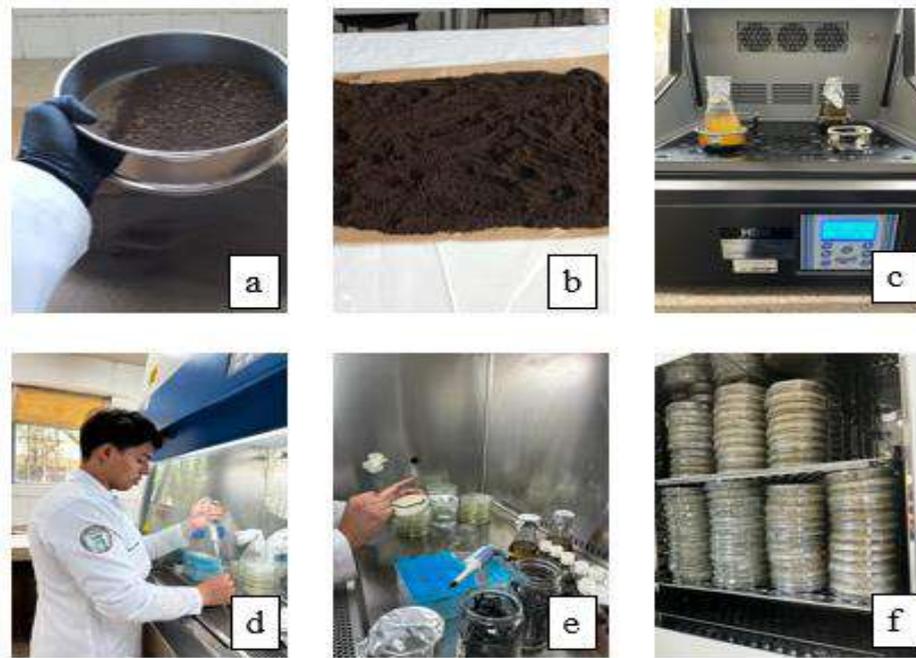
### 3.5.3.2. Aislamiento con diluciones seriadas para suelo

La técnica de aislamiento por diluciones seriadas permitió conocer el número aproximado de la población microbiana, este proceso implicó la dilución de una muestra original varias veces en pasos sucesivos para obtener diluciones específicas conformando los siguientes pasos:



**Ilustración 3- 6:** Procedimiento para aislamiento con diluciones seriadas para suelo

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

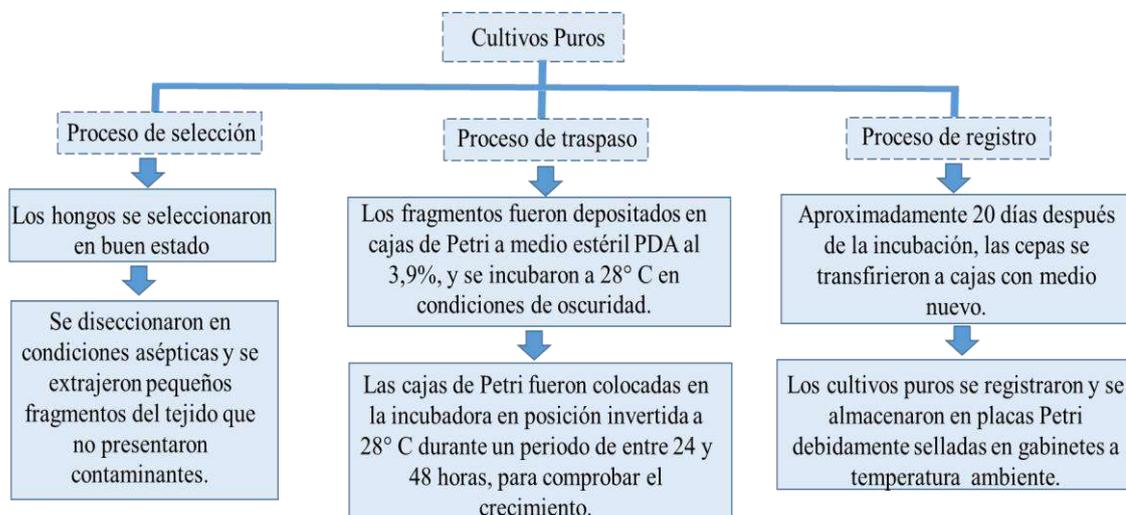


**Ilustración 3- 7:** a) Procesamiento y tamizado de la muestra, b) Secado de muestras, c) Preparación de la solución madre y homogeneización, d) Dilución a concentraciones más bajas, e) Siembra en medio de cultivo PDA, f) Incubación y control de crecimiento.

**Realizado por:** Gaviláñez, 2024.

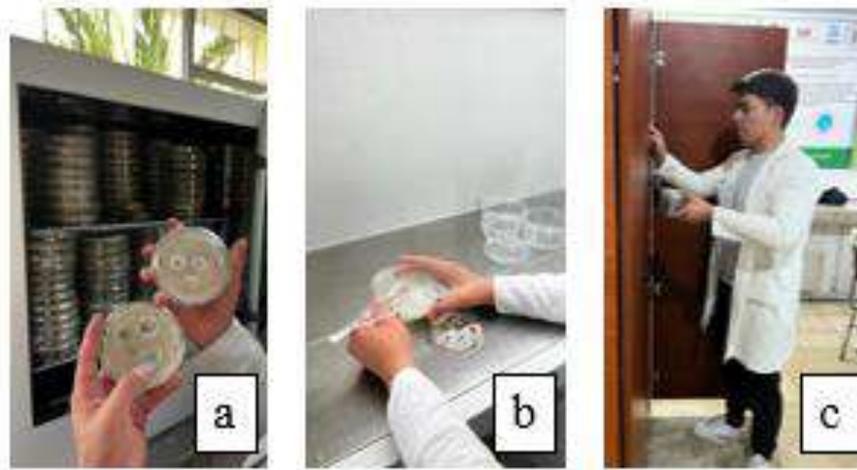
### 3.5.3.3. *Cultivos puros*

Para la obtención de cultivos puros se empleó la metodología de repicado consecutivo de los agentes microbianos (fúngicos) acorde con lo referido por Honrubia, Torres, Díaz y Morte (1995).



**Ilustración 3- 8:** Procedimiento para cultivos puros

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.



**Ilustración 3- 9:** a) Selección de hongos, b) Repicado hacia una nueva caja e incubación, c) Almacenado de cultivos puros.

**Realizado por:** Gaviláñez, 2024.

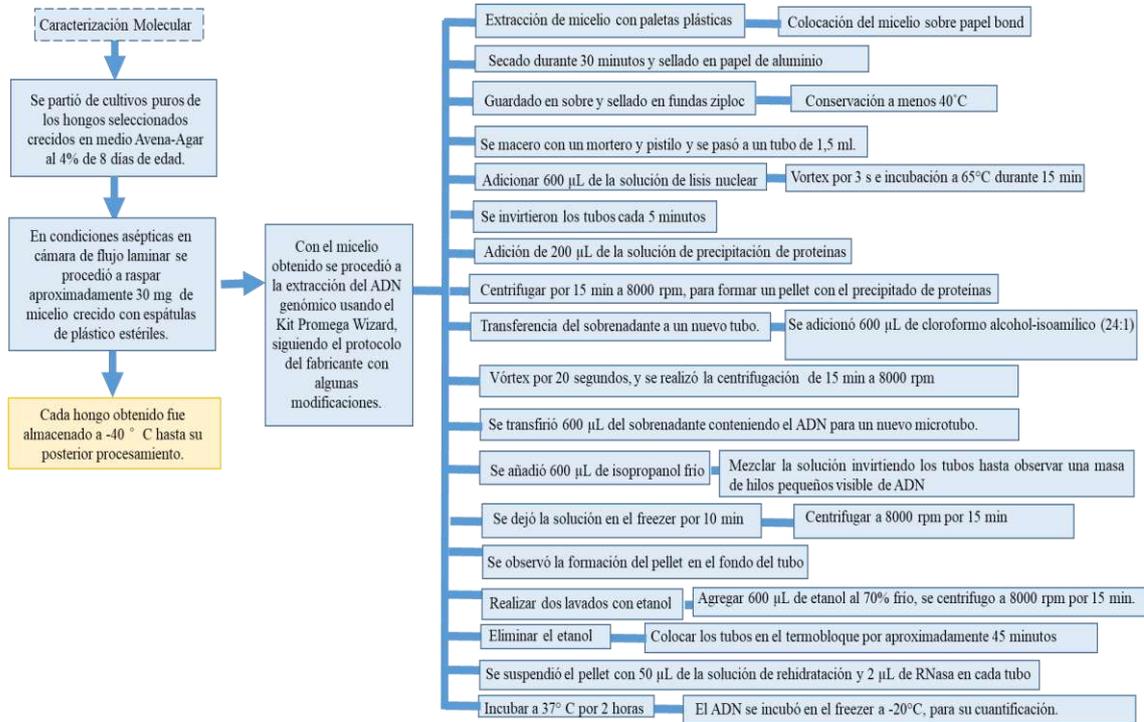
### **3.5.4. Caracterización de los microorganismos fúngicos prevalentes de tuna de las localidades en estudio**

#### **3.5.4.1. Caracterización cultural**

La caracterización cultural se realizó mediante observación directa y descripción de las colonias formadas en los medios de cultivo PDA y agar Malta Modificado (Anexo A), se tomó en cuenta la forma, borde y elevación presentado por el micelio de cada colonia aislada, en la determinación del color se utilizó la escala de colores propuesta por Munsell. (Rivas, 2015).

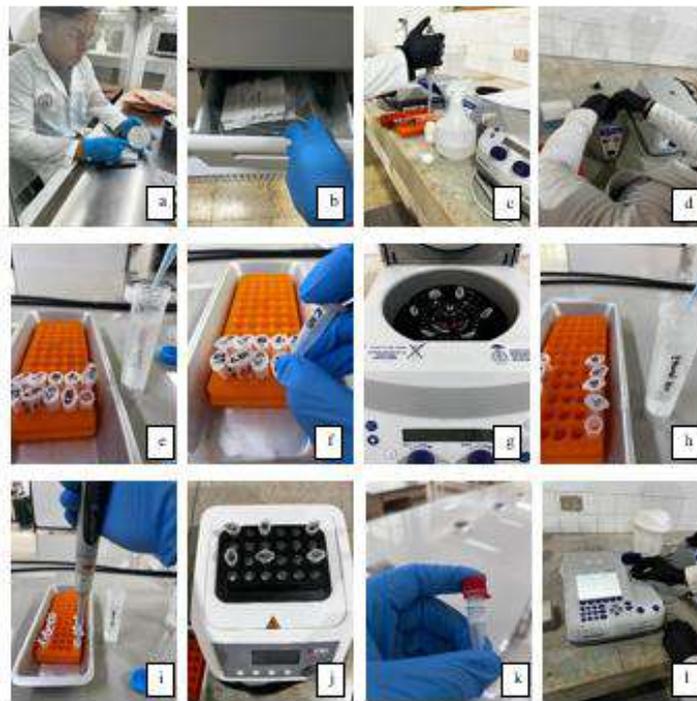
#### **3.5.4.2. Caracterización molecular**

Para la identificación de los microorganismos fúngicos prevalentes de tuna en las diferentes localidades de la provincia de Chimborazo, se realizó mediante técnicas moleculares partiendo de cultivos puros aislados mediante repicados sucesivos, con los siguientes pasos:



**Ilustración 3- 10:** Procedimiento para caracterización molecular

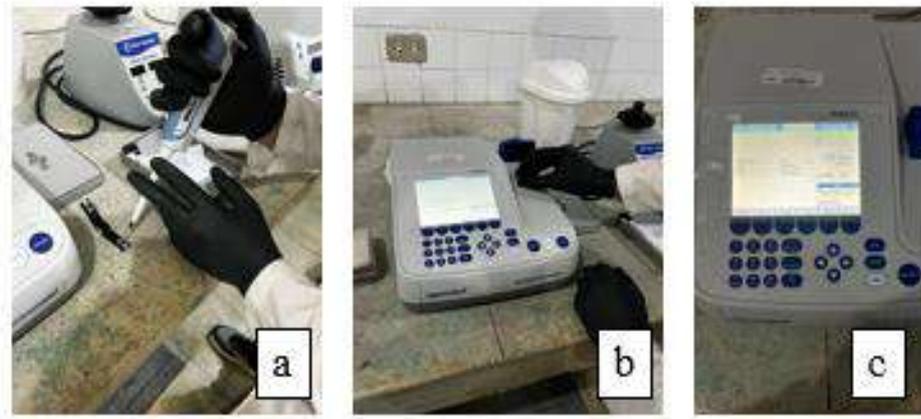
**Realizado por:** Gavilánez, 2024.



**Ilustración 3- 11:** a) Raspado de hongos b) Almacenamiento a menos  $40^{\circ}$  c) Colocar solución de lisis d) Homogenización con el vortex, e) Adición de Isopropanol, f) Formación de hilos de ADN, g) Centrifugación, h) Lavado con etanol, i) Segundo lavado, j) Incubar a  $65^{\circ}$  por 20 min, k) Adición de la solución de rehidratación, l) Cuantificación.

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

Posteriormente se verificó la calidad y cantidad de los ADNs obtenidos mediante el uso del Bio Espectrómetro (EPPENDORF), para lo cual se tomaron 2 uL de cada una de las muestras (Ilustración).



**Ilustración 3-12:** a) Calibración del Bio Espectrómetro con 2uL de DNA Rehydration Solution (PROMEGA), b) Cargado de la muestra en la cámara de cuarzo, c) Ejecución del programa y registro de las relaciones A260/280 Y A260/230.

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.

### 3.5.5. PCR con primers genéricos (ITS)

Para la amplificación de los aislados a partir del proceso de PCR se utilizó Primers ITS1 e ITS4, que permiten la identificación molecular.

**Tabla 3- 5:** Primers utilizados para el proceso de PCR

Primer	Secuencia
ITS 1 (Reverse)	5´- GGA AGT AAA AGT CGT AAC AAG G -3´
ITS 4 (Forward)	5´- TCC GCT TAT TGA TAT GC -3´

**Fuente:** White et al., 1990.

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.

Para la PCR se preparó 6,25 µL de Fast Gene ® Taq 2x Ready Mix with loading dye, 1 µL de primer ITS 1 (Reverse) y 1 µL de primer ITS 4 (Forward), adicionando 2,25 µL de agua ultrapura estéril y 2 µL de ADN de las muestras de cada uno de los aislados sumando un total de 12,5 µL, se utilizó un termociclador utilizando las siguientes condiciones (Tabla 3-6).

**Tabla 3-6:** Perfil térmico usado para realizar PCR

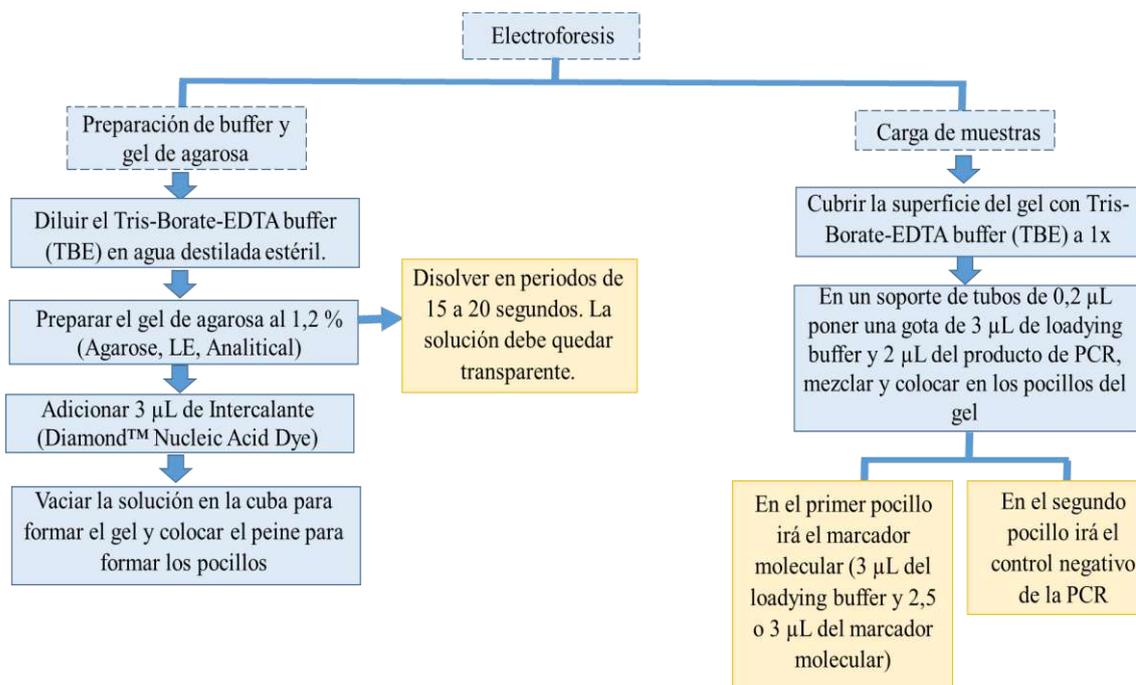
Perfil Térmico	
Desnaturalización	
Inicial	96°C
Tiempo	01:30 min
Desnaturalización	
Tiempo	45 s
Ciclos	
40	
Anelamiento	
Tiempo	1min
Extensión	
Tiempo	01:30 min
Extensión Final	
Tiempo	10 min

**Fuente:** Londoño. et al, 2011.

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.

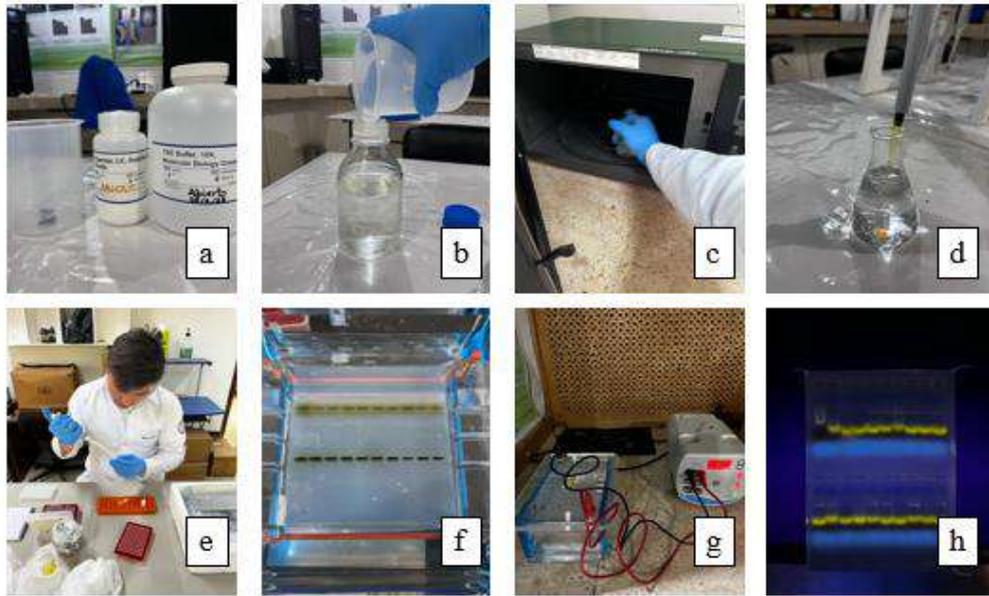
### 3.5.6. Electroforesis

El proceso de electroforesis se describe en la siguiente figura:



**Ilustración 3-13:** Proceso de electroforesis

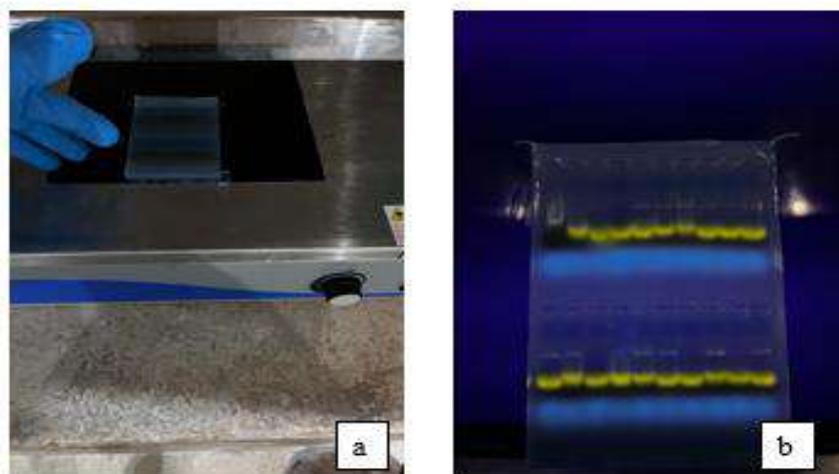
**Realizado por:** Gavilánéz, 2024.



**Ilustración 3- 14:** a) Preparación de reactivos y materiales para preparar TBE 1x y gel de Agarosa, b) Preparación de las disoluciones, c) Homogeneización de la agarosa en 60 mL de TBE 1X, d) Colocación del intercalante, e) Mezcla de Loading Dye y el producto de PCR, f) Distribución de muestras en el gel, g) Ejecución del paso de la corriente, h) Colocación del gel en el transiluminador y recopilación de información.

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

La ejecución de la electroforesis se realizó con un voltaje de 70 v durante 80 min, al terminar la electroforesis en gel se colocó en el transiluminador UV, y se procedió a observar si existió amplificación de ADN mediante la formación de bandas (Ilustración).



**Ilustración 3- 15:** a) Colocación del gel en el transiluminador, b) Amplificación positiva de bandas.

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

### **3.5.7. *Secuenciamiento y análisis***

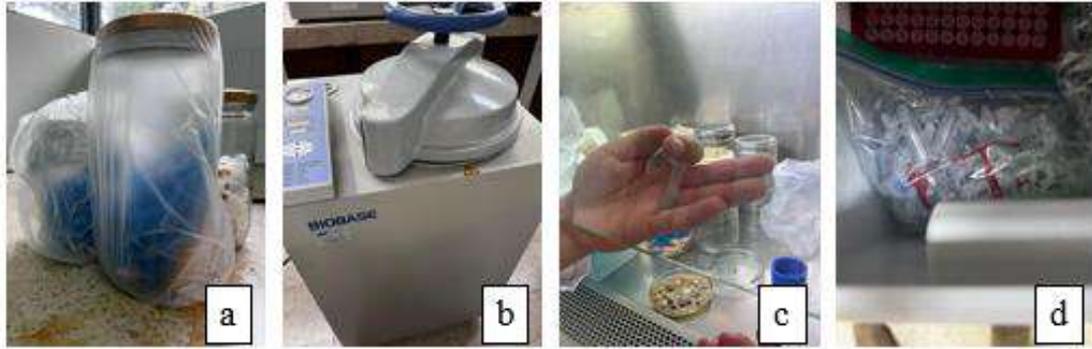
El secuenciamiento de las muestras se realizó con la tecnología SANGER en la empresa MACROGEN de Corea, y conjuntamente con el software Chromas versión 2.6.6 se observaron los electrofotogramas, se procedió a eliminar las partes de calidad baja que representaron pico de ruido, y se exportó el formato en archivo FASTA, para luego introducir la secuencia editada compararla en el programa BLAST del NCBI, la especie se determinó de acuerdo a los siguiente parámetros: porcentaje de identidad, porcentaje de cobertura y E-evalue respectivamente para cada muestra.

### **3.5.8. *Análisis de la diversidad fúngica asociada a Tuna***

Los hongos caracterizados culturalmente y morfológicamente e identificados fueron utilizados para el análisis de diversidad fúngica asociada a la microbiota presente en los cultivos de tuna de las localidades de la provincia de Chimborazo, se analizaron utilizando una matriz de abundancia relativa de géneros, posteriormente fueron agrupados en OTUs (Unidades Taxonómicas Operacionales). Los gráficos con la composición taxonómica de los géneros fueron realizados utilizando el programa R 3.6 (R Development Core Team) y las librerías ggplot2. Los análisis de diversidad de hongos fueron calculados utilizando los Índices de Diversidad (ID). La diversidad Alfa (la diversidad que existe dentro de cada muestra) fue calculada utilizando la serie de Hill, que lleva en consideración el número efectivo de OTUs para calcular la riqueza ( $q=0$ ), diversidad de Shannon ( $q=1$ ) y la diversidad de Simpson ( $q=2$ ) usando la librería iNEXT en el programa R3.6. La diversidad entre las diferentes localidades, fueron analizadas posteriormente utilizando: estadística descriptiva, donde se utilizaron descriptores como: media y mediana; y estos datos se compararon mediante gráficos de barras o diagramas de boxplot (caja y bigote), y estadística no paramétrica.

### **3.5.9. *Preservación de cultivos fúngicos puros usando el método de Castellani***

El método propuesto por Castellani (1967) citado por Espinoza (2021), se basa en la conservación del cultivo del hongo en agua destilada estéril. Para realizar el procedimiento, se procedió a cortar cubos de 1 cm<sup>3</sup> de un cultivo esporulado para luego ser colocados dentro de un tubo de 1,5 mL, que contenía 10 mL de agua destilada estéril (Espinoza, 2021) (Ilustración).



**Ilustración 3- 16:** a) Preparación de material, b) Esterilización mediante calor húmedo, c) Corte de 1 cm<sup>3</sup> de micelio esporulado y colocar en el tubo con 10 mL de agua destilada estéril, d) Identificar a -10°.

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

### 3.5.10. *Índices de diversidad*

Los índices de diversidad que se utilizan en ecología tienen la finalidad de determinar todos aquellos elementos asociados con la diversidad biológica existente en los ecosistemas. Se emplean como herramientas para cuantificar las diferentes relaciones que existen entre el número de las especies y el número de individuos que se encuentran en los diversos ecosistemas. (Martínez, 2022).

### 3.5.11. *Riqueza de especies*

El índice de riqueza es aquel que está asociado a las medidas que se emplean para cuantificar la representatividad de las especies, partiendo de la diversidad de especies que se encuentran en los distintos ecosistemas (Martínez, 2022). Con este índice se establece la cantidad total de especies que se encuentran en un ecosistema específico, por lo que se puede distinguir cuantas especies diferentes se encuentran en el mismo lugar. A pesar de esto, no considera la abundancia relativa asociada a cada especie (Martínez, 2022).

#### 3.5.11.1 *El índice de Shannon*

El índice de Shannon considera la abundancia relativa de la riqueza de especies existentes en un ecosistema. Según lo planteado por Martínez (2022), este índice se emplea principalmente para medir la diversidad específica considerando el número de especies presentes y la abundancia relativa, tomando en cuenta el índice de heterogeneidad. Según esta medida, mientras más uniforme sea la distribución de los individuos entre las especies, mayor se la diversidad de Shannon.

La fórmula empleada para calcular el índice de Shannon es la siguiente:

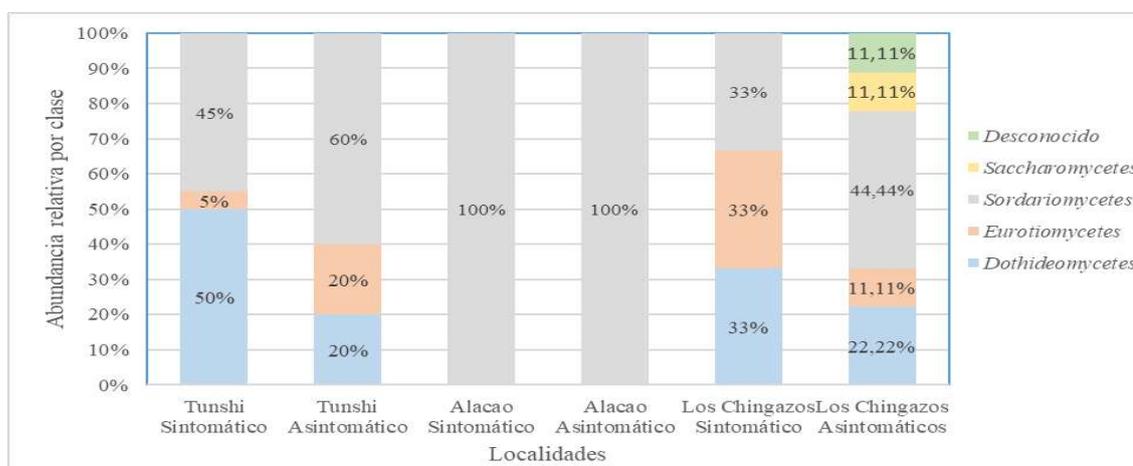
$$H = - \sum_i^s p_i * \ln p_i$$

## CAPÍTULO IV

### 4. MARCO DE RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 4.1. Abundancia relativa a nivel de phylum, clase, orden, familia y género en relación a las tres localidades en estudio

En las localidades en estudio de los 44 aislados se encontró que el phylum predominante fue Ascomycota en los cladodios sintomáticos y asintomáticos. La localidad donde se presentaron la mayor cantidad de aislados fue Tunshi, donde se reportaron 25 aislados que representaron un 56,81% del total analizado, seguido por la localidad de Los Chingazos donde se registraron 11 aislados que representaron un 25%. La menor abundancia de aislados se encontró en la localidad de Alacao donde se registraron 7 aislados que representaron un 15,90%.



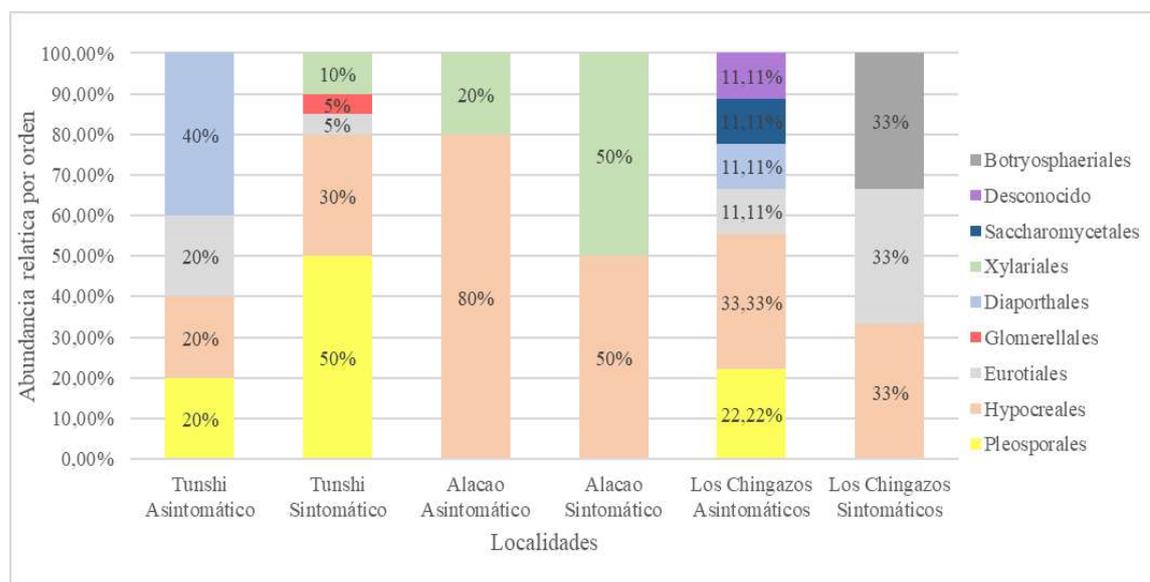
**Ilustración 4-1:** Abundancia relativa por clases en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

De los 44 aislados analizados en las tres localidades en estudio se encontró un total cuatro clases y uno desconocido. La localidad con la mayor abundancia relativa en cuanto a clase fue Tunshi donde se encontraron tres clases (Dothideomycetes con el 44%, Sordariomycetes con el 48% y con menor presencia Eurotiomycetes con el 4%). En Los Chingazos, igualmente de los aislados encontrados se registraron cuatro clases y un aislado desconocido, la mayor abundancia encontrada fue de la clase Sordariomycetes con el 41,67%, seguida por Dothideomycetes con el 25%, Eurotiomycetes con el 16,67%, Saccharomycetes con el 8,33% y un aislado desconocido con el 8,33%. La localidad con menor abundancia en cuanto a clase fue Alacao, donde todos los aislados encontrados pertenecieron a la clase Sordariomycetes.

El análisis de los datos obtenidos de acuerdo a la clase en cladodios asintomáticos mostró que la localidad con mayor abundancia fue la de Los Chingazos, dónde se reportaron nueve aislados de seis clases diferentes, seguida por la población de Tunshi donde se reportaron cinco aislados de tres clases diferentes y, por último, Alacao donde se reportaron cinco aislados de una clase para un total de 19 aislados pertenecientes a cladodios asintomáticos. En Los Chingazos se encontraron dos (22,22%) aislados de Dothideomycetes, un (11,11%) de Eurotiomycetes, cuatro (44,44%) de Sordariomycetes, un (11,11%) Saccharomycetes y un (11,11%) aislado desconocido. En la localidad de Tunshi se encontró un aislado de Dothideomycetes, que representó un 20% del total analizado, un aislado de Eurotiomycetes que representó 20% y tres aislados de Sordariomycetes que representaron 60%. En la localidad de Alacao sólo se registraron cinco aislados de la clase Sordariomycetes, representando un 100% del total analizado.

Para la abundancia relativa de cladodios sintomáticos de acuerdo a la clase, en la localidad de Tunshi se reportó diez aislados que representaron 45% de la clase Sordariomycetes, en Alacao dos aislados de la clase Sordariomycetes que representan el 100% y en Los Chingazos un 33,33%, siendo esta la clase de mayor presencia registrada. La clase Dothideomycetes tuvo mayor presencia en Tunshi con diez aislados que representan el 50% de la abundancia relativa, y el de menor presencia Los Chingazos que registró un 33,33%, en la localidad de Alacao no se registraron valores en cuanto a otra clase. De la clase Eurotiomycetes se registró una mayor presencia en la localidad de Tunshi con un 5% y en Los Chingazos de un 33,33%, en Alacao no se registraron valores en cuanto a esta clase; esta fue la localidad con menor abundancia en cuanto a clase ya que se presentó únicamente la clase perteneciente a Sordariomycetes (Ilustración 4-1).



**Ilustración 4- 2:** Abundancia relativa por Orden en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

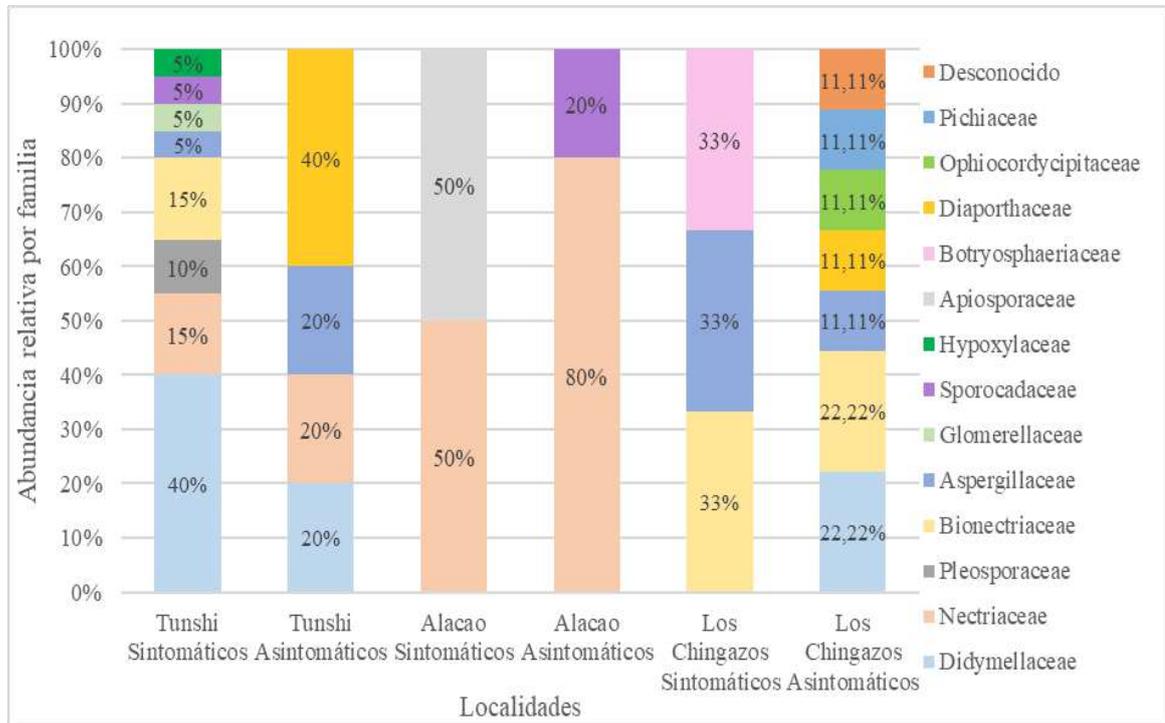
De los 44 aislados analizados en las tres localidades en estudio se encontró un total de ocho órdenes y uno desconocido. En la localidad de Tunshi los aislados se ubicaron en los siguientes órdenes Pleosporales (44%) con mayor presencia seguido por, Hypocreales (28%), Eurotiales (8%), Diaporthales (8%), Xylariales (8%) y Glomerellales (4%). En el caso de la localidad de Alacao el total de órdenes encontrados fueron dos, registrando mayor presencia en Hypocreales (71,43%) y Xylariales (28,57%). En la localidad de Los Chingazos se encontró con mayor presencia el orden Hypocreales (33,33%) seguido por Pleosporales (16,67%), Eurotiales (16,67%), Diaporthales (8,33%), Botryosphaeriales (8,33%), Saccharomycetales (8,33%) y uno desconocido (8,33%).

De acuerdo a los valores obtenidos para la abundancia relativa por orden en los cladodios asintomáticos, se reportó que la localidad con mayor presencia es Los Chingazos, donde se encontraron nueve aislados de ocho órdenes diferentes, seguido por la población de Tunshi donde se reportaron un total de cinco aislados de cuatro órdenes diferentes, por último, se encuentra en la población de Alacao un total de cinco aislados analizados que arrojaron dos órdenes diferentes, para un total de 19 aislados estudiados.

En la abundancia relativa para cladodios asintomáticos en la localidad Los Chingazos se registraron dos aislados (22,22%) del orden Pleosporales, tres (33,33%) del orden Hypocreales, un (11,11%) Eurotiales, un (11,11%) Diaporthales, un (11,11%) Botryosphaeriales, del orden Saccharomycetales un (11,11%) y sin clasificar un (11,11%). En la localidad de Tunshi un aislado (20%) para el orden de Pleosporales, un (20%) para Hypocreales, un (20%) Eurotiales, Diaporthales dos (40%). En el caso de la población de Alacao se registraron cuatro aislados (80%) del orden Hypocreales y un (20%) Xylariales, siendo la localidad con menor abundancia en cuanto a orden.

En la abundancia relativa para cladodios sintomáticos por el orden se analizó un total de 25 aislados, los resultados obtenidos fueron los siguientes: el de mayor presencia fue Pleosporales, que se registró solamente en Tunshi con un valor de diez aislados que representa el 50%. El otro orden de mayor presencia registrado fue Hypocreales, que igualmente tuvo la mayor presencia en la localidad de Tunshi con seis aislados que representaron el 30%, mientras que en Alacao este mismo orden registró un aislado con el 50% y en la localidad Los Chingazos registró un aislado con el 33,33%. Para el orden Xylariales Tunshi presentó dos aislados con el 10%, en Alacao con un 50%, y en Los Chingazos no se reportaron aislados pertenecientes a este orden. El orden Eurotiales se registró en la localidad de Tunshi con 2 aislados y Los Chingazos con dos aislados que representaron el 9,09% del total de ordenes encontrados. Para el orden Glomerellales se

registró únicamente en la localidad de Tunshi con un aislado que representa el 2,27% del total de aislados en estudio. Igualmente, el orden Botryosphaeriales se registró solamente en la localidad de Los Chingazos con el 2,27% del total de aislados en estudio (Ilustración 4-2).



**Ilustración 4- 3:** Abundancia relativa por Familia en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

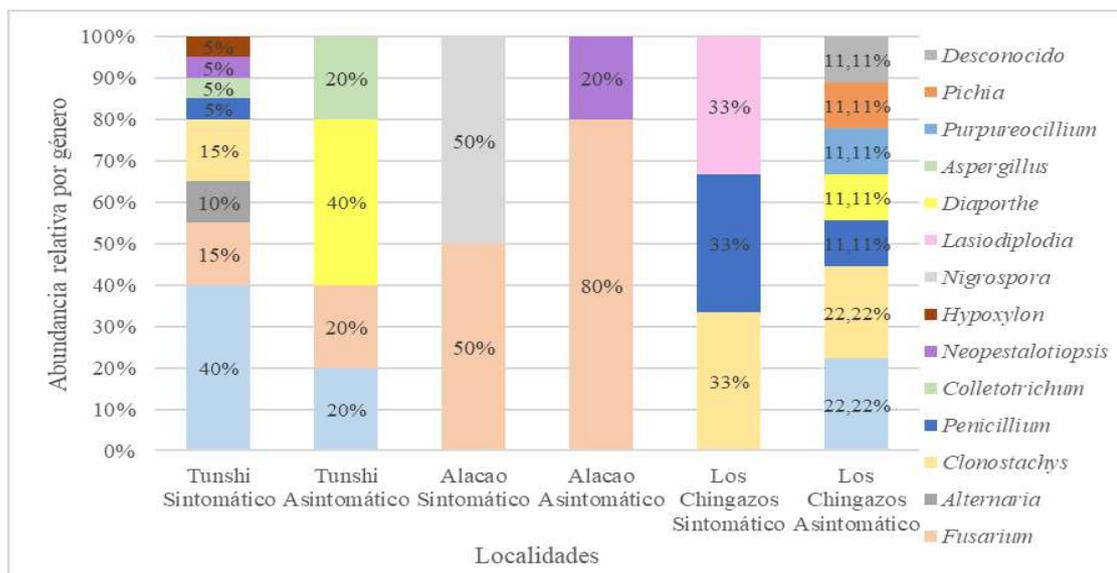
Para la abundancia por Familia se registraron un total de 44 aislados provenientes de las tres localidades en estudio, distribuidos en 13 de las siguientes familias: Didymellaceae con el 25%, Nectriaceae con el 20,45%, Bionectriaceae con el 13,64%, Aspergillaceae con el 9,09%, Diaporthaceae con el 6,82%, Pleosporaceae con el 4,55%, Sporocadaceae con el 4,55%, Glomerellaceae con el 2,27%, Hypoxylaceae con el 2,27%, Apiosporaceae con el 2,27%, Botryosphaeriaceae con el 2,27%, Ophiocordycipitaceae con el 2,27%, Pichiaceae con el 2,27% y un aislado desconocido con el 2,27% del total de familias encontradas.

La localidad de Tunshi fue la que registró la mayor abundancia en cuanto a familias, principalmente de la familia Didymellaceae con el 36%, y en menor presencia las familias Nectriaceae con el 16%, Bionectriaceae con el 12%, Pleosporaceae con el 8%, Aspergillaceae con el 8%, Diaporthaceae con el 8%, Glomerellaceae con el 4%, Sporocadaceae con el 4% , Hypoxylaceae con el 4%. En la localidad de Alacao fueron encontradas tres familias: Nectriaceae con el 71,43%, Sporocadaceae con el 14,29% y Apiosporaceae con el 14,29 % del total de familias

reportadas en esta localidad. Por su parte, en la localidad de Los Chingazos se encontraron siete familias: Bionectriaceae con el 25%, Didymellaceae con el 16,67%, Aspergillaceae con el 16,67%, Diaporthaceae con el 8,33%, Botryosphaeriaceae con el 8,33%, Ophiocordycipitaceae con el 8,33%, Pichiaceae con el 8,33% y un aislado desconocido con el 8,33% del total de familias reportadas para esta localidad.

Para la abundancia relativa por familia se registraron muestras provenientes de dos diferentes cladodios, en el caso de los cladodios asintomáticos se analizaron un total de 19 aislados, siendo la población de Los Chingazos la que reportó la mayor abundancia relativa por familia con un total de 9 aislados correspondientes a seis familias diferentes (Didymellaceae con el 22,22%, Bionectriaceae con el 22,22%, Aspergillaceae con el 11,11%, Diaporthaceae con el 11,11%, Ophiocordycipitaceae con el 11,11% y Pichiaceae con el 11,11%) y un microorganismo desconocido con el 11,11% del total de familias reportadas para esta localidad, seguido por la localidad de Tunshi donde se encontraron cinco aislados que corresponden a cuatro familias diferentes (Diaporthaceae con el 40%, Didymellaceae con el 20%, Nectriaceae con el 20% y Aspergillaceae con el 20%), por último la población con menor abundancia en cuanto a familias fue la localidad de Alacao con cinco aislados pertenecientes a dos familias diferentes (Nectriaceae con el 80% y Sporocadaceae con el 20%).

Los resultados obtenidos para el análisis de la abundancia relativa en cladodios sintomáticos de acuerdo a la familia fueron los siguientes: en la localidad de Tunshi se reportaron ocho familias distribuidas principalmente en Didymellaceae con el 40%, seguida por la familia Nectriaceae y Bionectriaceae con el 15% equitativamente, Pleosporaceae con el 10%, las familias con menor presencia en esta localidad fueron Aspergillaceae, Glomerellaceae, Sporocadaceae y Hypoxylaceae con un 5% respectivamente. En la localidad de Alacao, las familias reportadas fueron Nectriaceae y Apiosporaceae con el 50% equitativamente. En el caso de la localidad de Los Chingazos las familias registradas fueron Bionectriaceae, Aspergillaceae y Botryosphaeriaceae con 33,33% equitativamente (Ilustración 4-3).



**Ilustración 4- 4:** Abundancia relativa por Género en cladodios sintomáticos y asintomáticos provenientes de las localidades en estudio

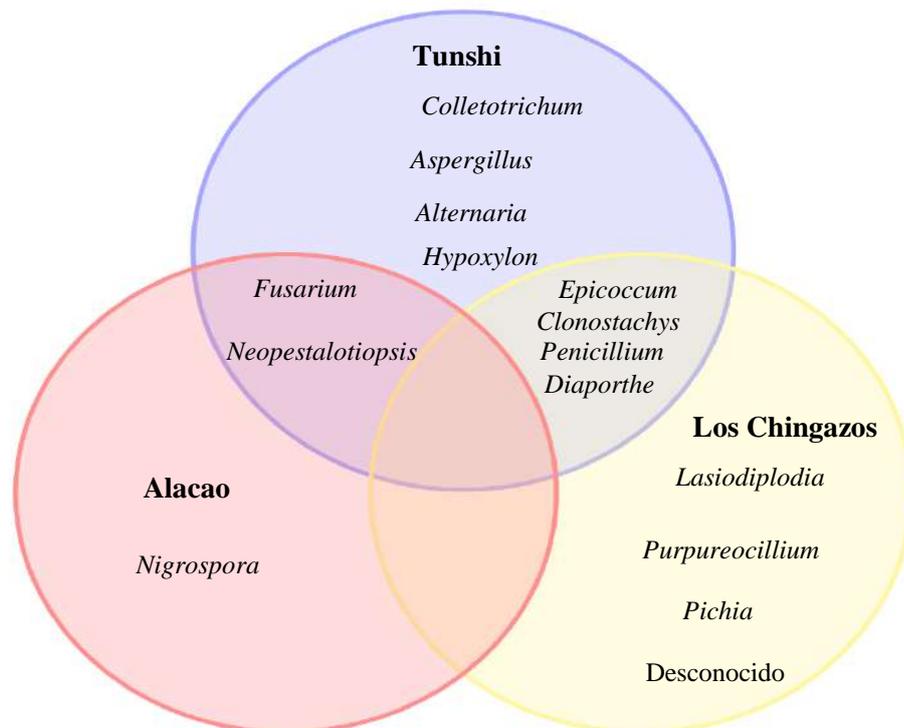
**Realizado por:** Gaviláñez, 2024.

El conjunto de aislados obtenidos en las tres localidades en estudio, reportaron un total de 14 géneros. En la localidad de Tunshi se encontraron diez géneros: *Epicoccum* con el 36%, *Fusarium* con el 16%, *Clonostachys* con el 12%, *Alternaria* con el 8%, *Diaporthe* con el 8%, *Penicillium* con el 4%, *Colletotrichum* con el 4%, *Neopestalotiopsis* con el 4%, *Aspergillus* con el 4%, *Hypoxylon* con el 4%. En la localidad de Alacao se encontraron tres géneros: *Fusarium* con el 71,43%, *Neopestalotiopsis* con el 14,28% y *Nigrospora* con el 14,28%. Mientras que en la localidad de Los Chingazos se encontraron un total de seis géneros y uno aislado desconocido con una mayor presencia del género *Clonostachys* con el 25%, seguido por *Epicoccum* con el 16,67%, *Penicillium* con el 16,67%, *Diaporthe* con el 8,33%, *Lasiodiplodia* con el 8,33%, *Purpureocillium* con el 8,33%, *Pichia* con el 8,333% y un aislado desconocido con el 8,33% del total de géneros reportados para esta localidad en estudio.

La abundancia relativa a nivel de género en los cladodios asintomáticos registra en las tres localidades que *Fusarium* fue el género con mayor presencia del estudio, distribuido en las localidades de Alacao con el 80% y Tunshi con el 20%, seguida por *Diaporthe* con un 40% en Tunshi y el 11,11% en los Chingazos, siguiendo *Epicoccum* con el 22,22% en Los Chingazos y un 20% en Tunshi. Del género *Clonostachys* con el 22,22% únicamente en la localidad de Los Chingazos, *Penicillium* se registró con el 11,11% en Los Chingazos, *Neopestalotiopsis* con el 20% en Alacao, *Aspergillus* 1 20% en Tunshi, mientras que de los géneros *Purpureocillium*, *Pichia* y un aislado desconocido reportaron un 11,11% del total de géneros encontrados para la localidad de Los Chingazos.

En la abundancia relativa por géneros en los cladodios sintomáticos se registraron los siguientes datos: *Epicoccum* tuvo la mayor presencia en la localidad de Tunshi con el 40%, mientras que en Alacao y Los Chingazos no se registró este género. El segundo género con mayor presencia fue *Fusarium* se registró en la localidad de Alacao con un valor del 50%) y con el 15% en Tunshi, no se registró *Fusarium* en Los Chingazos. Para el género *Alternaria* se registró solamente para la localidad de Tunshi con 2 (10%). En el caso del género *Clonostachys* se registraron 3 (15%) en Tunshi y 1 (33,33%) en Los Chingazos, en Alacao no se registraron valores. Para el género *Penicillium* los valores registrados corresponden a 1 (5%) en la localidad de Tunshi y 1 (33,33%) en Los Chingazos. El género *Colletotrichum* 1 (5%) solo se registró en la localidad de Tunshi. Igualmente, los géneros *Neopestalotiopsis* 1 (5%) y *Hypoxylon* 1 (5%) se registraron únicamente en la localidad de Tunshi. Por su parte, el género *Nigrospora* 1 (50%) se registró en la localidad de Alacao. En la localidad de Los Chingazos se registró el género *Lasiodiplodia* 1 (33,33%) aislado. (Ilustración 4-4).

A continuación, se presentan los géneros compartidos y únicos registrados en las localidades de estudio provenientes de cladodios sintomáticos y asintomáticos (Ilustración 4-15).

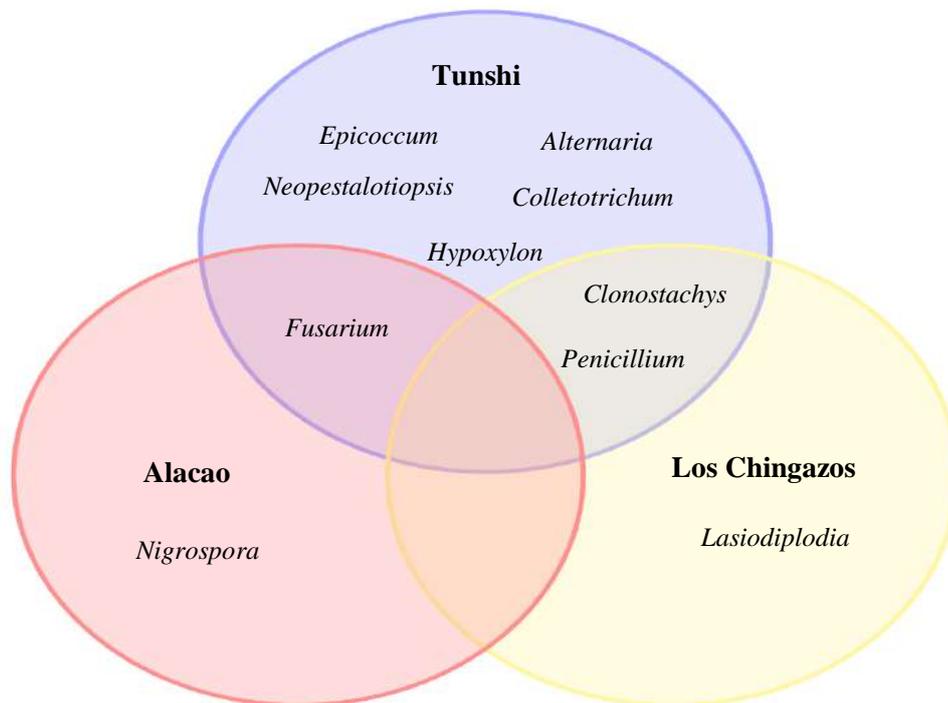


**Ilustración 4- 5:** Diagrama de Venn de géneros compartidos y únicos en las localidades de estudio a nivel de cladodios sintomáticos y asintomáticos.

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

En relación con los aislados asintomáticos y sintomáticos compartidos por cada localidad objeto de estudio, se encontró que en las localidades de Tunshi y Los Chingazos los géneros presentes fueron *Epicoccum*, *Clonostachys*, *Penicillium* y *Diaporthe*; mientras que en las localidades de Tunshi y Alacao se encontraron los géneros *Fusarium*, *Neopestalotiopsis*. Por su parte en la localidad de Tunshi se encontraron de forma única los siguientes géneros: *Colletotrichum*, *Aspergillus*, *Alternaria* y *Hypoxyylon*. En la localidad de Alacao se encontró de forma única el género *Nigrospora*; y en Los Chingazos los géneros encontrados de forma única fueron *Lasiodiplodia*, *Pichia*, *Purpureocillium* y un aislado desconocido que provino de un cladodio asintomático.

A continuación, se presenta la relación de géneros encontrados entre cladodios sintomáticos de las localidades en estudio (Ilustración 4-6):



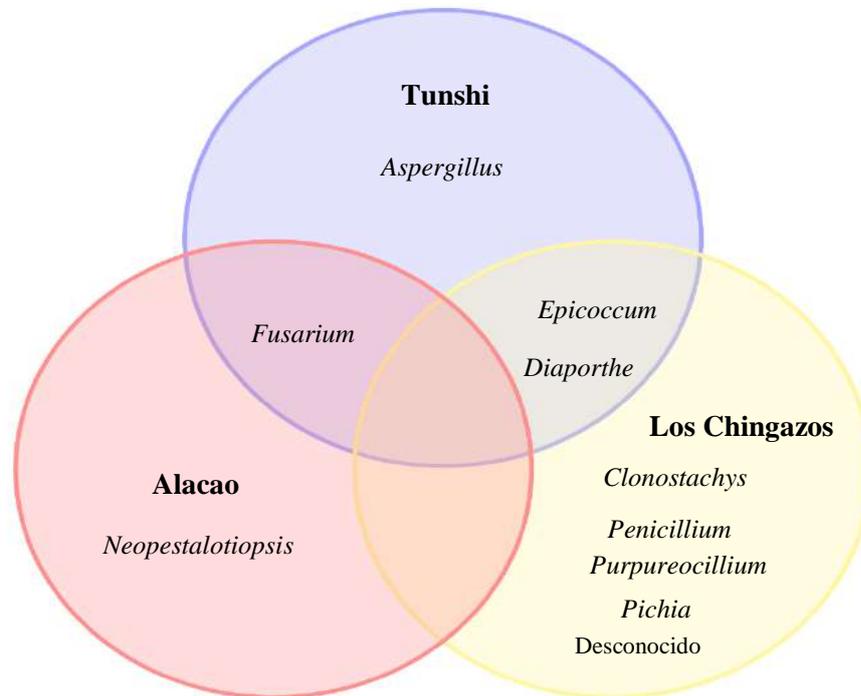
**Ilustración 4- 6:** Diagrama de Venn de géneros encontrados en sintomáticos en las localidades de estudio.

**Realizado por:** Gaviláñez, 2024.

En el caso de los cladodios sintomáticos se encontraron en la localidad de Tunshi y Los Chingazos los géneros *Penicillium* y *Clonostachys*. Por su parte las localidades Tunshi y Alacao compartieron el género *Fusarium*. De forma única, en la localidad de Tunshi se registraron los siguientes géneros: *Epicoccum*, *Alternaria*, *Neopestalotiopsis*, *Colletotrichum* y *Hypoxyylon*.

Mientras que la localidad de Alacao se encontró de forma única el género *Nigrospora*, en Los Chingazos el género único encontrado fue *Lasiodiplodia*.

A continuación, se presenta la relación entre géneros encontrados en los cladodios asintomáticos de las localidades de estudio (Ilustración 4-7):



**Ilustración 4- 7:** Diagrama de Venn de géneros reportados en cladodios asintomáticos en las localidades en estudio.

**Realizado por:** Gaviláñez, 2024.

De acuerdo a los datos obtenidos, los géneros de cladodios asintomáticos encontrados de forma compartida en las localidades Tunshi y Los Chingazos fueron *Diaporthe* y *Epicoccum*, mientras que el compartido por las localidades de Tunshi y Alacao fue el género *Fusarium*. Los géneros reportados de forma única en la localidad de Los Chingazos fueron: *Clonostachys*, *Penicillium*, *Purpureocillium*, *Pichia* y uno desconocido. En el caso de la localidad de Tunshi se encontró de forma única el género *Aspergillus*, y en Alacao el género único fue *Neopestalotiopsis*.

#### **4.2. Diversidad de los microorganismos fúngicos asociados al cultivo de tuna en las tres localidades de estudio**

La diversidad microbiana fúngica asociada al cultivo de tuna en las tres localidades objeto de estudio en la provincia de Chimborazo se calcularon a través de los índices de diversidad por localidad considerando la riqueza de especies y la diversidad de Shannon.

#### 4.2.1. Riqueza de especies

**Tabla 4-1:** Índice de riqueza de aislados fúngicos provenientes de cladodios asintomáticos y sintomáticos de las localidades en estudio

Localidad	Tipo	Índice de riqueza	Intervalo de confianza inferior	Intervalo de confianza superior
Tunshi	Asintomático	7,60	4,00	13,74
Tunshi	Sintomático	15,60	8,00	33,59
Alacao	Asintomático	2,00	2,00	2,91
Alacao	Sintomático	2,50	2,00	3,83
Los Chingazos	Asintomático	12,56	7,00	26,68
Los Chingazos	Sintomático	5,00	3,00	7,82

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.

La riqueza de especies para los microorganismos fúngicos que están asociados al cultivo de tuna en el presente estudio evidenció que la localidad de Tunshi fue la que tuvo la mayor diversidad microbiana fúngica, seguida por la localidad de Los Chingazos y Alacao respectivamente.

La localidad que presentó mayor índice de riqueza fue Tunshi, que correspondió a cladodios sintomáticos, con un índice de riqueza de 15,60. Por otro lado, la localidad de Alacao fue la que presentó el menor índice de riqueza, que correspondió a cladodios asintomáticos, con un valor de 2,00. Cabe recalcar que, en la mayor parte de localidades: Tunshi, Los Chingazos y Alacao, se evidenció mayor riqueza fúngica en cladodios sintomáticos con índices de riqueza 15,60, 12,56, 2,50 respectivamente. En comparación con los cladodios asintomáticos las localidades de Tunshi, Los Chingazos y Alacao, presentaron índices de riqueza de 7,60, 5,00, 2,00 respectivamente (Tabla 4-1). Esto demuestra que la menor riqueza de especies se presentó en los cladodios asintomáticos.

#### 4.2.2. Diversidad de Shannon

**Tabla 4-2:** Índice de Shannon de aislados fúngicos provenientes de cladodios asintomáticos y sintomáticos de las localidades en estudio

Localidad	Tipo	Índice de Shannon	Intervalo de confianza inferior	Intervalo de confianza superior
Tunshi	Asintomático	8,18	0,00	17,09
Tunshi	Sintomático	8,51	1,74	15,28
Alacao	Asintomático	1,85	0,93	2,77
Alacao	Sintomático	3,38	1,27	5,48
Los Chingazos	Asintomático	13,96	0,00	29,41
Los Chingazos	Sintomático	7,18	2,47	11,90

**Realizado por:** Gavilanez, 2024.

La diversidad de Shannon calculada por cada localidad mostró que la localidad de Tunshi tuvo la mayor diversidad microbiana fúngica, seguida por las localidades de Los Chingazos y Alacao. Se comprueba que en la localidad de Alacao se obtuvo la menor diversidad fúngica de las tres localidades.

La localidad que presentó mayor índice de Shannon fue Los Chingazos, que correspondió a cladodios asintomáticos, con un índice de Shannon del 13,96. En comparación con la localidad de Alacao que fue la que presentó el menor índice de Shannon, que correspondió a cladodios asintomáticos, con un valor de 1,85.

Cabe recalcar que, en dos de las localidades: Tunshi y Alacao, se evidenció mayor riqueza fúngica en cladodios sintomáticos con los índices de Shannon a 15,6 y 2,5 en comparación a cladodios asintomáticos (Tunshi y Alacao, con índices de riqueza 7,60 y 2,00), sin embargo, se destaca que en la localidad de Los Chingazos con aislados provenientes de cladodios asintomáticos supera por 7,56 a su contraparte proveniente de cladodios sintomáticos (Tabla 4-2).

#### 4.3. Caracterización cultural de los microorganismos fúngicos prevalentes de tuna de las localidades en estudio

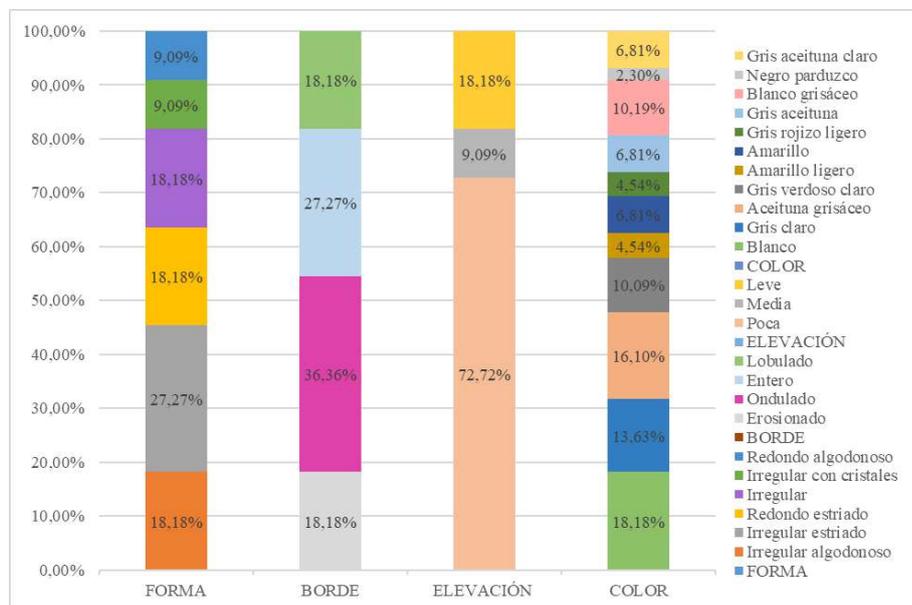
En la siguiente (Tabla 4-3), se describen las principales características culturales:

**Tabla 4-3:** Características culturales de los morfotipos aislados

Morfotipos	Código	Color anverso	Color reverso	Forma	Borde	Elevación
M1	10R-8/1	Blanco	Blanco hueso	Irregular Algodonoso	Erosionado	Poca
M2	2,5GY-8/1	Gris claro	Gris	Irregular Estriado	Ondulado	Poca
M3	7,5Y-5/2	Aceituna grisáceo	Verde grisáceo	Redondo Estriado	Entero	Leve
M4	10GY-8/1	Gris verdoso claro	Gris verdoso	Irregular	Lobulado	Poca
M5	7,5 YR-8/3	Amarillo ligero	Anaranjado	Irregular Estriado	Ondulado	Poca
M6	5Y-8/8	Amarillo	Amarillo intenso	Irregular con cristales	Ondulado	Poca
M7	10R-7/1	Gris rojizo ligero	Gris ligero	Redondo Algodonoso	Entero	Poca
M8	10Y-6/2	Gris aceituna	Gris oscuro	Irregular Estriado	Erosionado	Poca
M9	N-7/10	Blanco grisáceo	Gris claro	Irregular Algodonoso	Ondulado	Leve
M10	5YR-2/2	Negro parduzco	Negro verdoso	Redondo Estriado	Entero	Poca
M11	5GY-7/1	Gris aceituna claro	Gris verdoso	Irregular	Lobulado	Media

Autor: Munsell, 1997.

Realizado por: Gavilánez, 2024.



**Ilustración 4- 8:** Forma, borde y elevación de los morfotipos aislados

Realizado por: Gavilánez, 2024.

Las características culturales de los morfotipos aislados presentes en los cladodios de tuna se registraron tomando en consideración el color, forma, borde y elevación de los aislados fúngicos de las localidades de Tunshi, Chingazos y Alacao en la provincia de Chimborazo.

Se clasificaron 11 morfotipos diferentes en los cuales se observan según la escala de colores para tejidos vegetales propuesta por Munsell, (1997) una variedad de blanco, gris, amarillo y negro en diferentes escalas.

### ***Epicoccum* (Morforipo\_1)**

Las colonias de hongos correspondientes al género *Epicoccum*, (Morforipo\_1) en el medio de cultivo PDA, presentaron formas irregulares algodonosas, borde erosionado y poca elevación. En relación al color observado en el anverso fue blanco y en el reverso blanco hueso. En el análisis microscópico se encontró que las conidias tenían forma ovoide, agrupadas en cadenas, con coloración que varía entre marrón y negro. Los conidióforos son simples, presenta hifas septadas. Los macroconidios de los aislados de *Epicoccum* fueron alargados

Estos datos coinciden con los estudios realizados por Taguian et al. (2021) y Rodríguez et al. (2021), quienes coinciden en que las especies pertenecientes al género *Epicoccum*, crecidas en este medio de cultivo, pueden presentar un crecimiento micelial de tipo aéreo moderado, con márgenes relativamente irregulares. Estos pueden presentar una coloración variada entre el blanco, marrón o negro. Los conidios pueden presentar tamaños alrededor de 17,69 a 26,69  $\mu\text{m}$  de largo y 12,81 a 20,13  $\mu\text{m}$  de ancho.

### ***Fusarium* (Morfortipo\_2)**

El (Morfortipo\_2) correspondiente al género *Fusarium*, presenta una coloración en el anverso gris claro y en el reverso gris, tiene una forma irregular estriada, con un borde ondulado, de igual forma, manifiesta poca elevación. La textura es algodonosa. Los macronidios se observaron con bordes ligeramente curvados y paredes ventrales y dorsales paralelas. Los macronidios presentaron entre 3 y 4 septos. Los micronidios se observaron con forma elipsoidal.

Los resultados obtenidos en relación a este género coinciden con los datos presentados por Cabrea et al. (2019), Carrión y Desgarenne (2022), Rodríguez et al. (2021) y Espinoza et al. (2023). Estos autores mencionan entre las principales características microscópicas y macroscópicas de los aislados de

este género que presentan apariencia algodonosa, con una coloración que varía desde el blanco hasta el rosa, naranja, amarillo, marrón o incluso púrpura, dependiendo de la especie. Pueden producir elevación o micelio aéreo, hifas septadas y conidios son unicelulares, hialinos o pigmentados.

### ***Purpureocillium* (Morfotipo\_2)**

Las colonias de hongos pertenecientes al (Morfotipo\_2), perteneciente al género *Purpureocillium* cultivadas en medio PDA presentaron dentro de las características culturales forma irregular estriada, con bordes ondulados y poca elevación. En la coloración se observó gris claro en el anverso y gris en el reverso. Algunas de las características morfológicas observadas fueron conidióforos verticilados y conidios hialinos.

Estas características coinciden con las presentadas en el estudio realizado por Gortari y Roque (2016) y Gallego et al. (2014) quienes concuerdan en que las características culturales de este género tienen coloraciones que pueden variar entre blancas, grisáceas, rosadas o púrpuras dependiendo de la especie y las características asociadas al crecimiento en los medios de cultivo, las texturas pueden ser algodonosas o aterciopeladas. En cuanto a las características morfológicas los autores coinciden en que presentan hifas septadas con algún tipo de pigmentación, conidióforos erectos y conidios de formas variadas, pero que generalmente son ovoides o en forma de huso.

### ***Clonostachys* (Morfotipo\_3)**

El género *Clonostachys* identificado como él (Morfotipo\_3) presentaron en el medio de cultivo PDA una coloración en el anverso aceituna grisáceo y en el reverso verde grisáceo, la forma que se observó a partir de los aislados de este género fue redonda estriada, con bordes enteros y una elevación leve. La textura de las colonias se observó granulosa, las hifas son septadas, delgadas y ramificadas. Los conidios tuvieron formas variadas entre globosos y elipsoidales, fueron hialinos y unicelulares.

Estos resultados se corresponden con los expuestos por Sutton y Mason (2014), Hans et al. (2022), Flores et al. (2015) y Rodríguez et al. (2021); quienes coinciden en que los aislados de este género presentan una coloración que puede variar entre el blanco y el café claro dependiendo de las especies, presentando hifas hialinas y solitarias con una medida promedio de 19 – 48 x 1-2  $\mu\text{m}$ . Los conidios en la mayoría de los casos se producen de forma individual y con forma cilíndrica.

### **Desconocido (Morfotipo\_3)**

Se identificó un aislado desconocido correspondiente al (Morfotipo\_3) que presentó una coloración en el anverso gris aceituna claro y en el reverso gris verdoso. Este aislado presentó una forma irregular con borde lobulado y una elevación media.

### ***Alternaria* (Morfotipo\_4)**

Las colonias de hongos que correspondieron al género *Alternaria* (Morfotipo\_4) en un medio de cultivo PDA presentaron una apariencia algodonosa de color gris verde claro en el anverso y gris verdoso claro en el reverso. Se manifestó con una forma circular, con elevación leve y márgenes lobulados. Los conidios se observaron con una coloración marrón claro, con forma ovoide y septos transversales de distintos tamaños. En el análisis microscópico, se observaron dentro de las estructuras morfológicas las hifas septadas o tabicadas con tonalidades ligeramente marrones. De acuerdo con los resultados obtenidos, la caracterización tanto macroscópica como microscópica coinciden con los resultados obtenidos por Espinoza et al. (2023), Pico et al. (2019) y Jaramillo y Santín (2017). Según los resultados presentados por estos autores, la coloración de las colonias correspondientes a este género es principalmente grisáceas. Presentan hifas separadas por paredes transversales con colores café pardo. Los conidióforos se caracterizan por ser de color marrón claro, con uno o varios poros apicales, son simples, rígidos. Los conidios se pueden formar en cadena o individuales, tienen septados transversales con aproximadamente 4.

### ***Penicillium* (Morfotipo\_5)**

Las colonias de los hongos del (Morfotipo\_5) identificados como *Penicillium* en el medio de cultivo PDA presentaron en el anverso una coloración ligeramente amarilla y en el reverso anaranjado. Presentaron una forma irregular estriada, con un borde ondulado y poca elevación. Las texturas fueron principalmente polvosas. Este género se caracterizó principalmente por la presencia de conidióforos ramificados, los conidios fueron hialinos y unicelulares.

Las estructuras microscópicas y macroscópicas coinciden con los datos reportados por Pérez y Sánchez (2021), Rodríguez et al. (2021), Allende et al. (2013) y Flores et al. (2015), estos autores reportaron dentro de las características encontradas la presencia de hifas y conidióforos ramificados, coloración variada entre verdes, naranjas, gris y amarillo dependiendo de las especies.

### ***Colletotrichum* (Morfotipo\_6)**

Las colonias de hongos del (Morfotipo\_6) fueron identificados dentro del género *Colletotrichum* y las características que presentaron en cuanto a la forma fue irregular con cristales, con borde ondulado y poca elevación. Los colores registrados en el anverso fueron amarillos y en el reverso amarillo intenso. El análisis microscópico mostró que las hifas fueron septadas, y los conidios tuvieron una forma cilíndrica.

Las características macroscópicas y microscópicas de este género en el presente estudio coinciden con los datos de Quiroga (2021), Landero (2016) y Rodríguez et al. (2021) que describen dentro de las principales características macroscópicas de este género coloraciones variadas que incluyen el blanco, el gris, el naranja y hasta el negro; con apariencias algodonosas, aterciopelada o acosas. Este género produce colonias con elevaciones planas y micelio aéreo, tal como se reportó en este estudio. Las características microscópicas reportadas por estos autores, mencionan hifas septadas y conidios de forma cilíndrica, elipsoidal o fusiforme, que varían dependiendo de la especie y las condiciones.

### ***Neopestalotiopsis* (Morfotipo\_7)**

Las colonias de hongos identificadas en el género *Neopestalotiopsis* presentaron coloraciones de varios tonos de gris, en el anverso se observó una coloración gris rojiza ligera, mientras que en el reverso la coloración registrada fue un gris ligero. La forma de las colonias fueron redondas algodonosas, con bordes enteros y presentaron una leve elevación. Los conidios observados fueron septados con una forma elipsoidal.

Los resultados obtenidos en el presente estudio coinciden con los datos reportados por Conforto et al. (2019) y Baggio et al. (2021) que describen dentro de las características macroscópicas de este género colores que pueden variar desde el blanco, el gris, el verde o el negro dependiendo de la especie; y con apariencias que pueden ser algodonosas o aterciopeladas. Las texturas se pueden presentar con una variedad de entre suaves, granulosas o polvorientas, produciendo elevaciones planas o elevadas y micelio aéreo. Las hifas que corresponden a este género, suelen ser septadas, delgadas y ramificadas; mientras que las conidias son unicelulares, hialinas y con forma cilíndrica u ovalada. Los conidióforos pueden tener distintas formas o tamaños, pueden ser simples o ramificados.

### ***Hypoxylon* (Morfotipo\_8)**

Las colonias de hongos identificadas en el género *Hypoxylon* crecidos en el medio de cultivo PDA presentaron formas irregulares estriada, con un borde erosionado y poca elevación. El color en el anverso fue gris aceituno y en el reverso gris oscuro. Los aislados de *Hypoxylon* se caracterizaron por presentar en el análisis microscópico periteceos redondeados y las hifas septadas.

De acuerdo con los datos morfológicos de los aislados de *Hypoxylon* observados en el presente estudio, se consideran similares a los datos reportados en el estudio de Reyes et al. (2020) y González (2019), quienes describen dentro de las características macroscópicas correspondientes a este género identificaron una variedad de formas y colores. En el caso de las formas, pueden ser irregulares y las coloraciones varían entre diversas tonalidades de rojos, gris, marrones y negros. En cuanto a las características microscópicas coinciden en la presencia de periteceos, ascocarpos e hifas septadas.

### ***Nigrospora* (Morfotipo\_9)**

Las colonias de hongos identificadas en el género *Nigrospora* presentaron dentro de sus características una coloración blanco grisáceo en el anverso y en el reverso gris claro, la forma de las colonias fue irregular algodonosa, con bordes ondulados y una leve elevación. El micelio fue aéreo. Se observaron conidiósporos reducidos con hifas que presentaron una coloración marrón pálida con forma ovoide.

Estas características son similares a las reportadas en los estudios realizados por Avelar et al. (2011), Montreal et al. (2014) y Rodríguez et al. (2021), quienes registraron que las características macroscópicas asociadas a este género pueden tener coloraciones entre blancas, grises, verdes, amarillas o marrones, con apariencias algodonosas o aterciopeladas, estas colonias pueden ser planas o elevadas. Del mismo modo, los autores coinciden en que las características microscópicas de este género presentan hifas septadas, y producen conidias unicelulares de forma esférica u ovalada.

### ***Aspergillus* (Morfotipo\_9)**

Las colonias de hongos pertenecientes al género *Aspergillus* (Morfotipo\_9) presentaron una forma irregular algodonosa con bordes ondulados y una leve elevación, la coloración fue blanco grisáceo en el anverso y gris claro en el reverso. Se observaron hifas hialinas septadas, presentó una textura aterciopelada, conidios esféricos hialinos.

Estos datos corresponden con los presentados por Ramos (2019), Gómez et al. (2020) y Barontini et al. (2020), quienes coinciden en que las colonias de este género presentan coloraciones variadas que pueden incluir blanco, amarillo, verde, marrón o negro dependiendo de la especie y el medio de cultivo. Las texturas pueden ser algodonosas o aterciopelada con elevaciones planas o elevadas, en algunos casos pueden presentar texturas en relieve, las hifas que pertenecen a este género son septadas y ramificadas, mientras que los conidios conocidos como vesículas se encuentran en los extremos y son esféricos o elipsoidales, se suelen producir en cadena.

### ***Lasiodiplodia* (Morfotipo\_10)**

Los aislados del (Morfotipo\_10) en medio de cultivo PDA corresponden al género *Lasiodiplodia*. Estos aislados presentaron micelio aéreo de crecimiento rápido, con una forma filamentosa. La elevación observada fue leve y con borde entero, se presentó una forma redonda estriada, mientras que la coloración fue negro parduzco en el anverso y en el reverso negro verdoso. La textura de la colonia se observó ligeramente espesa.

Se observaron hifas septadas, delgadas y ramificadas; mientras que los conidios se observaron inmaduros, hialinos y unicelulares, estos presentaron forma elipsoide con una coloración entre marrón oscuro y negro.

Las características obtenidas en el presente estudio a partir del análisis microscópico y macroscópico realizado coinciden con los hallazgos presentados por Picos et al. (2014), Flores et al. (2021) y Dos Santos et al. (2020).

### ***Diaporthe* (Morfotipo\_10)**

Las colonias de hongos identificadas dentro del género *Diaporthe* correspondiente al (Morfotipo\_10) presentaron en el anverso una coloración negra pardusca y en el reverso negro verdoso, dentro de las características de forma se encontró redondo estriado con bordes enteros y poca elevación. A partir del análisis microscópico se observaron hifas septadas y hialinas.

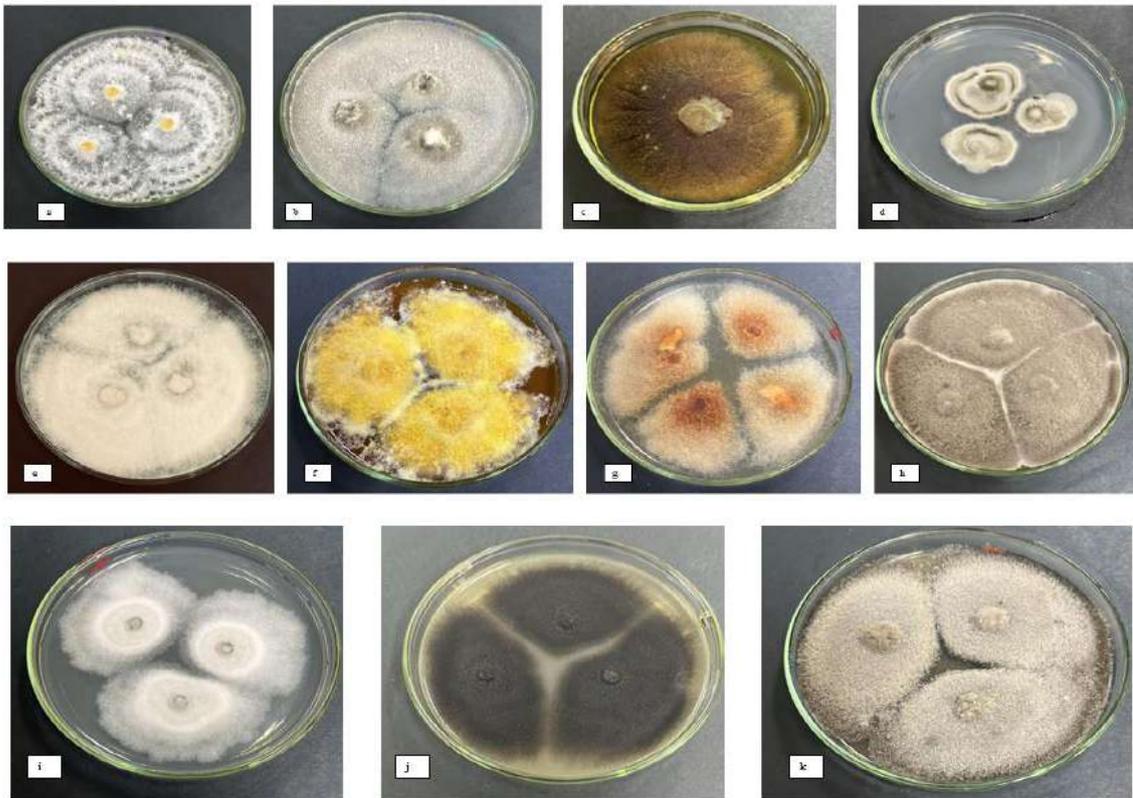
Estos datos coinciden con los reportados por Stewart (2015) y Guarnaccia et al. (2018), que describen dentro de las principales características asociadas a este género coloraciones de blanco a grisáceo, texturas algodonosas y crecimiento micelial lento, formación de acervos o picnidios en el medio de cultivo, las hifas de este género suelen ser septadas, hialinas o pueden tener pigmentación, los conidios pueden ser unicelulares o multicelulares con variadas formas.

## ***Pichia* (Morfotipo\_2)**

Las colonias de hongos del género *Pichia* (Morfotipo\_2) presentaron dentro de sus características forma irregular estriada con borde ondulado y poca elevación, la coloración observada corresponde a gris claro en el anverso y gris en el reverso.

Estos datos coinciden con los reportados por García Et al. (2021) que manifiesta que las colonias de hongos pertenecientes a este género pueden tener células ovaladas o elipsoidales, pueden producir algunos brotes denominados yemas unipolares o bipolares. Estas colonias pueden variar en cuanto a color y apariencia dependiendo de la especie, la coloración puede ser blanca, amarilla y en algunas ocasiones rosadas, las texturas lisas o rugosas. Por lo general, pueden presentar una tasa de crecimiento rápida en ciertos medios de cultivo.

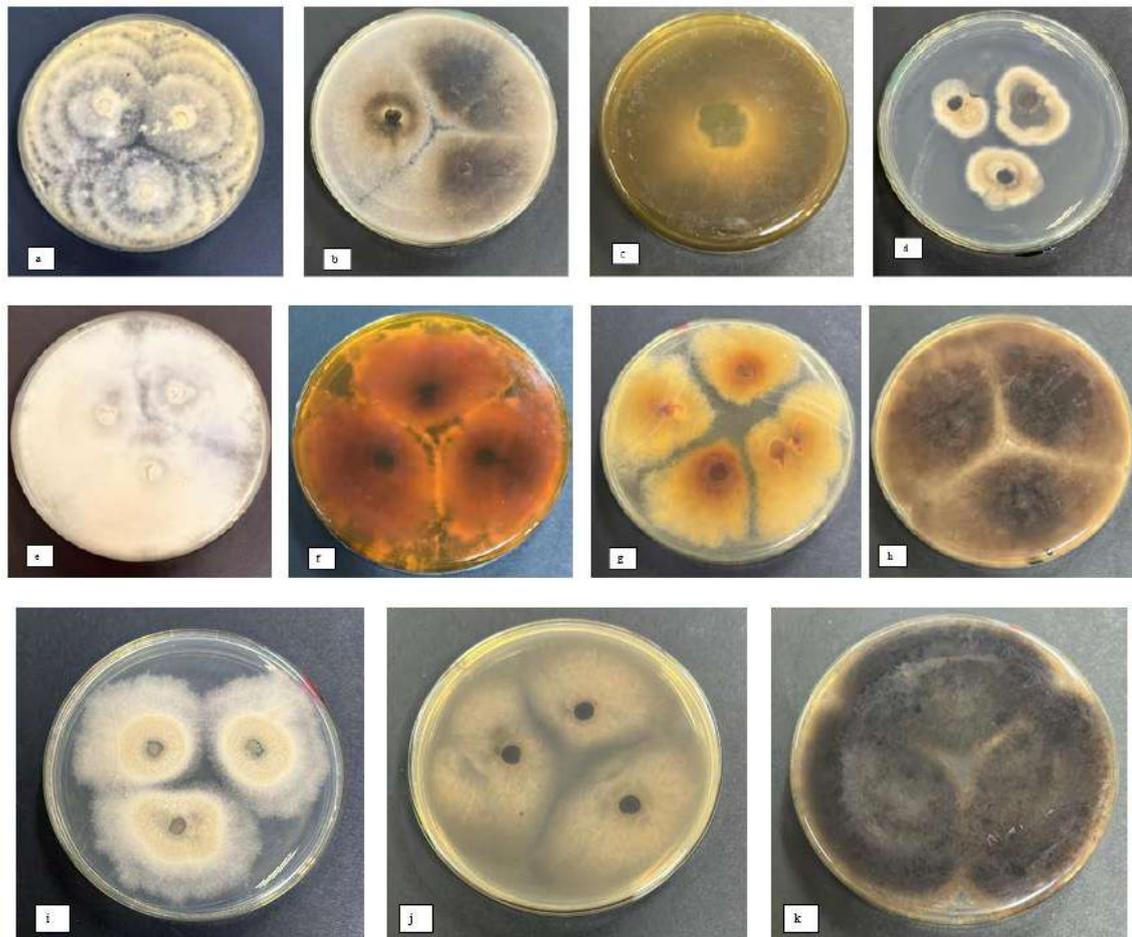
En la ilustración (4-9) se presentan las características culturales (color anverso) de los aislados prevalentes en tuna provenientes de las tres localidades en estudio.



**Ilustración 4- 9:** Características culturales de aislados prevalentes en tuna color anverso a) M1 Blanco, b) M2 Gris claro, c) M3 Aceituna grisáceo, d) M4 Gris verdes claro, e) M5 Amarillo ligero, f) M6 Amarillo, g) M7 Gris rojizo ligero, h) M8 Gris aceituna, i) M9 Blanco grisáceo, j) M10 Negro parduzco, k) M11 Gris aceituna claro

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

En la ilustración (4-10) se presentan las características culturales (color reverso) de los aislados prevalentes en tuna provenientes de las tres localidades en estudio.



**Ilustración 4- 10:** Características culturales de aislados prevalentes en tuna color reverso a) M1 Blanco, b) M2 Gris claro, c) M3 Aceituna grisáceo, d) M4 Gris verdoso claro, e) M5 Amarillo ligero, f) M6 Amarillo, g) M7 Gris rojizo ligero, h) M8 Gris aceituna, i) M9 Blanco grisáceo, j) M10 Negro parduzco, k) M11 Gris aceituna claro

Realizado por: Gavilánez, 2024.

#### 4.4. Identificación y caracterización molecular de la microbiota fúngica asociada al cultivo de tuna

**Tabla 4-4:** Blast de los morfotipos aislados

Código	Gen Amplificado	Número de nucleótidos	Especies identificadas	Accesión	Porcentaje de identidad	Porcentaje de cobertura
T3E3		343	<i>Epicoccum</i>	NR 1582 651	99,71%	100%

T3E1	RNA Polimerasa	364	<i>Epicoccum</i>	NR 1582 611	99,73%	100%
T1E2	ITS	464	<i>Fusarium</i>	NR 1644151	99,35%	100%
T2E1		477	<i>Alternaria</i>	NR1371 431	100%	100%
T2E1		384	<i>Fusarium</i>	NR 1781 221	100%	100%
T1E1		468	<i>Epicoccum</i>	NR 16 59201	98,50%	100%
T1E2		470	<i>Epicoccum</i>	NR 16 59 201	99,15%	100%
T1E2		456	<i>Clonostachys</i>	NR 1682 351	99,33%	98%
T3E1		449	<i>Epicoccum</i>	NR 1582 651	100%	100%
T3E3		460	<i>Epicoccum</i>	NR15 82 641	99,12%	98%
T3E3		201	<i>Epicoccum</i>	NR 1603 471	78,23%	61%
T2E1		476	<i>Epicoccum</i>	NR 1659 2001	97,90%	100%
T3E2		525	<i>Alternaria</i>	NR 1602 461	99,80%	94%
T3E1		306	<i>Penicillium</i>	NR 1600 811	78,06%	77%
T2E1		458	<i>Clonostachys</i>	NR 1659 931	99,34%	100%
T2E1		509	<i>Clonostachys</i>	NR 1635 401	87,05%	91%
T2E1		489	<i>Colletotrichum</i>	NR 1711 851	93,98%	93%
T3E1		316	<i>Fusarium</i>	NR 1598 651	90,51%	100%
T2S2		534	<i>Diaporthe</i>	NR172401 1	99%	93%
T1E3		537	<i>Neopestalotiopsis</i>	NR 1452 421	99,37%	89%

T1S1	354	<i>Aspergillus</i>	NR 1214 811	97,46%	100%
T3E1	806	<i>Hypoxylon</i>	NR 1376771	86,63%	44%
T2S2	499	<i>Epicoccum</i>	NR 1582 611	95,42%	96%
T1S3	176	<i>Fusarium</i>	NR 1598 651	91,67%	88%
T2S3	504	<i>Diaporthe</i>	NR 11 8471	95,33%	97%
A1E3	491	<i>Nigrospora</i>	NR 1659 261	97,10%	97%
A1E3	123	<i>Fusarium</i>	NR 1598 651	90,68%	95%
A2S1	553	<i>Fusarium</i>	NR 1644151	98,58%	89%
A2S1	122	<i>Fusarium</i>	NR 15 98 651	90,16%	100%
A2S1	516	<i>Neopestalotiopsis</i>	NR 1452 421	99,37%	92%
A3S1	473	<i>Fusarium</i>	NR 1212 031	99,79%	99%
A2S1	547	<i>Fusarium</i>	NR 1644151	96,44%	87%
CH2E1	521	<i>Lasiodiplodia</i>	NR 1473 381	97,51%	92%
CH2E1	505	<i>Clonostachys</i>	NR 1659931	96,79%	98%
CH1E1	560	<i>Penicillium</i>	NR 077 1531	95,06%	79%
CH2S1- Descono cido					
CH1S1	500	<i>Penicillium</i>	NR 116691	86,80%	76%
CH2S1	532	<i>Epicoccum</i>	NR 1659 2001	98,94%	88%
CH2S1	536	<i>Epicoccum</i>	NR 1659 2001	98,94%	88%

CH3S1	570	<i>Purpureocillium</i>	NR 1659 461	96,47%	89%
CH3S1	491	<i>Clonostachys</i>	NR 1659 931	97,76%	99%
CH2S1	542	<i>Clonostachys</i>	NR 1659931	98,58%	90%
CH1S2	569	<i>Diaporthe</i>	NR 116141	96,37%	86%
CH3S1	174	<i>Pichia</i>	NR 1532 831	100%	10%

Realizado por: Gavilanez, 2024.

Los resultados obtenidos a partir de la PCR realizada con el gen amplificado RNA Polimerasa ITS en la base de datos NSBI, indican que la cepa T3E3 corresponde a la especie *Epicoccum* con un porcentaje de identidad de 99,71%, al igual que la cepa T3E1 que tiene un porcentaje de identidad de 99,73%, la cepa T1E2 corresponde a la especie *Fusarium* con un porcentaje de identidad de 99,35%. La cepa T2E1 corresponde a la especie *Alternaria* con un porcentaje de identidad de 100%, la cepa T2E1 también corresponde a la especie *Fusarium* con un 100%, la cepa T1E1 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 98,50% de porcentaje de identidad, la cepa T1E2 igualmente corresponde a la especie *Epicoccum* con un 99,15%, la cepa T1E2 también corresponde a la especie *Clonostachys* con un 99,33% , T3E1 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 100%. Por su parte T3E3 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 99,12%, la cepa T3E3 con un número de nucleótidos de 460 corresponde a la especie *Epicoccum* con 99,12% de identidad, la cepa T3E3 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 78,23%, la cepa T2E1 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 97,90%, mientras que la cepa T3E2 corresponde a la especie *Alternaria* con un 99,80% de identidad, la cepa T3E1 corresponde a la especie *Penicillium* con un 78,06% de identidad, la cepa T2E1 corresponde a la especie *Clonostachys* con un 99,34%, mientras que la cepa T2E1 con un número de nucleótidos de 509 corresponde a la especie *Clonostachys* con un 87,05%, la cepa T2E1 con un número de nucleótidos de 489 pertenece a la especie *Colletotrichum* con un 93,98% de identidad, la cepa T3E1 corresponde la especie *Fusarium* con 90,51% de identidad, la cepa T2S2 corresponde a la especie *Diaporthe* con 99% de identidad, la cepa T1E3 corresponde a la especie *Neopestalotiopsis* con un 99,37% de identidad, T1S1 corresponde a la especie *Aspergillus* con un 97,46% de identidad, T3E1 corresponde a la especie *Hypoxylon* con 86,63% de identidad, T2S2 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 95,42% de identidad, T1S3 corresponde a la especie *Fusarium* 91,67% de identidad, la cepa T2S3 pertenece a la especie *Diaporthe* con 95,33% de identidad, la cepa A1E3 corresponde a la especie *Nigrospora* con 97,10% de identidad, A1E3 corresponde a la especie *Fusarium* con 90,68% de identidad, la cepa A1S1 corresponde a la especie *Fusarium* con 98,58% de identidad, la cepa A2S1 corresponde

igualmente a la especie *Fusarium* con un 90,16% de identidad, la cepa A2S1 con un número de nucleótidos de 516 corresponde a la especie *Neopestalotiopsis* con un 99,37% de identidad, la cepa A3S1 corresponde a la especie de *Fusarium* con 99,79% de identidad, A2S1 corresponde a la especie *Fusarium* con un 96,44% de identidad, CH2E1 corresponde a la especie *Lasiodiplodia* con un 97,51% de identidad, CH2E1 con un número de nucleótidos de 505 corresponde la especie *Clonostachys* con un 96,79% de identidad, la cepa CH1E1 corresponde a la especie *Penicillium* con un 95,06% de identidad, la cepa CH1S1 corresponde a la especie *Penicillium* con un 86,80% de identidad, CH2S1 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 98,94% de identidad. También la cepa CH2S1 con un número de nucleótidos de 536 corresponde a la especie *Epicoccum* con un 98,94% de identidad, CH3S1 corresponde a la especie *Purpureocillium* con 96,47%, CH3S1 con un número de nucleótidos de 491 corresponde a la especie *Clonostachys* con un 97,76% de identidad, CH2S1 corresponde a la especie *Clonostachys* con un 98,58% de identidad, la cepa CH1S2 corresponde a la *Diaporthe* con 96,37% de identidad, la cepa CH3S1 corresponde a la especie *Pichia* con un 100% de identidad, mientras que la cepa CH2S1 resultó desconocido.

**Tabla 4-5:** Resumen Blast de los morfotipos aislados

Género	Morfotipos identificados	Porcentaje de identidad	Porcentaje de cobertura	E-value	Especies sugeridas
<i>Epicoccum</i>	11	100% - 78,23%	100%-61%	0,0 – 5x10 <sup>-180</sup>	<i>E. layuense</i> <i>E. rosae</i> <i>E. dendrobil</i> , <i>E. proteae</i> , <i>E. pruni</i> , <i>E. hordel</i> , <i>E. phragmospora</i>
<i>Fusarium</i>	9	100%- 90,16%	100%- 100%	0,0-0,0	<i>F. perseae</i> , <i>F.regulare</i> <i>F. oblongum</i> , <i>F. ngaiotongaense</i> , <i>F. ferrugineum</i> , <i>F. waltegersii</i> , <i>F. bostrycoides</i> , <i>F. macosporum</i>
<i>Clonostachys</i>	6	99,34%-87,05%	100%-91%	0,0-0,0	<i>C. aranearum</i> , <i>C. rosae</i> , <i>C. rosae f. catenulata</i> , <i>C. aranearum</i> , <i>C. solani f. nigrovirens</i> , <i>C. swieteniae</i> , <i>C. eriocamporesiana</i> , <i>C. parasporodochialis</i>
<i>Penicillium</i>	3	95,06%-78,06%	79%-77%	2x10 <sup>-120</sup> - 6x10 <sup>-35</sup>	<i>P. crustosum</i> <i>P. biforme</i> , <i>Pseudopenicillium megasporum</i> , <i>P. sexuales</i> , <i>Aspergillus feankstonensis</i> , <i>P.</i>

					<i>ornatum</i> , <i>Aspergillus</i> <i>sparsus</i>
<i>Diaporthe</i>	3	99%-95,33%	93%-97%	0,0-0,0	<i>D. kochmanii</i> <i>D. roase</i> , <i>D.</i> <i>endophytica</i> , <i>D.</i> <i>yunnanensis</i> , <i>D.</i> <i>terebinthifolii</i> , <i>D.</i> <i>cameroonensis</i> , <i>D.</i> <i>thunbergiicola</i> , <i>D.</i> <i>novem</i> , <i>D. kongii</i>
<i>Alternaria</i>	2	100%-99,80%	100%-94%	0,0-0,0	<i>A. sorghi</i> <i>A. chartarum</i> , <i>A. aspera</i> , <i>A.</i> <i>zantedeschiae</i> , <i>A.</i> <i>multiformis</i> , <i>A.</i> <i>subcucurbitae</i> , <i>A.</i> <i>chiamydosporifera</i> , <i>A. radicina</i>
<i>Neopestalotiopsis</i>	2	99,37%-99,37%	92%-89%	0,0-0,0	<i>N. formicarum</i> <i>N. javaensis</i> , <i>N.</i> <i>surinamensis</i> , <i>N.</i> <i>eucalypticola</i> , <i>N.</i> <i>hispanica</i> , <i>N.</i> <i>mesopotamica</i> , <i>N.</i> <i>rosae</i> , <i>N. aotearoa</i>
<i>Colletotrichum</i>	1	93,98%	93%	$3 \times 10^{-104}$	<i>C. tainanense</i> <i>C. artocarpicola</i> , <i>C. cobbittiense</i> , <i>C.</i> <i>pandanicola</i> , <i>C. ti</i> , <i>C. aotearoa</i> , <i>C.</i> <i>tropicale</i> , <i>C.</i> <i>yulongense</i>
<i>Aspergillus</i>	1	97,46%	100%	$2 \times 10^{-173}$	<i>A. fumigatus</i> <i>A. spinosus</i>
<i>Hypoxylon</i>	1	86,63%	44%	$2 \times 10^{-107}$	<i>H. trugodes</i> <i>H. petriniae</i> , <i>rostrhypoxylon</i> <i>terebratum</i> , <i>parahypoxylon</i> <i>papillatum</i> , <i>annulohypoxylon</i> <i>thailandicum</i> , <i>H.</i> <i>pseudefendleri</i>
<i>Nigrospora</i>	1	97,10%	97%	0,0	<i>N. sacchari-</i> <i>officinarum</i> <i>N. hainanensis</i> , <i>N.</i> <i>philosophiae-</i> <i>doctoris</i> , <i>N.</i> <i>guangdongensis</i> , <i>N. macarangae</i> , <i>N.</i> <i>bambusae</i> , <i>N.</i> <i>covidalis</i>
<i>Lasiodiplodia</i>	1	97,51%	92%	0,0	<i>L. brasiliensis</i> <i>L. parva</i> , <i>L.</i> <i>laosensis</i> , <i>L.</i> <i>theobromae</i> , <i>L.</i> <i>marypalmie</i> , <i>L.</i> <i>euphorbiaceicola</i> ,

						<i>L. bubglobose</i> , <i>L. pseudotheobromae</i>
<i>Purpureocillium</i>	1	96,47%	89%	0,0		<i>P. lilacinum</i> , <i>P. lavandelum</i> , <i>drechmeria campanulata</i> , <i>drechmeria balanoides</i> , <i>drechmeria album</i> , <i>haptocillium glocklingiae</i> , <i>tolypocladium bacillisprum</i>
<i>Pichia</i>	1	100%	10%	0,029		<i>P. barkeri</i> , <i>P. obscuricolor</i> , <i>russuka minor</i>

Realizado por: Gavilánez, 2024.

#### 4.5. Discusión de resultados

**Tabla 4-6:** Datos de los géneros encontrados

Género	Endófito	Saprófito	Patógeno	Benéfico	Potencial Biotecnológico	Hábitat	Autores
<i>Epicoccum</i>	X	X	X		Agricultura Alimenticia (sintetizar metabolitos secundarios que incluyen isoprenoides, producción de pigmentos que incluyen flavonoides y carotenoides como $\beta$ -caroteno, $\gamma$ -caroteno, rodoxantina y torularodina biosíntesis de pigmentos amarillos)	Suelo, agua, aire. Cactáceas (cactus) Uvilla ( <i>Physalis peruviana</i> L.)	Taguiam et al., (2021) Rodríguez et al. (2021) Díaz et al. (2019) Bahrim y Soptica, (2020) Braga et al. (2018) Cardoso et al. (2018)
<i>Fusarium</i>	X	X	X		Agricultura (biofertilizante y bioestimulante de hierro, agente de biocontrol frente a <i>Verticillium dahliae</i> )	Suelo, aire, agua y algunas especies de plantas. Tuna, Avena, la caña, el frijol, la papa.	Tapia y Amaro, (2014) Cabrea et al., (2019) Ormeño, (2023) Carrión y Desgarenne, (2022)

							Crous, (2021) Desjardin (2006) Espinoza et al. (2023)
<i>Clonostachys</i>	X	X	X	X	Agricultura (control biológico, fermentación biológica, biodegradación y bioenergía. Así como agente que puede actuar para mejorar el crecimiento de las plantas)	Material en descomposición , raíces, tallos, hojas. Cactáceas (Cactus), Lechuga, Aguacate.	Flores et al., (2015) Sutton y Mason, (2014) Han et al. (2022) Coyotl et al., (2022) Rodríguez et al. (2021)
<i>Penicillium</i>	X	X		X	Agricultura Alimenticia Medicina (producción de la penicilina la biorremediación para la limpieza de suelos y aguas contaminadas y la fermentación industrial para la producción de ciertos productos químicos)	Suelo, el aire y el agua Cactus y la tuna Arroz, hortalizas, caña de azúcar	Pérez y Sánchez, (2021) Instituto Nacional de seguridad y salud en el trabajo, (2022) Allende et al. (2013), Bernuy et al. (2022).
<i>Diaporthe</i>	X	X	X		Agricultura Alimenticia Química (Agente de control de enfermedades, actividad antibiótica y anticancerígena, producción de biocomestibles, compuestos bioactivos)	Suelo, el aire, el agua. Cactus, Uva, Soja.	Stewart, (2015) Guarnaccia et al., (2018) Gomes et al. (2013). Pes et al. (2016).
<i>Alternaria</i>	X	X	X		Agricultura (Agente de control biológico, mejorar la resistencia a	Suelo, plantas y animales. Cactus, tuna. Cereales, hortalizas y árboles frutales	Singh, (2016) Pavón et al., 2015) Rodríguez et al., (2021)

				ciertas plagas y enfermedades)		Pico et al., (2019) Espinoza et al. (2023), Jaramillo y Santín, (2017). Almanza et al., (2012), Veitía et al., (2014).
<i>Neopestalotio psis</i>	X	X	X	Agricultura Alimenticia Química (Producción de celulastas, lipasas, proteasas y amilasas, biotecnología ambiental)	Suelo, vegetación en descomposición Cactus, fresa, aguacate, nuez pecana	Conforto et al., (2019). Baggio et al., (2021) Wu et al., (2021).
<i>Colletotrichu m</i>	X	X	X	Agricultura Química Farmacéutica (Control de enfermedades, Producción de metabolitos secundarios, Compuestos antifúngicos, antibacterianos y anticancerígenos)	Desechos vegetales o en las semillas Cactus y tuna. Pimiento morrón, papaya, manzanas, aguacate	Landero et al. (2016) Rodríguez et al. (2021) Quiroga, (2021).
<i>Aspergillus</i>		X	X	Agricultura Química (Agente productor de micotoxinas)	Suelo, la materia orgánica en descomposición y en el agua Cactus higo maíz	Instituto Nacional de Seguridad y Salud en el Trabajo, (2021) Ramos et al. (2019) Barontini et al. (2020), Gomes et al., (2020).
<i>Hypoxylon</i>	X	X	X	Agricultura (Agente de biorremediación)	Madera de los árboles y en los tejidos internos de algunas plantas. Cactus gigante, el tasajo, el	Reyes et al., (2020) González et al. (2019) Rodríguez et al., (2021).

						garambullo y el nopal tapón. Huarango	
<i>Nigrospora</i>	X				Agricultura Química (Producción de metabolitos secundarios)	Suelos, materia orgánica en descomposición, plantas y otros sustratos vegetales. Garambullo Maíz y trigo	Avelar et al. (2011). Montreal et al. (2014) Rodríguez et al., (2021).
<i>Lasiodiplodia</i>	X	X	X	X	Agricultura (Agente de control biológico)	Suelos y en los restos de los cultivos. <i>Cereus jamacaru</i> y el <i>Cereus hildmannianus</i> Uva, el mango y la papaya	Morales et al., (2024) Flores et al. (2021) Picos et al., (2014). Dos Santos et al., (2020).
<i>Purpureocillium</i>		X	X		Agricultura (agente de control de plaga)	Suelos. Cactáceas (Cactus), Pepino, fresas, manzana, arroz	Gortari y Roque (2016) Gallego et al., (2014).
<i>Pichia</i>	X			X	Agricultura Alimenticia Química (Producción de varios compuestos, para fermentar azúcares, biorremediación)	Arroz, el trigo y la caña de azúcar	García et al., (2021).

**Realizado por:** Gavilánez, 2024.

A partir de los resultados obtenidos en esta investigación, se pudo determinar que los principales hongos asociados al cultivo de tuna, están relacionados con la diversidad fúngica que se presenta en el cultivo. Estos hongos ocasionan diversos problemas como deformaciones severas, manchas y pequeñas pústulas presentes en los cladodios e incluso evidentes en el fruto. Se obtuvieron 25 aislados fúngicos sintomáticos y 19 asintomáticos que se lograron ubicar en 11 morfotipos distintos en cuanto al género. Siendo los más representativos *Epicoccum*, *Fusarium*, *Clonostachys*; aunque también se encontraron *Alternaria*, *Penicillium*, *Colletotrichum*, *Neopestalotiopsis*, *Hypoxylon*, *Nigrospora*, *Lasiodiplodia* con menor presencia. Igualmente, se apreció que el espectro de hospederos susceptibles en este cultivo es muy reducido, ya que algunas especies de plantas no presentaron signos de daños.

El género *Epicoccum*, se encontró en cladodios sintomáticos en la localidad de Tunshi y en cladodios asintomáticos en las localidades de Tunshi y Los Chingazos, siendo Tunshi la población en la que tuvo mayor presencia. Este género pertenece a la familia *Didymellaceae*, en el orden *Pleosporales*, clase *Dothideomycetes* y son ascomicetos ubicuos, que pueden encontrarse en diferentes hábitats como el suelo, agua, aire, en algunas partes de las plantas como hojas, ramas y corteza (Taguiam et al., 2021) (Braga et al., 2018). En algunos casos este hongo se puede utilizar como agente de control biológico, pero en algunas condiciones, se presenta como un patógeno débil en los cultivos (Taguiam et al., 2021).

Algunas especies de *Epicoccum* están asociadas a 46 enfermedades de plantas que se pueden producir en diferentes cultivos y algunas de ellas generan como síntoma manchas foliares, siendo las especies más comunes asociadas a estas patologías: *E. nigrum* y *E. sorghinum* (Taguiam et al., 2021). De este género, se conocen cinco especies (*E. nigrum*, *E. layuense*, *E. dendrobii*, *E. mezzettii* and *E. minitans*) que pueden actuar como agentes de control biológico en contra de algunos patógenos vegetales (Taguiam et al., 2021) (Cardoso et al., 2018).

De acuerdo con Rodríguez et al. (2021), este género se ha encontrado en cactáceas como hongo endófito (microorganismo que durante su ciclo vital pueden colonizar los tejidos de las plantas sin producir daño evidente) estableciendo una relación simbiótica con el cultivo, promoviendo las defensas naturales de las plantas. Por otro lado, Díaz et al. (2019), menciona que este género se ha encontrado en otro tipo de plantas tropicales como la uchuva (*Physalis peruviana* L.), de igual forma como un microorganismo u hongo endófito o patógeno. *Epicoccum* para ingresar en los tejidos de la planta necesita de aberturas artificiales siendo heridas o lesiones las que se establecen como puntos de entrada para este microorganismo. (Taguiam et al., 2021).

El género *Epicoccum* se ha empleado para sintetizar metabolitos secundarios que incluyen isoprenoides (Bahrim y Soptica, 2020). Del mismo modo, se emplea en la producción de pigmentos que incluyen flavonoides y carotenoides como  $\beta$ -caroteno,  $\gamma$ -caroteno, rodoxantina y torularodina (Bahrim y Soptica, 2020). El uso de este género debido a su potencial de biosíntesis de pigmentos amarillos, se ha estudiado para la aplicación en la industria alimentaria (Bahrim y Soptica, 2020). El uso de este género en la producción de colorantes alimenticios se considera ventajoso debido a que tiene un crecimiento rápido, por lo que permite la reducción de los costos de producción, rentabilizando los subproductos de la industria alimentaria (Bahrim y Soptica, 2020).

En cuanto al género *Fusarium* encontrado en las localidades de Tunshi principalmente en cladodios sintomáticos y con mayor presencia en Alacao en los cladodios asintomáticos, es un

tipo de hongo filamentoso que se encuentra distribuido en el suelo, aire, agua y algunas especies de plantas (Tapia y Amaro, 2014). Se le considera como oportunista y generador de infecciones sistémicas en plantas, donde el patógeno se extiende por la mayor parte de la planta (Ormeño, 2023).

En estos casos, el hongo entra en contacto con las raíces de las plantas infectándolas y propagándose a través del sistema vascular de la misma, afectando la forma en la que la planta recibe los nutrientes y el agua (Ormeño, 2023). Aquellas especies patógenas de plantas causan síntomas como la coloración amarilla de las hojas, la marchitez de algunas de sus ramas, la defoliación severa, retraso en el crecimiento, necrosis de tejidos, pudrición del cuello, raíz, frutos, granos y semillas de las plantas (Carrión y Desgarenne, 2022).

Este tipo de hongo está asociado a la familia *Nectriaceae* dentro del orden *Hypocreales*, en la clase *Sordariomycetes*. Tiene un comportamiento saprófito al inicio de su ciclo vital, recibiendo los nutrientes de la materia orgánica en descomposición que se encuentra en el suelo (Cabrea et al., 2019). Igualmente, puede actuar como patógeno en las plantas, causando daños significativos en los cultivos, así como infecciones en animales y humanos (Cabrea et al., 2019). Se pueden encontrar alrededor de 100 especies que conforman este género, cuya taxonomía ha sido difícil de estudiar debido a la gran variedad existente y la complejidad asociada a la misma, producto de las diferencias presentes en las especies (Crous, 2021).

Se ubican en la mayoría de los suelos cultivados, registrando su presencia en plantas como la avena, la caña, el frijol, la papa y algunos arbustos frutales como el café, aguacate o el mango (Carrión y Desgarenne, 2022). Algunas de las enfermedades más importantes causadas por este género son: el tizón de la espiga en el caso de los cultivos de trigo y el mal de Panamá en el caso de los cultivos de banano, donde también se pueden encontrar (Desjardins, 2006). En el caso de las cactáceas, se han encontrado algunas especies del género *Fusarium* causante de diversas enfermedades como lágrima de espelma o de vela, podredumbre de la raíz y podredumbre de la corona (Rodríguez et al., 2021). También se ha reportado su presencia en cultivos de tuna en la provincia de Chimborazo con una alta prevalencia en diversas localidades (Espinoza et al., 2023).

La cepa FO12 del género *Fusarium* se ha empleado actualmente, en los cultivos de plantas como el pepino, como biofertilizante y bioestimulante de hierro, un elemento indispensable para el desarrollo de los cultivos (Martín, 2023). El estudio realizado por, comprobó que esta cepa no es patogénica, es decir que no provoca enfermedades en el cultivo y que, por el contrario, es un agente de biocontrol frente a *Verticillium dahliae*, al activar la resistencia sistémica inducida en plantas (Martín, 2023). Utilizar este microorganismo como biofertilizante contribuye a regular

las comunidades de hongos y bacterias que habitan en los suelos, a la vez que aumenta la sostenibilidad ambiental al reducir el uso de fertilizantes químicos en los cultivos (Crous, 2021).

El *Clonostachys*, se encontró en las localidades de Tunshi proveniente principalmente de cladodios sintomáticos y Los Chingazos, provenientes en mayor medida de cladodios asintomáticos. Este hongo actúa como endófito y saprófito, micoparásito destructivo, liquenícolas o habitantes de árboles recientemente muertos y hojas en descomposición, y está ampliamente distribuido en el mundo (Flores et al., 2015). Pertenece a la familia Bionectriaceae, dentro del orden Hypocreales, (Han et al., 2020). Se pueden encontrar aproximadamente 44 especies en este género, dentro de las que se pueden mencionar 18 especies como *B. byssicola*, *B. ochroleuca*, *B. pityrodes*, *C. candelabrum*, *C. compactiuscula*, *C. rogersoniana*, *C. rosea*, *G. roseum*, *N. coccinea*, *N. coryli*, *N. erubescens*, *N. fuckeliana*, *N. galligena*, *N. haematococca*, *N. inventa*, *N. lucida* (Han et al., 2020).

En pocos casos es reportado como patogénico, presentando cambios en la coloración de algunos de los tejidos de las plantas, envejecimiento y la posterior muerte del cultivo (Sutton y Mason, 2014).

Sin embargo, en la mayoría de los casos, es considerado como un hongo benéfico, común en raíces, hojas, tallos, flores y frutos de diferentes tipos de plantas; ya que puede actuar como desencadenante para aumentar la resistencia natural que tienen las plantas ante ciertas enfermedades y el estrés. Sin embargo, su eficacia no ha podido ser determinada debido a que su acción depende de ciertos factores bióticos y abióticos (Sutton y Mason, 2014).

Del mismo modo, Han et al. (2022), reporta que este género ha sido ampliamente utilizado en países como Estados Unidos, Canadá y Alemania para el control biológico, la fermentación biológica, la biodegradación y bioenergía. Así como agente que puede actuar para mejorar el crecimiento de las plantas estimulando el desarrollo de las raíces en diferentes cultivos, como por ejemplo en las lechugas cultivadas hidropónicamente (Han et al., 2022).

Es conocido también como parásito de otros hongos y nematodo, se puede reproducir en diferentes compuestos orgánicos incluyendo otros hongos, bacterias y los insectos. Ha generado interés actualmente como controlador biológico de algunas plagas presentes en ciertos cultivos (Flores et al., 2015). Este género ha sido encontrado en diferentes cultivos en la etapa de postcosecha de las plantas, entre ellas se pueden mencionar las plantas de aguacate, siembras de la tara y el ciprés, dónde causa daños severos presentando síntomas como la pérdida de la turgencia y la pudrición blanda, ocasionando la pérdida de los cultivos (Coyotl et al., 2022). En el caso de las cactáceas, Rodríguez et al. (2021), ha reportado la presencia de este hongo endófito.

También se reporta en el presente estudio la presencia del género *Penicillium*, en las localidades de Tunshi proveniente de cladodios sintomáticos y en Los Chingazos tanto en cladodios sintomáticos como asintomáticos. De acuerdo a lo explicado por Pérez y Sánchez (2021), es uno de los géneros con mayor presencia y distribución geográfica, se puede encontrar en el suelo, el aire y el agua (Pérez y Sánchez, 2021). Pertenece a la clase *Eurotiomycetes*, al orden *Eurotiales*, y a la familia *Aspergillaceae*. Este género se puede subdividir en varios subgéneros de acuerdo a la morfología y velocidad de crecimiento, entre ellos se pueden mencionar *Aspergilloides*, *Biverticillium*, *Candida*, entre otros (Pérez y Sánchez, 2021). Para su clasificación se suelen emplear diversas técnicas y claves taxonómicas, como establecer las características de coloración y textura de las colonias o a través de las medidas y cambios en formas, tamaños y longitud de los daños causados (Pérez y Sánchez, 2021).

Es un hongo filamentoso hialino, que bajo ciertas condiciones puede ser endófito, pero que se ha encontrado principalmente como saprófito en cultivos de arroz, hortalizas, caña de azúcar, papa, maíz y otros, así como en algunos cultivos de cactáceas como el cactus y la tuna (Instituto Nacional de seguridad y salud en el trabajo, 2022). En ocasiones se ha encontrado como parásito oportunista en semillas, frutos maduros o durante el proceso de conservación de los mismos, como en el caso de las uvas (Instituto Nacional de seguridad y salud en el trabajo, 2022). De acuerdo a lo reportado por Allende et al. (2013), en el cultivo de tomate se presenta pudrición de los tallos y en la etapa de post cosecha manifiesta la pudrición de los frutos.

De forma general, presentan heridas en los tallos con una coloración café y acompañadas de un moho color gris azulado, en las hojas puede ocasionar un crecimiento irregular con un tono ligeramente amarillo, este hongo ocasiona la muerte del cultivo (Allende et al., 2013). Sin embargo, dependiendo de la especie y de algunos otros factores bióticos y abióticos, puede presentar en la planta hospedera colores como verde, verde azulado, gris o rosado, entre otros. Del mismo modo, se pueden encontrar bordes completos sin fructificaciones, que permite ver el color del micelio que generalmente tiene una coloración blanca, pero en algunas especies puede ser amarillo, anaranjado, púrpura o café claro (Allende et al., 2013).

Todas las especies de este género son productoras de sustancias, que en algunos casos pueden ser virulentas debido a su capacidad de producir toxinas, mientras que otras resultan muy beneficiosas para el ser humano por sus propiedades antibióticas, como la penicilina (Bernuy et al., 2022). Para la producción de la penicilina las especies más utilizadas son *Penicillium notatum* y *Penicillium chrysogenum* (Bernuy et al., 2022). Otras aplicaciones biotecnológicas en las que se ha utilizado este género son la producción de enzimas, sobre todo para la industria alimentaria; la biorremediación

para la limpieza de suelos y aguas contaminadas y la fermentación industrial para la producción de ciertos productos químicos (Bernuy et al., 2022).

En el presente estudio también se encontró la presencia del género *Diaporthe*, que pertenece a la familia *Diaporthaceae*, la clase *Sordariomycetes* y el orden *Diaporthales*. Este género fue encontrado en principalmente en la localidad de Tunshi en cladodios asintomáticos, y con menor presencia en la localidad de Los Chingazos igualmente en cladodios asintomáticos. Este género se puede encontrar en una gran variedad de hábitats que incluyen el suelo, el aire, el agua y en algunos cultivos agrícolas y plantaciones forestales. Actúan como agentes patógenos, saprófitos o endófitos dependiendo de ciertas condiciones ambientales y las características particulares de las plantas hospederas, ya que se puede encontrar en una gran variedad de plantas, árboles y arbustos (Stewart, 2015) (Pes et al, 2016).

Las características de este hongo son altamente variables por lo que se dificulta establecer las diferencias taxonómicas entre ellos, sin embargo, algunas de las características que se emplean para su identificación son el color y la apariencia de la colonia, el tamaño y la forma del estroma y el tamaño de los colirios (Stewart, 2015). Sin importar la variedad algunos de los síntomas generales que puede ocasionar la presencia de este hongo son: las manchas foliares, la marchitez, los canchros, pudrición de la raíz, deformaciones y pérdida de vigor (Stewart, 2015). Estos síntomas variarán dependiendo de la planta hospedera (Stewart, 2015).

De acuerdo a lo reportado por Guarnaccia et al. (2018), algunas especies de este género como *D. bohemiae*, *D. celeris*, *D. hispaniae* y *D. hungariae* se consideran agentes causales de la enfermedad conocida como escoliosis en cultivos de uvas. Aunque algunas otras especies como *D. ambigua* y *D. baccae*, se asocian con los chancros y las necrosis sectoriales en la madera del cultivo de la uva (Guarnaccia et al., 2018). Igualmente, Stewart (2015). reporta la presencia de este hongo en cultivos de la soja asociados a la enfermedad cancro del tallo de la soja, la pudrición de semilla de soja y del tizón de la vaina y el tallo de la soja (Stewart, 2015).

Algunas de las aplicaciones biotecnológicas que se le ha dado a este género está relacionado con las áreas de la agricultura como agente de control de enfermedades en ciertas plantas, en la medicina ya que presentan actividad antibiótica y anticancerígena, la industria de la alimentación principalmente en la producción de biocomestibles y la industria química principalmente para buscar nuevos compuestos bioactivos que tengan aplicaciones en diversos campos (Gomes et al., 2013).

El género *Alternaria* también fue reportado en la población de Tunshi proveniente de cladodios sintomáticos, este género puede ser encontrado en diferentes ecosistemas como el suelo, plantas y animales (Singh, 2016). Tiene algunos comportamientos diferenciados y puede actuar como saprófito, endófito y patógeno. Pertenece a la clase *Dothideomycetes*, al orden *Pleosporales* y a la familia *Pleosporaceae*. Algunas de las especies de este hongo actúan como parásitas (Singh, 2016). Tiene dos características distintivas: la producción de melanina en las esporas y la producción de toxinas específicas para cada uno de los huéspedes, en el caso de actuar como agente patógeno. Cuando actúa de esta forma, muestra una lenta destrucción de los tejidos vegetales en el hospedero (Singh, 2016).

Se ha encontrado en cultivos de cereales, hortalizas y árboles frutales como las mandarinas y el limón, ocasionando enfermedades como la Mancha marrón y la Mancha foliar (Pavón et al., 2015). Igualmente, se ha encontrado en árboles de manzana ocasionando pequeñas manchas marrones y produciendo la defoliación en los árboles (Pavón et al., 2015). También se han reportado la presencia de este hongo, en las aceitunas y en algunos frutos secos alterando la forma de las hojas y de los frutos. Del mismo modo, Rodríguez et al., (2021) ha reportado su presencia como hongo endófito en algunas especies de cactáceas, como el cactus originario de México y Estados Unidos. En el cultivo de pitahaya en la provincia de Morona Santiago, se ha encontrado este género ocasionando severos daños producto de la sarna en vainas y frutos (Pico et al., 2019).

Igualmente, en el estudio realizado por Espinoza et al. (2023), se encontró este género en los cultivos de tuna en las localidades de Tunshi, Alacao y Los Chingazos con una prevalencia de 50%. También se reporta la presencia de este género en cultivos de tuna en la provincia de Loja, como agente causal de la enfermedad mancha plateada (Jaramillo y Santín, 2017). Del mismo modo, en el estudio realizado por Almanza et al., (2012), se menciona la presencia del género *Alternaria* como agente causal de la enfermedad gotera en los cultivos de tuna en Colombia (Almanza et al., 2012).

En la actualidad a partir del uso de herramientas biotecnológicas como el cultivo de tejidos, la mutagénesis y la selección *in vitro*, se emplea este género para mejorar la resistencia a ciertas plagas y enfermedades en los cultivos (Veitía et al., 2014). Por ejemplo, en el caso de los cultivos de papa se ha empleado el género *Alternaria* para aumentar la resistencia a enfermedades como el tizón temprano (Veitía et al., 2014).

Dentro de los resultados obtenidos también se observó la presencia del género *Neopestalotiopsis*, que pertenece a la clase *Sordariomycetes*, al orden *Xylariales* y a la familia *Amphisphaeriaceae*. En el presente estudio se ha encontrado en la localidad de Tunshi en cladodios sintomáticos y en

la localidad de Alacao en cladodios asintomáticos. Es conocido como agente causal de enfermedades como la pudrición de la raíz y corona, y se presenta principalmente en los cultivos de la fresa, aguacate, nuez pecana, granada, arándanos, entre otros (Baggio et al., 2021). De igual forma, se ha encontrado en cactáceas como la *Nopalea cochenillifera*, un cactus de la región noreste de Brasil, causando enfermedades como la mancha marrón (Conforto et al., 2019).

Se puede encontrar en el suelo, y otros sustratos como la vegetación en descomposición, los residuos orgánicos y las superficies vegetales infectadas (Conforto et al., 2019). En los cultivos pueden presentar como sintomatología principal cambios en las coloraciones por un amarillo pálido. Las enfermedades producidas por este hongo pueden causar la muerte de los brotes, manchas foliares, tizones, clorosis y pudriciones de los frutos (Baggio et al., 2021).

Se consideran como patógenos débiles y oportunistas que generan poco daño en las plantas ornamentales pero que en otros cultivos pueden generar daños considerables (Baggio et al., 2021). Son endófitos y algunos estudios indican que pueden permanecer como habitantes inactivos en las plantas sin presentar ningún síntoma, luego pasan a convertirse en patógenos con las condiciones ambientales y climáticas adecuadas. La severidad dependerá de la susceptibilidad de la planta y la virulencia que esté asociada a ese patógeno en particular (Baggio et al., 2021).

Las infecciones causadas por este hongo se presentan en cuatro etapas en una primera etapa las células germinan y se une al sustrato, en la segunda etapa ocurre una adhesión débil en las bases de las plantas, para que posteriormente se produzcan las sustancias adhesivas a lo largo de la planta durante la tercera etapa, la cuarta etapa implica la liberación de material fibrilar en el punto de emergencia (Baggio et al., 2021). Generalmente se produce ante la presencia de elevados índices de humedad en las hojas y con una temperatura aproximada de entre 20 y 25 grados centígrados (Baggio et al., 2021).

Algunas de las aplicaciones biotecnológicas que se pueden mencionar, incluyen la investigación para la producción de celulasas, lipasas, proteasas y amilasas que son empleados en la industria para la producción de combustibles, la industria alimentaria y la biotecnología ambiental (Wu et al., 2021).

El género *Colletotrichum*, perteneciente a la clase *Sordariomycetes*, del orden *Glomerellales* y la familia *Glomerellaceae*, se encontró en la localidad de Tunshi proveniente de cladodios sintomáticos. Se caracteriza por presentar esporas llamadas conidios que están dispuestas en acérvulos y son las que participan en el proceso de infección del cultivo (Quiroga, 2021). Este proceso comienza con la etapa de colonización, esta fase inicial es donde el hongo se alimenta de células vivas y establece el patógeno. Durante la segunda fase necrotrófica, los recursos se

obtienen a partir de las células muertas originadas por la presencia del patógeno. En esta etapa, se presentan los primeros síntomas de la enfermedad que consisten en el cambio en la coloración y el hundimiento de los bordes de las plantas (Quiroga, 2021).

Este hongo tiene la capacidad de permanecer inactivo en los restos de las plantas infectadas, en los desechos vegetales o en las semillas por lo que pueden empezar a ocasionar la infección cuando las condiciones climáticas y ambientales sean las adecuadas (Quiroga, 2021).

Según lo expuesto por Landero et al. (2016) este hongo es un patógeno que puede causar una enfermedad denominada antracnosis en plantas y algunos frutos. Este hongo se encuentra principalmente en regiones tropicales y se han reportado síntomas en los cultivos de pimiento morrón, papaya, manzanas, aguacate y mango generalmente se presentan en la etapa de la cosecha (Landero et al., 2016). En su investigación, Rodríguez et al. (2021), también lo reporta como un hongo endófito presente en los cultivos de cactáceas, como algunas variedades de cactus y tuna.

Por ejemplo, se ha descubierto que algunas especies de *Colletotrichum* actúan como endófitos en plantas, lo que significa que pueden colonizar los tejidos vegetales sin causar enfermedad aparente (Quiroga, 2021). Algunos de estas especies de *Colletotrichum*, como *Colletotrichum tofieldiae*, *Colletotrichum boninense* y *Colletotrichum gloeosporioides*, se han reportado como beneficiosas ya que pueden contribuir a mejorar la resistencia a enfermedades, aumentar la tolerancia al estrés abiótico y promover el crecimiento vegetal (Landero et al., 2016).

De acuerdo a lo expresado por Landero et al. (2016), estas especies son utilizadas como agentes de control de enfermedades, así como para la producción de metabolitos secundarios con potencial farmacéutico, como compuestos antifúngicos, antibacterianos y anticancerígenos.

Otro de los géneros encontrados en el presente estudio fue *Aspergillus*, que pertenece a la clase *Eurotiomycetes*, al orden *Eurotiales* y a la familia *Aspergillaceae*. Este género fue encontrado únicamente en la localidad de Tunshi proveniente de cladodios asintomáticos. Este hongo es filamentosos hialino y saprofito, con aproximadamente 180 especies diferentes como *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus niger* y *Aspergillus flavus* (Instituto Nacional de Seguridad y Salud en el Trabajo, 2021). Se puede encontrar en diferentes hábitats como el suelo, la materia orgánica en descomposición y en el agua. Igualmente, este hongo se considera cosmopolita y patógeno tanto en humanos como animales, así como en diversas especies de plantas (Instituto Nacional de Seguridad y Salud en el Trabajo, 2021).

Ramos et al. (2019) ha encontrado este hongo en cultivos de higo como agente patógeno causante de pérdidas del cultivo debido a los daños ocasionados en los frutos. Del mismo modo, Barontini et al.

(2020), ha reportado la presencia de este hongo en los cultivos de maíz causando el deterioro de la calidad de los granos, además de reducir su rendimiento. Así mismo, al producir micotoxinas en el pre y en la postcosecha, contamina los cultivos, ocasionando enfermedades tanto en los humanos como en los animales que los consumen (Barontini et al., 2020). En el caso de los cultivos de *Cereus jamacaru* y *Cereus hildmannianus*, cactus de la región de Brasil, también se encontró este hongo como agente patógeno causante de daños y pudriciones en los cladodios (Gomes et al., 2020).

Dentro de las aplicaciones biotecnológicas del género *Aspergillus* se puede mencionar que es utilizado como agente productor de micotoxinas, unos metabolitos secundarios que se producen en el proceso de degradación de la materia orgánica y que es empleado como mecanismo de defensa frente a otros microorganismos (Instituto Nacional de Seguridad y Salud en el Trabajo, 2021).

El género *Hypoxylon*, se encontró únicamente en la localidad de Tunshi en los cladodios sintomáticos. Según lo expuesto por Reyes et al. (2020), este género pertenece a la clase *Sordariomycetes*, al orden *Xylariales* y a la familia *Xylariaceae*. Se caracteriza principalmente por poseer peritecios embebidos en un estroma oscuro o de colores brillantes, están separados y presentan formas ovoides, tubulares o globosas. Se encuentra ocasionalmente en algunos elementos naturales y se puede replicar a partir de aislamientos en diferentes medios de cultivo (Reyes et al., 2020). Este género vive como saprófito, siendo encontrado principalmente en la madera de los árboles y en los tejidos internos de algunas plantas leñosas o herbáceas (Reyes et al., 2020). Se han encontrado alrededor de 115 especies que pertenecen a este género, estas especies se pueden diferenciar por la forma y el color del estroma (Reyes et al., 2020).

González et al. (2019), ha reportado la presencia de este género como endófito, saprófito y fitopatógeno débil en la madera de árboles como el huarango y, responsable de los síntomas de pudrición en la mazorca de la planta de cacao. (González et al., 2019). Del mismo modo, en varias especies de cactáceas, como el cactus gigante, el tasaño, el garambullo y el nopal tapón ha sido reportada la presencia de este hongo, como agente causal de diversas enfermedades (Rodríguez et al., 2021).

Este género al ser considerado principalmente como patogénico no posee muchas aplicaciones en biotecnología, sin embargo, González et al. (2019) ha reportado su utilidad como agente de biorremediación, ya que se pueden encontrar algunas especies saprobias que se alimentan de la materia orgánica muerta, contribuyendo a mejorar la calidad de suelos contaminados con sustancias orgánicas.

*Nigrospora*, fue encontrado únicamente en la localidad de Alacao en los cladodios sintomáticos. Pertenece a la clase *Dothideomycetes*, a la orden *Pleosporales* y a la familia *Nigrosporaceae*. (Avelar et al. 2011). Se puede encontrar en diversos hábitats, incluyendo suelos, materia orgánica en descomposición, plantas y otros sustratos vegetales. Este hongo se comporta como saprófito y en algunas ocasiones puede atacar el tallo y las semillas, especialmente en los cultivos de maíz y trigo (Avelar et al. 2011).

Son conocidos como parásitos débiles, y afectan a plantas susceptibles ocasionando síntomas que pueden llevar a la pérdida de los cultivos (Avelar et al. 2011). Algunos de los síntomas que producen son manchas en el tallo y la afectación en la germinación de las semillas (Avelar et al. 2011). Se ha reportado según el estudio de Avelar et al. (2011) en el cultivo de chile en México. En el estudio presentado por Montreal et al. (2014), se reporta la presencia este género en el garambullo, un tipo de cactácea endémica de México, siendo uno de los responsables principales de las pérdidas en el rendimiento y la calidad del fruto (Montreal et al., 2014). En las cactáceas, Rodríguez et al. (2021), también lo ha reportado como agente causal de varias enfermedades como manchas foliares y pudrición de las raíces en diversas especies de cactus de las regiones de México y Estados Unidos. No presenta muchas aplicaciones biotecnológicas, sin embargo, se pueden emplear en la producción de metabolitos secundarios, ya que algunas especies pueden producir una variedad de compuestos bioactivos, como alcaloides, terpenoides y fenoles (Montreal et al., 2014).

*Lasiodiplodia*, fue encontrado en Los Chingazos en los cladodios sintomáticos únicamente. Este género pertenece a la clase *Dothideomycetes*, al orden *Botryosphaeriales* y a la familia *Botryosphaeriaceae* (Picos et al., 2014). Es un hongo endófito y parásito cuya principal característica es que forma picnidos, se encuentra principalmente en los suelos y en los restos de los cultivos, su presencia en los cultivos está relacionada con la muerte de los huéspedes (Morales et al., 2024). De acuerdo a lo expuesto por Flores et al. (2021) bajo ciertas condiciones este hongo tiene un comportamiento saprófito y se considera patógeno latente, es decir, que es patógeno en los momentos en los que el hospedero está estresado. Es un hongo pleomórfico y ubicuo, se ha encontrado una gran variedad de especies de este género que pueden actuar como saprófitos y patógenos (Picos et al., 2014). Se suele encontrar en regiones tropicales y subtropicales (Morales et al., 2024).

Se presenta con frecuencia en cultivos hortofrutícolas como la uva, el mango y la papaya (Picos et al., 2014) (Morales et al., 2024) (Flores et al., 2021). De igual forma, se reporta la presencia de este hongo patógeno en los cultivos de algunas cactáceas como el *Cereus jamacaru* y el *Cereus hildmannianus* (Dos Santos et al., 2020). Los síntomas que presenta son lesiones necróticas en el tejido que se encuentra infectado, la pudrición de las semillas y los frutos, así como la muerte progresiva de la planta (Morales et al., 2024).

*Lasiodiplodia*, según lo reportado por Flores et al. (2021) ha sido empleado en algunas ocasiones como agente de control biológico contra patógenos presentes en ciertas plantas, sin embargo, no ha se han presentado reportes significativos en otras áreas.

El género *Purpureocillium* fue encontrado en la localidad de Los Chingazos proveniente de cladodios asintomáticos. Este es un género entomopatógeno, es decir, un hongo capaz de infectar y matar insectos. Perteneció a la clase *Sordariomycetes*, al orden *Hypocreales* y a la familia *Ophiocordycipitaceae*. De acuerdo con Gortari y Roque (2016), este hongo se encuentra principalmente en los suelos por lo que puede afectar a grandes cantidades de cultivos ocasionando pérdidas importantes de los mismos. A las especies de este género se les considera un parásito oportunista que es capaz de infectar y colonizar a las plantas alimentándose de las estructuras reproductivas de los nematodos de la raíz durante los periodos sedentarios de su ciclo de vida (Gortari y Roque, 2016). Sin embargo, bajo ciertas condiciones pueden tener una fase saprófita durante su ciclo de vida, cuando se alimentan de materia orgánica en descomposición.

La investigación realizada por Gortari y Roque (2016), reporta la presencia de este hongo en cultivos de tomate, sin embargo, también se puede encontrar en cultivos de pepino, fresas, manzana, arroz y flores ornamentales (Gallego et al., 2014).

Se ha utilizado como parte de las estrategias de manejo integrado en diferentes cultivos para control de plagas, principalmente por su capacidad para actuar contra nematodos parásitos de plantas. También, debido a su facilidad para ser producido in vitro y porque no registra efectos adversos para el medio ambiente (Gortari y Roque, 2016). En la investigación realizada por Gallego et al. (2014) la cepa UdeA0106 de *Purpureocillium* ha sido empleada en los cultivos de crisantemos en Colombia como agente de control de la plaga sinfílidos (*Scutigerella sp.*).

Otro de los géneros encontrados en el presente estudio fue *Pichia*, un género de levaduras que pertenece a la familia *Pichiaceae*, en el orden *Saccharomycetales* y la clase *Saccharomycetes*. Este género se encontró en la localidad de Los Chingazos proveniente de cladodios asintomáticos. Puede actuar como endófito en algunas especies de plantas agrícolas, como el arroz, el trigo y la caña de azúcar; así como en algunas especies de plantas ornamentales como las rosas, los geranios y las orquídeas.

Algunas de sus aplicaciones en biotecnología están relacionadas con la producción de varios compuestos químicos que son empleados en la industria alimentaria y de bebidas, así como por

su capacidad para fermentar azúcares (García et al., 2021). Además, algunas especies de *Pichia* también se han estudiado por su potencial para la biorremediación.

Los hallazgos obtenidos coinciden con los resultados presentados por Zimmermann y Granata, (2002), Jaramillo y Santín (2017) y Espinoza et al. (2023), quienes evidenciaron la asociación de hongos fitopatógenos a la presencia de pudriciones, manchas y necrosis en plantas del phylum Ascomycota, al registrar los mismos elementos en producciones de otras especies de cactáceas. Esto permitió identificar que existen algunos hongos fitopatógenos prevalentes en la microbiota de las muestras de tuna recolectadas para la realización de la presente investigación.

En el caso del presente estudio se observaron una gran diversidad de hongos de diez familias y órdenes diferentes, que en los cultivos pueden cumplir diversos papeles, al presentarse como hongos endófitos, saprófitos y patógenos. En algunos de ellos se evidencia gran potencial biotecnológico al ser empleados como agentes de control biológicos y productores de enzimas con aplicaciones en medicina, la industria química y alimentaria.

#### **4.6. Comprobación de la hipótesis**

Mediante el estudio realizado se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alterna que menciona que al menos una de las localidades con plantaciones de Tuna (*Opuntia ficus-indica* (L.) Mill.) en la provincia de Chimborazo difieren en la diversidad de la microbiota fúngica.

## CAPÍTULO V

### 5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

#### 5.1. Conclusiones

1. Se obtuvo un total de 44 aislados de hongos a partir de cladodios de tuna con sintomatología externa visible (25), y cladodios asintomáticos (19). Se agruparon en 11 morfotipos diferentes según su color, forma, borde y elevación. Con diferentes tonalidades de blanco, gris, amarillo y negro. Los morfotipos presentaron formas: irregular estriado con el 27,27%, borde ondulado con el 36,36% y poca elevación con el 72,2%.
2. Se identificó molecularmente 43 hongos los cuales correspondieron a los géneros *Epicoccum* (11), *Fusarium* (9), *Clonostachys* (6), *Penicillium*(3), *Diaporthe*(3), *Alternaria* (2), *Neopestalotiopsis* (2), *Colletotrichum* (1), *Aspergillus* (1), *Hypoxyton* (1), *Nigrospora* (1), *Lasiodiplodia* (1), *Purpureocillium* (1), *Pichia* (1) y aislado no clasificado.
3. En la localidad que se encontró la mayor abundancia fue Tunshi con 10 géneros (*Epicoccum*, *Fusarium*, *Alternaria*, *Clonostachys*, *Penicillium*, *Colletotrichum*, *Diaporthe*, *Neopestalotiopsis*, *Hypoxyton* y *Aspergillus*). En la localidad que se encontró la menor diversidad fue Alacao con tres géneros (*Fusarium*, *Neopestalotiopsis* y *Nigrospora*).
4. La localidad con la mayor diversidad fúngica según el índice de riqueza fue Tunshi con un valor de 15,60 proveniente de cladodios sintomáticos, mientras que la localidad con la mayor diversidad fúngica según el índice de Shannon fue Los Chingazos con un valor de 13,96 proveniente de cladodios asintomáticos.

#### 5.2. Recomendaciones

1. Llevar a cabo una caracterización biológica de los hongos encontrados en las diferentes localidades
2. Utilizar otros marcadores moleculares como el factor de elongación y traducción (TEF), para una identificación a nivel de especie de los géneros encontrados en el estudio.
3. Estudiar diferentes metodologías para la esporulación de los hongos encontrados, en el presente estudio para complementar la identificación molecular y cultural con una caracterización morfológica.

## GLOSARIO

**Agar:** es un polisacárido que se forma por la agarosa y agarpectina y que se utiliza principalmente como agente gelificante (Villalobos et al., 2007, págs. 57-65).

**Aislamiento:** es un proceso en el que se toman muestras de material biológico para conocer y analizar sus características particulares (Muñoz et al., 2015, págs. 77-91)

**Caracterización:** es una técnica a través de la cual se pueden determinar las características individuales de las muestras para identificar sus elementos particulares (Muñoz et al., 2015, págs. 77-91)

**Electroforesis:** es un procedimiento empleado para la separación de biomoléculas de acuerdo con su movilidad y naturaleza (Montalvo y Lugo, 2019, págs. 48-54).

**Especie:** categoría taxonómica fundamental, que permite identificar con un nombre científico a los individuos que presentan características similares (Arija, 2013, págs. 1-10).

**Género:** denominación común entre varias especies que se encuentran ligeramente relacionadas entre sí (Arija, 2013, págs. 1-10).

**Medio de Cultivo:** es un ambiente que imita las condiciones naturales apropiadas para el crecimiento de microorganismos (Gómez y Batista, 2006, págs. 17-24).

**Micelio:** es una parte del aparato vegetativo que se encuentra en los hongos formado principalmente por filamentos ramificados en forma de raíz (Gómez y Batista, 2006, págs. 17-24).

**PCR:** técnica in vitro utilizada para lograr la amplificación de una secuencia específica del ADN (Pedrosa, 1999, págs. 1-10).

**Primer:** secuencias cortas de moléculas de ácidos nucleicos empleados para la amplificación de un gen o un fragmento de ADN a través de PCR (Pedrosa, 1999, págs. 1-10).

**Secuenciamiento:** es una herramienta que permite conocer el código genético presente en muestras (Pedrosa, 1999, págs. 1-10).

**Signo:** se refiere a la presencia visible y medible del agente causal de una enfermedad (Arija, 2013, págs. 1-10).

**Síntoma:** manifestación externa de una enfermedad (Arija, 2013, págs. 1-10).

**Taxonomía:** disciplina científica que estudia las características compartidas por los organismos para agruparlos y clasificarlos. (Arija, 2013, págs. 1-10).

## BIBLIOGRAFÍA

1. **ALLENDE, R.; et al.** *Identificación Morfológica y Molecular de *Penicillium oxalicum* Causante de Pudrición de Tallos y Frutos de Tomate*. Revista mexicana de fitopatología. [En línea], 2013. (México). 31 (1). [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0185-33092013000100002](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0185-33092013000100002)
2. **ALMANZA, P.; et al.** *Manual para el cultivo de frutales en el trópico*. Produmedios. [En línea], 2012. (Colombia). 1era Edición. 160 [Consulta: 12 de mayo de 2024]. Disponible en: [https://www.researchgate.net/publication/256681369\\_Tuna\\_Opuntia\\_ficus-indica\\_L\\_Miller](https://www.researchgate.net/publication/256681369_Tuna_Opuntia_ficus-indica_L_Miller)
3. **ALVARADO, V. Y SANTÍN, J.** *Plagas y enfermedades de la tuna *Opuntia ficus indica* L. en las condiciones ecológicas de la provincia de Loja*. Bosques Latitud Cero [En línea], 2017. (Ecuador). 7(1), págs. 1-17. [Consulta: 02 de febrero de 2024]. Disponible en: [https://www.researchgate.net/publication/317954097\\_Plagas\\_y\\_enfermedades\\_de\\_la\\_tuna\\_Opuntia\\_ficus\\_indica\\_L\\_en\\_las\\_condiciones\\_ecologicas\\_de\\_la\\_provincia\\_de\\_Loja\\_Pests\\_and\\_diseases\\_of\\_tuna\\_Opuntia\\_ficus\\_indica\\_L\\_In\\_the\\_ecological\\_conditions\\_of\\_the\\_province](https://www.researchgate.net/publication/317954097_Plagas_y_enfermedades_de_la_tuna_Opuntia_ficus_indica_L_en_las_condiciones_ecologicas_de_la_provincia_de_Loja_Pests_and_diseases_of_tuna_Opuntia_ficus_indica_L_In_the_ecological_conditions_of_the_province)
4. **ARIJA, C.** *Taxonomía, Sistemática y Nomenclatura, herramientas esenciales en Zoología y Veterinaria*. Revista Electrónica de Veterinaria, [En línea], 2012. (España) 13 (7). Págs. 1-10. [Consulta: 03 de marzo de 2024]. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/636/63624404021.pdf>
5. **AVELAR, J.; et al.** *Hongos asociados con la enfermedad "miada de perro" en el cultivo de chile*. Rev. Mex. Cienc. Agríc [En línea]. 2011, 2 (1). Págs. 155-160 [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2007-09342011000100012&lng=es&nrm=iso](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342011000100012&lng=es&nrm=iso)
6. **BAHRIM, G. y SOPTICA, F.** *Correlative effect of solid media on yellow pigmentogenesis at an *Epicoccum* sp. Strain*. Periodico Di Mineralogia. [En línea]. 2020. 89 (3). [Consulta: 1 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://periodicodimineralogia.it/wp-content/uploads/2022/02/20208933.pdf>
7. **BAGGIO, R.; et al.** *Pudrición de la raíz y corona en fresa*. Dirección General De Sanidad Vegetal. [En línea], 2021. [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://cesavem.mx/images/Berries/Neopestalotiopsis%20rosae.pdf>
8. **BALMAS, V.; et al.** *"Le specie di *Fusarium* piú comuni in Italia". Suggestimenti per il loro riconoscimento. Istituto Sperimentale per la Patologia Vegetale*. Petria Giornale di Patologia delle Piante, 2020. (Italia) 10(1), págs. 1-60.

9. **BARONTINI, J.; et al.** *Presencia de Aspergillus flavus en lotes de maíz de Santiago del Estero, norte de Córdoba y este de Tucumán.* Revista técnica red de innovadores maíz. [En línea], 2020. [Consulta: 24 de mayo de 2024]. Disponible en: [https://issuu.com/aapresid/docs/maiz\\_vf\\_web/s/10805097](https://issuu.com/aapresid/docs/maiz_vf_web/s/10805097)
10. **BERNUY, M; et al.** *Estudio microbiológico de presencia de Penicillium spp. en muestras de tocosh de papa y maíz.* Revista de Investigación Universidad Norbert Wiener. [En línea], 2023. 12 (1): a0022. [Consulta: 12 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://doi.org/10.37768/unw.rinv.12.01.a0022>
11. **BRAVO, H. Y SÁNCHEZ M.** *Las cactáceas de México.* Volumen I. 2ª edición. Universidad Nacional Autónoma de México. [En línea], 1978. [Consulta: 03 de febrero de 2024]. Disponible en: [https://www.academia.edu/24808346/\\_Bravo\\_Hollis\\_H\\_Las\\_Cactaceas\\_de\\_Mexico\\_Vol\\_1\\_Bookos\\_org\\_](https://www.academia.edu/24808346/_Bravo_Hollis_H_Las_Cactaceas_de_Mexico_Vol_1_Bookos_org_)
12. **CABRERA, R.; et al.** *Estrategias para el control del hongo fitopatógeno Fusarium en el sector agrícola: del control químico al control biológico.* Frontera biotecnológica. [En línea], 2019. [Consulta: 12 de mayo de 2024]. Disponible en: [https://www.revistafronterabiotecnologica.cibatlaxcala.ipn.mx/volumen/vol12/pdf/vol\\_12\\_3.pdf](https://www.revistafronterabiotecnologica.cibatlaxcala.ipn.mx/volumen/vol12/pdf/vol_12_3.pdf)
13. **CARRIÓN, G y DESGARENNES, D.** *La marchitez de los cultivos causada por los hongos Fusarium.* Crónica. [En línea], 2022. [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.inecol.mx/inecol/index.php/es/ct-menu-item-25/ct-menu-item-27/17-ciencia-hoy/1705-la-marchitez-de-los-cultivos-causada-por-los-hongos-fusarium>
14. **CARDOSO, R.; et al.** *Epicoccum sorghinum in food: occurrence, genetic aspects and tenuazonic acid production.* Elsevier [En línea], 2018. 23. 44-48. [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S2214799318300468>
15. **CISTERNA, R.** *Desafíos de la Microbiología* [En línea], 2007. País Vasco: 2007. [Consulta: 03 de marzo de 2024]. Disponible en: <https://webargitalpena.adm.ehu.es/listaproductos.asp?IdProducts=UCB00188632&titulo=Desaf%EDos%20de%20la%20Microbiolog%EDa.%20Libro%20homenaje%20al%20profesor%20Ram%F3n%20Cisterna%20Cancer>
16. **COYOTL, W.; et al.** *Primer reporte de Clonostachys rosea asociado a la pudrición del fruto de aguacate en Puebla, México.* Revista mexicana de fitopatología. [En línea], 2022. (México). 40 (2). [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en:

[https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0185-33092022000200011&script=sci\\_arttext&tlng=es](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0185-33092022000200011&script=sci_arttext&tlng=es)

17. **CROUS, P.; et al.** *Fusarium: more than a node or a foot-shaped basal cell*. Studies In Mycology. [En línea], 2021. 98 (100116). [Consulta: 12 de mayo de 2024]. Disponible en: [www.studiesinmycology.org](http://www.studiesinmycology.org)
18. **CRUZ, C.; et al.** *Utilización de microorganismos para una agricultura sostenible en México: consideraciones y retos*. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. [En línea], 2021. (México). 12(5). Págs.899-913. [Consulta: 03 de marzo de 2024]. Disponible en: <https://www.scielo.org.mx/pdf/remexca/v12n5/2007-0934-remexca-12-05-899.pdf>
19. **DESJARDINS, A.** *Fusarium mycotoxins*. Chemistry, genetics, and biology. [En línea], 2006. (Estados Unidos) 3 (1). [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=382922>
20. **DÍAZ, J.; et al.** *Diversidad de comunidades fúngicas que habitan en tejido foliar sintomático de la uvilla Physalis peruviana en los Andes Ecuatorianos*. Revista Ecuatoriana De Medicina y Ciencias Biológicas. [En línea], 2019. (Ecuador). 40 (2). [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://remcb-puce.edu.ec/remcb/article/view/762/660>
21. **ERAZO, A.; et al.** *Caracterización socio productivo de la Opuntia ficus indica (Tuna) en las comunidades del cantón Guano*. Bosques Latitud Cero, [En línea], 2021 (Ecuador), 11(1). Págs. 155–165. [Consulta: 03 de enero de 2024]. Disponible en: <https://revistas.unl.edu.ec/index.php/bosques/article/view/870>
22. **ESPINOZA, M.; et al.** *Identificación y caracterización morfológica de hongos asociados a daños en tuna (Opuntia ficus-indica), en la provincia de Chimborazo, Ecuador*. Revis Bionatura [En línea], 2023, (Ecuador) 8(3). [Consulta: 03 de marzo de 2024]. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.21931/RB/2023.08.03.14>
23. **FLORES, W.; et al.** *Actividad antagonica in vitro de Clonostachys rosea sobre Fusarium oxysporum, Alternaria solani y Botrytis cinerea*. Rebiol. [En línea], 2015 (Perú). 35 (1). Págs. 24 – 42. [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://revistas.unitru.edu.pe/index.php/faccbiol/article/view/873/802>
24. **FLORES, H.; et al.** *Reporte de Lasiodiplodia theobromae (Pat.) Griffon y Maubl. en árboles cítricos de Tamaulipas*. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. [En línea], 2021. (México) 12 (3). [Consulta: 24 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://doi.org/10.29312/remexca.v12i3.2640>
25. **GALLEGO, J; et al.** *Compatibilidad del hongo entomopatogeno Purpureocillium sp. cepa UdeA0106 con biocontroladores y productos fitosanitarios utilizados en cultivos de crisantemo*. Actualidad biológica. [En línea], 2014. 36 (101). Págs. 173 – 187. [Consulta: 24

- de mayo de 2024]. Disponible en: [https://www.researchgate.net/publication/264052451\\_Antagonismo\\_de\\_Purpureocillium\\_s\\_p\\_cepa\\_UdeA0106\\_con\\_hongos\\_aislados\\_de\\_cultivos\\_de\\_flores](https://www.researchgate.net/publication/264052451_Antagonismo_de_Purpureocillium_s_p_cepa_UdeA0106_con_hongos_aislados_de_cultivos_de_flores)
26. **GARCIA, J.; et al.** *Usos de la levadura Pichia pastoris en la producción de proteínas recombinantes*. Vaccimonitor [En línea], 2021, 30 (3). Págs. 153-163. [Consulta: 24 de mayo de 2024]. Disponible en: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1025-028X2021000300153&lng=es&nrm=iso](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1025-028X2021000300153&lng=es&nrm=iso)
  27. **GÓMEZ, G. Y BATISTA, C.** *Optimización de medios de cultivos para microorganismos, una valiosa estrategia para la producción de biopreparados de interés agrícola*. Cultivos Tropicales, [En línea], 2006 (Cuba) 27 (3) Págs. 17-24. [Consulta: 27 de marzo de 2024]. Disponible en: <https://www.ugr.es/~cjl/medios%20de%20cultivo.pdf>
  28. **GOMES, R.; et al.** *Diaporthe: a genus of endophytic, saprobic and plant pathogenic fungi*. Persoonia. [En línea], 2013. 31 (1) [Consulta: 15 de mayo de 2024]. Disponible en: 10.3767/003158513X666844
  29. **GOMES, R.; et al.** *Identificación de hongos asociados a las enfermedades de Cereus jamacaru y Cereus hildmannianus*. Rev. mex. fitopatol [En línea]. 2020. 38 (2). Págs. 250-257 [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.2002-3>.
  30. **GONZÁLEZ, A.; et al.** *Primer informe de Nodulosporium (Xylariaceae) en Theobroma cacao L. en Chiapas, México y pruebas de patogenicidad*. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. [En línea], 2019 (México). 10 (4). [Consulta: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://cienciasagricolas.inifap.gob.mx/index.php/agricolas/article/view/1657/2370>
  31. **GORTARI, M. Y ROQUE A.** *Purpureocillium lilacinum LPSC # 876: Producción de conidias en cultivos sobre sustratos sólidos y evaluación de su actividad sobre Nacobbus aberrans en plantas de tomate*. Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata. [En línea], 2016. 115 (2). Págs. 239-249. [Consulta: 24 de mayo de 2024]. Disponible en: <Dialnet-PurpureocilliumLilacinumLPSC876-5832639.pdf>
  32. **GUARNACCIA, V.; et al.** *Diaporthe diversity and pathogenicity revealed from a broad survey of grapevine diseases in Europe*. Persoonia. [En línea], 2018. 40. [Consulta: 15 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.ingentaconnect.com/content/nhn/pimj/2018/00000040/00000001/art00007;jsessionid=3li5co7vgm24h.x-ic-live-01>
  33. **GRANATA, G.; et al.** *Enfermedades del nopal. FAO: Ecología del cultivo, manejo y usos del nopal* [en línea]. 2018. (Argentina), págs. 119-127. [Consulta: 03 de marzo de 2024]. Disponible en: <https://www.fao.org/3/i7628es/i7628es.pdf>

34. **HAN, P.; et al.** *Metabolites from Clonostachys Fungi and Their Biological Activities*. J. Fungi [En línea]. 2020. 6 (229). [citado el: 12 de mayo de 2024], Disponible en: doi:10.3390/jof6040229
35. **HAN, Z.; et al.** *Clonostachys rósea Promotes Root Growth in Tomato by Secreting Auxin Produced through the Tryptamine Pathway*. J. Fungi [En línea]. 2022. 8 (1166). [citado el: 12 de mayo de 2024], Disponible en: <https://doi.org/10.3390/jof8111166>
36. **HONRUBIA, M.; et al.** *Biología forestal: Técnicas de micorrización y micropropagación de plantas*. Murcia, España: Universidad de Murcia. 1995.
37. **INSTITUTO NACIONAL DE SEGURIDAD Y SALUD EN EL TRABAJO.** *Penicillium spp.* [En línea]. 2022. (España). [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: <https://www.insst.es/agentes-biologicos-basebio/hongos/penicillium-spp>
38. **LANDERO, N.; et al.** *Alternativas para el control de Colletotrichum spp.* Revista mexicana de ciencias agrícolas. [En línea] 2016. (México) 7 (5). [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: [https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2007-09342016000501189](https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342016000501189)
39. **LEIVA, M. Y MOROCHO, M.** *Microorganismos eficientes, propiedades funcionales y aplicaciones agrícolas*. [En línea] Ctro. Agr., 2019. [Citado el: 20 de Noviembre de 2023.] Disponible en: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0253-57852019000200093](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-57852019000200093).
40. **LUJÁN, M. Y TRILLO, C.** *Diversidad de especies naturalizadas del género Opuntia (Cactaceae) utilizadas por los pobladores del norte de Córdoba (Argentina)*. Bol. Soc. Argent. Bot. [En línea] 2017. 52(1). Págs. 193-208. [Citado el: 20 de Noviembre de 2023.] Disponible en: <http://www.scielo.org.ar/pdf/bsab/v52n1/v52n1a14.pdf>
41. **MARTÍN, L.** *Una cepa del hongo Fusarium oxysporum como biofertilizante*. Tecnología hortícola. [En línea] 2023. [citado el: 12 de mayo de 2024], Disponible en: <https://www.tecnologiahorticola.com/cepa-hongo-fusarium-oxysporum-biofertilizante/>
42. **MÉNDEZ, S.; et al.** *Identificación y control de las principales enfermedades del Nopal*. Revista Salud Publica y Nutrición [En línea] 2009. 2 (14). Págs. 2-13. [Citado el: 20 de Noviembre de 2023.] Disponible en: <https://docplayer.es/24775727-Identificacion-y-control-de-las-enfermedades-mas-comunes-en-el-nopal.html>
43. **BRAGA, R.; ET AL.** *The biotechnological potential of Epicoccum spp.: diversity of secondary metabolites*. Critical Reviews in Microbiology, [En línea] 2018. 44(6), 759–778. [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: <https://doi.org/10.1080/1040841X.2018.1514364>

44. **MINISTERIO DE AGRICULTURA Y GANADERÍA (MAG).** La producción de tuna, una actividad rentable. Quito, Ecuador: Ministerio de Agricultura y Ganadería. 2017. [Citado el: 04 de marzo de 2024.]
45. **MORALES, A.; et al.** *Alternativas sostenibles para el control de Lasiodiplodia theobromae (Pat.) Griffon & Maubl en mango.* Tropical and Subtropical Agroecosystems. [En línea] 2014. 27 (21). [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: [https://repositorio.inia.gob.pe/bitstream/20.500.12955/2427/2/Morales\\_et-al\\_2023\\_biofertilizante\\_mango.pdf](https://repositorio.inia.gob.pe/bitstream/20.500.12955/2427/2/Morales_et-al_2023_biofertilizante_mango.pdf)
46. **Montalvo, C. y Lugo, M.** *ELECTROFORÉISIS: FUNDAMENTOS, AVANCES Y APLICACIONES.* EPISTEMUS, [EN LÍNEA] 2019. 13 (26), PÁGS. 48–54. [CITADO EL: 28 DE MARZO DE 2024.] DISPONIBLE EN: [HTTPS://DOI.ORG/10.36790/EPITEMUS.V13I26.96](https://doi.org/10.36790/epistemus.v13i26.96)
47. **MONTREAL, C.; et al.** *Hongos patógenos del garambullo Myrtillocactus geometrizan (Mart. ex. Pfeiff.) Console en Mexquitic de Carmona, San Luis Potosí, México.* Revista Iberoamericana de Ciencias. [En línea] 2014. [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: <http://www.reibci.org/publicados/2014/noviembre/0600118.pdf>
48. **MUÑOZ, V. et al.** *Aislamiento de microorganismos fitopatógenos.* (Chile). Inia. [En línea] 2015. 5, págs. 77-91. [Citado el: 03 de abril de 2024.] Disponible en: <https://biblioteca.inia.cl/bitstream/handle/20.500.14001/6945/NR42411.pdf>
49. **ORMEÑO, S.** *Enfermedades de las plantas.* [En línea] 2023. 1era edición. España. [citado el: 12 de mayo de 2024], Disponible en: <https://oa.upm.es/75936/1/EnfPlantasOrmeno.pdf>
50. **PAUCARA, C. y DEL CASTILLO, C.** *Caracterización física y química de la tuna (Opuntia ficus indica) en el municipio de Luribay, La Paz - Bolivia. Agro-Vet,* [En línea] 2021. 5 (1). Págs. 5-13. [Citado el: 20 de Noviembre de 2023.] Disponible en: [http://revistasbolivianas.umsa.bo/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2523-20372021000100001&lng=es&nrm=iso&tlng=es](http://revistasbolivianas.umsa.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2523-20372021000100001&lng=es&nrm=iso&tlng=es)
51. **PAVÓN, M.; et al.** *Importancia del género Alternaria como patógeno de cultivos vegetales.* Fitopatología. [En línea] 2015. 265. [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: [https://www.phytoma.com/images/pdf/265\\_ENERO\\_2015\\_TT\\_fitopatologia\\_alternaria.pdf](https://www.phytoma.com/images/pdf/265_ENERO_2015_TT_fitopatologia_alternaria.pdf)
52. **PÉREZ, M. y SÁNCHEZ, G.** *Mohos productores de micotoxinas.* Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán – UNAM. [En línea] 2022. [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: [https://masam.cuautitlan.unam.mx/mohos\\_toxigenos\\_unigras/index.html#about](https://masam.cuautitlan.unam.mx/mohos_toxigenos_unigras/index.html#about)
53. **PEDROSA, A.** *Reacción en cadena de la polimerasa. AMC.* Revista Archivo Médico de Camagüey [En línea]. 1999, 3 (2). Págs. 1-10. [Citado el: 20 de noviembre de 2023.]

Disponible en: [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1025-02551999000200011](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1025-02551999000200011)

54. **PES, M.; et al.** Bioherbicide based on *Diaporthe* sp. secondary metabolites in the control of three tough weeds. *African Journal of Agricultural Research*, 11(42), 4242-4249. [En línea]. 2016. [citado el: 12 de mayo de 2024], Disponible en: <https://academicjournals.org/journal/AJAR/article-full-text/C3779A361268>
55. **PICO, J., et al.** Evaluación de la Dispersión de Esporas de *Alternaria* sp. en el Cultivo de Pitahaya (*Selenicereus megalanthus*) en Palora. INIAP. [En línea]. 2019. [citado el: 12 de mayo de 2024], Disponible en: <https://repositorio.iniap.gob.ec/bitstream/41000/5408/1/Evaluaci%C3%B3n%20de%20la%20Dispersi%C3%B3n%20de%20Esporas%20de%20Alternaria%20sp.%20en%20el%20Cultivo%20de%20Pitahaya.pdf>
56. **PICOS, P.; et al.** *Lasiodiplodia theobromae* en Cultivos Agrícolas de México: Taxonomía, Hospedantes, Diversidad y Control. *Revista Mexicana de Fitopatología*. [En línea]. 33 (1). Págs. 54-74. [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: <https://www.scielo.org.mx/pdf/rmfi/v33n1/2007-8080-rmfi-33-01-00054-en.pdf>
57. **QUIROGA, N.; et al.** *Antracnosis, una enfermedad limitante para la producción de papaya. Croplife*. [En línea]. 2021. [citado el: 11 de mayo de 2024], Disponible en: <https://croplifela.org/es/plagas/listado-de-plagas/antracnosis>
58. **RAMOS, M.; et al.** *Efecto de diferentes medios de cultivo sobre la patogenicidad de Aspergillus flavus en frutos de higo*. *Revista Mexicana de FITOPATOLOGÍA*. [En línea], 2019. 37 (1). [citado el: 24 de mayo de 2024], Disponible en: 10.18781/R.MEX.FIT.1903-2
59. **REYES, P.; et al.** *El género Hypoxylon (Xylariales, Ascomycota) en el bosque tropical caducifolio de cuatro Áreas Naturales Protegidas de México*. *Act. Bot. Mex* [En línea]. 2020, 127 [citado el: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://doi.org/10.21829/abm127.2020.1680>.
60. **RIVAS, F.** *Etiología y caracterización del cogollo de la palma de aceite (Elaeis guineensis Jacq.) en San Lorenzo, Esmeraldas, Ecuador*. 2015 [Doctoral] Central “Marta Abreu” de las Villas, Santa Clara, Cuba. [Citado el: 02 de febrero de 2024]. Disponible en: <https://dspace.uclv.edu.cu/bitstream/handle/123456789/6889/Tesis%20Dr.%20Fernando%20Rivas%20Figueroa.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.
61. **RODRÍGUEZ, C.; et al.** *Bacterias y hongos endófitos de la familia Cactaceae y sus aplicaciones*. *TIP* [En línea]. 2021, 24 [citado el: 05 de mayo de 2024], Disponible en: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1405-888X2021000100205&lng=es&nrm=iso](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-888X2021000100205&lng=es&nrm=iso).

62. **SEVILLA, H. Y ERAZO, A.** *Estudio multiespectral del cultivo de tuna para determinar los índices NDVI, CWSI y SAVI, a partir de imágenes SENTINEL 2A, en el cantón Guano, provincia de Chimborazo, Ecuador.* Enfoque UTE, [En línea] 2019. 10(3) págs. 55-66. [Citado el: 02 de febrero de 2024.] Disponible en: <https://doi.org/10.29019/enfoque.v10n3.453>.
63. **SINGH, G., et al.** *Introduction. In: Alternaria Diseases of Crucifers: Biology, Ecology and Disease. Management* [En línea], 2016, pp.1-16 [citado el: 05 de mayo de 2024]. Disponible en: [https://doi.org/10.1007/978-981-10-0021-8\\_1](https://doi.org/10.1007/978-981-10-0021-8_1)
64. **SOTO, M.; et al.** *Inoculación de sustrato con bacterias ácido lácticas para el desarrollo de plántulas de Moringa oleifera Lam.* Cuban Journal of Agricultural Science. [En línea] 2017. 51 (2). Págs. 241- 247. [Citado el: 02 de febrero de 2024.] Disponible en: <http://scielo.sld.cu/pdf/cjas/v51n2/cjas10217.pdf>
65. **STEWART, S.** *CARACTERIZACIÓN DEL AGENTE CAUSAL DEL CANCRO DEL TALLO DE LA SOJA EN URUGUAY.* AGROCIENCIA URUGUAY [EN LÍNEA]. 2015, 19 (1) [CITADO EL: 15 DE MAYO DE 2024] DISPONIBLE EN: <[http://www.scielo.edu.uy/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2301-15482015000100008&lng=es&nrm=iso](http://www.scielo.edu.uy/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2301-15482015000100008&lng=es&nrm=iso)>. ISSN 1510-0839.
66. **SU, P., et al.** *Photosynthetic bacterium rhodospseudomonas palustris GJ-22 induces systemic resistance against viruses.* Microb Biotechnol. [En línea] 2017. 10 (3). págs 612-624. [Citado el: 20 de noviembre de 2023.] Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28296178/>
67. **SUTTON, J. y MASON, T.** *Cepa aislada de Clonostachys rosea para su uso como agente de control biológico.* [En línea] 2014. [Citado el: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://patentimages.storage.googleapis.com/77/36/7c/976327695e3784/ES2714873T3.pdf>
68. **TAGUIAM, J.; et al.** *Epicoccum species: ubiquitous plant pathogens and effective biological control agents.* Eur J Plant Pathol [en línea], 2021, 159, pp. 713–725. [Citado el: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s10658-021-02207-w>
69. **TAPIA, C. y AMARO, J.** *Género Fusarium.* Retrato Microbiológico. [En línea] 2014. 31 (1). págs 85-86. [Citado el: 11 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://scielo.conicyt.cl/pdf/rci/v31n1/art12.pdf>
70. **QUYNH, H., et al.** *Opuntia ficus-indica (l.): an overview of the recent application and opportunities in food.* Trop J Nat Prod Res, [En línea] 2024. 8 (1), Págs. 5734-5745. [Citado el: 20 de noviembre de 2023.] Disponible en: [https://www.researchgate.net/publication/378011647\\_Opuntia\\_ficus-indica\\_L\\_An\\_Overview\\_of\\_the\\_Recent\\_Application\\_and\\_Opportunities\\_in\\_Food](https://www.researchgate.net/publication/378011647_Opuntia_ficus-indica_L_An_Overview_of_the_Recent_Application_and_Opportunities_in_Food)

71. **VEITÍA, N.; et al.** *Aplicación de la selección in vitro en el mejoramiento genético de la papa para la resistencia al Tizón temprano.* Biotecnología vegetal. [En línea] 2008. 8 (1). [Citado el: 12 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://revista.ibp.co.cu/index.php/BV/rt/printerFriendly/329/750>
72. **VILLALOBOS, A.** *Evaluación por método ecométrico de agar obtenido de algas rojas colombianas.* Universitas Scientiarum, [En línea] 2007. 12 (3). págs. 57-65. [Citado el: 28 de marzo de 2024.] Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/499/49912306.pdf>
73. **VURUKONDA, S., et al.** *Plant Growth Promoting And Biocontrol Activity Of Streptomyces Spp. As Endophytes.* Int J Mol Sci. [En línea] 2018. 19 (4). [Citado el: 04 de marzo de 2024.] Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29565834/>
74. **WU, H.; et al.** *First report of Neopestalotiopsis rosae causing leaf blight and crown rot on strawberry in Taiwan.* Plant Disease, [En línea] (2021). 105(2). Págs. 487–487. [Citado el: 24 de mayo de 2024.] Disponible en: <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-20-1045-PDN>
75. **ZIMMERMANN, H. Y GRANATA, G.** *Chapter 14 - Insect pests and diseases. en nobel (ed). cacti: biology and uses* [en línea], 2002, California Scholarship Online., págs 235-254. [Citado el: 04 de marzo de 2024.] Disponible en: <https://doi.org/10.1525/california/9780520231573.003.0014>



## ANEXOS

### ANEXO A: CÁLCULO PARA DETERMINAR REACTIVOS Y CANTIDAD PARA PREPARAR MEDIO AGAR MALTA MODIFICADO

Material	Cantidad
Extracto de malta (MERCK)	10 g
Extracto de levadura (GIBCO)	2 g
Bacto Agar (BD DIFCO™) en 1000 ml de agua destilada	20 g

Realizado por: Gavilanez, 2024.

### ANEXO B: CÁLCULO PARA DETERMINAR REACTIVOS, MATERIALES Y CANTIDAD PARA PREPARAR MEDIO AGAR AVENA

Material	Cantidad
Bacto-Agar (BD DIFCO™)	20 g
Avena	40 g en 1000 ml de agua destilada

Realizado por: Gavilanez, 2024.

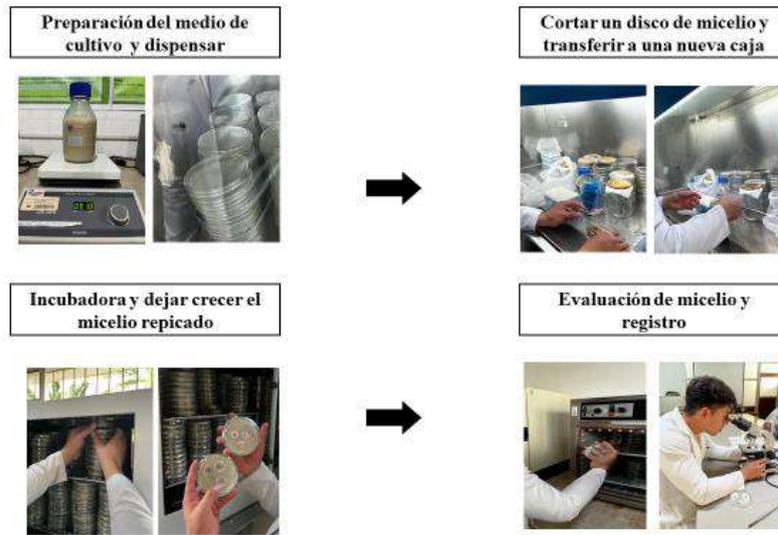
### ANEXO C: PREPARACIÓN DEL MEDIO DE CULTIVO AGAR MALTA MODIFICADO

#### PREPARACIÓN DE MEDIO DE CULTIVO

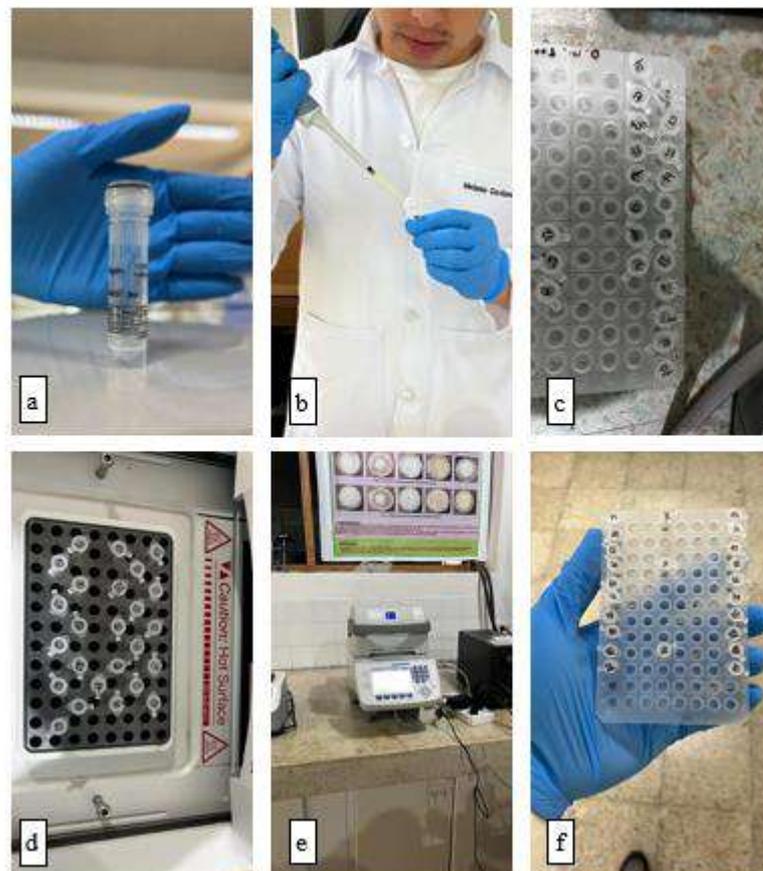


## ANEXO D: PROCEDIMIENTO AISLAMIENTO MEDIANTE REPICADO CONSECUTIVO

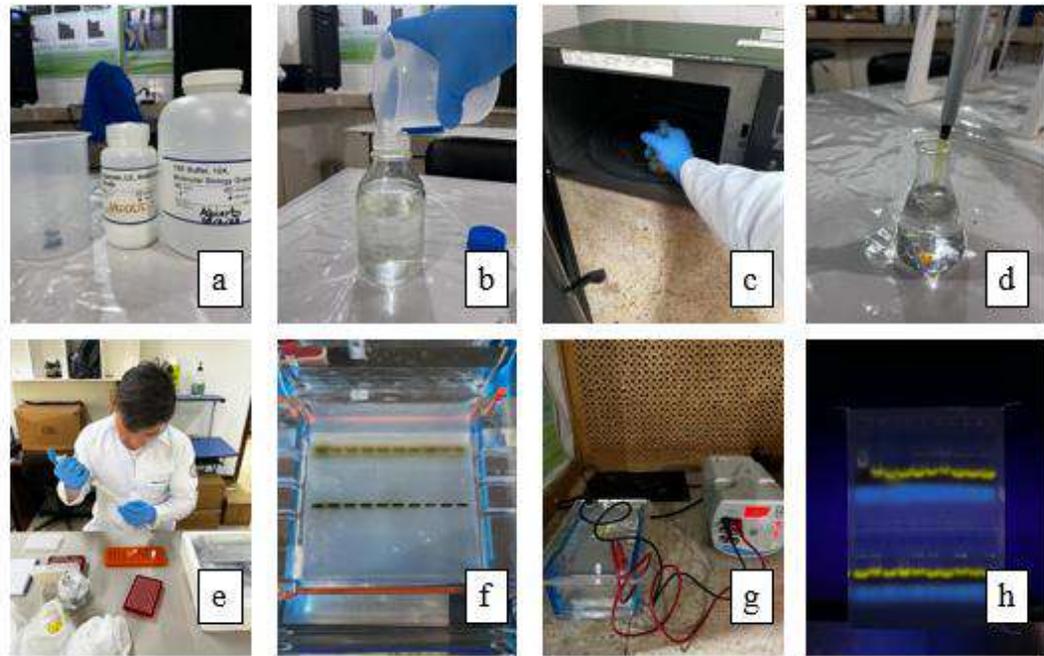
### AISLAMIENTO CONSECUTIVO PARA LA OBTENCION DE CULTIVOS PUROS



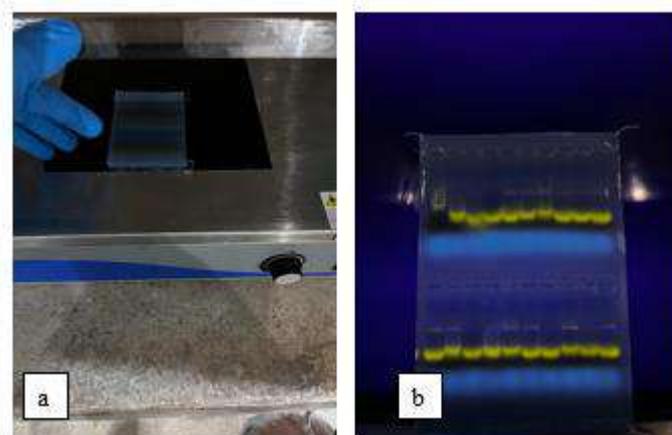
## ANEXO E: PROCESO DE REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA



**ANEXO F: PROCESO ELECTROFORESIS DE RESULTADOS DE PCR (REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA)**



**ANEXO G: GELES DE AGAROSA OBTENIDOS EN ELECTROFORESIS CON PRIMERS ITS 1 Y ITS 4**



**ANEXO H: CRECIMIENTO DE MICROORGANISMOS FÚNGICOS PREVALENTES EN TUNA (CLADODIOS) DE LAS LOCALIDADES EN ESTUDIO**



**ANEXO I: CRECIMIENTO DE MICROORGANISMOS FÚNGICOS PREVALENTES EN TUNA (SUELO) DE LAS LOCALIDADES EN ESTUDIO**



**ANEXO J: MICROORGANISMOS FÚNGICOS DE TUNA PREVALENTES AISLADOS  
MEDIANTE REPICADOS CONSECUTIVOS**

<b>Tunshi Cladodios Sintomáticos</b>			
Numero	Medio	Morfotipo	Código
A1	Pda	Blanco	10R-8/1
A2	Malta	Blanco	10R-8/1
A3	Pda	Blanco	10R-8/1
A4	Malta	Blanco	10R-8/1
A5	Pda	Blanco	10R-8/1
A6	Malta	Blanco	10R-8/1
A7	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A8	Malta	Blanco	10R-8/1
A9	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A10	Malta	Aceituna Grisáceo	7,5Y-5/2
A11	Pda	Gris Verdoso Claro	10GY-8/1
A12	Malta	Blanco	10R-8/1
A13	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A14	Malta	Blanco	10R-8/1
A15	Pda	Amarillo Ligerero	7,5YR-8/3
A16	Malta	Blanco	10R-8/1
A17	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A18	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A19	Pda	Blanco	10R-8/1
A20	Malta	Amarillo	5Y-8/8
A21	Pda	Amarillo Ligerero	7,5YR-8/3
A22	Malta	Amarillo	5Y-8/8
<b>Tunshi Cladodios Asintomáticos</b>			
A23	Pda	Blanco	10R-8/1
A24	Malta	Amarillo Ligerero	7,5YR-8/3
A25	Pda	Gris Aceituna	10Y-6/2
A26	Malta	Gris Rojizo Ligerero	10R-7/1
A27	Pda	Blanco	10R-8/1
A28	Malta	Amarillo	5Y-8/8

A29	Pda	Blanco	10R-8/1
A30	Malta	Blanco	10R-8/1
A31	Pda	Blanco	10R-8/1
A32	Malta	Amarillo Ligero	7,5YR-8/3
A33	Pda	Blanco	10R-8/1
A34	Malta	Blanco	10R-8/1
A35	Pda	Blanco Grisáceo	N-7/10
A36	Malta	Gris Aceituna	10Y-6/2
A37	Pda	Blanco Grisáceo	N-7/10
A38	Malta	Blanco	10R-8/1
A39	Pda	Blanco	10R-8/1
A40	Malta	Blanco	10R-8/1
A41	Pda	Blanco	10R-8/1
A42	Malta	Negro Parduzco	5YR-2/2
<b>Alacao Cladodios Sintomáticos</b>			
A43	Pda	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A44	Malta	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A45	Pda	Amarillo	5Y-8/8
A46	Malta	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A47	Pda	Blanco	10R-8/1
A48	Malta	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A49	Pda	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A50	Malta	Amarillo Ligero	7,5YR-8/3
A51	Pda	Blanco	10R-8/1
A52	Malta	Blanco	10R-8/1
A53	Pda	Amarillo	5Y-8/8
<b>Alacao Cladodios Asintomáticos</b>			
A54	Pda	Blanco	10R-8/1
A55	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A56	Pda	Blanco	10R-8/1
A57	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A58	Pda	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A59	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A60	Pda	Amarillo	5Y-8/8

A61	Malta	Blanco	10R-8/1
A62	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A63	Malta	Blanco	10R-8/1
A64	Pda	Amarillo	5Y-8/8
<b>Los Chingazos Cladodios Sintomáticos</b>			
A65	Pda	Blanco	10R-8/1
A66	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A67	Pda	Gris Aceituna Claro	5GY-7/1
A68	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A69	Pda	Gris Rojizo Ligero	10R-7/1
<b>Los Chingazos Cladodios Asintomáticos</b>			
A70	Pda	Aceituna Grisáceo	7,5Y-5/2
A71	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A72	Pda	Blanco	10R-8/1
A73	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A74	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A75	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A76	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A77	Malta	Gris Rojizo Ligero	10R-7/1
A78	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A79	Malta	Gris Verdoso Claro	10GY-8/1
A80	Pda	Gris Rojizo Ligero	10R-7/1
A81	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A82	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A83	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A84	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A85	Malta	Gris Claro	2,5GY-8/1
A86	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1
A87	Malta	Blanco	10R-8/1
A88	Pda	Gris Claro	2,5GY-8/1

Realizado por: Gavilanez, 2024.

**ANEXO K: ABUNDANCIA DE MICROORGANISMOS FÚNGICOS PREVALENTES DE TUNA AGRUPADA POR MORFOTIPO (COLOR)**

<b>Numero</b>	<b>Código</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
1	10R-8/1	Blanco	32
2	2,5GY-8/1	Gris Claro	24
3	7,5Y-5/2	Aceituna Grisáceo	2
4	10GY-8/1	Gris Verdoso Claro	2
5	7,5YR-8/3	Amarillo Ligero	5
6	5Y-8/8	Amarillo	7
7	10R-7/1	Gris Rojizo Ligero	4
8	10Y-6/2	Gris Aceituna	2
9	N-7/10	Blanco Grisáceo	2
10	5YR-2/2	Negro Parduzco	1
11	5GY-7/1	Gris Aceituna Claro	7

Realizado por: Gavilanez, 2024.

**ANEXO L: ABUNDANCIA LOCALIDAD TUNSHI CLADODIOS SINTOMÁTICOS**

<b>Medio</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
PDA	Blanco	4
MALTA	Blanco	7
PDA	Gris Claro	4
MALTA	Gris Claro	1
PDA	Amarillo Ligero	2
MALTA	Amarillo	2
MALTA	Aceituna Grisáceo	1
PDA	Gris Verdoso Claro	1
<b>Total</b>		<b>22</b>

Realizado por: Gavilanez, 2024.

**ANEXO M: ABUNDANCIA LOCALIDAD TUNSHI CLADODIOS ASINTOMÁTICOS**

<b>Medio</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
PDA	Blanco	7
MALTA	Blanco	4
PDA	Gris Aceituna	1
MALTA	Gris Aceituna	1
MALTA	Amarillo Ligerero	2
MALTA	Gris Rojizo Ligerero	1
MALTA	Amarillo	1
PDA	Blanco Grisáceo	2
MALTA	Negro Parduzco	1
Total		20

**ANEXO N: ABUNDANCIA LOCALIDAD ALACAO CLADODIOS SINTOMÁTICOS**

<b>Medio</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
PDA	Gris Aceituna Claro	2
MALTA	Gris Aceituna Claro	3
PDA	Amarillo	2
MALTA	Amarillo Ligerero	1
PDA	Blanco	2
MALTA	Blanco	1
Total		11

Realizado por: Gavilanez, 2024.

**ANEXO O: ABUNDANCIA LOCALIDAD ALACAO CLADODIOS ASINTOMÁTICOS**

<b>Medio</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
PDA	Blanco	2
MALTA	Blanco	2
PDA	Gris Claro	1
MALTA	Gris Claro	3
PDA	Gris Aceituna Claro	1
PDA	Amarillo	2
Total		11

**ANEXO P: ABUNDANCIA LOCALIDAD LOS CHINGAZOS CLADODIOS SINTOMÁTICOS**

<b>Medio</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
PDA	Blanco	1
MALTA	Gris Claro	2
PDA	Gris Aceituna Claro	1
PDA	Gris Rojizo Ligero	1
Total		5

Realizado por: Gavilanez, 2024.

**ANEXO Q: ABUNDANCIA LOCALIDAD LOS CHINGAZOS CLADODIOS ASINTOMÁTICOS**

<b>Medio</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>Abundancia</b>
PDA	Blanco	1
MALTA	Blanco	1
PDA	Gris Claro	7
MALTA	Gris Claro	6
PDA	Aceituna Grisáceo	1
MALTA	Gris Rojizo Ligero	1
PDA	Gris Rojizo Ligero	1
MALTA	Gris Verdoso Claro	1
Total		19

**ANEXO R: CUANTIFICACION DE MUESTRAS DE ADN DE LAS LOCALIDADES EN ESTUDIO**

<b>Código</b>	<b>Nombre</b>	<b>Morfotipo</b>	<b>ng/μl</b>	<b>A260/280</b>	<b>A260/A230</b>
A1	T1E2	Blanco	27.0	1.29	0.74
A2	T1E1	Verde	19.0	2.12	1.16
A3	T1E2	Verde	8.4	1.28	0.32
A4	T2E1	Gris	529.3	1.74	1.41
A5	T2E1	Gris Claro	7.7	0.95	0.18
A6	T3E2	Blanco	9.9	1.94	0.49
A7	T3E1	Blanco	472.5	1.91	2.02
A8	T1E1	Verde	6.3	1.05	0.85
A9	T3E3	Blanco	208.4	1.94	1.69
A10	T1E2	Verde	15.9	1.94	18.19
A11	T1E3	Blanco	287.3	1.24	0.87
A12	T1E1	Blanco	1359.8	2.04	2.40
A13	T1E3	Amarillo	11.0	0.61	0.10
A14	T1E3	Amarillo Ligero	2.0	0.76	0.40
A15	T1E3	Blanco	3.2	0.80	4.72
A16	T2E1	Verde	118.6	1.96	2.02
A17	T3E2	Verde Grisáceo	41.2	1.80	1.38
A18	T3E1	Blanco	81.6	1.74	0.65
A19	T3E3	Blanco	143.4	1.83	1.10
A20	T1E2	Blanco	5.2	1.12	0.13
A21	T3E1	Amarillo	25.7	1.74	0.53
A22	T2E1	Blanco	37.7	0.80	0.18
A23	T2E1	Blanco	26.0	0.93	0.74
A24	T2S2	Blanco	5.3	1.64	0.07
A25	T2S2	Blanco	7.9	1.34	2.07
A26	T3E3	Verde	3.3	1.17	0.20
A27	T3E3	Verde	12.3	0.75	0.19
A28	T2E1	Verde Grisáceo	0.7	0.54	0.04
A29	T3E1	Blanco	262.4	1.15	0.95
A30	T3E1	Blanco	27.0	1.10	0.76
A31	T1E2	Gris	3.3	0.66	0.09

A32	T1E3	Verde	126.3	1.40	1.04
A33	T1E3	Verde	25.0	1.30	0.29
A34	T3E2	Verde Grisáceo	226.6	1.62	1.12
A35	T1E2	Gris	5.1	0.86	0.10
A36	T3E1	Amarillo	101.2	1.70	1.73

**ANEXO S: MATRIZ DE UNIDADES FORMADORAS DE COLONIAS (UFC)**

<b>Código</b>	<b>Nombre</b>	<b>Lugar</b>	<b>Colonias Contadas</b>	<b>Factor De Dilución</b>	<b>Volumen Del Inóculo</b>	<b>UFC/mL</b>
B1	10T1	TUNSHI	4	10	1	4.00x10-1
B2	10T2	Tunshi	4	10	1	4.00x10-1
B3	10T3	Tunshi	3	10	1	3.00x10-1
B4	10A1	Alacao	5	10	1	5.00x10-1
B5	10A2	Alacao	6	10	1	6.00x10-1
B6	10A3	Alacao	5	10	1	5.00x10-1
B7	10CH1	Los Chingazos	8	10	1	8.00x10-1
B8	10CH2	Los Chingazos	8	10	1	8.00x10-1
B9	10CH3	Los Chingazos	6	10	1	6.00x10-1
B10	10-1T1	Tunshi	3	10 <sup>1</sup>	1	3.00x10-1
B11	10-1T2	Tunshi	1	10 <sup>1</sup>	1	1.00x10-1
B12	10-1T3	Tunshi	2	10 <sup>1</sup>	1	2.00x10-1
B13	10-1A1	Alacao	1	10 <sup>1</sup>	1	1.00x10-1
B14	10-1A2	Alacao	1	10 <sup>1</sup>	1	1.00x10-1
B15	10-1A3	Alacao	1	10 <sup>1</sup>	1	1.00x10-1
B16	10-1CH1	Los Chingazos	10	10 <sup>1</sup>	1	1.00x10-2
B17	10-1CH2	Los Chingazos	5	10 <sup>1</sup>	1	5.00x10-1
B18	10-1CH3	Los Chingazos	7	10 <sup>1</sup>	1	7.00x10-1
B19	10-2T1	Tunshi	0	10 <sup>2</sup>	1	0
B20	10-2T2	Tunshi	1	10 <sup>2</sup>	1	1.00x10-2
B21	10-2T3	Tunshi	1	10 <sup>2</sup>	1	1.00x10-2
B22	10-2A1	Alacao	2	10 <sup>2</sup>	1	2.00x10-2
B23	10-2A2	Alacao	0	10 <sup>2</sup>	1	0

B24	10-2A3	Alacao	0	10 <sup>2</sup>	1	0
B25	10-3CH1	Los Chingazos	1	10 <sup>2</sup>	1	1.00x10 <sup>-2</sup>
B26	10-3CH2	Los Chingazos	1	10 <sup>2</sup>	1	1.00x10 <sup>-2</sup>
B27	10-3CH3	Los Chingazos	0	10 <sup>2</sup>	1	0

#### ANEXO T: MATRIZ DE IDENTIFICACIÓN DE CLADODIOS

Identificación	Cladodios sanos	Cladodios sintomáticos	Cladodios asintomáticos	Color de corteza y pulpa	Signos y síntomas
CH1	1	1	1	Verde brillante	Pequeñas pústulas de color amarillo
CH2	1	2	0	Verde claro	Pequeños agujeros en el centro del cladodio con un tono gris
CH3	0	2	1	Verde brillante	Gran parte del cladodio no presentó síntomas
A1	1	0	2	Verde oscuro	Pequeñas deformaciones no asociadas a microorganismos fúngicos
A2	1	2	0	Verde claro	Pústulas de mayor tamaño con tonalidades anaranjadas
A3	1	1	1	Verde oscuro	Partes del cladodio tiene tonalidades blancas
T1	1	2	0	Verde amarillento	Presencia de mancha con tonalidades marrones
T2	2	1	0	Verde claro	Presencia pequeñas manchas amarillentas en la parte bajera del cladodio
T3	1	2	0	Verde brillante	Manchas blancas y con tonalidades grises

## ANEXO U: BLAST DE LOS MORFOTIOS AISLADOS

### MUESTRA 1\_T3E3

```
ATGTC TTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACAACATTCAA
ACCC TTTGCAAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAAATAGTTACAAC TTTCAACAACG
GATCTCTTGGTTC TGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTG
CAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTGGTATTCCATGGG
GCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTTGTCT
CGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGC
```

Job Title	1_45
RID	<a href="#">1Z6XPZYX01R</a> Search expires on 04-18 17:51 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_225045
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	343
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <span style="float:right">Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a></span>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	627	627	100%	5e-180	99.71%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	623	623	100%	7e-179	99.42%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MFLU 15.3639 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	621	621	100%	2e-178	99.42%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum gurni MFLUCC 17.1059 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum gurni</a>	621	621	100%	2e-178	99.42%	488	<a href="#">NR_165862.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum protosae ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum protosae</a>	616	616	100%	1e-176	99.13%	522	<a href="#">NR_158240.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	610	610	100%	5e-175	98.03%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospira CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospira</a>	604	604	100%	2e-173	98.54%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>

### MUESTRA T3E3

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 2\_T3E1

```
CTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACAA
CATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAATTAATAGTTACAACTTTCA
ACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGT
GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTC
CATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGT
TTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTT
CGGA
```

Job Title	2_45
RID	<a href="#">1Z78VMD801R</a> Search expires on 04-16 17:57 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	Icl Query_331947
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	364
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	667	667	100%	0.0	99.73%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuansae CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuansae</a>	660	660	100%	0.0	99.45%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MFLU 15-3639 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	654	654	100%	0.0	99.18%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum purni MFLUCC 17-1059 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum purni</a>	654	654	100%	0.0	99.18%	488	<a href="#">NR_155862.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	654	654	100%	0.0	99.18%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum italicum CGMCC 3.18361 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum italicum</a>	651	651	100%	0.0	98.90%	490	<a href="#">NR_158264.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	649	649	100%	0.0	98.90%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>

## MUESTRA T3E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 3\_T1E2

```
TACCTAAACGTTGCTTCGGCGGGAATAGACGGCCCCGTGAAACGGGCGCCCCGCCAGA
GGACCCCTAACTCTGTTTCTATAATGTTTCTTCTGAGTAAAAACAAGCAAATAAATAAAA
CTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG
TAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCA
GTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTACAACCCTCAGGCCCCGGGCCTGGC
GTTGGGGATCGGCGGAGCCTCTCTGTGGGCACACGCCGTCCCCCAAATACAGTGGCGGTC
CCGCCGAGCTTCCATCGCGTAGTAGCTAACACCTCGCGACTGGAGAGCGGCGCGGCCAC
GCCGTA AACACCCA ACTCTTCTGAAGTTGACCTCGAATCAGGT
```

Job Title	3_45
RID	1Z7H991M01R <small>Search expires on 04-18 18:02 pm</small> <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_410391
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	464
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <a href="#">Download</a> ▼ <a href="#">Select columns</a> ▼ Show 100 ▼ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium perseae</a> CPC 26829 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium perseae</a>	839	839	100%	0.0	99.35%	512	<a href="#">NR_164415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium bostrycoides</a> CBS 144.25 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium bostrycoides</a>	819	819	96%	0.0	99.78%	450	<a href="#">NR_178122.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">[Neocosmospora] thailandica</a> MFLUCC 17-2630 ITS region from TYPE material	<a href="#">[Neocosmospora] thailandica</a>	819	819	100%	0.0	98.49%	534	<a href="#">NR_189393.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ngalotongaense</a> CBS 126407 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium ngalotongaense</a>	817	817	100%	0.0	98.49%	532	<a href="#">NR_178144.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ferrugineum</a> CBS 109028 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium ferrugineum</a>	800	800	100%	0.0	97.85%	576	<a href="#">NR_178097.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium waltergamsii</a> NRRL MOLD 32323 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium waltergamsii</a>	795	795	96%	0.0	98.88%	477	<a href="#">NR_159548.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium neerlandicum</a> CBS 232.34 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium neerlandicum</a>	791	791	96%	0.0	98.66%	449	<a href="#">NR_173438.1</a>

## MUESTRA T1E2

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

## MUESTRA 4\_T2E1

```
TTACAGCCTTGCTGAATTATTCACCCTTGTCTTTTGCCTACTTCTTGTTTCCTTGGTGGG
TTCGCCACCACCTAGGACAAACATAAACCTTTTGTAAATTGCAATCAGCGTCAGTAACAAA
TTAATAATTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGC
GAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCAC
ATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAGGGCATGCCGTTTCGAGCGTCATTTGTACCCTCAAGC
TTTGTCTGGTGTGGGCGTCTTGTCTCTAGCTTTGCTGGAGACTCGCCTTAAAGTAATTG
GCAGCCGGCTACTGTTTTGGAGCGCAGCACAAGTCGCACTCTCTATCAGCAAAGGTCT
AGCATCCATTAAGCCTTTTTTTCAACTTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGGATACCCGC
```

Job Title	4_45
RID	<a href="#">1Z7P5R4701R</a> Search expires on 04-18 18:04 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN ⓘ <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lclQuery_485423
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	477
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> ⓘ

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <span style="float:right">Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ ⓘ</span>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria destruens ATCC 204363 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria destruens</a>	881	881	100%	0.0	100.00%	652	<a href="#">NR_137143.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria alstroemeriae CBS 118309 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria alstroemeriae</a>	874	874	100%	0.0	99.79%	569	<a href="#">NR_163686.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria arborescens CBS 102605 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria arborescens</a>	874	874	100%	0.0	99.79%	530	<a href="#">NR_135927.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria burnsii CBS 10738 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria burnsii</a>	869	869	99%	0.0	99.79%	514	<a href="#">NR_136119.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria cerealis CBS 119544 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria cerealis</a>	869	869	99%	0.0	99.79%	514	<a href="#">NR_136117.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria indiaustralis CBS 118486 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria indiaustralis</a>	865	865	99%	0.0	99.50%	515	<a href="#">NR_136120.1</a>

## MUESTRA T2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Pleosporaceae
Género	<i>Alternaria</i>

## MUESTRA 5\_T2E1

```
TACCTAAACGTTGCTTCGGCGGGAATAGACGGCCCCGTGAAACGGGCCGCCCCGCCAGA
GGACCCTTAACTCTGTTTCTATAATGTTTCTTCTGAGTAAAACAAGCAAATAAATAAAA
CTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG
TAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCCA
GTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTACAACCCCTCAGGCCCCCGGGCCTGGC
GTTGGGGATCGGCGGAGCCTCTCTGTGGGCACACGCCGTCCCCCAAATACAGTGCGCGTC
CCGCCGAGCTTCCATCGCGTAGT
```

Job Title	5_45
RID	<a href="#">1Z7V6ZT401R</a> Search expires on 04-18 18:07 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_517849
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	384
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
		Download ▾	Select columns ▾	Show 100 ▾ <a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all	100 sequences selected	<a href="#">GenRank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium bostrycooides CBS 144.25 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium bostrycooides</a>	710	710	100%	0.0	100.00%	460	<a href="#">NR_173122.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium perseae CPC 26829 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium perseae</a>	691	691	100%	0.0	99.22%	512	<a href="#">NR_164415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium regulare CBS 230.34 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium regulare</a>	680	680	100%	0.0	98.70%	448	<a href="#">NR_178126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium wallergamsii NRRL M01.D.32323 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium wallergamsii</a>	680	680	100%	0.0	98.70%	477	<a href="#">NR_169548.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium neorlandicum CBS 232.34 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium neorlandicum</a>	676	676	100%	0.0	98.44%	449	<a href="#">NR_173438.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">[Neocosmospora] thalassica MFLUCC 17-2630 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">[Neocosmospora] thalassica</a>	675	675	100%	0.0	98.44%	534	<a href="#">NR_189393.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium oblongum NRRL 20008 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium oblongum</a>	675	675	100%	0.0	98.44%	477	<a href="#">NR_169869.1</a>

## MUESTRA T2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

## MUESTRA 6\_T1E1

```
CTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACAA
CATTCAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAATAATAGTTACAACCTTCA
ACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGT
GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTTGGTATTC
CATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGT
TTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTT
CGGAGCGCAGAAAATCTCGCGCTTTGCACTCAAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTT
ACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCAT
```

Job Title	6_45
RID	<a href="#">1Z816P1A01R</a> Search expires on 04-18 18:10 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lclQuery_13249
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	468

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all	100 sequences selected	<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>				
<a href="#">MSA Viewer</a>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.18339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	824	824	100%	0.0	98.50%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nothophoma macrospora UTHSC.D115-276 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nothophoma macrospora</a>	808	808	100%	0.0	97.87%	497	<a href="#">NR_158272.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	808	808	96%	0.0	98.85%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella proscipidis ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella proscipidis</a>	806	806	100%	0.0	97.86%	523	<a href="#">NR_137836.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	806	806	96%	0.0	98.89%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella keratinophila UTHSC.D116-200 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella keratinophila</a>	800	800	100%	0.0	97.65%	558	<a href="#">NR_158275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum herdai CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum herdai</a>	800	800	96%	0.0	98.67%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>

## MUESTRA T1E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 7\_T1E2

```
CTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACAA
CATTCAAACCCCTTTCAGTTCGAATCAGCGTCTGAAAAAATTAATAGTTACAACCTTCA
ACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGT
GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTC
CATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGT
TTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTT
CGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTT
ACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATAT
```

Job Title	7_45
RID	<a href="#">1Z85FUTY01R</a> Search expires on 04-18 18:13 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_69983
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	470
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <span style="float:right">Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a></span>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rhizoglossaria CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rhizoglossaria</a>	845	845	100%	0.0	99.15%	604	<a href="#">NR_158262.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nothophoma macrospora UTHSC DI16-276 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nothophoma macrospora</a>	828	828	100%	0.0	98.52%	497	<a href="#">NR_158272.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella prosopidis ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella prosopidis</a>	826	826	100%	0.0	98.51%	523	<a href="#">NR_137836.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	824	824	96%	0.0	99.56%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum jayense CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum jayense</a>	822	822	95%	0.0	99.56%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella keratinophila UTHSC DI16-200 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella keratinophila</a>	821	821	100%	0.0	98.30%	558	<a href="#">NR_158275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum keratinophilum UTHSC DI16-271 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum keratinophilum</a>	817	817	100%	0.0	98.05%	547	<a href="#">NR_158278.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	817	817	95%	0.0	99.34%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>

## MUESTRA T1E2

Phylum

Ascomycota

Clase

Dothideomycetes

Orden

Pleosporales

Familia

Didymellaceae

Género

*Epicoccum*

## MUESTRA 8\_T1E2

```
TACCTATTGTTGCTTCGGCGGGATTGCCCCGGGCGCCTCGTGTGCCCGGATCAGGCGCC
CGCCTAGGAACCTTAACCTTTGTTTTATTTTGAATCTTCTGAGTAGTTTTTACAAATAAA
TAAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGC
GATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGC
CCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCTGAGCGTCATTTCAACCCTCATGCCCTAGG
GCGTGGTGTGGGGATCGGCCAAAGCCCAGGAGGACGGCCGGCCCCCTAAATCTAGTGGC
GGACCCGTGGTGGCCTCCTCTGCGAAGTAGAGATATTCCGCATCGGAGAGCGATGAGCCC
CTGCCGTTAAACCCCCCACTTTCCAAGGTTGACCTC
```

Job Title	8_45
RID	<a href="#">1Z89J5UY01R</a> Search expires on 04-18 18:15 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_103123
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	456
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected								
		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>	<a href="#">MSA Viewer</a>			
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys eriocamporesiana MFLUCC_17-2620 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys eriocamporesiana</a>	811	811	98%	0.0	99.33%	480	<a href="#">NR_168235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys rosae f. catenulata CBS 164.27 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys rosae f. catenulata</a>	809	809	100%	0.0	98.69%	568	<a href="#">NR_165993.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys araneorum GZAC_QLS8626 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys araneorum</a>	793	793	100%	0.0	98.03%	562	<a href="#">NR_164542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys swieteniae MFLUCC_18-0572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys swieteniae</a>	787	787	100%	0.0	97.81%	540	<a href="#">NR_171105.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirens CBS 183.30 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirens</a>	787	787	100%	0.0	97.81%	567	<a href="#">NR_163540.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys krablenis MFLUCC_16-0254 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys krablenis</a>	782	782	100%	0.0	97.59%	513	<a href="#">NR_168189.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys weningii HMAS_172158 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachya weningii</a>	780	780	99%	0.0	97.79%	541	<a href="#">NR_119551.1</a>

## MUESTRA T1E2

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Bionectriaceae
Género	<i>Clonostachys</i>

MUESTRA 9\_T3E1

```
CTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACAA
CATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAACCTTCA
ACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGT
GAATTGCAGAATTCAAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTC
CATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGT
TTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTT
GGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTGCCTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTC
CACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA
```

Job Title	9_45
RID	<a href="#">1Z8P2T2Y016</a> Search expires on 04-18 18:21 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_6078431
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	449
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <a href="#">Download</a> ▾ <a href="#">Select columns</a> ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense CGMCC 3.18352 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	830	830	100%	0.0	100.00%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MFLU 15-3639 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	819	819	100%	0.0	99.56%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	819	819	100%	0.0	99.56%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum proteas ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum proteas</a>	817	817	100%	0.0	99.55%	522	<a href="#">NR_158240.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum pruni MFLUCC 17-1059 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum pruni</a>	817	817	100%	0.0	99.55%	488	<a href="#">NR_165862.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	813	813	100%	0.0	99.33%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	808	808	100%	0.0	99.11%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>

MUESTRA T3E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 10\_T3E3

```
CTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGGTTGGACAA
CATTCAAACCCCTTTCAGTTCGAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAACCTTCA
ACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGT
GAATTGCAGAATTGAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTC
CATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGT
TTTGTCTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAAAGAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTT
CGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTT
ACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAAC
```

Job Title	10_45
RID	<a href="#">1Z8VVB7M013</a> Search expires on 04-18 18:24 pm <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_tyestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_6325373
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	460
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <a href="#">Download</a> ▼ <a href="#">Select columns</a> ▼ Show <input type="text" value="100"/> <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected <a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum italicum CGMCC 3.18361 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum italicum</a>	813	813	98%	0.0	99.12%	490	<a href="#">NR_158264.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	813	813	98%	0.0	99.12%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	811	811	98%	0.0	99.12%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	804	804	100%	0.0	90.26%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MFLU 15-3639 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	802	802	98%	0.0	98.68%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum proteae ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum proteae</a>	800	800	98%	0.0	98.67%	522	<a href="#">NR_158240.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum pruni MFLUCC 17-1059 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum pruni</a>	800	800	98%	0.0	98.67%	408	<a href="#">NR_165862.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	795	795	98%	0.0	98.45%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>

## MUESTRA T3E3

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 11\_T3E3

```
TTCTCGGTCATCCTGCAATATCAATAAGCGGACCAAACCTCATCATTTCCCATATCTTTA
AACATCCTACACCTTCTCAACACGCCCGCTCCCCATTTTTTTAATTCAAGCCTACTCCC
ATAGCCAACACCAACACCCAACACCAAACAGAGCCTGCATGCACCAATGACATCTCTAAC
AGTCATGCCCCATTGAATACC
```

Job Title	11_45
RID	<a href="#">OSBUZN10016</a> Search expires on 04-04 00:16 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_1192171
Description	11_45
Molecule type	dna
Query Length	201
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <a href="#">Download</a> ▾ <a href="#">Select columns</a> ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neomicrosporaopsis alhagi-psuedalhagi_TASM.6134 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neomicrosporaopsis alhagi-psuedalhagi</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	403	NR_160347.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum proteae ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum proteae</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	522	NR_158249.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neodidymelliopsis negundinis_MFLUCC.18-0683 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neodidymelliopsis negundinis</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	520	NR_155857.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum pruni_MFLUCC.17-1059 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum pruni</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	488	NR_165862.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei_CGMCC.3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	487	NR_158263.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Boeremia trachelosporii_CGMCC.3.18222 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Boeremia trachelosporii</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	486	NR_158252.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Boeremia frveata_CRS.206.37 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Boeremia frveata</a>	99.6	99.6	61%	3e-21	78.23%	461	NR_158253.1

## MUESTRA T3E3

Phylum

Ascomycota

Clase

Dothideomycetes

Orden

Pleosporales

Familia

Didymellaceae

Género

*Epicoccum*

## MUESTRA 12\_T2E1

```
CTACCTCTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGTT
GGACAACATTCAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAGAAACATAATAGTTACAA
CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG
TAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTG
GTATTCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGT
GGGTGTTTTGTCTCGCCTCCGCGTGTAGACTCGCCTTAAAAGAATTGGCAGCCGGCGTAT
TGATTTTCGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTAC
ATTTTTACTCTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATAT
```

Job Title	12_45
RID	<a href="#">1AYYKK9Y016</a> Search expires on 04-11 01:33 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typetrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_995303
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	476
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all	100 sequences selected							
	<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>	<a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.19339 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	822	822	100%	0.0	97.90%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum italicum CGMCC 3.18361 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum italicum</a>	819	819	96%	0.0	98.91%	490	<a href="#">NR_158264.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	819	819	96%	0.0	98.91%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense CGMCC 3.18362 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	817	817	96%	0.0	98.91%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Ascochyta phacae CBS 184.55 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Ascochyta phacae</a>	815	815	100%	0.0	97.69%	651	<a href="#">NR_135942.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MFLV 15-3639 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	808	808	96%	0.0	98.47%	490	<a href="#">NR_167517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Vaccuiphoma oculihominis UTHSC DH6-368 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Vaccuiphoma oculihominis</a>	806	806	100%	0.0	97.27%	497	<a href="#">NR_168281.1</a>

## MUESTRA T2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 13\_T3E2

```
CAAGGTTACAGCCTTGCTGAATTATTCACCCGTGCTTTTTGCGTACTTCTTGTTTCCTTG
GTGGGTTTCGCCACCATAGGACAAACCATAAACCTTTTGTAAATGCAATCAGCGTCAGTA
AAAAAATAATAATTACAACTTTTAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGA
ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTG
AACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCAAAGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTACC
CTCAAGCTTTGCTTGGTGTGGGCGTCTTGTCTCCAGTTCGCTGGAGACTCGCCTAAAG
TAATTGGCAGCCGGCCTACTGGTTTCGGAGCGCAGCACAAGTCGCGCTCTCTCCAGCCA
AGGTCAGCATCCACAAAGCCTTTTTTCAACTTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCG
CTGAACCTAAGCATATCATAAACCCGAAGAAAGCCGCGGCGTTTC
```

Job Title	13_45
RID	<a href="#">1Z959KVS016</a> Search expires on 04-18 18:30 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_6743171
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	525

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <a href="#">Download</a> ▾ <a href="#">Select columns</a> ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria sorghii CBS 127592 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria sorghii</a>	915	915	94%	0.0	99.80%	580	<a href="#">NR_160246.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria zantedeschiae CBS 127501 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria zantedeschiae</a>	904	904	94%	0.0	99.60%	569	<a href="#">NR_160245.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria chartarum ATCC 18044 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria chartarum</a>	881	881	92%	0.0	99.38%	530	<a href="#">NR_130856.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria multiformis CBS 102060 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria multiformis</a>	872	872	90%	0.0	99.79%	531	<a href="#">NR_077187.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria subcucurbitae CBS 121491 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria subcucurbitae</a>	867	867	90%	0.0	99.50%	513	<a href="#">NR_136053.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria aspera CBS 115269 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria aspera</a>	867	867	90%	0.0	99.50%	514	<a href="#">NR_145169.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria chlamydsportera FMR 17360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria chlamydsportera</a>	861	861	94%	0.0	97.80%	535	<a href="#">NR_166228.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Alternaria radicina ATCC 8503 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Alternaria radicina</a>	850	850	92%	0.0	98.16%	532	<a href="#">NR_165503.1</a>

## MUESTRA T3E2

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Pleosporaceae
Género	<i>Alternaria</i>

## MUESTRA 14\_T3E1

```

CACCGCAATAATCAATAAGCTGGAGCAAACCTCCTCACACCCCTTACTAAACCAACCTC
AAAGCCTCATACGCTCCACCACCTCACCCGCCGCGCGCTGCCTTTGCCCCCGTCCCC
CCGCACACCGAAACCCACCCTACACACTATCCTTACATGATGCCATCAATGACGCTCG
TCCAAACCTGCCCCCCTAACACCAGCGGACCCCATGTGCTCTTCAAACACTCGATAACT
CACTGAATTGCAATTACATTACTTTTACATTTGCTGCCTTCTCAACGCTGCCAC
CACCAA
    
```

[← Edit Search](#)
[Save Search](#)
[Search Summary](#)

**Job Title** 14\_45

**RID** [0SCYMHT4013](#) Search expires on 04-04 00:35 am [Download All](#)

**Program** BLASTN [Citation](#)

**Database** rRNA\_typestrains/ITS\_RefSeq\_Fungi [See details](#)

**Query ID** lcl|Query\_3590217

**Description** 14\_45

**Molecule type** dna

**Query Length** 306

**Other reports** [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

Sequences producing significant alignments

Download Select columns Show 100

select all 100 sequences selected

[GenBank](#)
[Graphics](#)
[Distance tree of results](#)
[MSA Viewer](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Pseudopecillium megasporum CBS 266.65 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Pseudopecillium megasporum</a>	145	145	77%	6e-35	78.06%	605	<a href="#">NR_160081.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium saxatile FMR 17380 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium saxatile</a>	145	145	77%	6e-35	77.82%	653	<a href="#">NR_172532.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus frankstonensis CBS 142233 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus frankstonensis</a>	143	143	78%	2e-34	77.59%	474	<a href="#">NR_154738.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium ornatum CBS 190.68 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium ornatum</a>	143	143	77%	2e-34	77.64%	728	<a href="#">NR_138306.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus sparsus NRRL 1933 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus sparsus</a>	143	143	78%	2e-34	77.60%	678	<a href="#">NR_135676.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Pseudopecillium giganteum CBS 144.69 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Pseudopecillium giganteum</a>	141	141	77%	7e-34	77.64%	642	<a href="#">NR_150117.1</a>

## MUESTRA T3E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Eurotiomycetes
Orden	Eurotiales
Familia	Aspergillaceae
Género	<i>Penicillium</i>

## MUESTRA 15\_T2E1

```
ACCTACTGTTGCTTCGGCGGGATTGCCCCGGGCGCCTCGTGTGCCCCGGATCAGGCGCCC
GCCTAGGAAACTTAACCTTTGTTTTATTTTGAATCTTCTGAGTAGTTTTTACAAAATAAA
TAAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGC
GATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTGAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGC
CCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCTGAGCGTCATTTCAACCCTCATGCCCTAGG
GCGTGGTGTGGGGATCGCCCAAAGCCCGCGAGGGACGGCCGGCCCCCTAAATCTAGTGGC
GGACCCGTCGTGGCCTCCTCTGCGAAGTAGTGATATTCCGCATCGTAGACCGACGAGCCC
CTGCCGTTAAACCCCCCACTTTCCAAGGTTGACCTCAG
```

<a href="#">← Edit Search</a>	<a href="#">Save Search</a>	<a href="#">Search Summary</a> ▾
Job Title	15_45	
RID	<a href="#">1B38D591013</a>	Search expires on 04-11 02:45 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a>	<a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tyestrains/ITS_RefSeq_Fungi	<a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_6029975	
Description	None	
Molecule type	dna	
Query Length	458	
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a>	<a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Sequences producing significant alignments		Download	Select columns	Show	100	<a href="#">?</a>		
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata CBS 154.27 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata</a>	830	830	100%	0.0	99.34%	568	<a href="#">NR_165893.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys araneorum GZAC QL30625 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys araneorum</a>	824	824	100%	0.0	99.13%	552	<a href="#">NR_164542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys solani f. nigroviridis CBS 183.30 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys solani f. nigroviridis</a>	819	819	100%	0.0	98.91%	567	<a href="#">NR_163540.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys svieteniae MFLUCC 18-0572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys svieteniae</a>	797	797	100%	0.0	98.03%	540	<a href="#">NR_171105.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys ericamporesiana MFLUCC 17-2620 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys ericamporesiana</a>	793	793	97%	0.0	98.66%	480	<a href="#">NR_168235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys parasporodochialis CBS 152.93 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys parasporodochialis</a>	789	789	96%	0.0	98.87%	497	<a href="#">NR_189547.1</a>

## MUESTRA T2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Bionectriaceae
Género	<i>Clonostachys</i>

## MUESTRA 16\_ T2E1

```
ACCGAGTTTACGAGTCCCGGCACGTGTATGCATACCTACGGTTGCTTCCTCTGTTTGCC
CGGGCGCCTCGTGTGCCCCGGACCAGGCGCCCCGCTAGGAACTTAACCTTGTTTTATT
TTGGAATCTTCTGAGTAGTTTTTACAAAATAAATAAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTG
TTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATTAGTAATGTGAATTGCACAATTAG
TGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCGCGGTATTCCGGCGGGCATGCCTGT
ATGAGCGTCATTTCAACCCTCATGCTCCTAGGGCGAGGTGTTGCGGATCGACCTACGCGC
GCGCTTGACGGACCGCGCCCGTATCTAATCGCACATCCGTCTGACCTGCTCTGCGACGC
AGTGAGAAGCCTCATCACACTCACGAGCCTCTGACGTGAAATCCCACACTGTCCCCGT
CTCACTCTTTTACATCTAAAACGAGCGT
```

Job Title	16_45
RID	<a href="#">1B41NZKJ016</a> Search expires on 04-11 03:00 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_tyestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_5605949
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	509
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
		Download ▼	Select columns ▼	Show 100 ▼ <a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>				
		<a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirans CBS 183.30 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirans</a>	527	527	91%	8e-150	87.05%	667	<a href="#">NR_163640.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata CBS 154.27 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata</a>	527	527	83%	8e-150	89.04%	568	<a href="#">NR_165993.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys arenearum GZAC QLS0625 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys arenearum</a>	521	521	83%	4e-148	88.81%	552	<a href="#">NR_164542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys parasporodochialis CBS 192.93 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys parasporodochialis</a>	514	514	83%	6e-148	88.58%	497	<a href="#">NR_189547.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys palmae CBS 119.87 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys palmae</a>	510	510	83%	8e-145	88.37%	499	<a href="#">NR_189546.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys garysamuelii CBS 123964 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys garysamuelii</a>	510	510	83%	8e-145	88.37%	498	<a href="#">NR_189543.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys eriosampersiana MFLUCC 17-2620 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys eriosampersiana</a>	508	508	77%	3e-144	89.95%	480	<a href="#">NR_168238.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys swieteniae MFLUCC 16-0572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys swieteniae</a>	505	505	83%	4e-143	88.11%	540	<a href="#">NR_171105.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys reniformis CBS 695.06 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys reniformis</a>	505	505	83%	4e-143	88.11%	498	<a href="#">NR_189549.1</a>

## MUESTRA T2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Bionectriaceae
Género	<i>Clonostachys</i>

## MUESTRA 17\_T2E1

```

GTCTCGATCATTACTGAGTTTACTGCTCTACAACCCCTTTGTGAACATACCTATAACTGTT
GCTTCGGCGGGTAGGGTCTCCGTGACCCCTCCCGGCTCCCGCCCCGGGCAGGTGCGGCGC
CCGCTGAAGATAACCAAACCTCTGATTTAACGACGTTTCTTCTGAGTGGTACAAGCAAAT
AATCAAAACTTTATACAGCGGATCTCTTTGTTCTGGCATAGATGAAAAACGCCGCTAAAT
GCTGCAAGTAATGTTACTTATAGCATTTGCTGCTCTCTTAATCTATGAACGAACATTGA
GATCCGTTGTTAAAAGTTTTGATTATCTGCTTGACTACTCAGAAAAACGTCGCTAAAT
CAGAGTTTGGGTATCCTCCGGCGGGCGCCGCCCTCAGGGGGGCGGGAGCCCCCAGGGA
CCCTCAGACCCTACCCGCTACACCTCGTTATAGGTATGTGCGAGAAGCTTTGCAGAGAG
AACCTCAT
    
```

RID	<a href="#">1B4D9D6J016</a> Search expires on 04-11 03:06 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tpestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_5950567
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	489
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

select all 100 sequences selected		GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer			
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum tainanense CPC 30245 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum tainanense</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	484	NR_171185.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum artocarpicola MELUCC 18-1167 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum artocarpicola</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	479	NR_171192.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum cobbittense BRIP 66219 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum cobbittense</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	674	NR_163538.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum pandanicola MFLUCC 17-0571 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum pandanicola</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	530	NR_160839.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum ti ICMP 4832 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum ti</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	593	NR_120143.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum aotearoa ICMP 18537 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum aotearoa</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	593	NR_120136.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum tropicale CBS 124949 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum tropicale</a>	375	572	93%	3e-104	93.98%	553	NR_119815.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum yulongense CFCC 50818 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum yulongense</a>	372	569	92%	4e-103	93.93%	581	NR_171186.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Colletotrichum queenslandicum ICMP 1778 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Colletotrichum queenslandicum</a>	372	571	93%	4e-103	93.60%	595	NR_144796.1

## MUESTRA T2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Glomerellales
Familia	Glomerellaceae
Género	<i>Colletotrichum</i>

## MUESTRA 18\_T3E1

```
ACGGGACGGCCCGTCAGATTGCCCTAAACTCTGTTTCTATATGTAACCTCTGAGCTGAA
CCTTAAATAAATCATAACTTTCAACAACGGATCTCTTGCTTCTGACTGCGATGAACAACG
CAGCATAATGCAATAAATAATGTGAATTGCTCAATTCATTGAATCATCGAATCTTTGAAC
GCGCATTGCGCCCGCATGTATTATGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCCTC
AAGCACAACCTGGTGTGGGACTCGAAACAATTGCGTTCCCAAAATTGATTGGCGGTCA
CGTCGAGCTTCCATAG
```

Job Title	18_45
RID	<a href="#">0SUJGNKH013</a> Search expires on 04-04 04:28 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_1796343
Description	18_45
Molecule type	dna
Query Length	316
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium foetens CBS 110285 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium foetens</a>	418	418	100%	3e-117	90.51%	511	<a href="#">NR_159865.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium denticulatum CBS 407.97 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium denticulatum</a>	416	416	100%	1e-116	90.51%	444	<a href="#">NR_138359.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium subglutinans NRRL 22016 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium subglutinans</a>	414	414	100%	4e-116	90.25%	522	<a href="#">NR_182424.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium pseudocircinatum CBS 449.97 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium pseudocircinatum</a>	414	414	100%	4e-116	90.25%	502	<a href="#">NR_163683.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium pseudonygamai NRRL 13592 ITS region: from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium pseudonygamai</a>	414	414	100%	4e-116	90.25%	522	<a href="#">NR_137162.1</a>

## MUESTRA T3E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

MUESTRA 19\_T2S2

```
AAACCCTTTGTGAACCTTATACCTATTTGTTGCCTCGGCGTAGGCCGGCCTCTTCACTGAG
GCCCCCTGGAACAGGGAGCAGCCCGCCGGCGGCCAACTAACTCTTGTTCCTATAGTGA
ATCTCTGAGTAAAAACATAAATGAATCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGC
ATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCA
TCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCGGAGGGCATGCCTGTTTCGAGCG
TCATTTCAACCTCAAGCCTGGCTTGGTATGGGGCACTGCCTTCTAACGAGGGCAGGCC
CTGAAATCTAGTGGCGAGCTCGCTAGGACCCCGAGCGTAGTAGTTATATCTCGTTCTGAA
AGGCCCTGGCGGTGCCCTGCCGTTAAACCCCAACTTCTGAAAATTTGACCTCGGATCAG
GTAGGACTACCCGCTGACCTTAACCTATCAAAAAGGGCCGAAAAAACTCGGCA
```

[← Edit Search](#)   Save Search   Search Summary ▾

**Job Title**    **19\_45**

**RID**    [1B5AXVD9013](#)    Search expires on 04-11 03:22 am    [Download All](#) ▾

**Program**    BLASTN [?](#)    [Citation](#) ▾

**Database**    rRNA\_tpestrains/ITS\_RefSeq\_Fungi    [See details](#) ▾

**Query ID**    |cl|Query\_6913873

**Description**    None

**Molecule type**    dna

**Query Length**    534

**Other reports**    [Distance tree of results](#)    [MSA viewer](#) [?](#)

[Descriptions](#)   [Graphic Summary](#)   [Alignments](#)   [Taxonomy](#)

**Sequences producing significant alignments**    Download ▾    Select columns ▾    Show 100 ▾    [?](#)

select all    100 sequences selected    [GenBank](#)    [Graphics](#)    [Distance tree of results](#)    [MSA Viewer](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<a href="#">Diaporthe rosae MELUCC 17-2658 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe rosae</a>	891	891	93%	0.0	99.00%	666	<a href="#">NR_172401.1</a>
<a href="#">Diaporthe miriclae BRIP 54736 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe miriclae</a>	891	891	94%	0.0	98.61%	633	<a href="#">NR_147535.1</a>
<a href="#">Diaporthe ueckeri CBS 139283 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe ueckeri</a>	885	885	94%	0.0	98.41%	549	<a href="#">NR_147543.1</a>
<a href="#">Diaporthe brayniae CBS 148910 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe brayniae</a>	874	874	96%	0.0	97.29%	689	<a href="#">NR_182497.1</a>
<a href="#">Diaporthe terabithifolia CBS 133180 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe terabithifolia</a>	857	857	94%	0.0	97.43%	572	<a href="#">NR_111882.1</a>
<a href="#">Diaporthe yunnanensis CGMCC 3.18289 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe yunnanensis</a>	856	856	95%	0.0	96.89%	551	<a href="#">NR_152472.1</a>
<a href="#">Diaporthe endophytica CBS 132811 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe endophytica</a>	856	856	94%	0.0	97.42%	570	<a href="#">NR_111947.1</a>
<a href="#">Diaporthe passifloricola ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe passifloricola</a>	854	854	93%	0.0	97.60%	566	<a href="#">NR_147595.1</a>

MUESTRA T2S2

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Diaporthales
Familia	Diaporthaceae
Género	<i>Diaporthe</i>

## MUESTRA 20\_T1E3

```
TGAACTTACCTTTTGTTCCTCGGCAGAAGTTATAGGTCTTCTTATAGCTGCTGCCGGTG
GACCATTAAACTCTTGTTATTTTATGTAATCTGAGCGTCTTATTTTAATAAGTCAAACCT
TTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA
ATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCATTAGT
ATTCTAGTGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTTAAGCCTAGCTTAGTGTTGG
GAATCTACTTCTCTTAGGAGTTGTAGTTCCTGAAATACAACGGCGGATTTGTAGTATCCT
CTGAGCGTAGTAATTTTTTTCTCGCTTTTGTAGGTGCTATAACTCCCAGCCGCTAAACC
CCCAATTTTTTTGTGGGTGGCCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTAAGCCTATC
ATTAAGCGGGGAGAAAAAGGCTCGGCATTTCTGGCAGCACTGCATATCAATAAGCGG
```

<a href="#">&lt; Edit Search</a>	<a href="#">Save Search</a>	<a href="#">Search Summary</a> ▾
<b>Job Title</b>	20_45	
<b>RID</b>	1B8VJTMBO13 <small>Search expires on 04-11 04:22 am</small> <a href="#">Download All</a> ▾	
<b>Program</b>	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾	
<b>Database</b>	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾	
<b>Query ID</b>	Icl Query_3075581	
<b>Description</b>	None	
<b>Molecule type</b>	dna	
<b>Query Length</b>	537	
<b>Other reports</b>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>	

select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>	<a href="#">MSA Viewer</a>				
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis formicarium CBS 362.72 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis formicarium</a>	869	869	89%	0.0	99.37%	546	<a href="#">NR_145242.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis hispanica MEAN 1310 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis hispanica</a>	861	861	92%	0.0	97.99%	510	<a href="#">NR_175724.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis javaensis CBS 257.31 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis javaensis</a>	857	857	89%	0.0	98.76%	549	<a href="#">NR_145241.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis surinamensis CBS 450.74 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis surinamensis</a>	856	856	89%	0.0	98.75%	542	<a href="#">NR_145240.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis eucalypticola CBS 264.37 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis eucalypticola</a>	854	854	89%	0.0	98.75%	547	<a href="#">NR_163670.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis mesopotamica CBS 336.86 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis mesopotamica</a>	850	850	89%	0.0	98.55%	550	<a href="#">NR_145244.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis actearoa CBS 367.54 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis actearoa</a>	848	848	89%	0.0	98.54%	546	<a href="#">NR_163673.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis piceana CBS 394.48 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis piceana</a>	848	848	89%	0.0	98.54%	547	<a href="#">NR_163671.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Neopestalotiopsis rosae CBS 101057 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis rosae</a>	846	846	89%	0.0	98.54%	546	<a href="#">NR_145243.1</a>

## MUESTRA T1E3

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Xylariales
Familia	Sporocadaceae
Género	<i>Neopestalotiopsis</i>

## MUESTRA 21\_T1S1

```

CCAACCTCCCACCCGTGTCTATCGTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCGTTTCAACGG
CCGCCGGGGAGGCCTTGCGCCCCGGGCCCGCGCCCGCCGAAAACCCCAACATGAACGCT
GTTCTGAAAGTATGCAGTCTGAGTTGATTATCGTAATCAGTTAAAACTTTCAACAACGGA
TCTCTTGTTCCGGCATCAATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCA
AAATTGAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGC
ATGCCTGTCCGACCGTCATTGCTGCCCTCATCCACAGCTTGTGTGTTGGGGCCC
    
```

Job Title	21_45
RID	<a href="#">OSX8968T013</a> Search expires on 04-04 05:13 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typetrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_4127539
Description	21_45
Molecule type	dna
Query Length	354
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾		Show 100 ▾ <a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected								
<a href="#">GenBank</a>		<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>	<a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus fumigatus ATCC 1022 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus fumigatus</a>	604	604	100%	2e-173	97.46%	707	<a href="#">NR_121461.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus oryzae CBS 1381.03 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus oryzae</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	691	<a href="#">NR_138362.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus spinosus NRRL 5034 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus spinosus</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	614	<a href="#">NR_137469.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus fischeri NRRL 161 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus fischeri</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	614	<a href="#">NR_137479.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus lentulus NRRL 35552 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus lentulus</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	614	<a href="#">NR_135407.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus novofumigatus CBS 117520 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus novofumigatus</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	728	<a href="#">NR_171617.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus fumisynnematus IFM 42277 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus fumisynnematus</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	505	<a href="#">NR_136948.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Aspergillus lactinosus KACC 41657 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Aspergillus lactinosus</a>	593	593	100%	5e-170	96.89%	553	<a href="#">NR_137443.1</a>

## MUESTRA T1S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Eurotiomycetes
Orden	Eurotiales
Familia	Aspergillaceae
Género	<i>Aspergillus</i>

## MUESTRA 22\_T3E1

```
TATGTTTCCTCCGGCGTACCGCTTTAGCCTACCCACAGGGCTCCCCTAAGGGGGGGTCT
GCTGGGGAGGTGCCTGAGTGCTACCTATCCTTCGGGGTACGGTAGTGCAGTGAAGGTGC
TGACCAAGGCCTCGGCGGCAGTAGGACCGCTCCAAACTTAAGCACCTAGTGCATCC
AACCCCGCGTTGAACAACATCGAAAATCTGCTTTTCTTTTCTTTACGCTAAAACG
TCTTTCCCGGTTGGAATTATTGCTCGAAATAATAATTTCTTTACCCTGCAGTCGTTTGT
TTCAAGCTACAATATCTGCTCGAAAATTGTTCAAAGCTCTGAGGGGGTCTGAATGAATTC
ATAAAATTGGCAAAGCCACCTATAAACTACGGTTCCTAGGGGGTGATCAAACCAAGGTT
TTAAAAACCAAATACGTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAA
GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTT
TGAACGCACATTGCGCCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCTATTGAGCGTCATTACAA
CCCTTAAGCCTTGGAGCTTAGCGTTGGGAATCTACCCCTCACTGAGGGGTAGTTCATTAA
ATTTAGTGGCGGGGCTATAGGACACTCTAAGCGGAGTACCTTAACTCACATTCAGGGAGG
CTCAAACGCTTGGCGTTTAAACACCTAAAAATAAAACCGGCTGACCTCTCACAAAAGGA
GAAATTCTCGCTGAAATTTAACTTTT
```

[← Edit Search](#)
[Save Search](#)
[Search Summary ▾](#)

**Job Title** 22\_45

**RID** [1B9ERDMM013](#) Search expires on 04-11 04:32 am [Download All ▾](#)

**Program** BLASTN [?](#) [Citation ▾](#)

**Database** rRNA\_typetrains/ITS\_RefSeq\_Fungi [See details ▾](#)

**Query ID** lcl|Query\_3566241

**Description** None

**Molecule type** dna

**Query Length** 806

**Other reports** [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#) [?](#)

[Descriptions](#)
[Graphic Summary](#)
[Alignments](#)
[Taxonomy](#)

**Sequences producing significant alignments**
[Download ▾](#)
[Select columns ▾](#)
Show  [?](#)

select all 100 sequences selected
 [GenBank](#)
[Graphics](#)
[Distance tree of results](#)
[MSA Viewer](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Rostrhypoxylon terebratum CBS 119137 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Rostrhypoxylon terebratum</a>	387	387	44%	2e-107	86.53%	525	<a href="#">NR_137677.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Hypoxylon papillatum ATCC 58729 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Parahypoxylon papillatum</a>	375	375	33%	5e-104	92.00%	616	<a href="#">NR_155153.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Hypoxylon turopodis MUC1 54794 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Hypoxylon turopodis</a>	370	370	33%	2e-102	91.27%	587	<a href="#">NR_155160.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Annulohypoxylon thailandicum MELUCC 13-0118 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Annulohypoxylon thailandicum</a>	370	370	34%	2e-102	91.01%	674	<a href="#">NR_153529.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Hypoxylon pseudodefendleri MFLU 15-1200 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Hypoxylon pseudodefendleri</a>	368	368	33%	8e-102	91.27%	609	<a href="#">NR_155173.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Hypoxylon patriniae CBS 114746 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Hypoxylon patriniae</a>	364	364	33%	1e-100	90.94%	633	<a href="#">NR_155185.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Hypoxylon neosubnormandi MFLU 16-1193 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Hypoxylon neosubnormandi</a>	361	361	33%	1e-99	91.14%	589	<a href="#">NR_155174.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Xylaria brunneovivosa HAST 720 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Xylaria brunneovivosa</a>	357	357	30%	2e-98	92.77%	590	<a href="#">NR_153201.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Hypoxylon medogensense ATCH FCATAS4061 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Hypoxylon medogensense</a>	357	357	34%	2e-98	90.04%	514	<a href="#">NR_184973.1</a>

## MUESTRA T3E1

Phylum

Ascomycota

Clase

Sordariomycetes

Orden

Xylariales

Familia

Hypoxylaceae

Género

*Hypoxylon*

MUESTRA 23\_T2S2

```
GAGTTTGTAGACTTCGGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCT
CGGCGGGTCCGCCCGCGATTGGACAACATTCAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCT
GAAAAAECTTAATAGTTACAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAG
AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTT
GAACGCACATTGCGCCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTGTAC
CTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGTGTGTTTGTCTCGCTCTGCTTGTAGACTCGCCTTAA
AACAATTGGAACCCGGCGTATTGATTTGCGACCCAGAAAAATCTGGCGCTATGCACTCAA
AACAACGACACCAAAAATTACTTTTTTACCCTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGCCATAACC
CGCTAAACTTAATTCATAT
```

Job Title	23_45
RID	<a href="#">1BA3GPKB013</a> Search expires on 04-11 04:43 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tpestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_2816791
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	499
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all	100 sequences selected	<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii</a> CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	763	763	96%	0.0	95.42%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense</a> CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	763	763	96%	0.0	95.42%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae</a> MFLU 15-3639 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	758	758	96%	0.0	95.22%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum pruni</a> MFLUCC 17-1059 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum pruni</a>	750	750	96%	0.0	95.00%	488	<a href="#">NR_185862.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora</a> CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	747	747	100%	0.0	93.79%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum italicum</a> CGMCC 3.18361 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum italicum</a>	747	747	96%	0.0	94.79%	490	<a href="#">NR_158264.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum endophyticum</a> MFLUCC 19-0097 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum endophyticum</a> (nom. illeg.)	734	734	93%	0.0	95.07%	509	<a href="#">NR_172436.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei</a> CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	723	723	96%	0.0	93.96%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>

MUESTRA T2S2

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

## MUESTRA 24\_T1S3

TTGTTGCCTCGTTACTTCTACCCGCTCCCGGCTCAACGGGACCGCCCGTCAGATTAACCC  
TAAACTCTGTTTCTATATGTAATTCTGAGCTGAACCATAAATAAATCAAAACTTTCAAC  
CACGGATCTCTTGGTTCTGGCAGCGATGAAGAACGCAGAAAATGCGATAAGTAAT

Job Title	24_45
RID	<a href="#">10BU92MZ013</a> Search expires on 04-07 01:05 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_3867377
Description	24_45
Molecule type	dna
Query Length	176
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">Download</a> ▼ <a href="#">Select columns</a> ▼ Show 100 ▼ <a href="#">?</a>						
		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>				
		<a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium foetans CBS.110286 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium foetans</a>	217	217	88%	6e-57	91.67%	511	NR_159865.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium pseudoanthophilum CBS.414.97 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium pseudoanthophilum</a>	217	217	88%	6e-57	91.67%	557	NR_153682.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ficicrescens CBS.125178 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ficicrescens</a>	217	217	88%	6e-57	91.67%	421	NR_152915.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium denticulatum CBS.407.97 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium denticulatum</a>	217	217	88%	6e-57	91.67%	444	NR_138352.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium panlongense CGMCC.3.20825 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium panlongense</a>	217	217	88%	6e-57	91.67%	526	NR_182847.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium hechiense CGMCC.3.20824 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium hechiense</a>	217	217	88%	6e-57	91.67%	532	NR_182846.1

## MUESTRA T1S3

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

MUESTRA 25\_T2S3

```
AAGCAATTTGTGAACCTTATACCTATTGTTGCCTCGGCGAAGGCCGGCCTCTTCTGAGGCC
CCCCGAAACGGGGAGCAGCCCGCCGGCGCCAACCAAACCTCTTGTTCCTAGTGAATCT
CTGAGTAAAAAACATAAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCTGGCATC
GATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG
AATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCGGAGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCA
TTTCAACCCTCAAGCCTGGCTTGGTGTGGGGCACTGCCTGTAAAAGGGCACGCCCTGAA
ATCTAGTGGCGAGCTCGCTAGGACCCCCGAGCGAGGTAGTTATATCTCGATCTGAAAGGCC
CTGTCGGTGCCCTGCCGATACACCCCCAACTTCTGAAATTTTGACC GCGGATCAGGGGGG
AATACGCGCTGACTTTAACTTCTC
```

Job Title	25_45
RID	<a href="#">1BANEW1J013</a> Search expires on 04-11 04:53 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tyestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_3237049
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	504
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <a href="#">Download</a> ▾ <a href="#">Select columns</a> ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected <a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe endorhizica CBS 133811 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe endorhizica</a>	780	780	97%	0.0	95.33%	570	<a href="#">NR_111847.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe yunnanensis CGMCC 3.18289 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe yunnanensis</a>	774	774	97%	0.0	95.14%	551	<a href="#">NR_152472.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe terebinthifolia CBS 133180 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe terebinthifolia</a>	755	755	97%	0.0	94.75%	572	<a href="#">NR_111862.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe cameroonensis CBS 148913 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe cameroonensis</a>	763	763	97%	0.0	94.74%	587	<a href="#">NR_190273.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe thumbergicola MFLUCC 12-0033 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe thumbergicola</a>	761	761	97%	0.0	94.73%	568	<a href="#">NR_185382.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe novae CBS 127270 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe novae</a>	761	761	97%	0.0	94.73%	569	<a href="#">NR_111855.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe rosae MFLUCC 17-2658 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe rosae</a>	760	760	96%	0.0	94.72%	566	<a href="#">NR_172401.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe kongii BRIP 54031 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe kongii</a>	755	755	97%	0.0	94.51%	536	<a href="#">NR_111616.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe lusitanicae CBS 123213 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe lusitanicae</a>	752	752	97%	0.0	94.33%	537	<a href="#">NR_115751.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe masirevicii BRIP 57892a ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe masirevicii</a>	745	745	91%	0.0	95.89%	593	<a href="#">NR_147534.1</a>

MUESTRA T2S3

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Diaporthales
Familia	Diaporthaceae
Género	<i>Diaporthe</i>

MUESTRA 26\_A1E3

TCTTTGTTGCCTCGGCACAAGCTACCCGGGACCCCGCGCCCCGGGCGGCCCGCCGGCGGA  
 CAAACCAAACTCTTGTATCTTAGTTGATTCTCTGAGCGTCTTATTTAATAAGTCAAAA  
 CTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG  
 TAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCATTA  
 GTATTCTAGTGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCCTAAGCACAGCTTACTGTT  
 GGGACTCTACGGCTTCGTAGTTCCTCCCAAAGACATTGGCGGAGTGGCAGTGGTCTCTGAG  
 CGTAGTAATCTTTTATCTCGTCTGTTAGGTGCTGCCCGCCGTAACCCCA  
 TTTTTCTGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCATAAG  
 GGCGAAGGAAG

Job Title	26_45
RID	1D8XWXHM016 <small>Search expires on 04-11 22:35 pm</small> <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_5838683
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	491
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <span style="float:right">Download ▼ Select columns ▼ Show 100 ▼ <a href="#">?</a></span>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora sacchari-officinatum CGMCC 3.19335 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora sacchari-officinatum</a>	809	809	97%	0.0	97.10%	536	<a href="#">NR_165926.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora hainanensis CGMCC 3.18129 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora hainanensis</a>	809	809	96%	0.0	97.28%	533	<a href="#">NR_153480.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora philosophiae-doctoris CGMCC 3.20540 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora philosophiae-doctoris</a>	808	808	96%	0.0	97.20%	512	<a href="#">NR_177170.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora quangdongensis CFCC 53917 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora quangdongensis</a>	804	804	96%	0.0	97.27%	529	<a href="#">NR_174814.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora macarangae MFLU 18-2510 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora macarangae</a>	787	787	96%	0.0	96.64%	634	<a href="#">NR_174638.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora bambusae CGMCC 3.18327 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora bambusae</a>	784	784	96%	0.0	96.44%	482	<a href="#">NR_153484.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora covidalis CGMCC 3.20538 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora covidalis</a>	784	784	96%	0.0	96.44%	511	<a href="#">NR_177177.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nigrospora camelliae-sinensis CGMCC 3.18126 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nigrospora camelliae-sinensis</a>	782	782	96%	0.0	96.42%	511	<a href="#">NR_153473.1</a>

MUESTRA A1E3

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Xylariales
Familia	Apiosporaceae
Género	<i>Nigrospora</i>

MUESTRA 27\_A1E3

CTACGCGATCCCGGCAAACGTGACCGCCCGTCAAATTAACCCTAAACTCTGTTTCTATA  
 TGTAACCTCTGAGTAAAACCATAAATAAATCAAACCTTCAACCACGGATCTCTTGGATC  
 TGG

Job Title	27_45
RID	<a href="#">10BZYGMM013</a> Search expires on 04-07 01:08 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_785179
Description	27_45
Molecule type	dna
Query Length	123
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show	100 ▾ <a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all .35 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium foetens CBS 110285 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium foetens</a>	158	158	95%	3e-39	90.68%	511	<a href="#">NR_159865.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium pseudoanthophilum CBS 414.97 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium pseudoanthophilum</a>	158	158	95%	3e-39	90.68%	557	<a href="#">NR_163662.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ficizescens CBS 125178 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ficizescens</a>	158	158	95%	3e-39	90.68%	421	<a href="#">NR_152915.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium denticulatum CBS 407.97 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium denticulatum</a>	158	158	95%	3e-39	90.68%	444	<a href="#">NR_138359.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium panlongense CGMCC 3.26825 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium panlongense</a>	158	158	95%	3e-39	90.68%	528	<a href="#">NR_182847.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium hechiense CGMCC 3.20824 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium hechiense</a>	158	158	95%	3e-39	90.68%	532	<a href="#">NR_182848.1</a>

MUESTRA A1E3

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

## MUESTRA 28\_A2S1

```
CAACTCATCAACCCTGTGAACATACTAAACGTTGCTTCGGCGGGAATAGACGGCCCCGT
GAAACGGGCCGCCCCGCCAGAGGACCCTTAACTCTGTTTCTATAATGTTTCTTCTGAGT
AAAACAAGCAAATAAATAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAA
GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCCT
TGAACGCACATTGCGCCCTGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTACA
ACCTCAGGCCCCCGGGCCTGGCGTTGGGGATCGGCGGAGCCTCTCTGTGGGCACACGCC
GTCCCCAAATACAGTGGCGGTCCCGCCGAGCTTCCATCGCGTAGTAGCTAACACCTCG
CGACTGGAGAGCGGCGCGCCACGCCGTAACCACTCTTCTGAACTTGACCTCGA
ACCACGTAGGAATACTTGCTGAGATTAAGCCTTCAAAAAAAAAAGAAAAAAAAAATCT
GGCAGCACTGCAT
```

Job Title	28_45
RID	<a href="#">1D9NBYAG013</a> Search expires on 04-11 22:48 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tpestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_6592355
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	553
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected <a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium perseae CPC 26829 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium perseae</a>	870	870	89%	0.0	98.58%	512	<a href="#">NR_164415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ngaitonggaense CBS 126407 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ngaitonggaense</a>	852	852	92%	0.0	96.86%	532	<a href="#">NR_178144.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">[Neocosmospora] thalassica MEUCC 17-2630 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">[Neocosmospora] thalassica</a>	852	852	92%	0.0	96.87%	534	<a href="#">NR_188393.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ferrugineum CBS 105028 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ferrugineum</a>	835	835	92%	0.0	96.20%	576	<a href="#">NR_176057.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium wallergamsii NRRL MQLD 32323 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium wallergamsii</a>	826	826	84%	0.0	98.51%	477	<a href="#">NR_169649.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium bostrycoides CBS 144.25 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium bostrycoides</a>	821	821	81%	0.0	99.56%	450	<a href="#">NR_178122.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium oblongum NRRL 28008 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium oblongum</a>	821	821	84%	0.0	98.29%	477	<a href="#">NR_169889.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ambrosium CBS 571.94 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ambrosium</a>	806	806	92%	0.0	95.30%	628	<a href="#">NR_173405.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium macrosporum CPC 28191 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium macrosporum</a>	804	804	84%	0.0	97.66%	478	<a href="#">NR_163291.1</a>

## MUESTRA A2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

## MUESTRA 29\_A2S1

TCCCGGCTAAACGGGACCGCCCGTCAAATTGCCCTAAACTCTGTTTCTATATGTAACCT  
CTGAGCTGAACCATAAATAAATCAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCTTCG  
AT

Job Title	29_45
RID	<a href="#">10CC53AP013</a> Search expires on 04-07 01:14 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_1297121
Description	29_45
Molecule type	dna
Query Length	122
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Sequences producing significant alignments		Download	Select columns	Show	100			
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium foetens CBS 110.286 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium foetens</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	511	<a href="#">NR_159885.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium pseudoanthophilum CBS 414.97 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium pseudoanthophilum</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	557	<a href="#">NR_163682.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ficiforme CBS 126178 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ficiforme</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	421	<a href="#">NR_152915.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium denticulatum CBS 407.97 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium denticulatum</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	444	<a href="#">NR_138359.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium panlongense CGMCC 3.20826 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium panlongense</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	528	<a href="#">NR_182847.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium hochliense CGMCC 3.20824 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium hochliense</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	532	<a href="#">NR_182846.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium elaeagni CGMCC 3.20822 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium elaeagni</a>	159	159	100%	7e-40	90.16%	510	<a href="#">NR_182845.1</a>

## MUESTRA A2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

## MUESTRA 30\_A2S1

```

AGAACTTACCTTTTGTTCCTCGGCAGAAGTTATAGGTCTTCTTATAGCTGCTGCCGGTG
GACCATTAAACTCTTGTTATTTTATGTAATCTGAGCGTCTTATTTTAATAAGTCAAACCT
TTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTA
ATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCATTAGT
ATTCTAGTGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTTAAGCCTAGCTTAGTGTGG
GAATCTACTTCTCTTAGGAGTTGTAGTTCCTGAAATACAACGGCGGATTTGTAGTATCCT
CTGAGCGTAGTAATTTTTTTCTCGCTTTTGTAGGTGCTATAACTCCCAGCCGCTAAACC
CCCAATTTTTTGTGGGTGGCCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCCTATA
TAAAACGCGGAGAAAAAAGGCTCGGCATTTCTGGA
    
```

Job Title	30_45
RID	<a href="#">1JNUCRTK016</a> Search expires on 04-13 23:46 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_5419343
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	516
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all	100 sequences selected	<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis formicarum CBS 352.72 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis formicarum</a>	867	867	92%	0.0	99.37%	546	NR_145242.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis javanensis CBS 257.31 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis javanensis</a>	850	850	92%	0.0	98.74%	549	NR_145241.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis surinamensis CBS 450.74 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis surinamensis</a>	850	850	92%	0.0	98.74%	542	NR_145240.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis eucalypticola CBS 264.37 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis eucalypticola</a>	848	848	92%	0.0	98.74%	547	NR_163670.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis hispanica MEAN 1310 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis hispanica</a>	848	848	95%	0.0	97.50%	510	NR_175724.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis mesopotamica CBS 336.86 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis mesopotamica</a>	845	845	92%	0.0	98.54%	550	NR_145244.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis rosae CBS 101057 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis rosae</a>	845	845	92%	0.0	98.54%	546	NR_145243.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis aotearoa CBS 367.54 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis aotearoa</a>	843	843	92%	0.0	98.54%	546	NR_163673.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Neopestalotiopsis piceana CBS 394.48 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Neopestalotiopsis piceana</a>	843	843	92%	0.0	98.54%	547	NR_163671.1

## MUESTRA A2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Xylariales
Familia	Sporocadaceae
Género	<i>Neopestalotiopsis</i>

## MUESTRA 31\_A3S1

```
TATGTTGCCTCGGCGGATCAGCCCGCGCCCCGTAAAAAGGGACGGCCCCGCCGAGGAACC
CTAAACTCTGTTTTAGTGGAATCTTGAGTATAAAAAACAAATAAATCAAACCTTTCAA
CAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCAAAATGCGATAAGTAATGTG
AATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCGCCAGTATTCT
GGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCTCAAGCCAGCTTGGTGTGGGAGCT
GCAGTCTGCTGCACTCCCCAATAACATTGGCGGTACGTCGAGCTTCCATAGCGTAGTA
ATTTACACATCGTTACTGGAATCGTCGCGGCCACGCCGTTAAACCCCAACTTCTGAATG
TTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCATAAGGCG
```

Job Title	31_45
RID	<a href="#">1JP28RPB016</a> Search expires on 04-13 23:50 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_6795011
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	473
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>				
<a href="#">MSA Viewer</a>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium boothii</a> NRRL 29011 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium bo...</a>	863	863	99%	0.0	99.79%	598	<a href="#">NR_121203.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium asiaticum</a> NRRL 26156 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium asi...</a>	859	859	99%	0.0	99.58%	599	<a href="#">NR_121320.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium pseudograminearum</a> NRRL 28062 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium ps...</a>	833	833	99%	0.0	98.73%	595	<a href="#">NR_182316.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium langsethiae</a> CBS 113234 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium lan...</a>	791	791	99%	0.0	97.05%	543	<a href="#">NR_121214.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium kvushuense</a> NRRL 3509 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium ky...</a>	782	782	95%	0.0	97.80%	520	<a href="#">NR_152943.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ipomoeae</a> CGMCC 3.19496 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium ipo...</a>	736	736	99%	0.0	94.95%	536	<a href="#">NR_164596.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium luffae</a> CGMCC 3.19497 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium luffae</a>	736	736	99%	0.0	94.95%	537	<a href="#">NR_164594.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium arcuatisporium</a> CGMCC 3.19493 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium arc...</a>	736	736	99%	0.0	94.95%	537	<a href="#">NR_164593.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium hainanense</a> CGMCC 3.19478 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium hai...</a>	730	730	99%	0.0	94.74%	538	<a href="#">NR_164597.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium irregulare</a> CGMCC 3.19489 ITS region from TYPE material	<a href="#">Fusarium lire...</a>	730	730	99%	0.0	94.74%	536	<a href="#">NR_164595.1</a>

## MUESTRA A3S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

## MUESTRA 32\_A2S1

```
CTGTGAAATACCTAAACGTTGCTTCGGCGGGAATAGACGGCCCCGTGAAACGTGCCGCC
CCGCCAGAGGACCCTTAACTCTGTTTCTATAATGTTTCTTCTGAGTAAACAAGCAAATA
AATTAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAAT
GCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGC
GCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCGTTTCGAGCGTCATTACAACCCCTCAGGCCCCCG
GGCCTGGCGTTGGTTATCGGCGAAGCCTCTCTGTGGGCACACGCCGTCCCCCAAATACAG
TGGCGGTCCCGCCGCAGCTTCCATCGGGTAGTAGCTAACACCTCGCGACTGTAGAGCGCC
GCGGCCACGCCGTAAACTCCCAACTCTTCTGAAGTTCAGCTCGAACCTGGTCGGATTCC
TTGCTAAGCTTAATCCTTCTATAAGCAGAGAAAGAACCCTTACTGACCTGGATAACAGT
TATCGGA
```

Job Title	32_45
RID	<a href="#">1JR3CD23016</a> Search expires on 04-14 00:08 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_7497459
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	547

select all 700 sequences selected		GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer			
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium perseae CPC 26829 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium perseae</a>	785	785	87%	0.0	96.44%	512	<a href="#">NR_164415.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium bostycoides CBS 144.26 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium bostycoides</a>	776	776	81%	0.0	97.99%	450	<a href="#">NR_170322.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium ngaiotopgaense CBS 126407 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium ngaiotopgaense</a>	758	758	87%	0.0	95.39%	532	<a href="#">NR_178144.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">[Neocosmospora] thailandica MFLUCC 17-2630 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">[Neocosmospora] thailandica</a>	758	758	87%	0.0	95.40%	534	<a href="#">NR_189393.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium waltergamsii NRRL MOLD 32323 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium waltergamsii</a>	756	756	82%	0.0	96.70%	477	<a href="#">NR_152548.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium oblongum NRRL 28008 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium oblongum</a>	750	750	82%	0.0	96.48%	477	<a href="#">NR_163889.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium neelandicum CBS 232.34 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium neelandicum</a>	749	749	81%	0.0	96.88%	449	<a href="#">NR_173438.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Fusarium regulata CBS 230.34 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Fusarium regulata</a>	747	747	81%	0.0	96.87%	448	<a href="#">NR_178126.1</a>

## MUESTRA A2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Nectriaceae
Género	<i>Fusarium</i>

MUESTRA 33\_CH2E1

CCTTTGTGAACGTACCTCTGTTGCTTTGGCGGCTCCGGCCGCCAAAGGACCTTCAAACCTC  
 CAGTCAGTAAACGCAGACGCTCTGATAAACAAGTTAATAAACTAAAACCTTCAACAACGGA  
 TCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCA  
 GAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTTGGTATTCCGGGGGGC  
 ATGCCTGTTTCGAGCGTCATTACAACCCTCAAGCTCTGCTTGAGAATTGGGCACCGTCCCTC  
 ACTGCGGACGCGCCTCAAAGACCTCGGCGGTGGCTGTTGAGCCCTCAAGCGTAGTACAAT  
 ACACCTCGCTTTGCAGCGGTTGGCGTCGCCCGCGGAAGAACCTTCTGAACTTTTCTCAA  
 GGTTGACCTCGGATCATGTAGGGATACTCGCTGAACTTTTACATACAAAAAGCGAGGAAG  
 AATCGGCATTTCTGGCAGCACTGCATATCAATAAGCGGAGG

Job Title	33_45
RID	1JTDDYJT016 <small>Search expires on 04-14 00:47 am</small> <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_2595949
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	521
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▼		Select columns ▼	Show 100 ▼	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected <span style="float: right;"> <a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a> </span>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia brasiliensis CMM 4915 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia brasiliensis</a>	821	821	92%	0.0	97.51%	546	<a href="#">NR_147338.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diplodia cajani CBS 214.60 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">[Diplodia] cajani</a>	819	819	91%	0.0	97.51%	547	<a href="#">NR_163672.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia laosensis CGMCC 3.18464 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia laosensis</a>	819	819	91%	0.0	97.51%	512	<a href="#">NR_182801.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia narva CBS 456.78 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia narva</a>	817	817	91%	0.0	97.50%	542	<a href="#">NR_111265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia theobromae CBS 164.96 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia theobromae</a>	817	817	91%	0.0	97.50%	542	<a href="#">NR_111174.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia marypalmae CMM 2275 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia marypalmae</a>	811	811	87%	0.0	98.69%	512	<a href="#">NR_147341.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia epherblaccicola CMM 3689 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia epherblaccicola</a>	811	811	87%	0.0	98.69%	503	<a href="#">NR_147347.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia subglobosa CMM 3872 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia subglobosa</a>	806	806	87%	0.0	98.47%	503	<a href="#">NR_147350.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia pseudotheobromae CBS 116459 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia pseudotheobromae</a>	806	806	91%	0.0	97.08%	542	<a href="#">NR_111264.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Lasiodiplodia hyalina CGMCC 3.17975 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Lasiodiplodia hyalina</a>	800	800	87%	0.0	98.25%	486	<a href="#">NR_162982.1</a>

MUESTRA CH2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Botryosphaeriales
Familia	Botryosphaeriaceae
Género	<i>Lasiodiplodia</i>

## MUESTRA 34\_CH2E1

TAAACATACCTATTGTTGCTTCGGCGGGATTGCCCCGGGCGCCTCGTGTGCCCCGGATCA  
 GGCGCCCGCCTAGGAACCTTAACCTTTGTTTTATTTTGAATCTTCTGAGTAGTTTTTACA  
 AATAAATAAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCG  
 AAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTGAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA  
 TTGCGCCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCTGAGCGTCATTTCAACCCTCATGCC  
 CCTAGGGCGTGGTGTGGGGATCGCCAAAGCCCGCGAGGGACGGCCGGCCCCCTAAATCT  
 AGTGGCGGACCCGACGTGGCCTCCTCTGCGAAGTAGAGATATTCCGCATCGGAGACCGAT  
 GAGCCCCTGCCGTGAAACCCCCAACTTTCTCAGGCTGACCTCACATCAGGTAAGAATACG  
 CGCTGAACTTAACCTTATCATAAAG

Job Title	34_45
RID	<a href="#">1JTPXV1B013</a> Search expires on 04-14 00:52 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_3011505
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	505
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata CBS 154.27 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata</a>	832	832	98%	0.0	96.79%	568	<a href="#">NR_165993.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys araneorum QZAC_QLS0625 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys araneorum</a>	817	817	99%	0.0	96.02%	552	<a href="#">NR_164542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys swieteniae MFLUCC 18-0572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys swieteniae</a>	809	809	98%	0.0	95.99%	540	<a href="#">NR_171106.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirens CBS 183.30 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirens</a>	809	809	98%	0.0	95.99%	567	<a href="#">NR_163540.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys ericamparesiana MFLUCC 17-2620 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys ericamparesiana</a>	798	798	88%	0.0	98.88%	480	<a href="#">NR_168235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys krabiensis MFLUCC 16-0254 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys krabiensis</a>	791	791	93%	0.0	97.03%	513	<a href="#">NR_168189.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys garysamuelsii CBS 123964 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys garysamuelsii</a>	771	771	88%	0.0	97.77%	498	<a href="#">NR_189543.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys parasporodochialis CBS 152.93 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys parasporodochialis</a>	765	765	88%	0.0	97.54%	497	<a href="#">NR_189547.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys reniformis CBS 695.66 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys reniformis</a>	760	760	88%	0.0	97.32%	498	<a href="#">NR_189549.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys wanpingii HMAS 172156 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys wanpingii</a>	760	760	88%	0.0	97.53%	541	<a href="#">NR_119551.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys palmas CBS 119.87 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys palmas</a>	747	747	88%	0.0	96.87%	499	<a href="#">NR_189546.1</a>

## MUESTRA CH2E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Bionectriaceae
Género	<i>Clonostachys</i>

## MUESTRA 35\_CH1E1

```
CCGTGTTTATTTTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAAGTGGCCGCCGGGGGGCTT
ACGCCCCCGGGCCCGCCCGCCGAAGACACCCCTCGAAGTCTGTCTGAAGATTGAAGTCT
GAGTGAAAATATAAATTATTTAAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGAT
GAAGAACGCAGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTC
TTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGC
TGCCCTCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGACCCTGTCCCAGATCTCCGGGGCACGGGCCCG
AAAGCCAGCGGGGGCACCGTGACGGCTCCTCGAGCGTATGGCGTTGTGACACCCGCTCTG
GGTGCGAGGTCGGCGCGTGACGATCCTCACACATTTATCCTCCTTCAGCTCTGAACACAG
AGAGATACTCGCTACGACTTTTACTACCTATAGAACGGCGAGAAAAGGCATTTCTGGCAG
CACTGCATATCAATAAGCGG
```

Job Title	35_45
RID	<a href="#">1JUBUYZU013</a> Search expires on 04-14 01:03 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN ⓘ <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_1701235
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	560
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> ⓘ

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
		Download ▾	Select columns ▾	Show 100 ▾ ⓘ				
<input checked="" type="checkbox"/> select all	100 sequences selected	<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium crustosum FRR_1669 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium crustosum</a>	701	701	79%	0.0	95.06%	610	NR_077153.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium fuscoglaucum CBS_261.29 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium fuscoglaucum</a>	689	689	79%	0.0	94.61%	704	NR_163669.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium caseifulvum CBS_101134 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium caseifulvum</a>	689	689	79%	0.0	94.61%	585	NR_163686.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium bifforme CBS_297.48 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium bifforme</a>	689	689	79%	0.0	94.61%	508	NR_130325.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium galliana ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium galliana</a>	689	689	79%	0.0	94.61%	607	NR_171582.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium commune CBS_311.48 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium commune</a>	689	689	79%	0.0	94.61%	586	NR_111143.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium cavernicola CBS_100540 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium cavernicola</a>	684	684	79%	0.0	94.38%	592	NR_163684.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium solitum FRR_937 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium solitum</a>	684	684	79%	0.0	94.38%	610	NR_119494.1

## MUESTRA CH1E1

Phylum	Ascomycota
Clase	Eurotiomycetes
Orden	Eurotiales
Familia	Aspergillaceae
Género	<i>Penicillium</i>

MUESTRA 36\_CH2S1-DESCONOCIDO

TGCTGGTCGTAAGGCGGTGGGAGGCTCGACAGCTCCGCGGCATGCACTGAGCGTCGGAAA  
 GCGGAGGAATCTCGAAGCGCAGCGGAAAGCGGAGGAACGGAAGACGGAGCAACTGACGAA  
 GCGCACAAAACGCCTCCATTTTCAGCGTCGGCTGTTTTATTGCTTAACATAGAGTCTGT  
 GACATAGCGTTTGGGTCGGATTGCCTGGGAAGGGTGCATGATGGGGGCTAAGGAGTGGATT  
 TTAGAATGCTGGCAAATTGAGTGTTCGGCGATCTTTGTGGAACCTGTTCTTGTGTCGTCG  
 GCGTGGGGCGGGCCATTAAATGGTCTTTAGCCTCTTTTGGGTCGGTGGTCTACTGCTACG  
 CGGAGGGGGCGTGTGCGCTCCCGCAGGGGGCGGGTGGGTGGGGGGCTCTTCGACGCATT  
 TGCTTTTGGTCGGGGGAGCGGCACGCGGGTAATGGAGCTGTTCTTTCTTCCCTGCCG  
 CGTGTGAGGTTGGC

MUESTRA 37\_CH1S1

GCACGATCATTACCGAGTCACTGCACACCGATAACCGCATCAACTCCGTGTTTATCGTAC  
 CTTGCTGCTTCGGCGAGCCCGCCTCACGGCCGCCGTTGGCATCATTACACCCCTTTGCAG  
 TCGCCGAAAACACCATTTGAACCTGACTGAAGATTGCTTTCTGAGTGATTAACCTTTGTCA  
 GTTAAACTTTCAACAACGGATCTTTGGCTCCGGCATCGATGAATAACGACGGCAAATG  
 AAATAAGTAATGTGAATTGCAGATTTTCAGCAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCC  
 CCCCCTGGTATTCGGGGGGAATGCCTGTTGGAGCGTCATTGCTGCCCTCAAGCTCGGCT  
 TGTGTGTTGGGAACGCCCCCGGGTCCGGGGGGACCCAAAGAAAGCGCGACACCGGGTTG  
 TCCTCGAGCCAAGGGCCACCCCTCTCTGTAGGTCGGCCGCCCCAGCCCCAACGTAA  
 TTCGTTCTTAGAAAGAAAG

Job Title	37_45
RID	1JV3K1XU013 <small>Search expires on 04-14 01:16 am</small> <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_5069371
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	500
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all <small>100 sequences selected</small>		Download ▾	Select columns ▾	Show: 100 ▾				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium rolfsii CBS 368.48 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium rolfsii</a>	429	429	76%	2e-120	88.80%	510	NR_111689.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium annulatum CBS 135126 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium annulatum</a>	409	409	76%	3e-114	85.82%	525	NR_138303.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium sulfureum CGMCC 3-18806 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium sulfureum</a>	407	407	76%	1e-113	85.86%	507	NR_173370.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium subrubescens CBS 132785 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium subrubescens</a>	407	407	76%	1e-113	85.82%	542	NR_111863.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium pulvillum CBS 280.39 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium pulvillum</a>	407	407	76%	1e-113	85.86%	548	NR_138292.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium hainanense CGMCC 3-10758 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium hainanense</a>	403	403	76%	1e-112	85.64%	507	NR_173364.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium ochrocloron CBS 357.48 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium ochrocloron</a>	401	401	76%	5e-112	85.81%	545	NR_111509.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium bissettii CBS 140572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium bissettii</a>	399	399	76%	2e-111	85.57%	583	NR_158821.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium panisaanguineum CBS 140989 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium panisaanguineum</a>	398	398	76%	6e-111	85.43%	587	NR_158825.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium tanzanicum CBS 140958 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium tanzanicum</a>	398	398	76%	6e-111	85.43%	587	NR_158820.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Penicillium paraherqueti ATCC 22354 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Penicillium paraherqueti</a>	398	398	76%	6e-111	85.43%	549	NR_111052.1

MUESTRA CH1S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Eurotiomycetes
Orden	Eurotiales
Familia	Aspergillaceae
Género	<i>Penicillium</i>

MUESTRA 38\_CH2S1

CTACATCTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGC GGGTCCGCCCGCCGATT  
 GGACAACATTCAAACCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAACATAATAGTTACAA  
 CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG  
 TAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTTG  
 GTATTCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTT  
 GGGTGTGTCTCTCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATT  
 GATTTCCGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTCGACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACA  
 TTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATAACCGCTGAACCTAAGCATATCAAAA  
 ACCCGAAAAAAGGCTCGGCATTTCTGGCAGCACTGCATATCAATAAGCGGAG

Job Title	38_45
RID	1JVT0THF013 <small>Search expires on 04-14 01:28 am</small> <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_3062361
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	532
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾	Show 100 ▾	<a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected <span style="float: right;"> <a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a> </span>								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	846	846	88%	0.0	98.94%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum layuense CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum layuense</a>	833	833	85%	0.0	99.56%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Ascochyta phaeae CBS 184.55 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Ascochyta phaeae</a>	832	832	89%	0.0	98.12%	651	<a href="#">NR_135942.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nothophoma macrospora UTHSC DH6-276 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nothophoma macrospora</a>	830	830	88%	0.0	98.32%	497	<a href="#">NR_158272.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella prosoptidis ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella prosoptidis</a>	828	828	88%	0.0	98.31%	523	<a href="#">NR_137836.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Vacciphoma oculihominis UTHSC DH6-300 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Vacciphoma oculihominis</a>	822	822	88%	0.0	98.10%	497	<a href="#">NR_158201.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella keratinophila UTHSC DJ16-200 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella keratinophila</a>	822	822	88%	0.0	98.10%	558	<a href="#">NR_168275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MFLU 16-3639 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	822	822	85%	0.0	99.13%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	822	822	85%	0.0	99.13%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>

MUESTRA CH2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

MUESTRA 39\_CH2S1

CAGCAACTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATT  
 GGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAATTAATAGTTACAA  
 CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAG  
 TAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTG  
 GTATTCCATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGT  
 GGGTGTTTTGTCTCGCCTCTGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTAT  
 TGATTTTCGGAGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTAC  
 ATTTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGTCATATCAT  
 TAACCCGGAAAAAAGATCGGCATTTCTGGCAGCACTGCATATCAATAAGCGGAGGA

Job Title	39_45
RID	<a href="#">1JW19RGU013</a> Search expires on 04-14 01:32 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_3278469
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	536
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum phragmospora CGMCC 3.19339 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum phragmospora</a>	845	845	88%	0.0	98.94%	604	<a href="#">NR_165920.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Nothophoma macrospora UTHSC D116-276 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Nothophoma macrospora</a>	830	830	88%	0.0	98.12%	497	<a href="#">NR_158272.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella prosopidis ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella prosopidis</a>	826	826	88%	0.0	98.31%	523	<a href="#">NR_137836.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum dendrobii CGMCC 3.18359 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum dendrobii</a>	824	824	84%	0.0	99.56%	490	<a href="#">NR_158261.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Didymella keratinothila UTHSC D116-200 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Didymella keratinothila</a>	822	822	88%	0.0	97.90%	558	<a href="#">NR_158275.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum javuense CGMCC 3.18362 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum javuense</a>	822	822	84%	0.0	99.56%	489	<a href="#">NR_158265.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum keratinothilum UTHSC D116-271 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum keratinothilum</a>	819	819	88%	0.0	97.70%	547	<a href="#">NR_158278.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Ascochyta phacae CBS 184.55 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Ascochyta phacae</a>	819	819	91%	0.0	96.95%	651	<a href="#">NR_135942.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum hordei CGMCC 3.18360 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum hordei</a>	817	817	84%	0.0	99.34%	487	<a href="#">NR_158263.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum rosae MELU 16-3639 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum rosae</a>	813	813	84%	0.0	99.12%	490	<a href="#">NR_157517.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Epicoccum italicum CGMCC 3.18361 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Epicoccum italicum</a>	813	813	84%	0.0	99.12%	490	<a href="#">NR_158264.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Vaccuohoma oculihominis UTHSC D116-308 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Vaccuohoma oculihominis</a>	811	811	88%	0.0	97.49%	497	<a href="#">NR_158281.1</a>

MUESTRA CH2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Dothideomycetes
Orden	Pleosporales
Familia	Didymellaceae
Género	<i>Epicoccum</i>

MUESTRA 40\_CH3S1

```

AACCTTACCTCAGTTGCCTCGGCGGGAACGCCCGGCCGCTGCCCCGCGCCGGCGCCG
GACCCAGGCGCCCGCCGAGGGACCCAAACTCTTTGCATTACGCCAGCGGGCGGAAT
TTCTTCTCTGAGTTGCACAAGCAAAAACAAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCT
TGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATT
CAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCC
TGTTGAGCGTCATTTCAACCCTCGAGCCCCCGGGGGCCTCGGTGTTGGGGGACGGCA
CACCAGCGCCCCCTAAATGCAGTGCCGACCGGCCGAGCCTCCCGTGCGTAGTAGCAC
ACACCTCGTAACGGAGCGCGAGGCTGTCACTCCGTATAACGCCAATCTTTCATAGAGCC
GACCTCGGATCAGGAACGAATACCGCTGACTAATTACTTCATAAGAGGGAGAGAAAAGAT
CTGGCAGCACTGCATATCAATAAGCGGAGG
    
```

Job Title	40_45
RID	1JW549UK013 <small>Search expires on 04-14 01:34 am</small> <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_tyestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_6197381
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	570
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">Download</a> ▼ <a href="#">Select columns</a> ▼ Show 100 ▼ <a href="#">?</a>						
		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a>				
		<a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Purpureocillium lilacinum NRRL 895 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Purpureocillium lilacinum</a>	841	841	89%	0.0	96.47%	578	<a href="#">NR_165946.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Purpureocillium leventulum CBS 128677 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Purpureocillium leventulum</a>	715	715	89%	0.0	92.19%	603	<a href="#">NR_166039.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Drechmeria campanulata JML 356051 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Drechmeria campanulata</a>	534	534	87%	5e-152	86.59%	527	<a href="#">NR_155045.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Drechmeria zeospora CBS 335.86 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Drechmeria zeospora</a>	527	527	87%	9e-150	86.44%	525	<a href="#">NR_155046.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Drechmeria balanoides CBS 250.02 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Drechmeria balanoides</a>	505	505	79%	4e-143	87.64%	528	<a href="#">NR_155044.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Tolyposcladium album CBS 669.73 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Tolyposcladium album</a>	499	499	87%	2e-141	85.60%	571	<a href="#">NR_155018.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Haetocillium glocklingiae CBS 101434 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Haetocillium glocklingiae</a>	494	494	86%	9e-140	85.49%	528	<a href="#">NR_137059.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Tolyposcladium bacillisporum IFM 67757 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Tolyposcladium bacillisporum</a>	486	486	88%	2e-137	89.39%	674	<a href="#">NR_186922.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Albophoma yamanashensis JCM 11844 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Albophoma yamanashensis</a>	479	479	87%	3e-135	84.77%	568	<a href="#">NR_171222.1</a>

MUESTRA CH3S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Ophiocordycipitaceae
Género	<i>Purpureocillium</i>

## MUESTRA 41\_CH3S1

TAAACATACCTATTGTTGCTTCGGCGGGATTGCCCGGGCGCCTCGCGTGCCCGGATCA  
 GCGCGCCGCTAGGAACTTAACTCTTGTTTTATTTGAATCTTCTGAGTAGTTTTACA  
 AATAAATAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCG  
 AAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA  
 TTGCGCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCTGAGCGTCATTTCAACCCTCATGCC  
 CCTAGGGCGTGGTGTGGGGATCGGCCAAAGCCCGCGAGGGACGGCCGGCCCTAAATCT  
 AGTGGCGCACCCGTCGTGCCCTCCTCTGCGAAGTAGTGATATTCCGCATCGGATAGCGAT  
 GAGCCCCTGCCGTTAAACCCCAACTTCCAAGGTTGACCTCAGATCAGGTAGGACTACG  
 CGCTGACCTTA

Job Title	41_45
RID	<a href="#">1JWECA90016</a> Search expires on 04-14 01:39 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tpestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_3616367
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	491
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
		Download ▾	Select columns ▾	Show 100 ▾ <a href="#">?</a>				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a>	<a href="#">Graphics</a>	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>				
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata CBS 154.27 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata</a>	843	843	99%	0.0	97.76%	568	<a href="#">NR_165993.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys araneatum GZAC QLS0625 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys araneatum</a>	826	826	99%	0.0	97.14%	552	<a href="#">NR_165542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirans CBS 183.30 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirans</a>	826	826	99%	0.0	97.14%	567	<a href="#">NR_163540.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys swieteniae MELUCC 18-0572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys swieteniae</a>	821	821	99%	0.0	95.94%	540	<a href="#">NR_171195.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys ericampotesiana MELUCC 17-2620 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys ericampotesiana</a>	808	808	92%	0.0	98.89%	480	<a href="#">NR_168235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys krabiensis MELUCC 16-0254 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys krabiensis</a>	798	798	95%	0.0	97.25%	513	<a href="#">NR_168189.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys parasporedochialis CBS 192.93 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys parasporedochialis</a>	776	776	91%	0.0	97.99%	497	<a href="#">NR_189547.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys wenpinei HMAS 172156 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys wenpinei</a>	776	776	93%	0.0	97.37%	541	<a href="#">NR_119651.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys garysamuelii CBS 123964 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys garysamuelii</a>	771	771	91%	0.0	97.77%	498	<a href="#">NR_189543.1</a>

## MUESTRA CH3S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Bionectriaceae
Género	<i>Clonostachys</i>

MUESTRA 42\_CH2S1

```
CCTATTGTTGCTTCGGCGGGATTGCCCCGGGCGCCTCGCGTGCCCCGGATCAGGCGCCCG
CCTAGGAACCTTAACTCTTGTTTTATTTTGAATCTTCTGAGTAGTTTTTACAAATAAATA
AAAACCTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGA
TAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC
GCCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTCTGAGCGTCATTTCAACCCTCATGCCCTAGGGC
GTGGTGTGGGGATCGGCCAAAGCCCGGAGGGACGGCCGGCCCCCTAAATCTAGTGGCGG
ACCCGTCGTGGCCTCCTCTGCGAAGTAGTGATATTCCGCATCGGAGACCGATGAGCCCT
GCCGTTAAACCCCAACTTTCCAAGGTTGACCTCAGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAAC
TTAACCATATCAAAAAGCCGGAAGAATCGGCATTTCTGGCAGCACTGCATATCAATAAGC
GG
```

Job Title	42_45
RID	<a href="#">18F2B3M6016</a> Search expires on 04-10 02:49 am <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_tpestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_8288935
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	542
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ <a href="#">?</a>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected								
		GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer			
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata CBS 154.27 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys rosea f. catenulata</a>	872	872	90%	0.0	98.58%	568	<a href="#">NR_165993.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys araneorum GZAC QLS0625 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys araneorum</a>	863	863	93%	0.0	97.44%	552	<a href="#">NR_164542.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys swieteniae MFLUCC 18-0572 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys swieteniae</a>	850	850	90%	0.0	97.77%	540	<a href="#">NR_171105.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirens CBS 183.30 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys solani f. nigrovirens</a>	850	850	90%	0.0	97.77%	567	<a href="#">NR_163540.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys eriocamporesiana MFLUCC 17-2620 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys eriocamporesiana</a>	808	808	82%	0.0	99.33%	480	<a href="#">NR_168235.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys krabbersii MFLUCC 16-0254 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys krabbersii</a>	798	798	85%	0.0	97.64%	513	<a href="#">NR_168189.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Clonostachys divergens CBS 967.73b ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Clonostachys divergens</a>	778	778	93%	0.0	94.32%	583	<a href="#">NR_137532.1</a>

MUESTRA CH2S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Hypocreales
Familia	Bionectriaceae
Género	<i>Clonostachys</i>

MUESTRA 43\_CH1S2

```
GAAGCAATTTGTGAACTTATACCTACTGTTGCCTCGGCGCAGGCCGGCCTCTTCACCGAG
GCCCCCTGGAGACAGGGAGCAGCCCGCCGGCGGCCAACTAAACTCTTGTTCCTTTAGTGA
ATCTCTGAGTAAAAAACATAAATGAATCAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTGG
CATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATC
ATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCGGAGGGCATGCCTGTTGAGC
GTCATTTCAACCCTCAAGCCTGGCTTGGTGATGGGGCACTGCTTTTGTGACGAAAGCAGG
CCCTGAAATCTAGTGGCGAGCTCGCCAGGACCCCGAGCGTAGTAGTTATATCTCGCTCTG
AAAGGCCCTGGCGGTGCCCTGCCGTTAAACCCCAACTTCTGAAAATTTGACTTCGCACC
AGGTGGGACTACCCGCTGACTTTAACCTCATCTAAAGGGCGGAGAAAACTCGGCATTCT
GGGCAGCACTGCAATATCAATAAGCGGG
```

Job Title	43_45
RID	<a href="#">18E7F42R016</a> Search expires on 04-10 02:35 am <a href="#">Download All</a> ▼
Program	BLASTN <a href="#">?</a> <a href="#">Citation</a> ▼
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▼
Query ID	lcl Query_7734007
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	569
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> <a href="#">?</a>

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b> <span style="float:right">Download ▼ Select columns ▼ Show 100 ▼ <a href="#">?</a></span>								
<input checked="" type="checkbox"/> select all 100 sequences selected		<a href="#">GenBank</a> <a href="#">Graphics</a> <a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA Viewer</a>						
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe kochmanii BRIP 54033 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe kochmanii</a>	815	815	86%	0.0	96.37%	540	NR_111814.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe rosae MF11000 17-2658 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe rosae</a>	809	809	86%	0.0	96.35%	566	NR_172401.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe sojae CBS 139282 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe sojae</a>	809	809	86%	0.0	96.17%	550	NR_147542.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe traylorawii BRIP 70737a ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe traylorawii</a>	808	808	86%	0.0	96.17%	633	NR_185689.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe brayniae CBS 148910 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe brayniae</a>	802	802	86%	0.0	95.97%	589	NR_182497.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Diaporthe novem CBS 127270 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Diaporthe novem</a>	800	800	86%	0.0	95.97%	569	NR_111855.1

MUESTRA CH1S2

Phylum	Ascomycota
Clase	Sordariomycetes
Orden	Diaporthales
Familia	Diaporthaceae
Género	<i>Diaporthe</i>

## MUESTRA 44\_CH3S1

GCTGAATAATCAATAAGCGGAAGGAAACCGCGTCACGCCGCATAATCACTAAGCATCTCA  
 AATCGCATCAAACCGCATAACGCTAAGCATAGCAAAGCGCGACAAGGCGCGGTGACTCAA  
 AAAAAACAAAACATATCAAATCGCGTCGCATCAGGGAAGATTGTGTGGGGCAA

Job Title	44_45
RID	<a href="#">1ZM358K9016</a> Search expires on 04-18 21:36 pm <a href="#">Download All</a> ▾
Program	BLASTN ⓘ <a href="#">Citation</a> ▾
Database	rRNA_typestrains/ITS_RefSeq_Fungi <a href="#">See details</a> ▾
Query ID	lcl Query_7618933
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	174
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">MSA viewer</a> ⓘ

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy				
<b>Sequences producing significant alignments</b>								
Download ▾		Select columns ▾		Show 100 ▾ ⓘ				
<input checked="" type="checkbox"/> select all 3 sequences selected		GenBank	Graphics	Distance tree of results				
MSA Viewer								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Pichia barkeri CBS 7256 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Pichia barkeri</a>	35.6	35.6	10%	0.029	100.00%	535	NR_153283.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Russula obscuricolor CAI 1802 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Russula obscuricolor</a>	35.6	35.6	10%	0.029	100.00%	696	NR_160488.1
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Russula minor GDGM 79686 ITS region from TYPE material</a>	<a href="#">Russula minor</a>	35.6	35.6	10%	0.029	100.00%	650	NR_174886.1

## MUESTRA CH3S1

Phylum	Ascomycota
Clase	Saccharomycetes
Orden	Saccharomycetales
Familia	Pichiaceae
Género	<i>Pichia</i>

**ANEXO V: MATRIX\_MACROGEN**

Código Korea	Código Caja	Nombre	Géneros	Mofortipo	Estado	Localidad	Primer	
1	A1	T3E3	<i>Epicoccum</i>	Blanco	Sintomático	Tunshi	ITS_1	
2	A3	T3E1	<i>Epicoccum</i>	Blanco	Sintomático			
3	A4	T1E2	<i>Fusarium</i>	Gris Verdoso	Sintomático			
4	A5	T2E1	<i>Alternaria</i>	Gris Claro	Sintomático			
5	A7	T2E1	<i>Fusarium</i>	Gris Oscuro	Sintomático			
6	A8	T1E1	<i>Epicoccum</i>	Blanco	Sintomático			
7	A10	T1E2	<i>Epicoccum</i>	Aceituna Grisáceo	Sintomático			
8	A11	T1E2	<i>Clonostachys</i>	Gris Verdoso Claro	Sintomático			
9	A12	T3E1	<i>Epicoccum</i>	Blanco	Sintomático			
10	A13	T3E3	<i>Epicoccum</i>	Gris Claro	Sintomático			
11	A15	T3E3	<i>Epicoccum</i>	Amarillo Ligero	Sintomático			
12	A16	T2E1	<i>Epicoccum</i>	Aceituna Grisáceo	Sintomático			
13	A17	T3E2	<i>Alternaria</i>	Gris Verdoso	Sintomático			
14	A18	T3E1	<i>Penicillium</i>	Blanco Grisáceo	Sintomático			
15	A19	T2E1	<i>Clonostachys</i>	Blanco Grisáceo	Sintomático			
16	A21	T2E1	<i>Clonostachys</i>	Amarillo Ligero	Sintomático			
17	A28	T2E1	<i>Colletotrichum</i>	Gris Aceituna	Sintomático			
18	A29	T3E1	<i>Fusarium</i>	Gris Claro	Sintomático			
19	A31	T2S2	<i>Diaporthe</i>	Gris Aceituna	Asintomático			
20	A33	T1E3	<i>Neopestalotiopsis</i>	Gris Verdoso Claro	Sintomático			
21	A35	T1S1	<i>Aspergillus</i>	Gris Aceituna Claro	Asintomático			
22	A36	T3E1	<i>Hypoxylon</i>	Amarillo	Sintomático			
23	A37	T2S2	<i>Epicoccum</i>	Blanco Grisáceo	Asintomático			
24	A41	T1S3	<i>Fusarium</i>	Blanco	Asintomático			
25	A42	T2S3	<i>Diaporthe</i>	Negro Parduzco	Asintomático			
26	A45	A1E3	<i>Nigrospora</i>	Amarillo	Sintomático			Alacao
27	A51	A1E3	<i>Fusarium</i>	Blanco	Sintomático			
28	A54	A2S1	<i>Fusarium</i>	Blanco	Asintomático			
29	A58	A2S1	<i>Fusarium</i>	Gris Aceituna Claro	Asintomático			
30	A59	A2S1	<i>Neopestalotiopsis</i>	Gris Claro	Asintomático			
31	A60	A3S1	<i>Fusarium</i>	Amarillo	Asintomático			
32	A62	A2S1	<i>Fusarium</i>	Gris Claro	Asintomático			

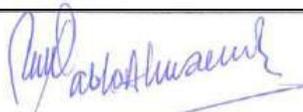
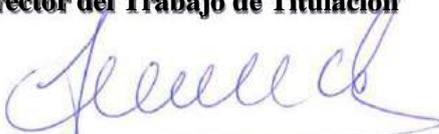
33	A66	CH2E1	<i>Lasiodiplodia</i>	Gris Claro	Sintomático	Los Chingazos
34	A67	CH2E1	<i>Clonostachys</i>	Gris Aceituna Claro	Sintomático	
35	A69.	CH1E1	<i>Penicillium</i>	Gris Rojizo Liger	Sintomático	
36	A70	CH2S1		Aceituna Grisáceo	Asintomático	
37	A72	CH1S1	<i>Penicillium</i>	Blanco	Asintomático	
38	A74	CH2S1	<i>Epicoccum</i>	Gris Claro	Asintomático	
39	A76	CH2S1	<i>Epicoccum</i>	Gris Verdoso Claro	Asintomático	
40	A78	CH3S1	<i>Purpureocillium</i>	Gris Aceituna	Asintomático	
41	A79	CH3S1	<i>Clonostachys</i>	Aceituna Grisáceo	Asintomático	
42	A80	CH2S1	<i>Clonostachys</i>	Gris Rojizo Liger	Asintomático	
43	A82	CH1S2	<i>Diaporthe</i>	Blanco Grisáceo	Asintomático	
44	A84	CH3S1	<i>Pichia</i>	Gris Verdoso Claro	Asintomático	

Realizado por: Gavilanez, 2024.



**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO**  
**CERTIFICADO DE CUMPLIMIENTO DE LA GUÍA PARA**  
**NORMALIZACIÓN DE TRABAJOS DE FIN DE GRADO**

**Fecha de entrega:** 10 / 06 / 2024

<b>INFORMACIÓN DEL AUTOR</b>
<b>Nombres – Apellidos:</b> Karen Paulina Robayo Carrillo
<b>INFORMACIÓN INSTITUCIONAL</b>
<b>Facultad:</b> Recursos Naturales
<b>Carrera:</b> Agronomía
<b>Título a optar:</b> Ingeniero Agrónomo
 <b>Ing. Pablo Israel Álvarez Romero, Ph.D.</b> <b>Director del Trabajo de Titulación</b>  <b>Ing. Norma Soledad Erazo Sandoval, Ph.D.</b> <b>Asesora del Trabajo de Titulación</b>