



ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE RECURSOS NATURALES
CARRERA AGRONOMÍA

**“ESTUDIO DEL MICROBIOMA FÚNGICO-BACTERIANO,
EDÁFICO Y FOLIAR DEL CULTIVO DE TOMATE RIÑÓN
(*Solanum lycopersicum* L.) BAJO SISTEMAS DE PRODUCCIÓN
ORGÁNICO Y CONVENCIONAL EN INVERNADERO”**

Trabajo de Titulación

Tipo: Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

INGENIERO AGRÓNOMO

AUTOR:

JOSÉ LUIS PULLUPAXI TITE

Riobamba – Ecuador

2022



ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE RECURSOS NATURALES
CARRERA AGRONOMÍA

**“ESTUDIO DEL MICROBIOMA FÚNGICO-BACTERIANO,
EDÁFICO Y FOLIAR DEL CULTIVO DE TOMATE RIÑÓN
(*Solanum lycopersicum* L.) BAJO SISTEMAS DE PRODUCCIÓN
ORGÁNICO Y CONVENCIONAL EN INVERNADERO”**

Trabajo de Titulación

Tipo: Proyecto de Investigación

Presentado para optar al grado académico de:

INGENIERO AGRÓNOMO

AUTOR: JOSÉ LUIS PULLUPAXI TITE

DIRECTOR: ING. PABLO ISRAEL ÁLVAREZ ROMERO Ph.D.

Riobamba – Ecuador

2022

© 2022, José Luis Pullupaxi Tite

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

Yo, JOSÉ LUIS PULLUPAXI TITE, declaro que el presente Trabajo de Titulación es de mi auditoria y los resultados de este son auténticos. Los textos en el documento que provienen de otras fuentes están debidamente citados y diferenciados.

Como autor asumo la responsabilidad legal y académica de los contenidos de este Trabajo de Titulación; el patrimonio intelectual pertenece a la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo.

Riobamba, 26 de mayo de 2022.



José Luis Pullupaxi Tite

180511135-6

ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DE CHIMBORAZO
FACULTAD DE RECURSOS NATURALES
CARRERA AGRONOMÍA

El Tribunal del Trabajo de Titulación certifica que: El Trabajo de Titulación; tipo: Proyecto de Investigación, “ESTUDIO DEL MICROBIOMA FÚNGICO-BACTERIANO, EDÁFICO Y FOLIAR DEL CULTIVO DE TOMATE RIÑÓN (*Solanum lycopersicum* L.) BAJO SISTEMAS DE PRODUCCIÓN ORGÁNICO Y CONVENCIONAL EN INVERNADERO”, realizado por el señor: **JOSÉ LUIS PULLUPAXI TITE**, ha sido minuciosamente revisado por los Miembros del Tribunal del Trabajo de Titulación, el mismo que cumple con los requisitos, técnicos y legales, en tal virtud el Tribunal Autoriza su presentación.

FIRMA

FECHA

Ing. Víctor Alberto Lindao C. Ph.D.
PRESIDENTE DEL TRIBUNAL

2022-05-26

Ing. Pablo Israel Álvarez R. Ph.D.
**DIRECTOR DE TRABAJO DE
TITULACIÓN**

2022-05-26

Ing. Norma Soledad Erazo S. Ph.D.
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL
DE TRABAJO DE TITULACIÓN**

2022-05-26

Dedico esta tesis a mi madre Luz María Tite Ortega que siempre me apoyo incondicionalmente en toda mi formación tanto lo personal como lo académico, me ha enseñado los valores necesarios para crecer como persona, las ganas de seguir delante de manera desinteresada y lleno de amor para poder llegar a ser una profesional. A mis hermanos María de Lourdes, Silvana, Sandy, Anderson y Diana por su compañía, por sus consejos y motivación.

José

AGRADECIMIENTO

Los sueños se cumplen, no cuesta nada soñar hoy 05/02/2022, ocho años atrás soñaba ingresar a una universidad, quien lo diría que los sueños se cumplen y hoy agradezco a DIOS por darme salud, vida y el privilegio de haber ingresado a la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo el cual me formo como persona y como profesional. Por este título de Ing. Agrónomo agradezco primeramente a Dios, ya que sin él no estaría en donde estoy, y lo que soy y seré será todo gracias a él, y a mi madre, y mis hermanos, que con discusiones y enojos me apoyaron y me hicieron seguir adelante.

Tampoco me puedo olvidar de mis docentes como el ing. Marco Velazco, Ing. Normita Erazo, Ing. Amalia Cabezas, Ing. Pablo Álvarez, Ing. Ana Flores entre otros docentes que marcaron una etapa importante de mi vida.

José

ÍNDICE DE TABLAS.....	ix
ÍNDICE DE GRÁFICOS.....	x
ÍNDICE DE ANEXOS.....	xi
RESUMEN.....	xii
SUMMARY	¡Error! Marcador no definido.
INTRODUCCIÓN	1

CAPÍTULO I

1. MARCO TEÓRICO REFERENCIA	4
1.1. Biodiversidad microbiana	4
1.2. <i>Microbioma</i>	4
1.2.1. <i>Microbioma del suelo.</i>	5
1.2.2. <i>Microbioma de las plantas</i>	5
1.3. Técnicas independientes de cultivo para el estudio del microbioma.....	5
1.3.1. <i>Técnicas metagenómicas para la determinación del microbioma</i>	6
1.3.1.1. <i>Secuenciamiento de próxima generación del ADN genómico</i>	6
1.3.1.2. <i>Metagenómica dirigida 16S RNA</i>	6
1.3.1.3. <i>Características del ARN 16S</i>	7
1.3.1.4. <i>Metagenómica dirigida ITS</i>	7
1.3.1.5. <i>Características de la región ITS</i>	8
1.4. Tomate riñón (<i>Solanum lycopersicum</i> L.).....	8
1.4.1. <i>Origen</i>	8
1.4.2. <i>Clasificación taxonómica</i>	9
1.4.3. <i>Descripción botánica</i>	9
1.4.4. <i>Importancia</i>	9

CAPÍTULO II10

2. MARCO METODOLÓGICO	11
2.1. Materiales y métodos	11
2.1.1. <i>Ubicación del estudio</i>	11
2.1.2. <i>Ubicación geográfica</i>	11
2.1.3. <i>Materiales</i>	11
2.2. Métodos.....	12

2.2.1.	<i>Tipo de investigación</i>	12
2.2.2.	<i>Fases de evaluación del estudio</i>	12
2.2.2.1.	<i>Toma de muestras y condiciones de almacenamiento.</i>	12
2.2.2.2.	<i>Extracción y procesamiento de ADN del suelo.</i>	12
2.2.2.3.	<i>Amplificación y secuenciación fúngica y bacteriana.</i>	13
2.2.2.4.	<i>Limpieza de secuencias.</i>	13
CAPÍTULO III		14
3.	MARCO Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS	14
3.1.	Principales grupos taxonómicos de hongos presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (<i>Solanum lycopersicum</i> L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional	15
3.1.1.	<i>Abundancia relativa de hongos a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y tipo de hoja (orgánica- convencional).</i>	15
3.1.2.	<i>Abundancia relativa de hongos a nivel de clase, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica- convencional).</i>	17
3.1.3.	<i>Abundancia relativa de hongos a nivel de orden en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)</i>	19
3.1.4.	<i>Abundancia relativa de hongos a nivel de familia en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)</i>	21
3.1.5.	<i>Abundancia relativa de hongos a nivel de género en relación al tipo de suelo y hojas orgánico y convencional</i>	23
3.2.	Principales grupos taxonómicos de bacterias presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (<i>Solanum lycopersicum</i> L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional	25
3.2.1.	<i>Abundancia relativa de bacterias a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)</i>	25
3.2.2.	<i>Abundancia relativa a nivel de clase en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)</i>	27
3.2.3.	<i>Abundancia relativa de bacterias a nivel de orden en relación al tipo de suelo y hojas (orgánicas y convencionales)</i>	29
3.2.4.	<i>Abundancia relativa a nivel de familia en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)</i>	31
3.2.5.	<i>Abundancia relativa de bacterias a nivel de género en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)</i>	33

3.3.	Hongos compartidos y únicos en los sistema de producción orgánico y convencional a nivel de suelo y hoja.....	36
3.4.	Bacterias compartidos y únicos en los sistema de producción orgánico y convencional a nivel de suelo y hoja.....	38
3.5.	Análisis de la diversidad microbiana	39
3.5.1.	<i>Diversidad de la microbiota fúngica presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (Solanum lycopersicum L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional.</i>	39
3.5.2.	<i>Diversidad de la microbiota bacteriana presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (Solanum lycopersicum L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional.....</i>	42
3.6.	Análisis de la Beta diversidad	45
3.6.1.	<i>Beta diversidad de hongos en elación al sistema de producción orgánico-convencional y al tipo de hoja-suelo</i>	45
3.6.2.	<i>Beta diversidad de bacterias en relación al sistema de producción orgánico-convencional y al tipo de hoja-suelo</i>	46
	CONCLUSIONES.....	50
	RECOMENDACIONES.....	51
	GLOSARIO DE TÉRMINOS	
	BIBLIOGRAFÍA	
	ANEXOS	

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1-1:	Taxonomía del tomate riñón (<i>Solanum lycopersicum L.</i>).....	9
Tabla 2-2:	Ubicación del estudio.....	11
Tabla 3-2:	Coordenadas geográficas de la zona de estudio.....	11
Tabla 4-3:	Índice de Shannon de los tipos de suelos y tipos de hoja bajo el sistema de producción orgánico y convencional	39
Tabla 5-3:	Índice de riqueza de los tipos de suelos y hojas bajo el sistema de producción orgánico y convencional	41
Tabla 6-3:	Índice de Shannon de los tipos de suelos y hojas bajo el sistema de producción orgánico y convencional	42
Tabla 7-3:	Índice de Simpson de los tipos de suelos y hojas bajo el sistema de producción orgánico y convencional	44

ÍNDICE DE GRÁFICOS

Gráfico 1-3:	Abundancia relativa de hongos a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	16
Gráfico 2-3:	Abundancia relativa de hongos a nivel de clase en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	18
Gráfico 3-3:	Abundancia relativa a nivel de orden en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	20
Gráfico 4-3:	Abundancia relativa e hongos a nivel de familia en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	22
Gráfico 5-3:	Abundancia relativa de hongos a nivel de género en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	24
Gráfico 6-3:	Abundancia relativa de bacteria a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico convencional).....	26
Gráfico 7-3:	Abundancia relativa de bacterias a nivel de clase, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	28
Gráfico 8-3:	Abundancia relativa de bacterias a nivel de orden, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	30
Gráfico 9-3:	Abundancia relativa a nivel de familia, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	32
Gráfico 10-3:	Abundancia relativa de bacterias a nivel de género, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).....	35
Gráfico 11-3:	Índice de Shannon para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.....	40
Gráfico 12-3:	Índice de Simpson para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.....	41
Gráfico 13-3:	Índice de Shannon para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.....	43
Gráfico 14-3:	Índice de Simpson para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.....	44
Gráfico 15-3:	Beta diversidad de hongos según el sistema de producción orgánico-convencional (A), y a nivel edáfico y foliar (B).....	45
Gráfico 16-3:	Beta diversidad de bacterias según el sistema de producción orgánico y convencional (A), y a nivel edáfico y foliar (B).....	46

ÍNDICE DE ANEXOS

ANEXO A: DIVERSIDAD DE RIQUEZA DE BACTERIAS.

ANEXO B: DIVERSIDAD DE RIQUEZA DE HONGOS.

RESUMEN

El presente trabajo tuvo como objetivo identificar taxonómicamente los microorganismos hongos y bacterias mediante una extracción de ADN genómico el cual se extrajo de las muestras edáficas y foliares del cultivo de tomate riñón que se encontraba ubicado en el cantón Chambo provincia de Chimborazo uno bajo el sistema de producción orgánico y el otro bajo un sistema de producción convencional, la extracción se realizó con un kit de extracción de ADN Power soil-Quiagen, el secuenciamiento se dio mediante la tecnología Illumina-Miseq (Argonne-Illinois-USA), las secuencias brutas obtenidas de la misma fueron en formato FASTAQ, del mismo que se utilizó programas bioinformáticos como el programa Rstudio x64 4.0.5 base de datos para el procesamiento DADA2 y para la clasificación de hongos se utilizó la base de datos UNITE, del mismo modo para la clasificación de bacterias se utilizó la base de datos SILVA. Los análisis obtenidos fueron a nivel de filo, clase, orden, familia y género tanto para hongos y bacterias. Para hongos los filos encontrados a nivel de hoja y suelo para los dos sistemas de producción fue Ascomycota, Basidiomycota y Mortierellomycota, entre los géneros más evidentes fueron *Cladosporium*, *Rhodotorula*, *Neocosmospora*, *Botryotinia*, *Fusarium*. De la misma manera para bacterias el principal filo a nivel de hoja y suelo bajo los dos sistemas de producción fue Proteobacteria, Crenarchaeota, Bacterodia, de la misma manera géneros como: *Acinetobacter*, *Athrobacter*, *Bacillus*, *Steroidobacter* y *Sphingomonas*. Mediante este estudio se pudo encontrar gran diversidad de microorganismos presentes tanto a nivel de hojas y suelo bajo los dos sistemas de producción y como estos se interaccionan con el manejo agrícola.

Palabras clave: <TOMATE RIÑÓN (*Solanum lycopersicum* L.) >, <METAGENÓMICA>, <HONGOS>, <BACTERIAS>, <TAXONOMÍA>, <GENERO>, <INTERACCIÓN>, <SUELO-HOJA>.


Ing. Cristhian Castillo



1261-UPT-DBRA-2022

ABSTRACT

The objective of this research was the taxonomic identification of fungal and bacterial microorganisms present in the edaphic and foliar part of the riñón tomato crop under organic and conventional production systems. The research was based on the extraction of genomic DNA from edaphic and foliar samples of the riñón tomato crop under organic and conventional production systems in the Chimborazo province, Chambo canton. The extraction was performed using a Power soil-Quiagen DNA extraction kit. The sequencing was performed with Illumina-Miseq technology (Argonne-Illinois-USA), the raw sequences obtained were in FASTAQ format, and bioinformatics programs such as Rstudio x64 4.0.5 database were used for DADA2 processing and for the classification of fungi the UNITE database was used, and for the classification of bacteria the SILVA database was used. The analyses obtained were at the phylum, class, order, family, and genus level for fungi and bacteria. For fungi, the Phyla found at leaf and soil level for the two production systems were Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota. Among the most evident genera were *Cladosporium*, *Rhodotorula*, *Botryotinia*, *Fusarium*. Similarly, for bacteria, the main phylum at the leaf and soil level under the two production systems was Proteobacteria, Crenarchaeota, Bacterodia, and at the genus level were *Acinetobacter*, *Athrobacter*, *Bacillus*, and *Sphingomonas*. Concluding this study, the most abundant genus at the fungal level was Ascomycota, while at the bacterial level it was Proteobacteria. It is recommended that similar studies be conducted in other locations to compare results and contribute to the data obtained in this study.

Keywords: <RIÑÓN TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.)>, <GENOMIC DNA>, <FUNGAL - BACTERIAL>, <TAXONOMIC>, <EDAPHIC - FOLIAR>.



Silvana Patricia Celleri Quinde

C.C. 0602669830

INTRODUCCIÓN

En la actualidad se ha venido considerando la gran importancia que tiene la interacción de los microorganismos del suelo con las plantas especialmente bacterias y hongos, que representan la mayor parte de la biodiversidad en los agro-ecosistemas y estos microorganismos están involucrados en múltiples funciones como el ciclo de nutrientes y la sanidad vegetal (Hernández et al, 2010, p. 134).

Durante las últimas décadas la alteración de diversos ecosistemas agrícolas por el uso de fertilizantes sintéticos, plaguicidas y la conversión de tierras para la producción de alimentos está provocando cambios en la biodiversidad microbiana, sin embargo los efectos de la producción agrícola convencional en los suelos, cultivos y en la diversidad microbiana todavía no está bien esclarecida (Hernández et al, 2010, p. 134).

Los últimos estudios microbianos que estudian la diversidad, deben considerar los microorganismos y el ambiente abiótico relacionado (Hernández et al, 2010, p. 134). Se debe considerar todos los elementos necesarios para la nutrición vegetal, en el cual participa enzimas específicas principalmente de origen microbiano (Hernández et al, 2010, p. 134).

Debido a que la mayoría de estos procesos enzimáticos que lideran la descomposición y el reciclaje de nutrientes, residen en la capacidad metabólica de los microorganismos presentes en el suelo, la biodiversidad microbiana y su abundancia se le considera como factores determinantes en el mantenimiento de los ecosistemas (Hernández et al, 2010, p. 134).

Particularmente en todas las plantas existen una serie de elementos químicos fundamentales para su desarrollo, están clasificados como macro y micro nutrientes, los cuales para la asimilación de los mismos, involucran diversos microorganismos como bacterias, actinomicetos, hongos entre otros (Hernández et al, 2010, p. 134).

Muchos estudios de diversidad microbiana han sido realizados basados en aquellos microorganismos cultivables en laboratorios, sin embargo en la actualidad se conoce apenas el 1 % de los microorganismos presentes en los suelos que son cultivables en medios sintéticos artificiales (Madden et al, 2015, p. 5-7). Con el fin de suplir esta deficiencia técnica y eliminar el sesgo metodológico, surge la aproximación metagenómica, el cual busca analizar la información genética de diversas comunidades de microorganismos presentes en un ambiente particular, independiente de su cultivo (Madden, et al, 2015, p. 5-7).

Este enfoque involucra herramientas de biología molecular, como el aislamiento del ADN de un ambiente determinado, sea edáfico o foliar, por ejemplo en el caso de metagenómica dirigida de la amplificación de secuencias o barcodes, seguido de secuenciamiento de alto desempeño y de última generación (Madden, et al, 2015, p. 5-7). Dado que la Provincia de Chimborazo, el cantón Chambo es considerado como uno de los productores de hortalizas de importancia a nivel local y nacional y particularmente en el caso del tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L), la diversidad microbiana es un recurso natural todavía desconocido, este estudio buscó conocer a profundidad la diversidad microbiana tanto fúngica como bacteriana del suelo y de la parte aérea y el efecto de diferentes sistemas de producción (orgánico y convencional) sobre esta diversidad.

Problema

Se desconoce del efecto de los sistemas de producción sobre la diversidad microbiana edáfica y foliar del cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum* L). El estudio de estos microorganismos a través del enfoque metagenómica dirigida usando secuenciamiento de nueva generación (NGS) y metabarcoding, nos permitirá conocer la diversidad, adaptación e interacción con los factores bióticos y abióticos en el suelo y la planta. La caracterización de los microorganismos como hongos y bacterias a nivel taxonómicos nos permitirá descubrir nuevas aplicaciones y analizar el potencial de la microbiana natural y alterada en el cultivo de tomate. El estudio de los microorganismos de la forma tradicional ha sido realizada por métodos denominados dependientes de cultivo, sin embargo, se conoce que el porcentaje de microorganismos cultivables es pequeña, y diversos métodos moleculares han permitido conocer la diversidad total de la microbiota de muchos ambientes y/o cultivos (Amorim et al, 2018, p. 55).

Justificación

Considerando el papel fundamental de los microorganismos en los sistemas agrícolas, la gran diversidad de especies existentes en el Ecuador y de la ausencia de estudios de microorganismos en especies agrícolas en nuestro país, este estudio permitirá conocer la diversidad microbiana, su estructuración y como ésta influye con el manejo agronómico de los suelos agrícolas.

Objetivos

Objetivo general

Estudiar el microbioma fúngico-bacteriano, edáfico y foliar del cultivo de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.) bajo sistemas de producción orgánica y convencional en invernadero

Objetivos específicos

- Identificar los principales grupos taxonómicos de hongos y bacterias presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional
- Comparar la diversidad microbiana edáfica y foliar en cultivos de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional

Hipótesis

Nula

La composición, estructura y diversidad del microbioma fúngico-bacteriano en cultivos de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L), no difieren bajo sistemas de producción orgánico y convencional

Alternativa

La composición, estructura y diversidad del microbioma fúngico-bacteriano en cultivos de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.), difieren bajo sistemas de producción orgánico y convencional

CAPÍTULO I

1. MARCO TEÓRICO REFERENCIA

1.1. Biodiversidad microbiana

Un ecosistema sostenible depende de los flujos de nutrientes a través de los niveles tróficos está medido principalmente por los microorganismos que habitan en su medio. Debido a la degradación ambiental y a las malas prácticas agrícolas, la biodiversidad microbiana natural de los suelos han sido objeto de numerosas variaciones, lo que ha dado lugar a modificaciones en el funcionamiento de las comunidades microbianas nativas del mismo (Calderoli et al, 2016, p. 6). No solamente las funciones microbianas son fundamentales para entender los procesos que se desarrollan en el suelo, sino también los microorganismos vienen hacer un enorme reservorio de diversidad genética. La evolución de las formas de vida taxonómicas (abundancia y riqueza) contribuirá a la generación de conocimientos básicos acerca de la identificación de los taxones más representativos (Calderoli et al, 2016, p. 6). Sin embargo, lo más valioso de esa información, es poder establecer la interacción entre la diversidad estructural (Grupos microbianos presentes) y funcional de las comunidades microbianas de los suelos. Para entender todas las relaciones entre la diversidad taxonómica y las funciones microbianas, se necesitan tanto técnicas clásicas como de alta resolución que permitan detectar las relaciones biológicas de la matriz del suelo que incide directa o indirectamente en su calidad y por último en la productividad de los cultivos (Calderoli et al, 2016, p. 6).

La diversidad microbiana es primordial para garantizar todos los ciclos de nutrientes y procesos que intervienen en la descomposición vegetal en cualquier ecosistema terrestre entre los procesos biológicos están; reducción, oxidación, descomposición de la materia orgánica y mineralización, así como interacciones inter-específicas que se establecen, están reguladas por microorganismos que habitan en ese nicho (Rodríguez et al, 2004, p. 267-271). El aumento en el conocimiento de la diversidad microbiana se ha venido convirtiendo en una de las líneas de investigación más importantes de la ecología microbiana; pues los aportes en el conocimiento de la función, estructura, evolución y relación de las poblaciones que las componen, la postulan como una fuente emergente en la investigación médica y biotecnológica (Rodríguez et al, 2004, p. 267-271).

1.2. Microbioma

Rodríguez et al, (2010, p. 185) afirma: “La microbiota o microbioma, se define como una comunidad microbiana presentes en un superficie, está comunidad de microorganismos formada por una mezcla microscópica de miles y millones de actinomicetos, hongos, bacterias y protozoos, etc., cumplen un rol esencial en los procesos biogeoquímicos de la materia”.

1.2.1. Microbioma del suelo.

Rodríguez et al, (2010, p. 185), afirma: “El suelo es uno de los ecosistemas muy complejos y diversos del planeta que albergan millones de millones de microorganismos. El conocimiento que existe sobre la salud del suelo está directamente relacionado con la presencia de los microorganismos, especialmente aquellos que interactúan con las plantas”. La dinámica biológica de los microorganismos del suelo produce beneficios asociados con la salud del mismo. Los microorganismos vienen hacer más abundantes en la capa superior del suelo que en el subsuelo, en la capa superior abundan muchas fuentes de alimentos (raíces de las plantas y MO), y es el lugar en donde interactúan con las raíces de varias maneras (Rodríguez et al, 2010, p. 185).

1.2.2. Microbioma de las plantas

En una planta, todos sus tejidos se encuentran colonizados por comunidades microbianas, debido a que los microbios tienden a moverse entre la filósfera, la endosfera y la rizósfera, es por esto, que la formación del microbioma implica variaciones muy dinámicas en la composición y abundancia de las especies, los microorganismos en la planta tienen diversas funciones como, proteger a la planta de los patógenos microbianos principalmente mediante dos mecanismos. Por un lado, impide que estos colonicen las raíces, hojas ya que compiten con ellos por los nutrientes, o los destruye antes de que estos puedan causar algunas infecciones. El microbioma desencadena una respuesta específica en la planta, es decir, viene hacer una resistencia reducida, la cual estimula la capacidad del sistema inmunitario vegetal para hacer frente a los ataques de microorganismos perjudiciales (Rodríguez et al, 2010, p. 185).

Estudios metagenómicos para el análisis del microbioma se pueden clasificar en dos categorías; estudios de amplicón dirigidos, los cuales se basan en un gen marcador para dar vista la composición y diversidad de la microbiota y el enfoque metagenómica completo, también puede ser denominado metagenómica shotgun, debido a la aleatoriedad con que se obtienen las secuencias genómicas (Mantilla et al, 2019, p. 2-4).

1.3. Técnicas independientes de cultivo para el estudio del microbioma

1.3.1. Técnicas metagenómicas para la determinación del microbioma

Hernández et al, (2010, p. 134), afirma: “Los métodos que han sido utilizados para determinar la diversidad microbiana en el suelo, están categorizados dentro de dos grupos como; las técnicas basadas en biología molecular y técnicas basadas en bioquímica”.

En las técnicas moleculares para determinar la diversidad se incluye la re-asociación de ADN, hibridación ADN-ADN y ARNm-ADN, clonación de ADN, secuenciamiento de alto rendimiento (high-throughput) y otros métodos basados en PCR, como electroforesis de gradiente denaturante (DGGE), una de las técnicas de hibridación que ha venido tomando mucha fuerza dentro de los estudios de diversidad, es el microarreglo de ADN, que se basa en la hibridación ADN-ADN o ADNc-ADN para detectar e identificar especies bacterianas o para evaluar la diversidad de la misma. Este microarreglo puede contener genes blancos específicos para dar información de la diversidad funcional o puede tener una muestra de ambientes-estándar (Fragmento con menos del 70% de hibridación) representado diferentes especies encontradas en una muestra ambiental (Hernández et al, 2010, p. 134).

1.3.1.1. Secuenciamiento de próxima generación del ADN genómico

Todas las tecnologías de secuenciamiento masivas incluyen pasos universales que se agrupan en términos generales en la preparación de bibliotecas y templado, reacción de secuenciamiento, y análisis de los datos. La combinación única de protocolos específicos distingue a cada una de las tecnologías y determina el tipo y cantidad de los datos producidos de una plataforma a otra. Las diferencias entre las plataformas son notables al comparar los datos obtenidos en calidad, cantidad y costo de secuenciamiento. Aunque las puntuaciones de calidad y precisión de las estimaciones son proporcionadas por cada fabricante, no hay consenso establecido para determinar una calidad mínima de las secuencias, es decir, no se puede realizar una equivalencia entre una plataforma y otra, debido a diversas métricas de secuenciamiento utilizadas por las diferentes tecnologías. Los varios sistemas de secuenciamiento de la nueva generación (NGS por sus siglas en inglés Next-Generation Sequencing) tiene en común la producción alta de los datos a partir de la secuenciación masiva en paralelo en el orden “Gigabases” a menudo los instrumentos de NGS se clasifican como tecnologías de secuenciamiento de segunda y tercera generación (Mantilla et al, 2019, p. 2-4).

1.3.1.2. Metagenómica dirigida 16S RNA

Se estima que un pequeño porcentaje del 0, al 10 % de las bacterias son cultivables, esto implica que la mayoría de las bacterias no son cultivables, y por lo tanto, desconocidas para el ser humano. Esto ha limitado enormemente el conocimiento sobre la diversidad microbiana. Para contrarrestar esta limitante se han creado diversos métodos para poder aislar y amplificar el material genético de las bacterias no cultivables en diferentes ambientes. Una de las técnicas más utilizadas desde algunas décadas es la amplificación de los genes ribosomales que codifican para la subunidad 16S (ADNr 16S) (Mantilla et al, 2019, p. 2-4).

Las subunidades de proteínas ribosómicas factores de elongación y las subunidades de ARN polimerasa han sido usados como genes marcadores para evaluar la composición y la diversidad microbiana, el cual, estos muestran poblaciones diferentes. En consecuencia la mayoría de estudios de las comunidades microbianas incluyen la secuenciación de amplicones dirigidos filogénicamente informativos, como el gen de la subunidad ribosomal 16S rRNA para bacterias u otros grupos como arqueobacterias (Mantilla et al, 2019, p. 2-4).

1.3.1.3. Características del ARN 16S

La molécula ha sido reconocida como un señalizador universal de bacterias, su estructura permanece por largos periodos de tiempo no ha cambiado, los cambios en la secuencia probablemente son aleatorios. El ARNr tiene gran variabilidad para diferenciar no sólo bacterias más alejadas, sino también las que están más cercas. Además el tamaño de los ARNr 16S (1500 nucleótidos) minimiza las fluctuaciones estadísticas, y la conservación de su estructura secundaria favoreciendo el alineamiento preciso durante la comparación de secuencias (Cortés et al, 2015, p. 40-42). El ARN 16S es un polirribonucleótido que tiene aproximadamente de 1500 nucleótidos, también conocido ADN ribosomal 16S. Como cualquier secuencia nucleotídica de cadena sencilla, el ARNr 16S se pliega y toma una estructura secundaria que se caracteriza por tener segmentos de una doble cadena, el cual permite la formación de asas y hélices (Cortés et al, 2015, p. 40-42).

1.3.1.4. Metagenómica dirigida ITS

Para determinar la biodiversidad de los hongos, es necesario realizar primero su identificación. En estos últimos años han venido desarrollando herramientas moleculares, la cual ha permitido conocer y estudiar la estructura dinámica y variabilidad genética de la población de hongo. La más útil para el estudio de las comunidades ha sido la reacción en cadena de la polimerasa (PCR

por sus siglas en inglés) que permiten identificar a los microorganismos. Los procedimientos basados en PCR, ya sean reacciones simples o complejas, abarcan un vasto número de protocolos; entre los más empleados están; regiones hipervariables de ADNr (ITS o espacio transcrito interno) (Rodríguez et al, 2004, p. 267-271).

1.3.1.5. Características de la región ITS

Las regiones más divergentes de los genes ribosomales, son los espacios intergenéticos ITS. La ecología microbiana en estudios de las comunidades fúngicas, le ha ofrecido un uso muy frecuente a la amplificación de los genes ribosomales, exclusivamente para poder identificar los componentes de la misma comunidad, a diferencia de lo que se realiza en las comunidades de procariontes en las que se utiliza tanto para identificar como para cuantificar. La variabilidad en la secuenciación vista en las 2 regiones ITS de los genes ribosomales, que alejan la subunidad ribosomal pequeña 5,8 de la subunidad ribosomal grande 25S, ha sido importante para distinguir un hongo de otro. La mayoría de los estudios de ecología molecular de los hongos se ha hecho con restricción de estas regiones que están separadas por el gen ribosomal 5,8S. En los hongos es de un tamaño de 650 a 900 pb e incluye al gen 5,8S. La variabilidad interespecie del ITS1 y ITS2, ha sido especialmente estudiada para establecer marcadores para algunas especies de hongos (Rodríguez et al, 2004, p. 267-271).

1.4. Tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.)

El tomate viene hacer hortaliza que tiene una alta demanda y gran diversidad genética, por el cual existe muchas variedades con distintos aspectos entre, color y sabor, además de una demanda que aumenta continuamente cada día y con ella su producción y comercialización en el mundo. Este incremento de la producción en el mundo obedece más bien a un mayor rendimiento que a un crecimiento en la superficie cultivada. Estos rendimientos a su vez, son productos de la incorporación de las tecnologías dentro del cultivo, que permiten el manejo de los factores ambientales (Clima) y los recursos naturales (Suelo, Agua y la aplicación de los Fertilizantes) de mano con el manejo y las prácticas del cultivo. Esto permitirá la oferta del tomate durante todo el año (Samaniego et al, 1999, p. 45).

1.4.1. Origen

Es una planta herbácea que puede ser anual, bianual y es de origen centro y sudamericano. En la actualidad es cosmopolita, su cultivo es para consumo fresco e industrializado. Dentro de la horticultura mundial, el tomate riñón constituye uno de los rubros de mayor dinamismo (Samaniego et al, 1999, p. 45).

1.4.2. Clasificación taxonómica

El tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.) es una planta di-cotiledónea que pertenece a la familia de las solanáceas. Según Hunzinker (1979) la taxonomía generalmente aceptada es:

Tabla 1-1: Taxonomía del tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.)

Clase	Dicotyledoneas
Orden	Sonales (Personatae)
Familia	Solanaceae
Subfamilia	Solanoideae
Tribu	Solaneae
Género	<i>Solanum</i>
Especie	<i>lycopersicum</i>

Fuente: Samaniego, 2007.

1.4.3. Descripción botánica

El tomate riñón es una planta herbácea de ciclo anual o perennes, autógamas de porte erecto y hasta más de 1,5 de altura, vellosidades e inermes. Presentan hojas compuestas fundamentalmente imparipinadas de 15-4 cm de longitud. Foliolos 5-9 por hoja, ovados u oblongos de 5-7 cm de longitud con borde dentado o lobulado, el ápice agudo y la base oblicua. Pseudoestípulas presentes. También presenta flores de 9-12 mm en cimas escopioideas o racemiformes simples o bifidas. Brácteas ausentes. Cáliz de 5-lobulado. Corola amarilla y de más de 2,5 cm de diámetro. Baya de color roja, rosada o amarillenta, oblonga, globosa y deprimida o piriforme de más de 2 cm de diámetro, lampiña y plurilocular. Semillas numerosas, aplanadas y amarillentas de $2n=24$. Se lo cultiva por sus frutos que se comen como verdura y en ensalada se utilizan para preparar los condimentos, salsas y zumos. Se multiplican por semillas en regiones templadas y tropicales (Samaniego, 2007, p. 383-390).

1.4.4. Importancia

El tomate riñón es una planta herbácea de ciclo anual o perennes, autógamas de porte erecto y hasta más de 1,5 de altura, vellosidades e inermes. Presentan hojas compuestas fundamentalmente imparipinadas de 15-4 cm de longitud. Foliolos 5-9 por hoja, ovados u oblongos de 5-7 cm de longitud con borde dentado o lobulado, el ápice agudo y la base oblicua. Pseudoestípulas presentes. También presenta flores de 9-12 mm en cimas escopioideas o racemiformes simples o bífidas. Brácteas ausentes. Cáliz de 5-lobulado. Corola amarilla y de más de 2,5 cm de diámetro. Baya de color roja, rosada o amarillenta, oblonga, globosa y deprimida o piriforme de más de 2 cm de diámetro, lampiña y plurilocular. Semillas numerosas, aplanadas y amarillentas de $2n=24$. Se lo cultiva por sus frutos que se comen como verdura y en ensalada se utilizan para preparar los condimentos, salsas y zumos. Se multiplican por semillas en regiones templadas y tropicales (Samaniego , 2007, p. 383-390).

CAPÍTULO II

2. MARCO METODOLÓGICO

2.1. Materiales y métodos

2.1.1. Ubicación del estudio

La investigación se llevará a cabo en la:

Tabla 2-2: Ubicación del estudio.

Provincia:	Chimborazo
Cantón:	Chambo
Sector 1:	Airón (Tomate bajo sistema de Producción Orgánico)
Sector 2:	Vergel (Tomate bajo sistema de Producción convencional)

Fuente: (INAMHI, 2018).

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

2.1.2. Ubicación geográfica

Tabla 3-2: Coordenadas geográficas de la zona de estudio.

Descripción	Valor
Sector Vergel:	
Latitud:	-1.748647
Longitud:	-78.609570
Altitud:	2780 msnm
Sector Airón:	
Latitud:	-1.739442
Longitud:	-78.606906
Altitud:	2780 msnm

Fuente: (INAMHI, 2018).

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

2.1.3. Materiales

- Computadora
- Lápiz y libreta de apuntes
- Material bibliográfico (bases de datos)
- Secuencias brutas fastaq obtenidas de secuenciamiento Illumina Miseq
- Kit de extracción de ADN Power soil.
- Sustratos de suelo y muestras foliares

2.2. Métodos

2.2.1. Tipo de investigación

La presente investigación es de tipo investigativo y de trabajo *in silico* la cual se basa en la información generada por los datos moleculares generados a partir de secuenciamiento Illumina Miseq de los genes 16S e ITS.

2.2.2. Fases de evaluación del estudio

2.2.2.1. Toma de muestras y condiciones de almacenamiento.

Se tomaron muestras de suelo de la rizósfera de 2 cultivos comerciales de tomate (orgánico y convencional) y 6 muestras foliares de los mismos cultivos. Se hizo una muestra compuesta para cada sitio de campo de las muestras de suelo y tres para cada sitio de las muestras foliares. Las muestras de suelo y foliares se colocaron en bolsas de plástico estériles y se mantuvieron en una hielera durante el transporte al laboratorio donde se mantuvieron a (4-8 °C) antes del procesamiento.

2.2.2.2. Extracción y procesamiento de ADN del suelo.

Se extrajo ADN de una submuestra de 0,25 g de suelo y 0,5 g de foliolos de tomate con el kit de aislamiento de ADN PowerSoil® (MoBio Laboratories Inc., Carlsbad, CA, EE. UU.), siguiendo las modificaciones descritas por Earth Microbiome Project EMP; (Caporaso et al., 2012). Se cuantificó el ADN extraído utilizando el espectrofotómetro NanoDrop® 2000 (Thermo Fisher Scientific), y la calidad del ADN se verificó en un gel de agarosa al 1 % con GelRed (Biotium, Fermont, CA). La concentración final de ADN se ajustó a 20 ng/μL y las muestras se almacenaron a -20 °C hasta la secuenciación.

2.2.2.3. Amplificación y secuenciación fúngica y bacteriana.

Se liofilizaron un total de 8 muestras de ADN genómico y se enviaron a las instalaciones centrales de Secuenciación de Próxima Generación del Laboratorio Nacional de Argonne-USA (ANL-NGS). Todos los procesos posteriores, incluida la preparación de la biblioteca, la amplificación y la secuenciación, se realizaron en ANL-NGS. Las muestras se procesaron para la secuenciación utilizando el kit de reactivos Illumina Miseq® v2 siguiendo un protocolo modificado del fabricante.

Se accedió a las comunidades fúngicas amplificando la región del espaciador transcrito interno (ITS) del rRNA, con los cebadores ITS1f e ITS2 utilizando el protocolo descrito en ANL-NGS (<https://bit.ly/307E5L3>). Las reacciones de PCR de ambas bibliotecas se llevaron a cabo en volúmenes de 25 µL, incluido 1 µL de plantilla de ADN, 0,5 µL de cada cebador a 10 µM, 13 µL de agua de grado PCR (Sigma), 10 µL 2x de Platinum™ Hot Start PCR master mezcla (Thermo Fisher Scientific). Las condiciones de PCR para el análisis bacteriano fueron: desnaturalización inicial a 94 °C por 3 min, seguido de 35 ciclos de 94 °C por 45 s, 50 °C por 60 s, 72 °C por 90 s y una extensión final de 10 min a 72 °C. Para las amplificaciones fúngicas las condiciones fueron 94 °C por 1 min, seguido de 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 52 °C por 30 s, 68 °C por 30 y una extensión final de 7 min a 68 °C.

El ADN bacteriano se amplificó con el conjunto de cebadores del gen universal 16S rRNA 515F y 806R, dirigido a la región V4 del 16S SSU rRNA combinado con el adaptador secuenciador utilizado en la celda de flujo Illumina (Caporaso et al, 2011, 2012). El cebador de amplificación inversa también contiene una secuencia de código de barras de 12 pb que admite la agrupación de hasta 2167 muestras diferentes en cada carril. Para evitar la contaminación del plástido huésped de la planta y el 16S mitocondrial, se incluyeron secuencias de pinzamiento de PNA en la amplificación (Lundberg , 2013, p. 45-67). El protocolo 16S siguió el propuesto por el proyecto Earth microbiome.

2.2.2.4. Limpieza de secuencias.

Todas las secuencias se desmultiplexaron utilizando el software CASAVA (Consensus Assessment of Sequence and Variation) versión 1.8.2 (Eren et al., 2013). Se realizó un procesamiento adicional utilizando DADA2 (Schloss et al., 2009) siguiendo el protocolo recomendado.

Todas las secuencias se agruparon en ASVs (amplicanos variantes de secuencia). Las comunidades fúngicas y bacterianas se normalizaron a recuentos de secuencias iguales y se usaron tablas de ASVs en todos los análisis posteriores. Todos los análisis estadísticos se realizaron en

R v4.1.2 (R Development Core Team, 2017) utilizando las librerías *vegan* v2.4-1 (Noetzli et al., 2007), *phyloseq* v1.19.1 (McMurdie & Holmes, 2013), *ggplot2* v2. 2.1 (Bodenhof et al., 2011) e *iNEXT* v2.0.12 (Hsieh et al., 2016).

Los números de Hills ($q=0$, riqueza de especies, $q=1$, diversidad de Shannon y $q=2$, diversidad de Simpson) se utilizaron para estimar la diversidad de especies y construir las curvas de rarefacción de extrapolación/interpolación. La riqueza de especies, la diversidad de Shannon y la diversidad de Simpson se utilizaron para evaluar la diversidad de hongos y bacterias en las muestras recolectadas. Para estudiar la estructura de la comunidad, se calculó la métrica de distancia de Bray-Curtis para determinar la diversidad β y las matrices de disimilitud resultantes se usaron para evaluar el agrupamiento de las comunidades por tipo de cultivo y además se usó el análisis de ordenación como análisis de coordenadas principales (PCoA).

CAPÍTULO III

3. MARCO Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS

3.1. Principales grupos taxonómicos de hongos presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional

3.1.1. Abundancia relativa de hongos a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y tipo de hoja (orgánica- convencional).

El análisis de la composición microbiana a nivel de filo de abundancia relativa, nos mostró que existió diferencia en los perfiles de composición fúngica en los tipos de suelos hoja (orgánico-convencional) (**gráfico 1-3**). Las comunidades fúngicas a nivel de hoja para el sistema de producción convencional estuvieron formadas por dos filos (Ascomycota con 98,4% y Basidiomycota con 1,6 %) del mismo modo las comunidades fúngicas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica se estructuraron en dos filos (Ascomycota con 83,8% y Basidiomycota con 16,2%).

En el tipo de suelo del sistema de producción convencional se encontraron tres filos fúngicos (Ascomycota con 70,6%, Mortierellomycota con 25% y Basidiomycota con 4,4%), similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron tres filos fúngicos (Ascomycota con 94,2%, Mortierellomycota con 4,4% y Basidiomycota con 1,4%).

De manera general, a nivel de filo tanto en el suelo y a nivel foliar en los dos sistemas de producción el principal filo fúngico detectado fue Ascomycota con un promedio de 86,75%

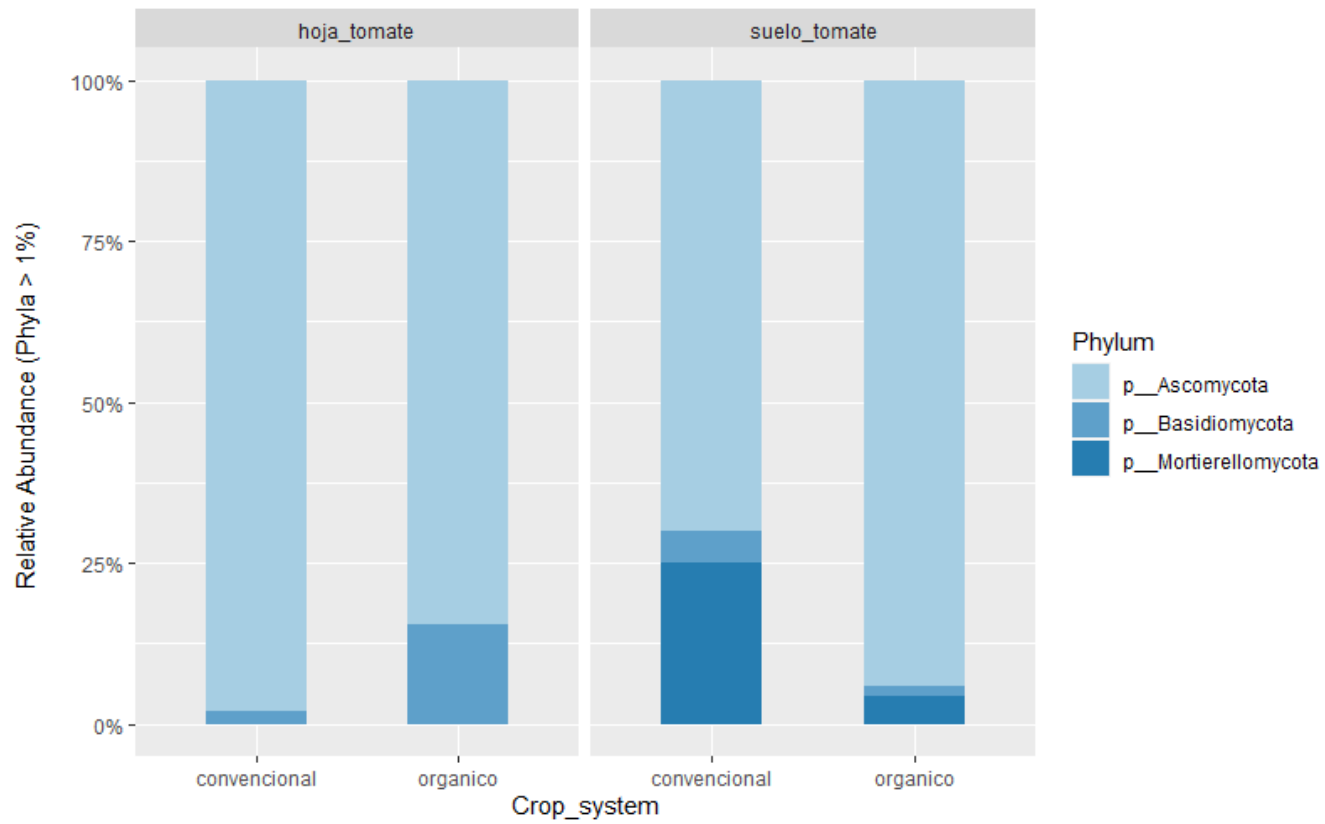


Gráfico 1-3. Abundancia relativa de hongos a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.1.2. Abundancia relativa de hongos a nivel de clase, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica- convencional).

El análisis de la composición microbiana a nivel de clase, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de composición fúngica en los tipos de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 2-3**). Las comunidades fúngicas a nivel de hojas para el sistema convencional estuvieron formadas por cuatro clases (Dothideomycetes con 65,6%, Leotiomycetes con 31,4%, Sordariomycetes con 1,8% y Agaricomycetes con 1,2 %), del mismo modo las comunidades fúngicas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica estuvieron formadas por seis clases (Dothideomycetes con 69%, Leotiomycetes con 15,5%, Microbotryomycetes con 10,9%, Tremellomycetes con 3,7%, Sordariomycetes con 0,5% y Agaricomycetes con 0,4 %).

En el tipo de suelo del sistema de producción convencional se encontraron tres clases fúngicas (Sordariomycetes con 43,8%, Mortierellomycetes con 25,3%, Pesisomycetes con 21,6%, Tremellomycetes con 5,36%, Dothideomycetes con 3,7% y Eurotiomycetes con 0,24%), similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron tres clases fúngicas (Pesisomycetes con 67,5%, Sordariomycetes con 20,15%, Eurotiomycetes con 4,9%, Mortierellomycetes con 3,9%, Dothideomycetes con 3,2% y Agaricomycetes con 0,35 %).

De manera general, a nivel de clase a nivel foliar en los dos sistemas de producción (orgánica y convencional) la principal clase fúngica detectada fue Dothideomycetes con un promedio de 67,3%, de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional la principal clase fúngica detectada fue Sordariomycetes con 43,8%, al igual que en el suelo bajo el sistema de producción orgánica en donde la principal clase fúngica fue Pesisomycetes con 67,5%.

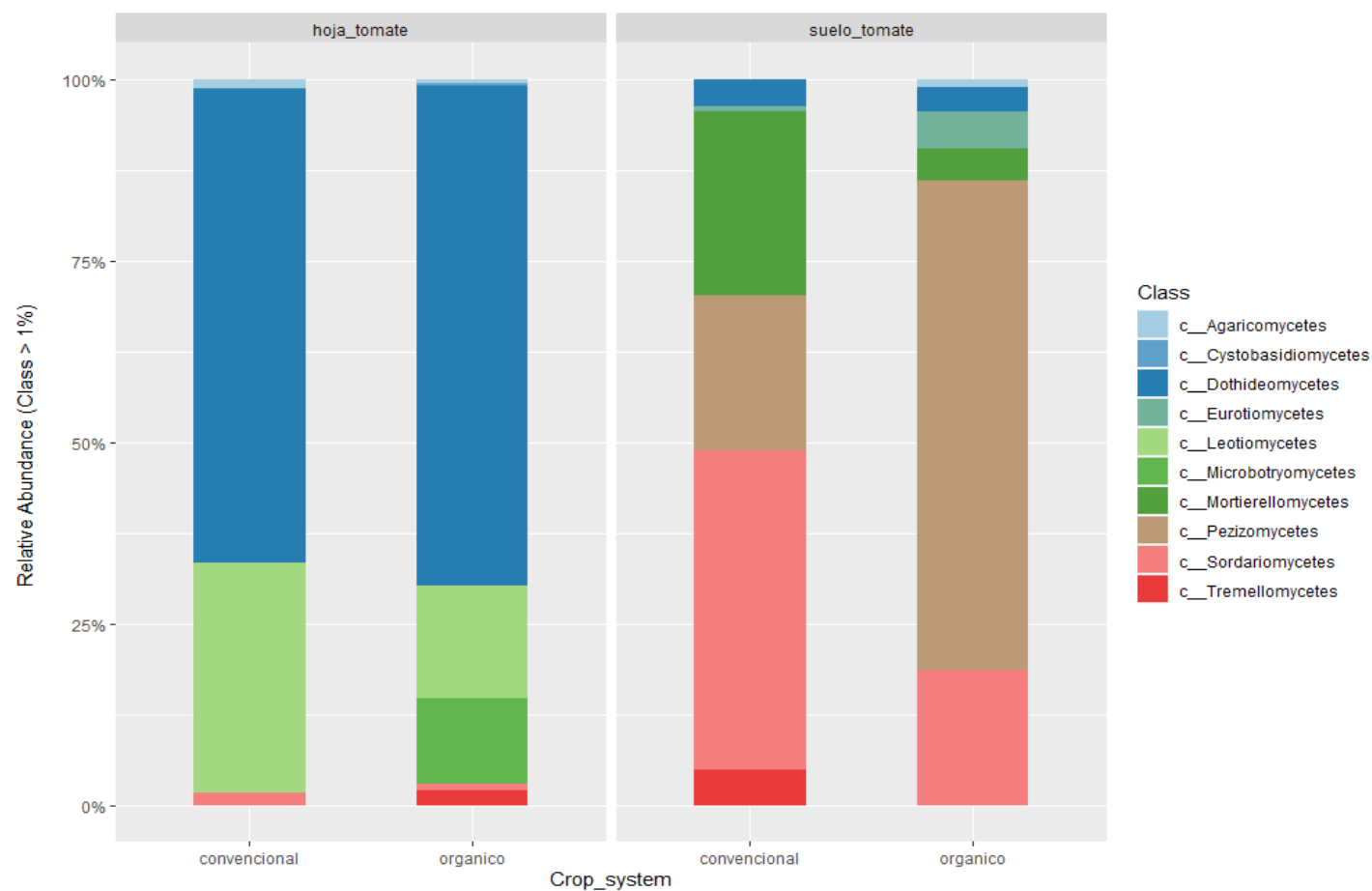


Gráfico 2-3. Abundancia relativa de hongos a nivel de clase en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.1.3. Abundancia relativa de hongos a nivel de orden en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)

El análisis de la composición microbiana a nivel de orden, nos mostró que existió diferencia en los perfiles de composición fúngica en los tipos de suelos y tipos hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 3-3**). Las comunidades fúngicas a nivel de hojas para el sistema convencional estuvieron formadas por cinco órdenes fúngicos (Agaricales con 62,5 %, Erysiphales con 16,02%, Helotiales con 15%, Pleosporales con 3,6% y Trichosphaeriales con 2,88%), del mismo modo las comunidades fúngicas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica estuvieron formadas por siete órdenes fúngicos (Agaricales con 69,1 %, , Sporidiobolales con 12,02%, Erysiphales con 9,6%, Helotiales con 5,68%, Filobasidiales con 1,5%, Pleosporales con 1,5% y Tremellales con 0,6%). En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron ocho órdenes fúngicos (Hypocreales con 30,9%, Mortierellales con 25,56%, Pezizales con 21,6%, Togniniales con 7,4%, Trichosporonales con 6%, Sordariales con 5,11%, Capnodiales con 2,3 % y Pleosporales con 1,13%). Similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron siete órdenes fúngicos (Pezizales con 68,4%, Hypocreales con 11,4%, Erysiphales con 5,1 %, Sordariales con 4,62%, Mortierellales con 4,54%, Pleosporales con 2,6% y Togniniales con 2,34 %).

De manera general, a nivel de clase a nivel foliar en los dos sistemas de producción (orgánica y convencional) el principal orden fúngico detectado fue Agaricales con un promedio de 65,8%, de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional el principal orden fúngico detectado fue Hypocreales con 30,9%, al igual que en el suelo bajo el sistema de producción orgánica el principal orden fúngico fue Pezizales con 68,4%.

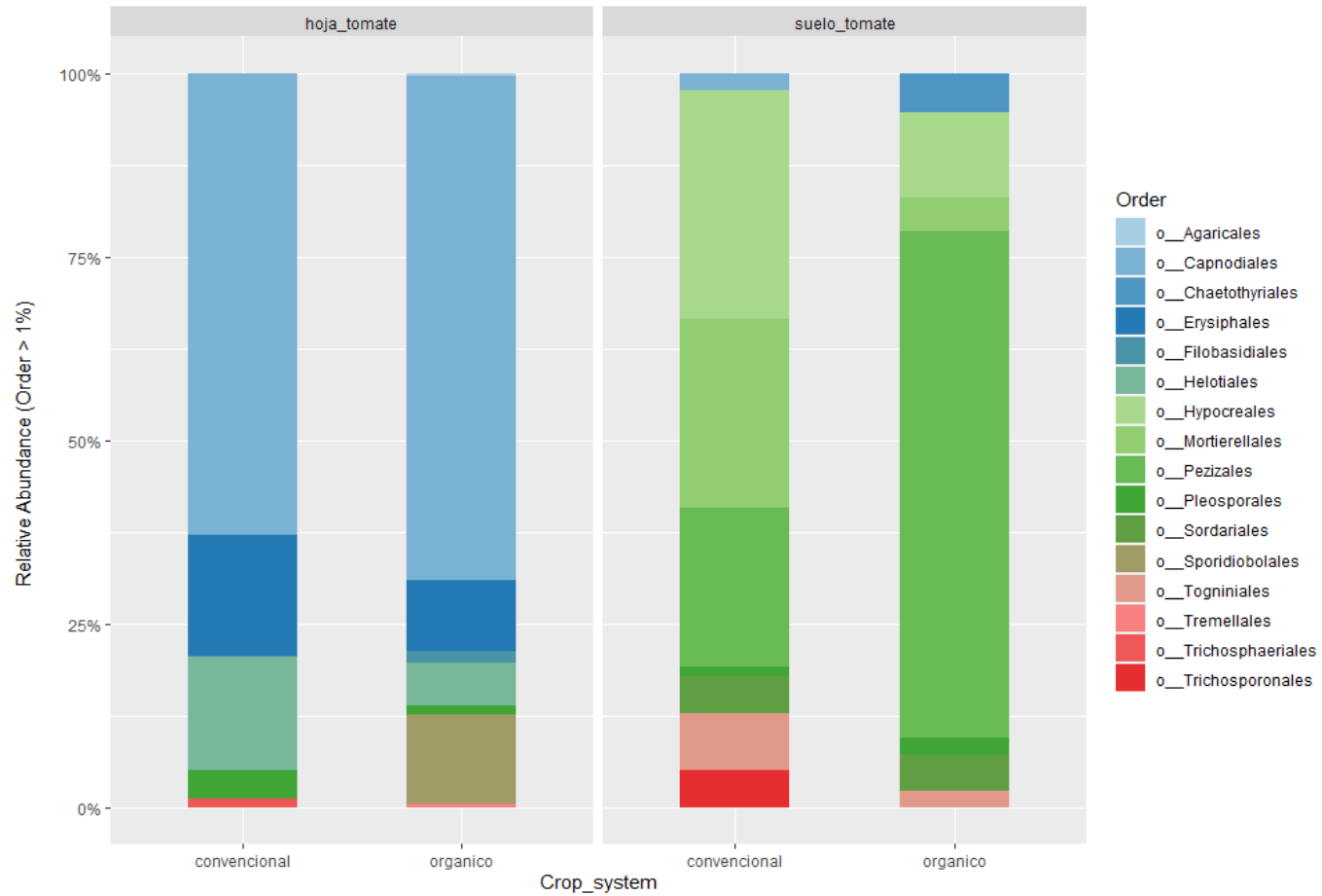


Gráfico 3-3. Abundancia relativa a nivel de orden en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.1.4. Abundancia relativa de hongos a nivel de familia en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)

El análisis de la composición microbiana a nivel de familia, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de la composición fúngica en los tipos de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 4-3**). Las comunidades fúngicas a nivel de hoja para el sistema convencional estuvieron formadas por cinco familias fúngicas (Cladosporiaceae con 63,21 %, Erysiphaceae con 16,43%, Sclerotiniaceae con 15,8%, Trichosphaeriaceae con 2,16% y Pleosporaceae con 2,4%), del mismo modo las comunidades fúngicas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica estuvo formada por cinco familias (Cladosporiaceae con 70,54 %, Sporidiobolaceae con 12,64%, Erysiphaceae con 10,11%, Sclerotiniaceae con 5,45% y Filobasidiaceae con 1,26%).

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron once familias fúngicas (Nectriaceae con 33,3%, Mortierellaceae con 29,62%, Pezizales_fam_incertae_sedis con 10,18%, Togniniaceae con 10%, Ascobotaceae con 1,26 %, Trichosporonaceae con 5,66%, Chaetomiaceae con 3,79%, Hypocreales_fam_incertae_sedis con 2,54%, Cladosporiaceae con 2,27%, Pyronemataceae con 0,92%, Leptosphaeriaceae con 0,46%), similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron catorce familias fúngicas (Nectriaceae con 29,63%, Herpotrichiellaceae con 16,7%, Mortierellaceae con 14,81%, Togniniaceae con 8,57%, Chaetomiaceae con 6,1%, Lasiosphaeriaceae con 5,6%, Ascobotaceae con 4,8%, Pleosporaceae con 3,7%, Pyronemataceae con 1,94%, Bionectriaceae con 1,85%, Cladosporiaceae con 1,85%, Glomeraceae con 1,85%, Sporormiaceae con 1,4%, Hypocreales_fam_incertae_sedis con 1,2%). De manera general, a nivel de familia a nivel foliar en los dos tipos de sistemas de producción (orgánico y convencional) la principal familia fúngica detectada fue Cladosporiaceae con un promedio de 66,9%, de la misma manera para el tipo de suelo bajo los dos sistemas de producción orgánico y convencional la principal familia fue Nectriaceae con un promedio de 31,5%.

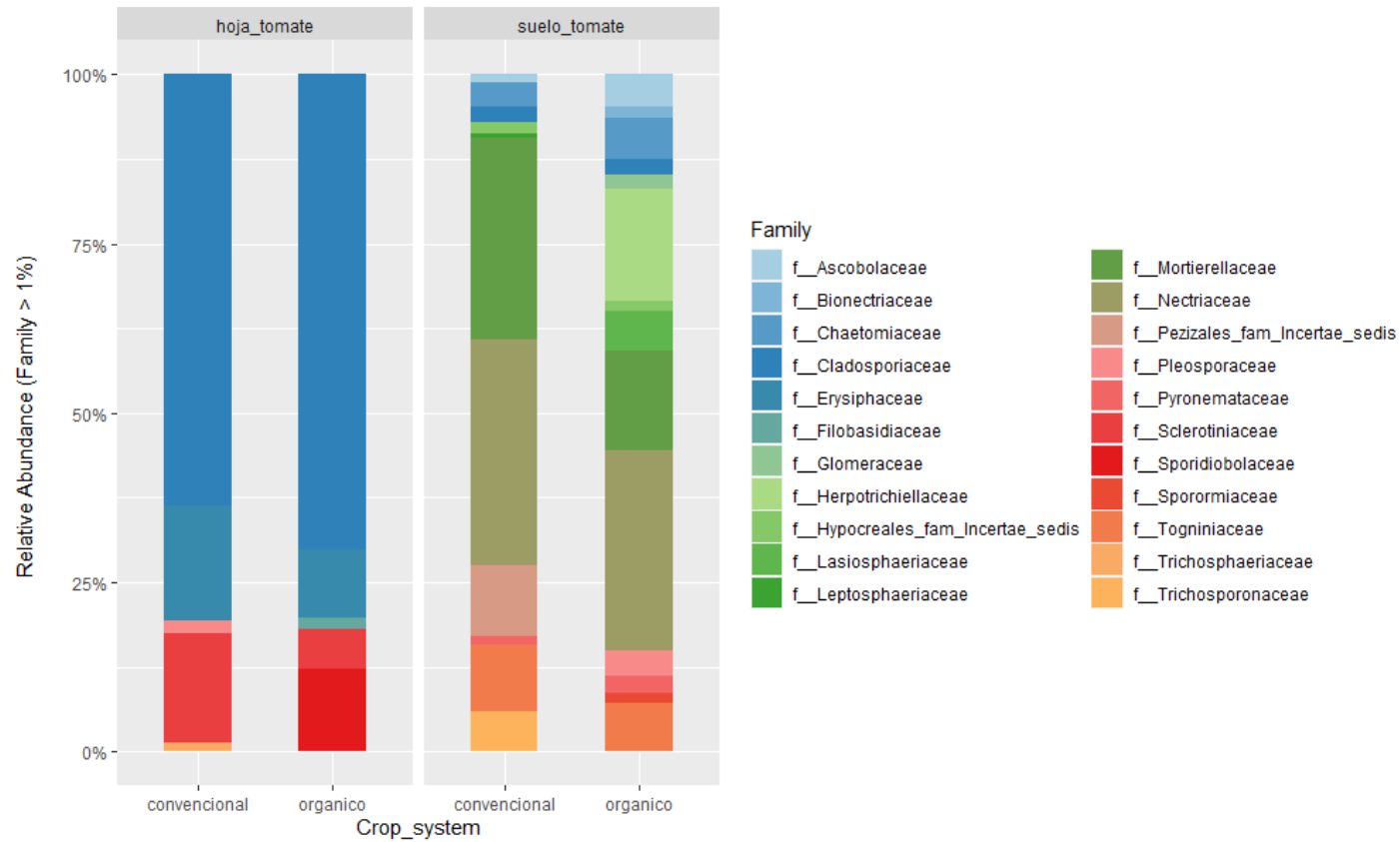


Gráfico 4-3. Abundancia relativa e hongos a nivel de familia en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional).

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.1.5. *Abundancia relativa de hongos a nivel de género en relación al tipo de suelo y hojas orgánico y convencional*

El análisis de la composición microbiana a nivel de género, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de la composición fúngica en los tipos de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 5-3**). Las comunidades fúngicas a nivel de hojas para el sistema convencional estuvieron formadas por cinco géneros fúngicos (*Cladosporium* con 63,77%, *Neocosmospora* con 16,92%, *Botryotinia* con 15,7%, *Theλονectria* con 2,67%, *Neoerysiphe* con 0,94%), del mismo modo las comunidades fúngicas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica estuvieron formadas por seis géneros fúngicos (*Cladosporium* con 70,25%, *Rhodotorula* con 11,34%, *Neocosmospora* con 10,5%, *Botryotinia* con 5,88 %, *Filobasidium* con 1,7%, y *Sporobolomyces* con 0,33%).

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron dieciséis géneros fúngicos (*Mortierella* con 29,65%, *Fusarium* con 21,6%, *Gibberella* con 11,3%, *Trichobolus* con 10,61%, *Phaeoacremonium* con 9,91%, *Cutaneotrichosporon* con 4,42%, *Cladosporium* con 2,3%, *Botryotinia* con 1,8%, *Acremonium* con 1,7%, *Apiotrichum* con 1,7%, *Ascobolus* con 1,2% , *Botryotrichum* con 0,97%, *Lasiobolidium* con 0,9%, *Leptosphaeria* con 0,8%, *Neocosmospora* con 0,58% , *Trichocladium* con 0,56%), similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron dieciocho géneros fúngicos (*Phialophora* con 17,18%, *Mortierella* con 15%, *Gibberella* con 14,81%, *Fusarium* con 11,1%, *Phaeoacremonium* con 7,4%, *Ascobolus* con 4,62% , *Botryotrichum* con 4,5%, *Alternaria* con 4,2%, *Trichobolus* con 3,8% *Cladorrhinum* con 3,4%, *Cladosporium* con 2,6%, *Lasiobolidium* con 2%, *Funneliformis* con 2%, *Rhodotorula* con 1,9%, *Hidropisphaera* con 1,85%, *Chaetomium* con 1,4%, *Cutaneotrichosporon* con 1,4% y *Acremonium* con 0,93%).

De manera general, a nivel de género a nivel foliar bajo los dos sistemas de producción (orgánica y convencional) el principal género fúngico detectado fue *Cladosporium* con 67,01%; de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional el principal género fúngico detectado fue *Mortierella* con 29,65%, al igual que en el suelo bajo el sistema de producción orgánica en dónde el principal género fue *Phialophora* con 17,18%.

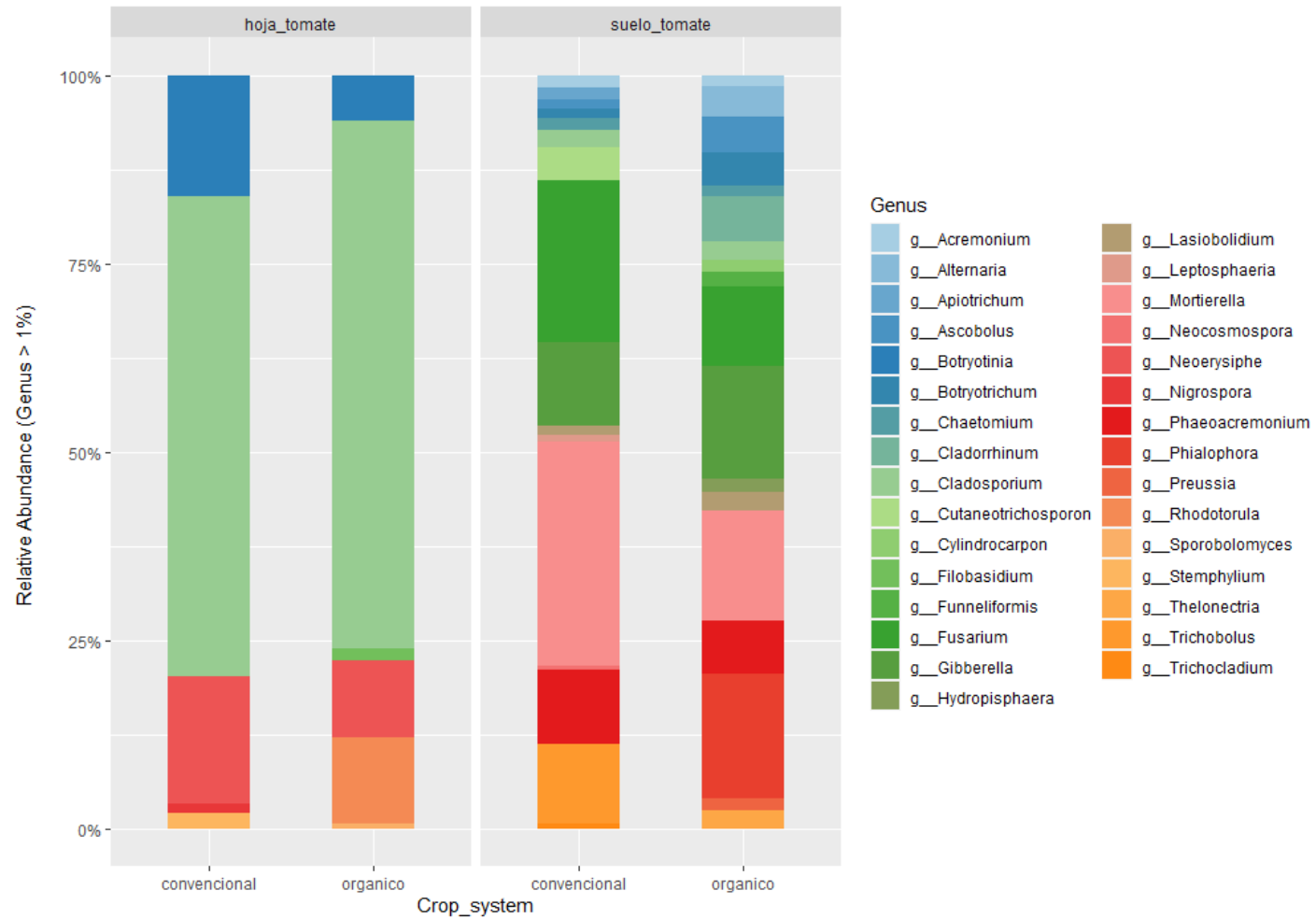


Gráfico 5-3. Abundancia relativa de hongos a nivel de género en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.2. Principales grupos taxonómicos de bacterias presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (*Solanum lycopersicum* L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional

3.2.1. Abundancia relativa de bacterias a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)

El análisis de la composición microbiana a nivel de filo, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de la composición bacteriana en los tipos de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 6-3**). Las comunidades bacterianas a nivel de hojas para el sistema convencional estuvo formada por un solo filo (Proteobacteria con 100%), del mismo modo las comunidades bacterianas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica estuvieron formadas por dos filos (Proteobacteria con 98,3% y Gemmatimonadota con 1,7%)

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron once filos bacterianos (Proteobacteria con 28,81%, Crenarchaeota con 17,11%, Bacteroidota con 13,6%, Verrucomicrobiota con 8,14%, Firmicutes con 7,73%, Acidobacteriota con 7,6%, Chloroflexi con 5,1%, Gemmatimonadota con 5,1%, Actinobacteriota con 4,1%, Myxococcota con 1,7% y Nitrospirota con 1,01 %), similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron doce filos bacterianos (Proteobacteria con 51,7%, Actinobacteriota con 8,81%, Bacteroidota con 8,3%, Acidobacteriota con 7,6%, Verrucomicrobiota con 4,74%, Firmicutes con 4,74%, Chloroflexi con 3,4%, Planctomycetota con 3,4%, Gemmatimonadota con 2,9%, Crenarchaeota con 1,7%, Myxococcota con 1,7%, Nitrospirota con 1,01%,).

De manera general a nivel de filo a nivel foliar en los dos sistemas de producción (orgánico y convencional) el principal filo bacteriano detectado fue Proteobacteria con un promedio de 99,15%, de la misma manera en el tipo de suelos y hojas para el sistema de producción (orgánico y convencional) el principal filo bacteriano detectado fue Proteobacteria con un promedio de 40,25%.

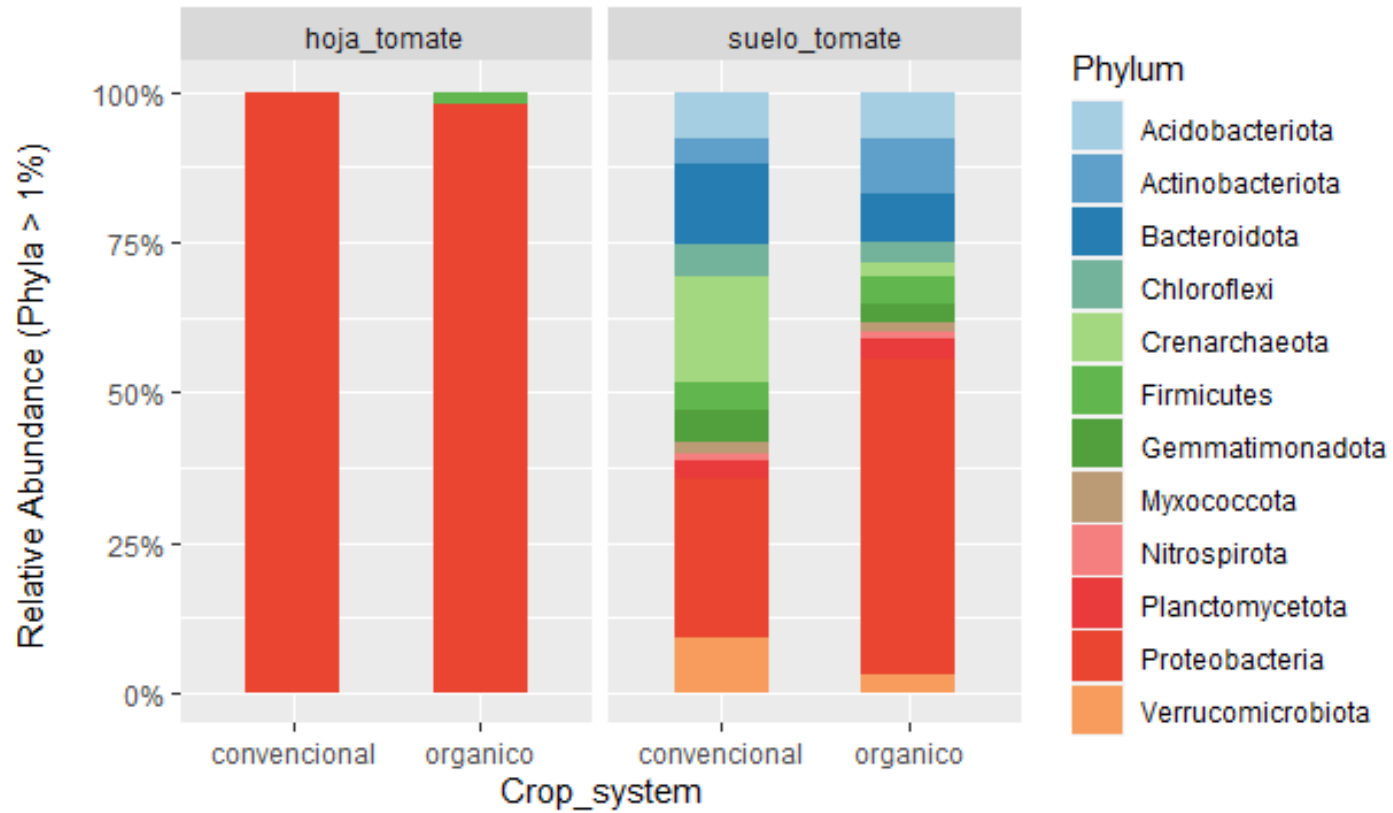


Gráfico 6-3. Abundancia relativa de bacteria a nivel de filo, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico convencional)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.2.2. Abundancia relativa a nivel de clase en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

El análisis de la composición microbiana a nivel de clase, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de la composición bacteriana en los tipos de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 7-3**). Las comunidades bacterianas a nivel de hoja para el sistema convencional estuvo formada por dos clases bacterianas (Gammaproteobacteria con 97,79% y Bacilli con 2,21%), del mismo modo las comunidades bacterianas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica estuvieron formadas por cuatro clases bacterianas (Gammaproteobacteria con 69,91%, Bacilli con 29,2%, Actinobacteriota con 0,44% y Alphaproteobacteria con 0,44%).

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron doce clases bacterianas (Nitrososphaeria con 40,3%, Gammaproteobacteria con 13,3%, Verrucomicrobiae con 11,25%, %, Bacilli con 9,64%, Alphaproteobacteria con 8,76%, Bacteroidia con 4,42%, Gemmatimonadetes 2,65%, Nitrospira 2,65%, Thermoanaerobaculia con 1,8%, Acidobacteriae con 1,8%, Blastocatellia con 1,8% y Fibrobacteria con 1,63%), similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron nueve clases bacterianas (Gammaproteobacteria con 57,7%, Alphaproteobacteria con 12,83%, Bacilli con 7,1%, Bacteroidia con 5,3%, Actinobacteria con 4,87%, Verrucomicrobiae con 4,42%, Nitrospira con 2,65%, Blastocatellia con 2,21%, Plactomycetes con 1,7%).

De manera general, a nivel de clase a nivel foliar en los dos sistemas de producción (orgánica y convencional) la principal clase bacteriana detectada fue Gammaproteobacteria con un promedio de 83,85%, de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional la principal clase detectada fue Nitrososphaeria con 40,3%, al igual que en el suelo bajo el sistema de producción orgánica la principal clase bacteriana fue Gammaproteobacteria con 57,7%.

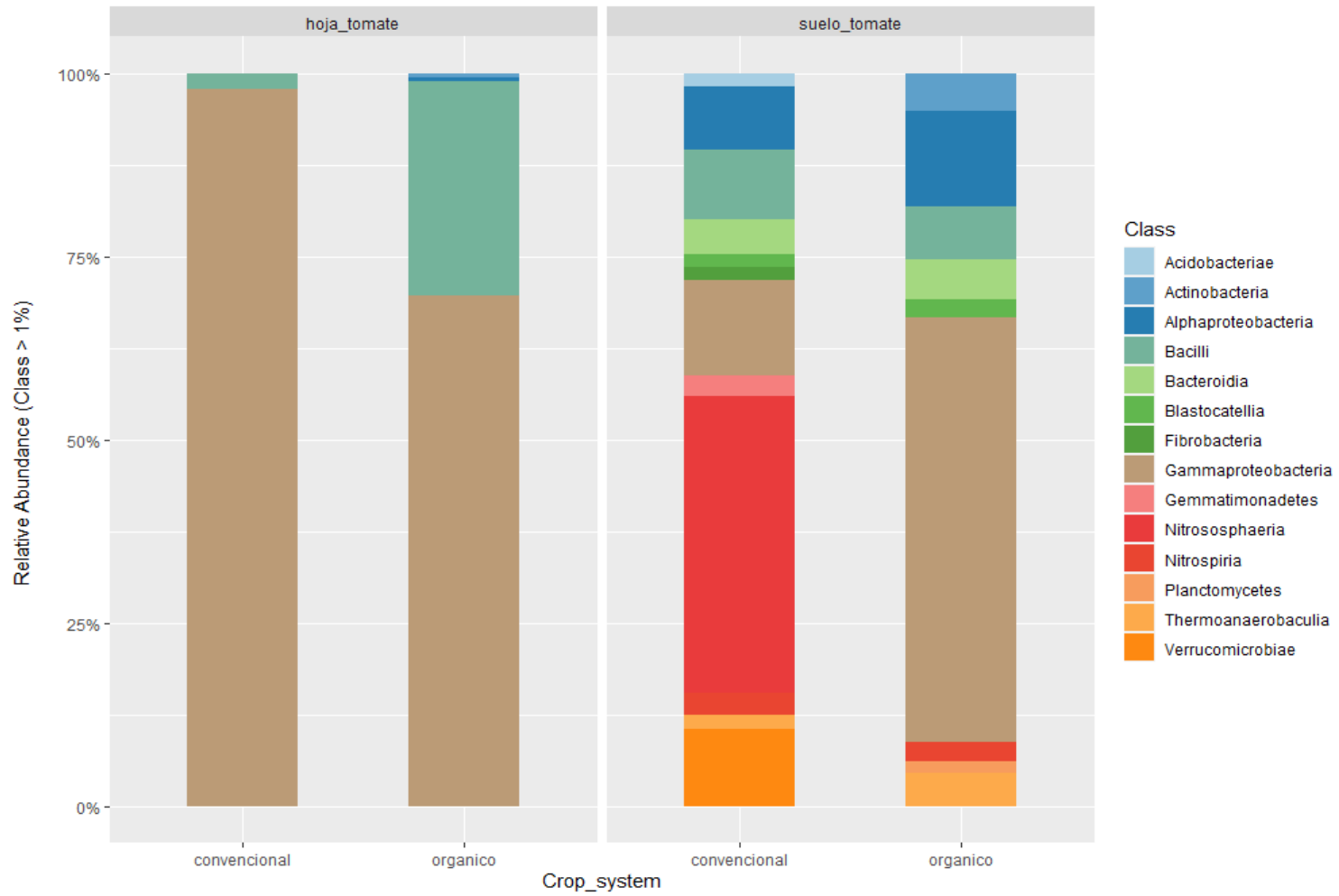


Gráfico 7-3. Abundancia relativa de bacterias a nivel de clase, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.2.3. *Abundancia relativa de bacterias a nivel de orden en relación al tipo de suelo y hojas (orgánicas y convencionales)*

El análisis de la composición microbiana a nivel de orden, nos mostró que existieron diferencia en lo perfiles de la composición bacteriana en los tipos de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 8-3**). Las comunidades bacterianas a nivel de hoja para el sistema de producción convencional estuvieron formadas por dos órdenes bacterianos (Pseudomonadales con 97,79% y Bacillales con 2,21%), del mismo modo las comunidades bacterianas detectadas nivel foliar bajo el sistema de producción orgánico estuvieron formados por seis órdenes bacterianos (Pseudomonadales con 67,1%, Bacillales con 29,20%, Enterobacterales con 1,94%, Burkholderiales con 0,88%, Gammaproteobacteria Incertae Sedis con 0,44%, y Sphingomonadales con 0,43%).

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron diecinueve órdenes bacterianos (Nitrosopumilales con 39,8%, Bacillales con 9,3 %, Steroidobacterales con 6,22% , Sphingomonadales con 4,9%, Burkholderiales con 4,42%, Chthoniobacterales con 4,34%, Gammaproteobacteria incertae Sedis 3,54%, Nitrospirales con 2,83%, Chitinophagales con 2,65%, Opitutales con 2,65%, Gemmatimonadales con 2,65%, Dongiales con 2,65%, Cytophagales con 2,60%, Pirellulales con 2,21%, Pyrinomonadales con 2,21%, Thermoanaerobaculales con 2,06%, Bryobacterales con 1,77%, Fibrobacterales 1,6% y Rhizobiales con 1,6%), similarmente en el suelo bajo el sistema orgánico se encontraron dieciocho órdenes bacterianos (Pseudomonadales con 44,4%, Burkholderiales con 8,93%, Bacillales con 7,1 %, Sphingomonadales con 5,4%, Thermoanaerobaculales con 4,42%, Caulobacterales con 4%, Flavobacterales con 2,7%, Gammaproteobacteria incertae Sedis con 2,7%, Chitinophagales con 2,6%, Xanthomonadales con 2,52%, Micrococcales con 2,3%, Nitrospirales con 2,3%, Pyrinomonadales con 2,3%, Cytophagales con 1,8%, Propionibacteriales con 1,8%, Steroidobacterales con 1,8%, Rhizobiales con 1,6% y Pirellulales con 1,33%).

De manera general a nivel de orden en la parte foliar bajo los dos sistemas de producción (orgánico y convencional) el principal orden bacteriano detectado fue Pseudomonadales con un promedio de 67,36%, de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional el principal orden detectado fue Nitrosopumilales con 39,8%, al igual que en el suelo bajo el sistema de producción orgánico la principal orden bacteriano fue Burkholderiales con 8,93%.

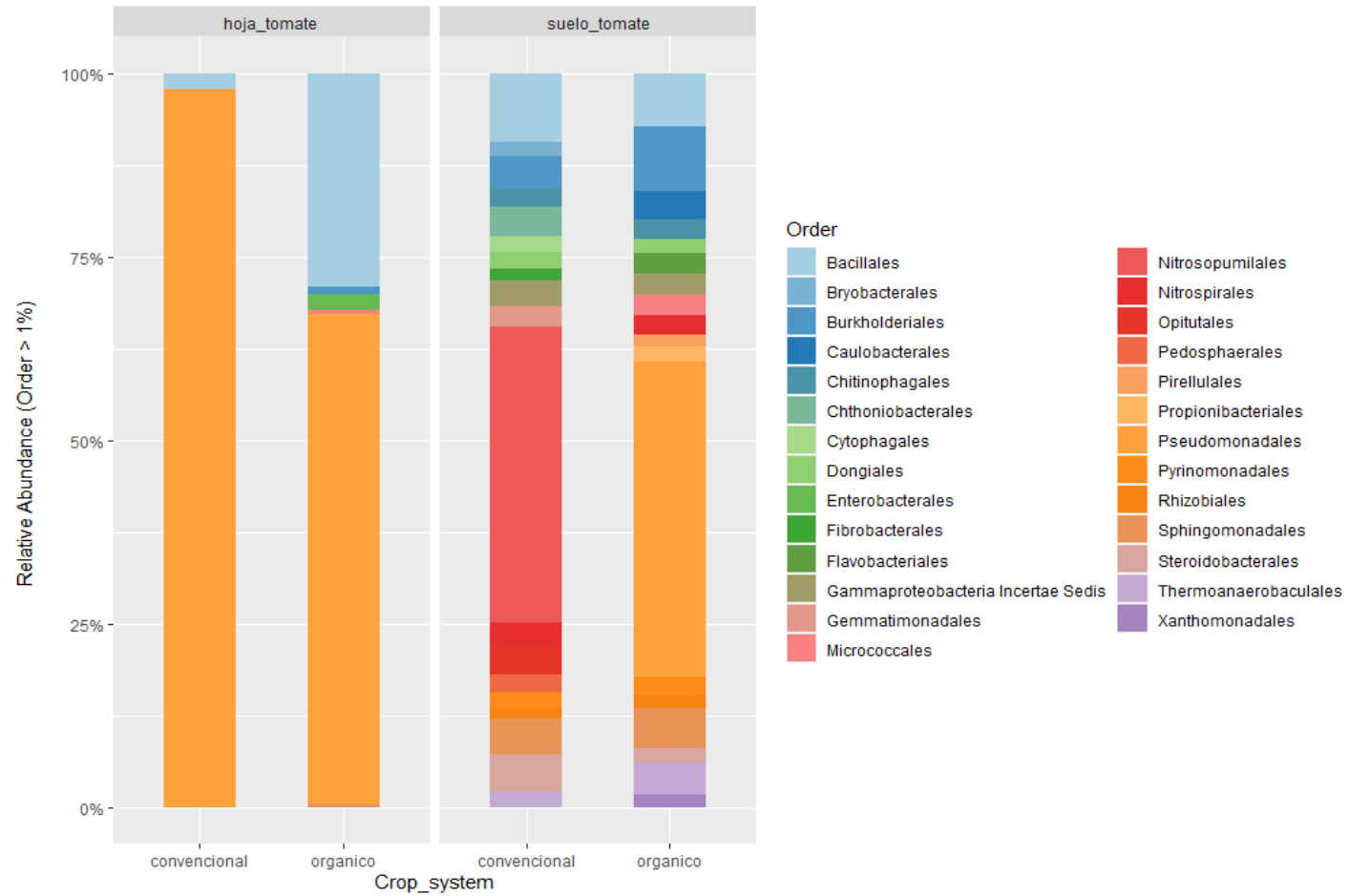


Gráfico 8-3. Abundancia relativa de bacterias a nivel de orden, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.2.4. *Abundancia relativa a nivel de familia en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)*

El análisis de la composición microbiana a nivel de familia, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de la composición microbiana en los tipos de suelo y tipos de hojas (orgánica y convencional) (**Gráfico 9-3**). Las comunidades bacterianas a nivel de hojas para el sistema convencional estuvieron formadas por dos familias bacterianas (Moraxellaceae con 97,79% y Bacillaceae con 2,2%), del mismo modo las comunidades bacterianas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánica fueron siete familias (Moraxellaceae con 64,6%, Bacillaceae con 29,20%, Pyrinomonadaceae con 2,65% Erwiniaceae con 2,2%, Burkholderiales con 0,88%, Microbacteriaceae con 0,5%, y Sphingomonadaceae con 0,2%).

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron diecinueve familias bacterianas (Nitrosopumilaceae con 40,71%, Bacillaceae con 9,7 %, Steroidobacteraceae con 5,31%, Nitrosomonadaceae con 4,42%, Sphingomonadaceae con 4,42%, Nocardiodaceae con 3,63%, Unknown Family con 3,54% Chthoniobacterales con 3,4%, Nitrospiraceae con 2,83%, Chitinophagales con 2,7%, Pedosphaeraceae con 2,7%, Gemmatimonadaceae con 2,7%, Xanthobacteraceae con 2,39%, Dongiaceae con 2,2%, Thermoanaerobaculales con 2,2 %, Microscillaceae con 1,85%, Pyrinomonadaceae con 1,8%, Bryobacteraceae con 1,8%, Fibrobacteraceae con 1,7%). Similarmente en el suelo bajo el sistema de producción orgánica se encontraron 20 grupos a nivel de familia (Pseudomonadaceae con 35,4%, Moraxellaceae con 7,52%, Bacillaceae con 7,1 %, Nitrosomonadaceae con 6,9%, Sphingomonadaceae con 5,7%, Thermoanaerobaculales 4,42 %, Xanthomonadaceae con 3,8%, Hyphomonadaceae con 3,72%, Nitrospiraceae con 2,83%, Microbacteriaceae con 2,7%, Chitinophagales con 2,7%, Flavobacteriaceae con 2,7%, Familias desconocidas con 2,7%, Pyrinomonadaceae con 2,5%, Steroidobacteraceae con 1,8%, Nocardiodaceae con 1,7%, Chthoniobacterales con 1,7%, Dongiaceae con 1,7%, Opitutaceae con 1,6%, Devosiaceae con 1,6%).

De manera general a nivel foliar en los dos sistemas de producción (orgánico y convencional) la principal familia bacteriana detectada fue Moraxellaceae con un promedio de 81,19%, de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional la principal familia de bacterias detectada fue Nitrosopumilaceae con 40,71%, al igual que en el suelo bajo el sistema de producción orgánica la principal familia bacteriana fue Pseudomonadaceae con 35,4%.

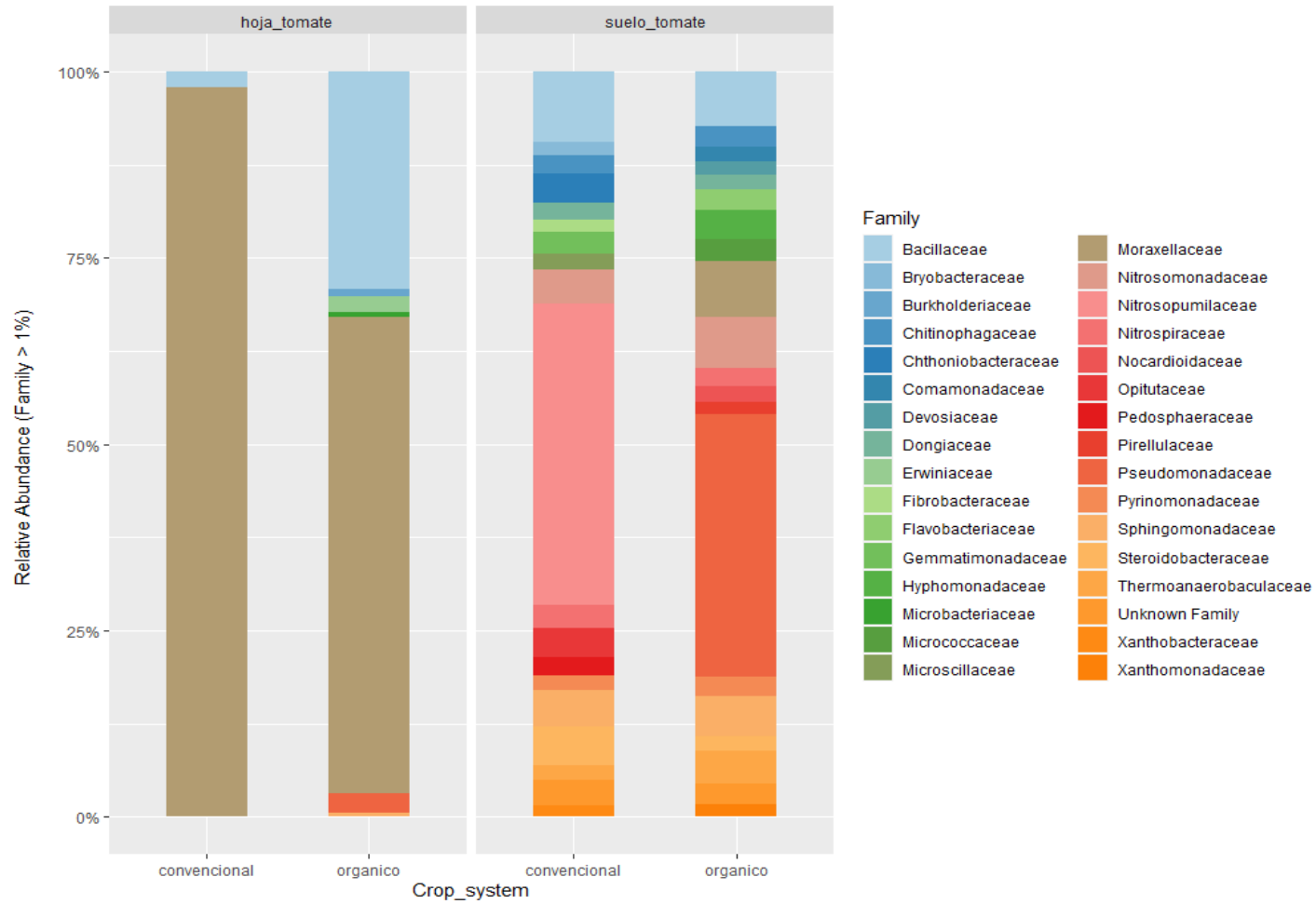


Gráfico 9-3. Abundancia relativa a nivel de familia, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.2.5. *Abundancia relativa de bacterias a nivel de género en relación al tipo de suelo y hojas (orgánica y convencional)*

El análisis de la composición microbiana a nivel de género, nos mostró que existieron diferencias en los perfiles de la composición bacteriana en los tipos de producción de suelos y tipos de hojas (orgánico y convencional) (**Gráfico 10-3**). Las comunidades a nivel de hojas para el sistema convencional estuvieron formadas por dos géneros (*Acinetobacter* con 97,79% y *Bacillus* con 2,21%), del mismo modo las comunidades bacterianas detectadas a nivel foliar para el sistema de producción orgánico estuvieron formadas por siete géneros bacterianos (*Acinetobacter* con 63,72%, *Athrobacter* con 29,2%, *Cavicella* con 0,5%, *Opiritutus* con 1,7%, Possible genus04 con 3,54%, *Ralstonia* con 1,33% y *Sphingomonas* con 0,1%).

En el tipo de suelo del sistema convencional se encontraron veintitrés géneros bacterianos (MND1 con 31%, *Bacillus* con 9,7 %, *Candidatus Nitrosotenuis* con 9,7 %, *Steroidobacter* con 5,4%, *Sphingomonas* con 5,13%, *Acidibacter* con 3,54%, *Candidatus Udaeobacter* con 3,4%, *Gemmatimonas* con 2,7%, *Nocardioides* con 2,7%, *Lacunisphaera* con 2,7%, *Ohtaekwangia* con 2,5%, *Flavisolibacter* con 2,5%, *Dongia* con 2,2%, *Ellin517* con 2,2%, Subgroup10 con 2%, *Bradyrhizobium* con 1,8%, *Bryobacter* con 1,8%, *Hydrogenophaga* con 1,8%, *Nitrosarchaeum* con 1,8 %, *Pantoea* con 1,8%, *Pirellula* con 1,8%, RB41 con 1,8%). Similarmente en el suelo bajo el sistema orgánico se encontraron veinticuatro géneros bacterianos (*Pseudomonas* con 34,51%, *Bacillus* con 7,1%, MND1 con 6,64%, Subgroup10 con 4,43%, *Terrimonas* con 3,12%, SWB02 con 3,7%, *Sphingomonas* con 2,8%, *Acidibacter* con 2,7%, *Arthrobacter* con 2,7%, *Flavobacterium* con 2,7%, *Pantoea* con 2,7%, *Nitrospira* con 2,7 %, *Ohtaekwangia* con 2,7%, *Cavicella* con 2,5%, *Acinetobacter* con 2,2%, *Allin6055* con 2,2%, RB41 con 2,2%, *Devosia* con 1,8%, *Dongia* con 1,8%, *Hydrogenophaga* con 1,8%, *Nocardioides* con 1,8%, *Pirellula* con 1,8%, *Steroidobacter* con 1,8% y *Arenimonas* con 1,6%). De manera general a nivel de género en la parte foliar bajo los dos sistemas de producción (orgánico y convencional) el principal género bacteriano detectado fue *Acinetobacter* con un promedio de 80,76%, de la misma manera en el tipo de suelo de producción convencional el principal género bacteriano detectado fue MND1 con 31%, al igual en el suelo bajo el sistema de producción orgánico el principal género bacteriano fue *Pseudomonas* con 34,51%.

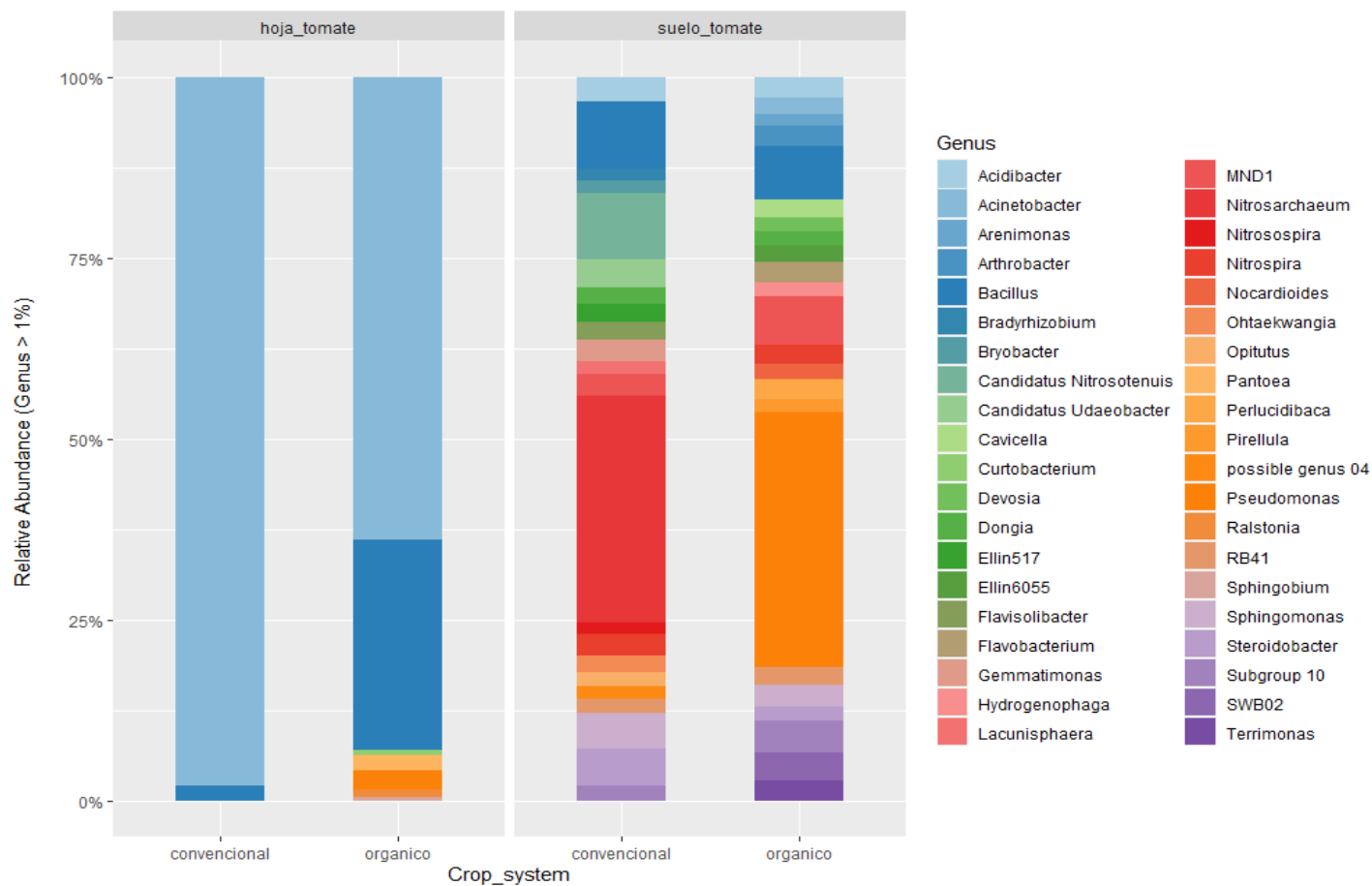
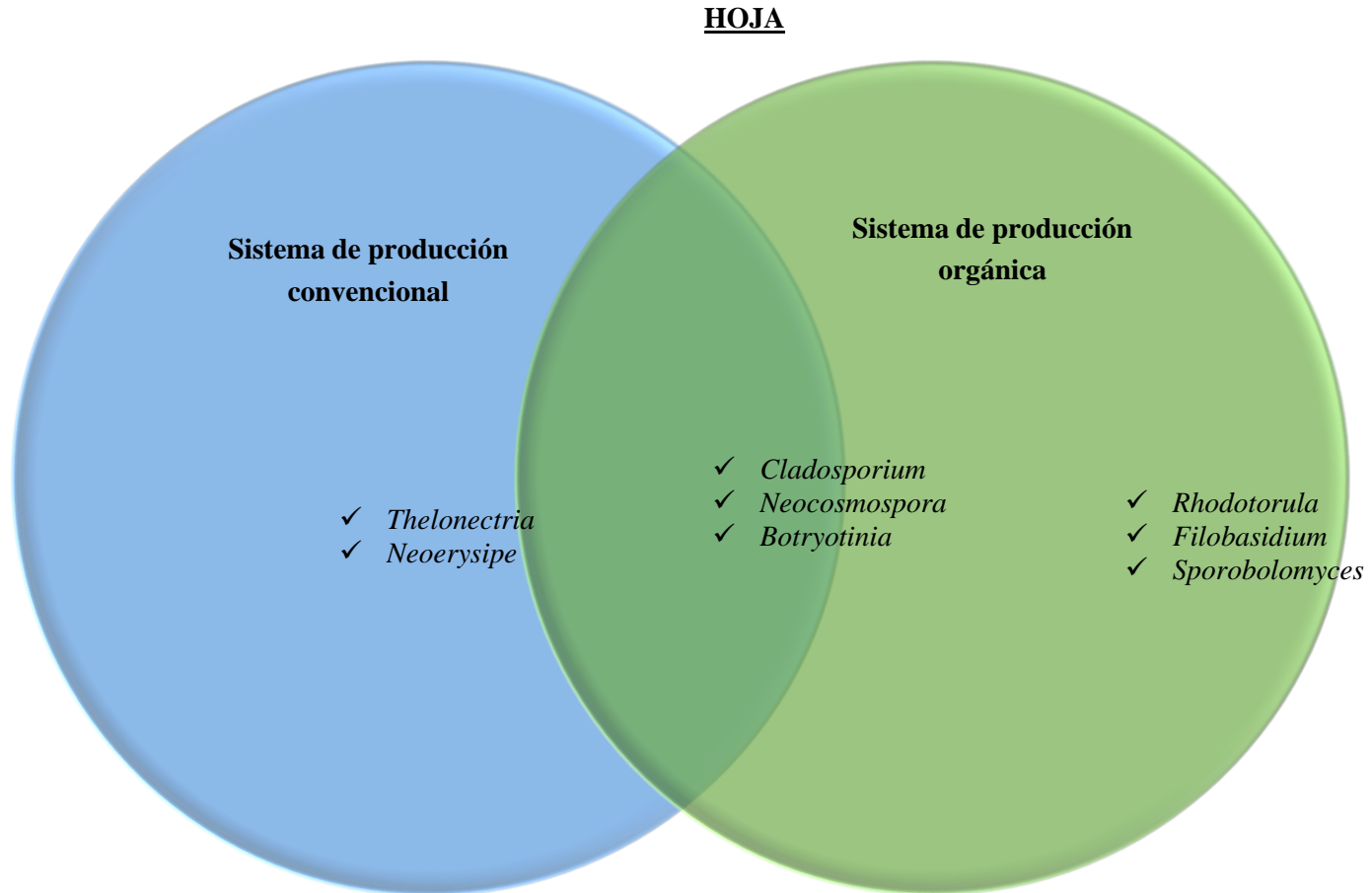


Gráfico 10-3. Abundancia relativa de bacterias a nivel de género, en relación al tipo de suelo y hojas (orgánico y convencional)

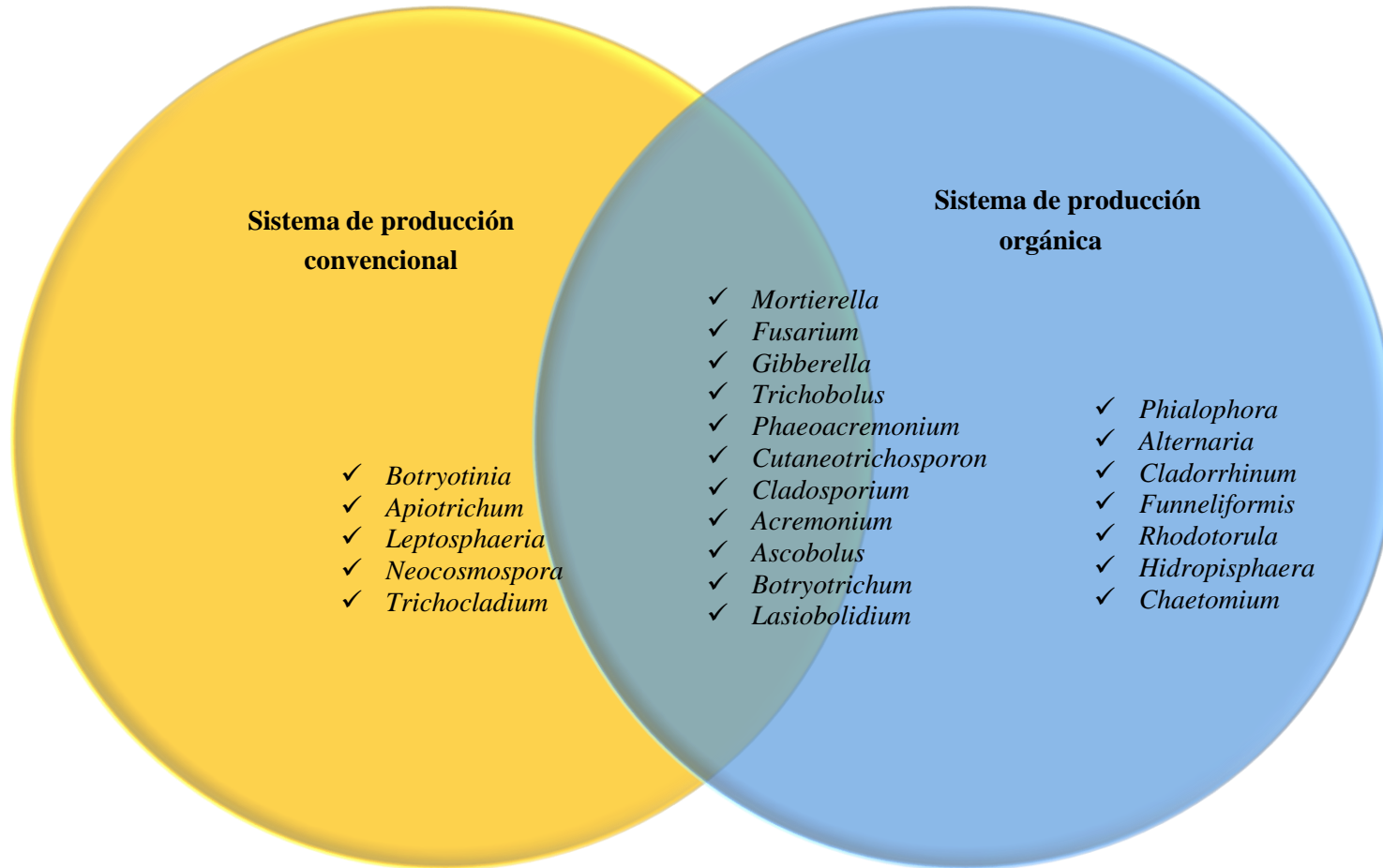
Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.3. Hongos compartidos y únicos en los sistema de producción orgánico y convencional a nivel de suelo y hoja.



Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

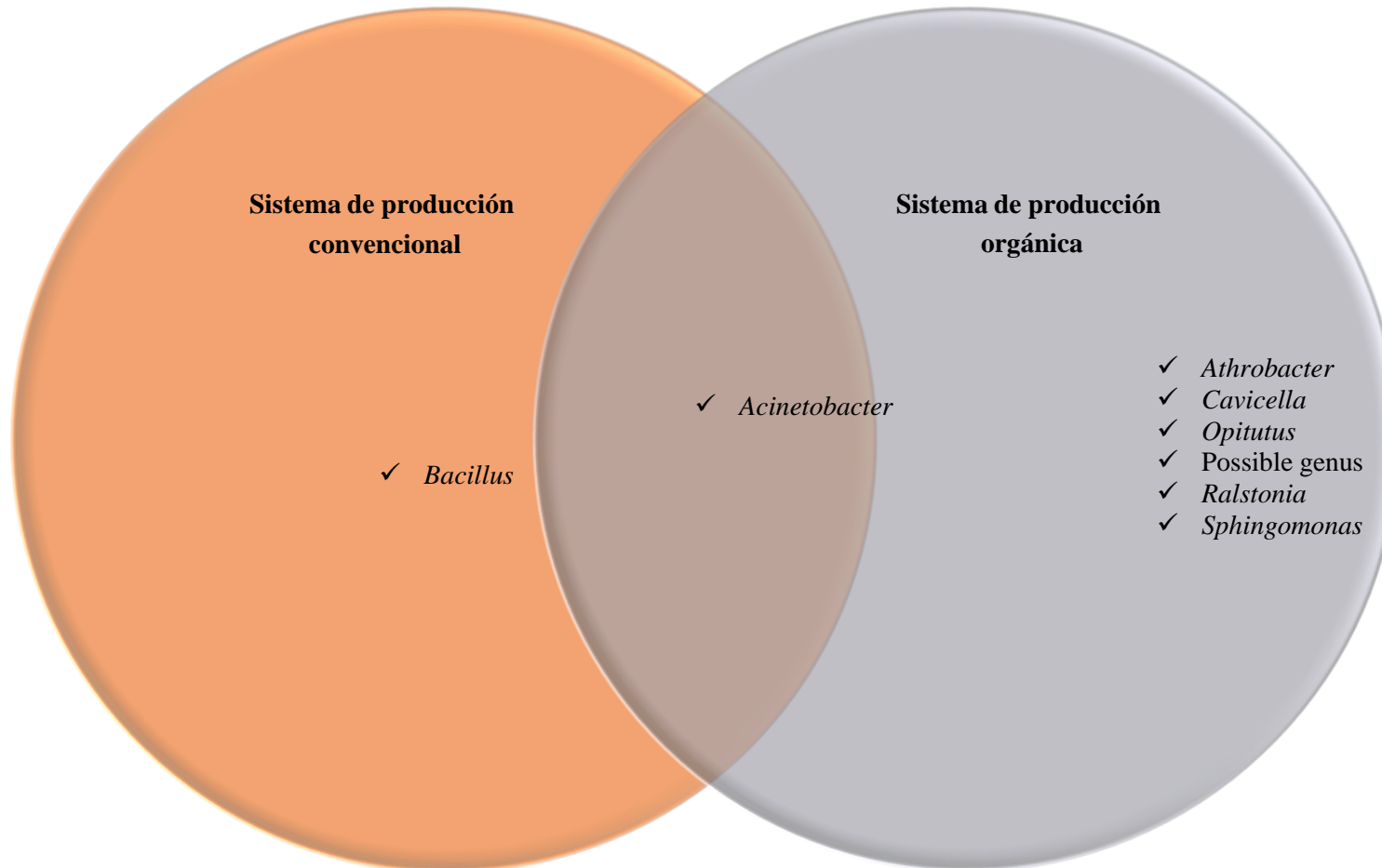
SUELO



Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

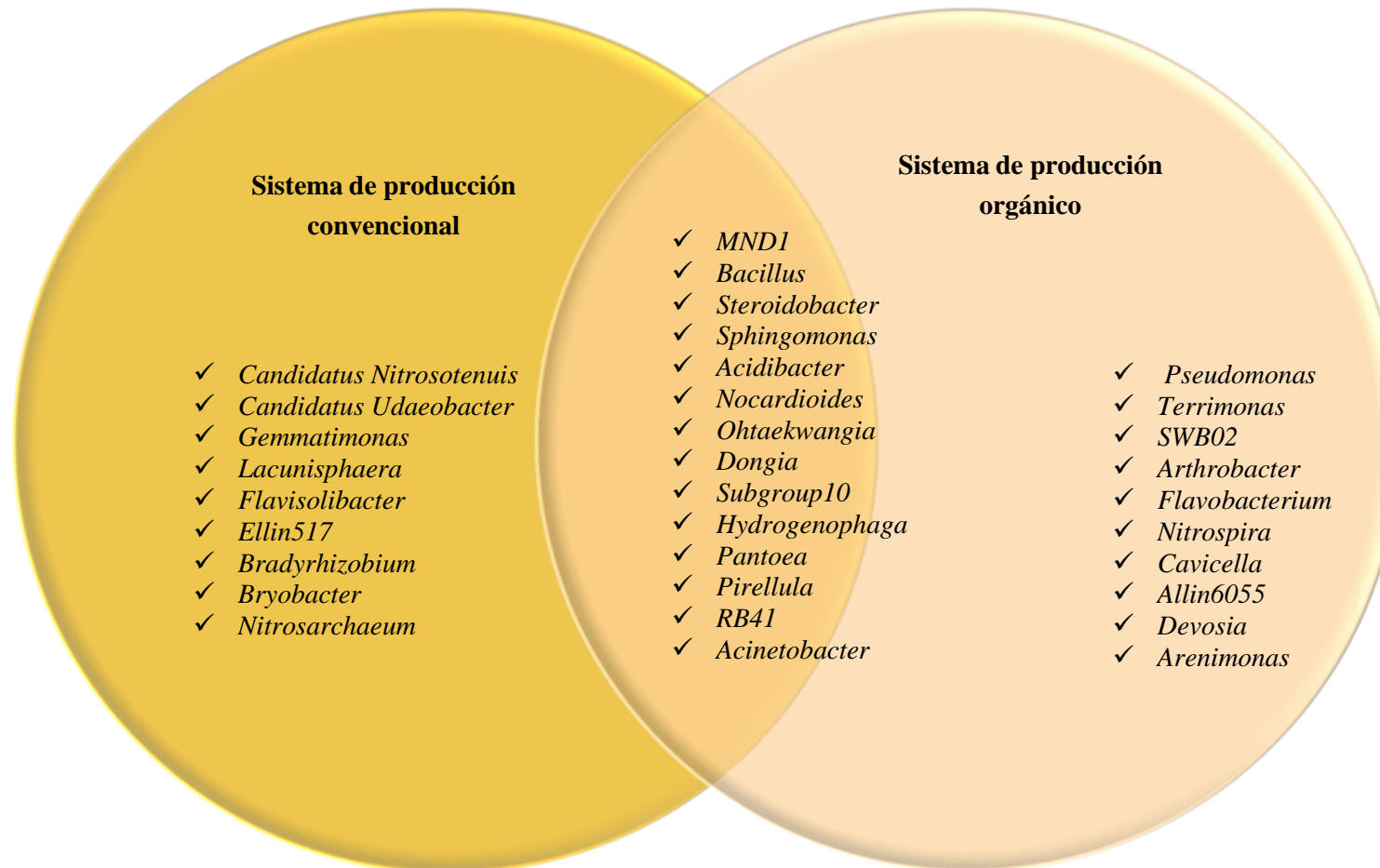
3.4. Bacterias compartidos y únicos en los sistema de producción orgánico y convencional a nivel de suelo y hoja.

HOJA



Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

SUELO



Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.5. Análisis de la diversidad microbiana

3.5.1. *Diversidad de la microbiota fúngica presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (Solanum lycopersicum L.), bajo sistemas de producción orgánico y convencional.*

En las hojas bajo el sistema de producción orgánico presentó un mayor índice de Shannon de 6,039. Del mismo modo a nivel de hojas bajo el sistema de producción convencional presentó un menor índice con un valor de 1. Por otro lado, el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Shannon fue bajo el sistema de producción convencional con un valor de 8,525, mientras el suelo orgánico presentó un menor índice Shannon de 2,921 (**Tabla4-3**). De manera general a nivel de hojas el que presentó un mayor índice de Shannon fueron las hojas bajo el sistema de producción orgánico con valores de 6,01, en comparación al sistema de producción convencional. Del mismo modo el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Shannon fue el sistema de producción convencional con un valor de 8,525, en comparación al suelo bajo el sistema orgánico de 2.921 (**Gráfico 11-3**).

Tabla 4-3: Índice de Shannon para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Diversidad	Índice de Shannon	Intervalo de confianza Inferior	Intervalo de confianza superior	Tipo	Sistema del cultivo
Diversidad de Shannon	6.039	6.039	6.096	Hoja	Orgánico
Diversidad de Shannon	5.544	5.543	5.593	Hoja	Orgánico
Diversidad de Shannon	6.437	6.436	6.490	Hoja	Orgánico
Diversidad de Shannon	3.607	3.606	3.668	Hoja	Convencional
Diversidad de Shannon	3.329	3.328	3.366	Hoja	Convencional
Diversidad de Shannon	1.000	1.000	1.000	Hoja	Convencional
Diversidad de Shannon	2.921	2.920	2.971	Suelo	Orgánico
Diversidad de Shannon	8.525	8.524	8.581	Suelo	Convencional

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

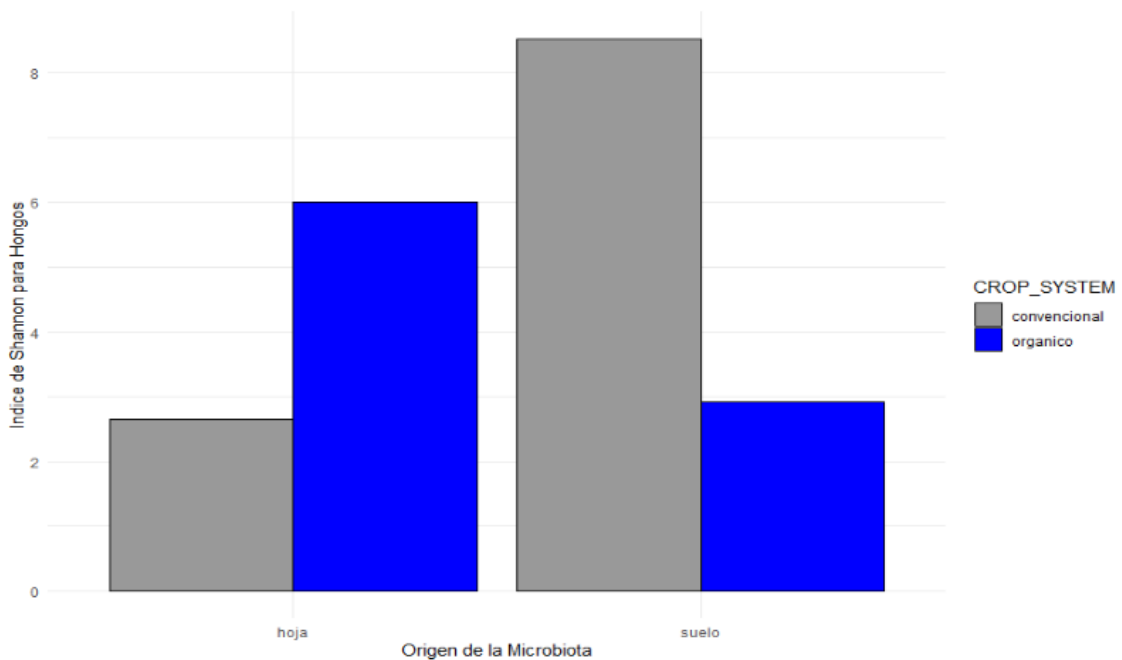


Gráfico 11-3. Índice de Shannon para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

En las hojas bajo el sistema de producción orgánico se presentó un mayor índice de Simpson con un valor de 4,636. Del mismo modo en las hojas bajo el sistema de producción convencional se presentó el menor índice con un valor de 1. Por otro lado, el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Simpson fue el suelo bajo el sistema de producción convencional con un valor de 7,383, mientras que el suelo orgánico presentó un menor índice con un valor de 1,720 (**Tabla 5-3**). De manera general las hojas que presentaron un mayor índice de Shannon fueron en el sistema de producción orgánico con un valor de 4,87, en comparación al sistema de producción convencional. Del mismo modo el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Shannon fue el suelo bajo el sistema de producción convencional con un valor de 7,383, en comparación al suelo bajo el sistema orgánico que tuvo un valor de 1,720 (**Gráfico 12-3**).

Tabla 5-3: Índice de Simpson para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Diversidad	Índice Simpson	Intervalo de confianza Inferior	Intervalo de confianza superior	Tipo	Sistema del cultivo
Diversidad de Simpson	4,636	4,636	4,692	Hoja	Orgánico
Diversidad de Simpson	4,507	4,507	4,549	Hoja	Orgánico
Diversidad de Simpson	5,481	5,481	5,532	Hoja	Orgánico
Diversidad de Simpson	2,781	2,781	2,818	Hoja	Convencional
Diversidad de Simpson	2,632	2,632	2,654	Hoja	Convencional
Diversidad de Simpson	1,000	1,000	1,000	Hoja	Convencional
Diversidad de Simpson	1,720	1,720	1,740	Suelo	Orgánico
Diversidad de Simpson	7,383	7,383	7,460	Suelo	Convencional

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

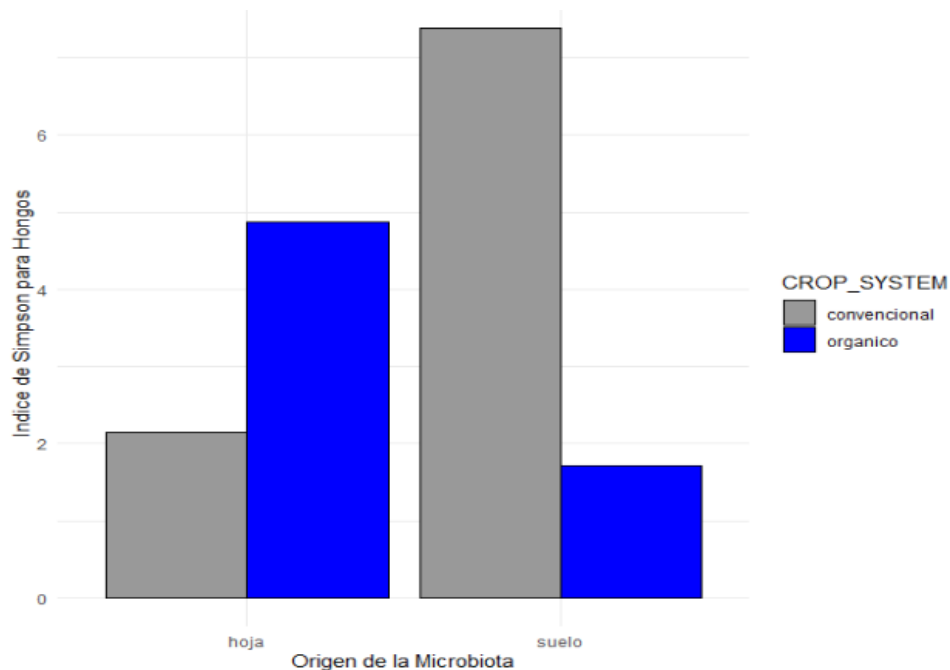


Gráfico 12-3. Índice de Simpson para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.5.2. Diversidad de la microbiota bacteriana presentes en la parte edáfica y foliar del cultivo de tomate riñón (*Solanum lycopersicum L.*), bajo sistemas de producción orgánico y convencional

En las hojas bajo el sistema de producción convencional se presentó un mayor índice de Shannon con un valor de 1,499. Del mismo modo a nivel de hojas bajo el sistema de producción orgánico presentó un menor índice con un valor de 1,071. Por otro lado, el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Shannon fue en el sistema de producción convencional con un valor de 264,124, mientras que el suelo orgánico presento un menor índice con un valor de 259,177 (**Tabla 6-3**). De manera general el tipo de hoja que presentó un mayor índice de Shannon fue el sistema de producción convencional con un valor de 1,41, en comparación sistema de producción orgánico. Del mismo modo el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Shannon fue el suelo bajo el sistema de producción convencional con un valor de 264,1, en comparación al suelo bajo el sistema orgánico con un índice de 259,177 (**Gráfico 13-3**).

Tabla 6-3: Índice de Shannon para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Diversidad	Índice de Shannon	Intervalo de confianza Inferior	Intervalo de confianza superior	Tipo	Sistema del cultivo
Riqueza de Shannon	1,071	1,071	1,077	Hoja	Orgánico
Riqueza de Shannon	1,465	1,465	1,514	Hoja	Orgánico
Riqueza de Shannon	1,265	1,265	1,308	Hoja	Orgánico
Riqueza de Shannon	1,499	1,499	1,561	Hoja	Convencional
Riqueza de Shannon	1,402	1,402	1,460	Hoja	Convencional
Riqueza de Shannon	1,318	1,318	1,364	Hoja	Convencional
Riqueza de Shannon	259,177	259,177	270,294	Suelo	Orgánico
Riqueza de Shannon	264,124	264,124	272,956	Suelo	Convencional

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

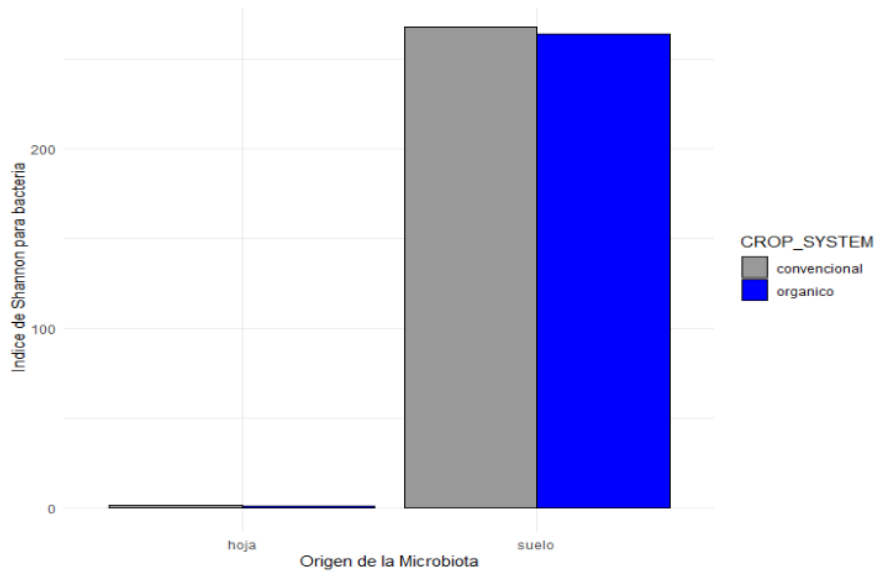


Gráfico 13-3. Índice de Shannon para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

Las hojas bajo el sistema de producción convencional presentaron un mayor índice de Simpson con un valor de 1,211. Del mismo modo en las hojas bajo el sistema de producción convencional presentó un menor índice con un valor de 1,020. Por otro lado, el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Simpson fue el sistema de producción convencional con un valor de 92,904, mientras el suelo orgánico presentó un menor índice con un valor de 57,816 (**Tabla 7-3**). De manera general las hojas que presentó un mayor índice de Simpson fueron en el sistema de producción convencional con un valor de 1,182, en comparación al sistema de producción orgánico. Del mismo modo el tipo de suelo que presentó un mayor índice de Simpson fue el suelo bajo el sistema de producción convencional con un valor de 92,904, en comparación al suelo bajo el sistema de producción orgánico (**Gráfico 14-3**).

Tabla 7-3: Índice de Simpson para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Diversidad	Índice de Simpson	Intervalo de confianza Inferior	Intervalo de confianza superior	Tipo	Sistema del cultivo
Diversidad de Simpson	1,020	1,020	1,022	Hoja	Orgánico
Diversidad de Simpson	1,191	1,191	1,214	Hoja	Orgánico
Diversidad de Simpson	1,089	1,089	1,106	Hoja	Orgánico
Diversidad de Simpson	1,211	1,211	1,240	Hoja	Convencional
Diversidad de Simpson	1,167	1,167	1,194	Hoja	Convencional
Diversidad de Simpson	1,143	1,143	1,170	Hoja	Convencional
Diversidad de Simpson	57,816	57,600	61,966	Suelo	Orgánico
Diversidad de Simpson	92,904	92,497	97,466	Suelo	Convencional

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

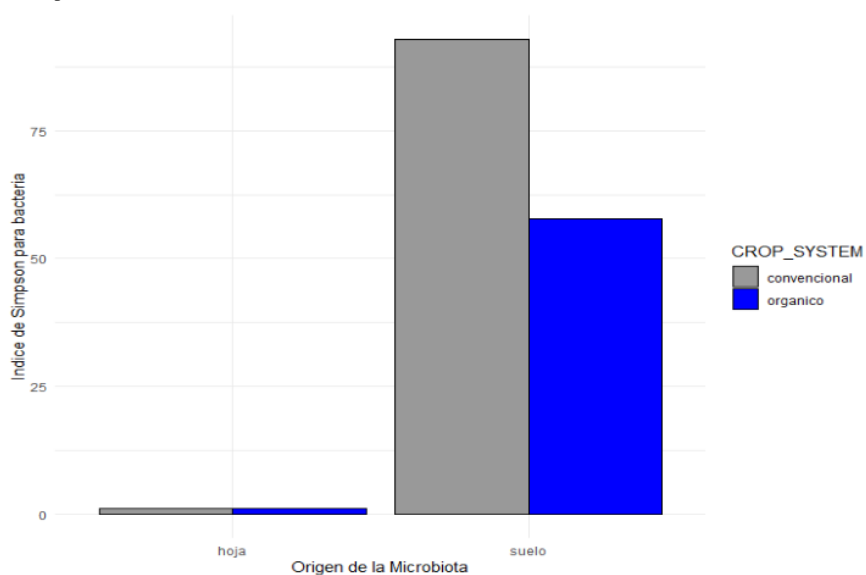


Gráfico 14-3. Índice de Simpson para la microbiota asociado para los diferentes tipos de suelo y tipos de hojas.

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.6. Análisis de la Beta diversidad

3.6.1. Beta diversidad de hongos en elación al sistema de producción orgánico-convencional y al tipo de hoja-suelo

Se pudo observar para el caso de las comunidades fúngicas asociados a la rizósfera (B), se encuentran estructuradas en relación al origen de los microorganismos (suelo y hoja), del mismo modo la estructuración a nivel convencional y orgánico no se logró evidenciar una estructuración (A).

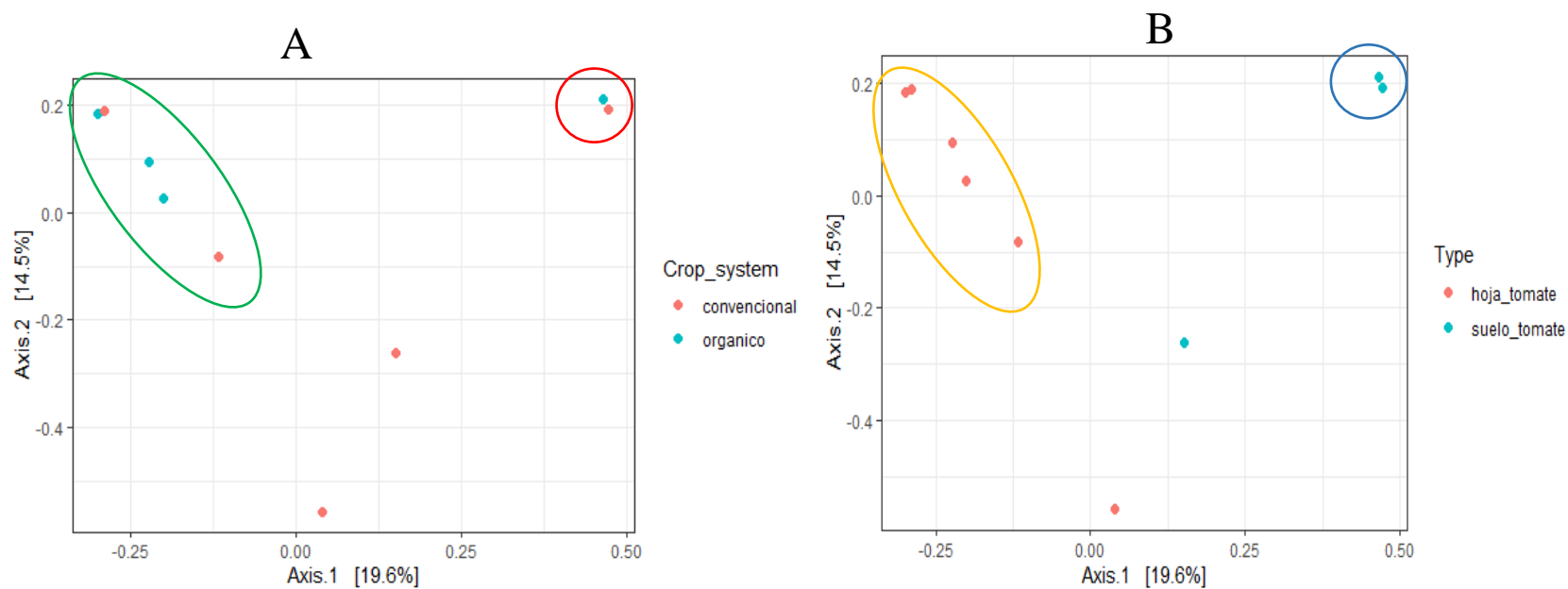


Gráfico 15-3: Beta diversidad de hongos según el sistema de producción orgánico-convencional (A), y a nivel edáfico y foliar (B)

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

3.6.2. Beta diversidad de bacterias en relación al sistema de producción orgánico-convencional y al tipo de hoja-suelo

En las comunidades bacterianas se observó que existió una clara estructuración, formaron dos grupos uno los que fueron originarios de las hojas y otro originario de suelo (B), adicionalmente no existió estructuración en las comunidades bacterianas en la filósfera a nivel de hoja, mientras que si existió una estructuración asociada a la rizósfera del suelo (A). El análisis de PCoA de bacterias mostró una separación clara de la distancia de las muestras por órgano (hoja o suelo), y solamente clara distancia por tipo de cultivo (orgánico o convencional) en las muestras de suelo, siendo el porcentaje de variación explicado ejes de coordenadas alto (Gráfico 16-3).

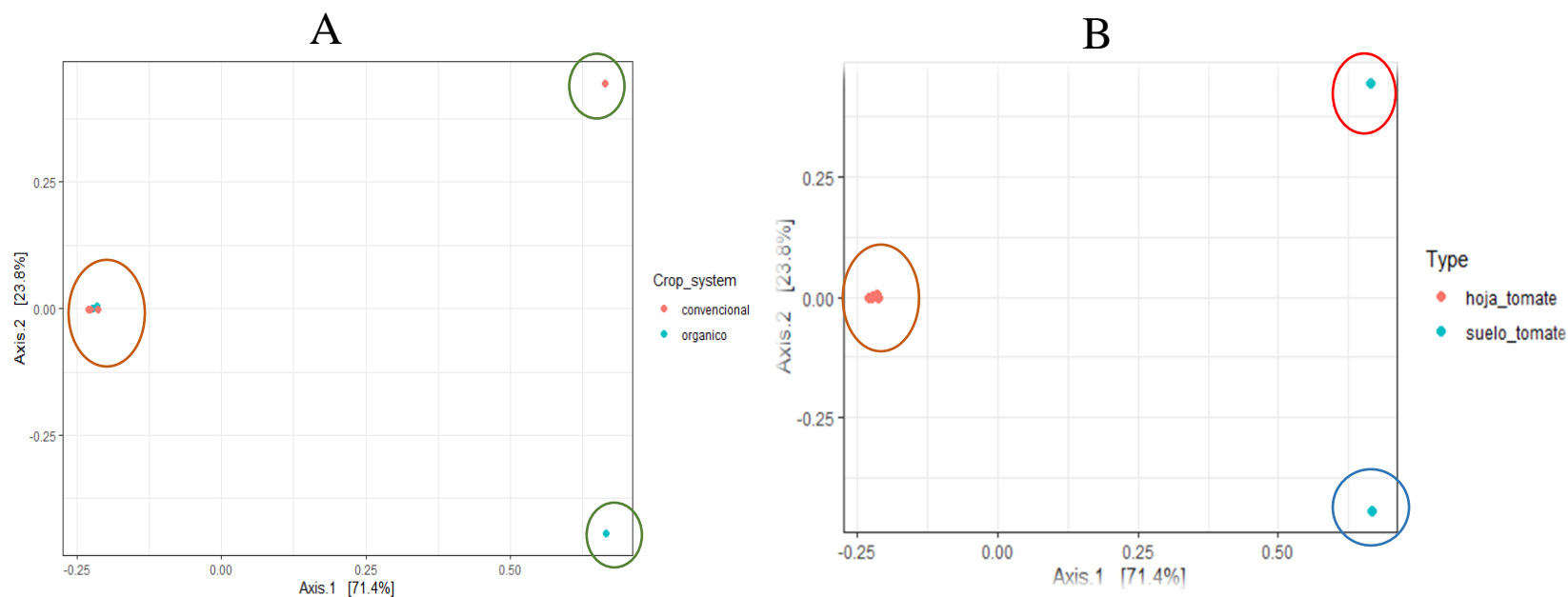


Gráfico 16-3. Beta diversidad de bacterias según el sistema de producción orgánico y convencional (A), y a nivel edáfico y foliar (B).

Realizado por: Pullupaxi, José, 2022.

DISCUSIÓN

Esta investigación es uno de los primeros estudios que se realizó con el enfoque de secuenciamiento de próxima generación (NGS-Next Generation Sequencing) o técnicas independientes de cultivo, para investigar las comunidades microbianas de hongos y bacterias presentes en la parte edáfica y foliar en el cultivo de tomate bajo los dos sistemas de producción (orgánico y convencional) en la provincia de Chimborazo, Cantón Chambo.

Según Rodríguez et al, (2010, p. 185), cualquier ecosistema es muy complejos y diversos, puesto que albergan millones de microorganismos. Los microorganismos son más abundantes dependiendo de la fuente de alimentos (incluidas las secreciones de las raíces de las plantas y la materia orgánica del sitio). El suelo ofrece una gran variedad de micro hábitats para la gran biodiversidad microbiana, actualmente esta biodiversidad de ha visto afectada por el uso excesivo de insumos de la agricultura. Se ha observado una clara preponderancia de integrantes del Phylum Ascomycota en el caso de los hongos que predominan hasta en un 65 % dependiendo las zonas agrícolas, seguido de Mortierellomycota hasta en un 45-60% y Basidiomycota un 10-20% (Silvestro et al, 2013, p. 8).

Bazalar, (2017) en estudios realizados en el cultivo de Vid (*Vitis vinífera* L.) en la zona de Perú encontró una gran diversidad de hongos pertenecientes al filo Ascomycota que presentó un 97,6%, Basidiomycota con 1,2% y Glomeromycota con 1,2%, de la misma manera encontraron géneros fúngicos como: *Aspergillus*, *Lasiodiplodia*, *Botrytis*, *Fusarium*, *Gibberella*, *Alternaria*, *Rhizoctonia*, *Cladosporium*, *Acremonium*.

En el presente estudio, Ascomycota fue el filo más abundante asociado al tipo de suelo y tipos de hojas bajo el sistema de producción orgánico y convencional, de la misma manera a nivel de hojas presentaron géneros fúngicos como; *Cladosporium*, *Rhodotorula*, *Neocosmospora* y *Botryotinia*, siendo *Cladosporium*, *Neocosmospora* y *Botryotinia* géneros patógenos del cultivo de tomate, en el caso de *Cladosporium* cuando es patógeno presenta síntomas como manchas cloróticas en el haz de la hoja, *Neocosmospora* generalmente cuando son patógenos generalmente causan pudrición radicular y síntomas de clorosis de la planta y marchitamiento, *Botryotinia* es la fase sexual de *Botrytis* uno de los hongos más destructivos a nivel de hojas y fruto, causando síntomas de pudriciones generalmente en flores y frutos. Por otro lado, *Rhodotorula* es una levadura que podría usarse para anticipar a hongos patógenos, como antagonista microbianos, es decir quitándoles el espacio y los nutrientes necesarios para que este germinen y colonicen las diferentes partes del cultivo (Binkley et al, 1988, p. 43).

De la misma forma a nivel de suelo bajo el sistema de producción orgánico y convencional se presentaron géneros fúngicos como: *Mortierella*, *Fusarium*, *Phialophora*, *Gibberella*, siendo *Mortierella* un hongo saprófito muy común, algunas especies como *Mortierella capitata* se están utilizando para el control biológico de patógenos. Otro hongo encontrado pertenece al género *Fusarium* uno de los grupos fúngicos más abundantes y estudiados a nivel mundial, siendo saprofitos y algunos patógenos causando síntomas de pudrición radicular y marchitamiento de las plantas (Randy et al, 2015, p. 2). *Phialophora* es un hongo que produce una enfermedad vascular similar a *Fusarium*, *Gibberella* es un hongo saprófito (fase sexual de algunos hongos del género *Fusarium*) del suelo que causa pudrición de tallos.

Según Calderoli, (2018) en realizados diferentes estudios usando plataformas de NGS para identificar los filos dominantes en diferentes ambientes, en particular de diferente tipos de plantas y suelos, se ha encontrado una alta diversidad compuesta por diferentes grupos taxonómicos a nivel de filo se incluye Firmicutes, Acidobacteria, Chloroflexi, Actinobacteria, y Proteobacteria; lo cual se sugiere rutas hacia la selectividad microbiana dependiente del hospedero y del suelo. Una investigación que se realizó en los cultivos de nogal y alfalfa en la ciudad de México, mostro que la diversidad en hongos fue de 20 géneros en los cultivos de nogal de 51 años aproximadamente y de 2 géneros en cultivos de alfalfa de 3 años, teniendo en cuenta que solo hubo un filo Proteobacteria (Samaniego, 2007, p. 383-390). Mantilla et al, (2019, pp. 2-4), afirma que estudios realizados sobre el manejo de enfermedades en el cultivo de tomate, se ha observado dentro del cultivo la presencia de microorganismos bacterianos patógenos, que causan diferentes patologías, y que incrementan su población en la fase que antecede a la floración, entre los patógenos detectados como bacterias patógenas podemos mencionar *Erwinia*, *Pseudomonas*, *Ralstonia*, *Bacillus*, *Xantomonas*.

La presencia de los microorganismo fúngicos y bacterianos va a depender de cuatro factores como; clima, manejo del cultivo, tipo de cultivo y tipo de suelo, se ha observado en suelos con alto contenido de materia orgánica llegan a existir aproximadamente más de 59 géneros. La diversidad microbiana en si ya es muy diversa dentro de una especie; pero al estudiar la taxonomía microbiana en suelos de cultivos de tomate bajo invernadero en sistema convencional y orgánico es posible encontrar filos, familias, géneros y especies que se encuentran en la rizósfera de dichos suelos, aunque la mayoría de los microorganismos aun no son estudiados. En esta investigación, la diversidad de microorganismos (hongos y bacterias) es alta y está influenciada según el origen (suelo y hoja) o sistema de producción (orgánico y convencional).

Proteobacteria fue el filo más abundante de bacterias asociado al tipo de suelo y tipos de hojas bajo los dos sistemas de producción orgánica y convencional. De igual manera a nivel de hojas

presentaron géneros como: *acinetobacter*, *Athrobacter*, *Opitutus*. Siendo *acinetobacter* una bacteria gram negativa que se asocia a diversos cultivos, una bacteria con características de promoción de crecimiento (Sachdev et al, 2010, p.45). *Athrobacter* es una bacteria gram negativa que ayuda a promover el crecimiento, debido a que incorpora hierro soluble en cuanto *Opitutus* habido estudios que ayuda a la incorporación del nitrógeno mediante la desnitrificación (Narvaez et al, 2019).

De la misma manera a nivel del suelo bajo los dos sistemas de producción orgánico y convencional se encontraron géneros de bacterias como; *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Candidatus Nitrosotenuis*, *Sphingomonas*, *Steroidobacter*. Siendo *Bacillus* una bacteria al igual de las otras promotoras de crecimiento tanto como *Candidatus Nitrosotenuis* ya que es una bacteria encargada de transformación del nitrógeno de la forma amoniacal a nitrito (Sauder et al., 2018). *Pseudomonas* presenta una gran diversidad de especies y su importancia es según la función que cumple cada uno de ellas como es; *Pseudomonas fluorescens* por ejemplo es un microorganismo que tiene la capacidad de degradar los compuestos fenólicos, a la que se denomina biorremediadores (REBIOLEST, 2018). *Sphingomonas* tiene la capacidad de inhibir el crecimiento de cepas multiresistentes a antibióticos del género *Staphylococcus*, también algunos estudios establecieron que posee moléculas tóxicas lo que fortalece la idea de producir moléculas tóxicas para otros microorganismos es decir inhibir el crecimiento de patógenos vegetales (Aguayo, 2015)

En el presente estudio se observó una gran diversidad microbiana tanto en la parte edáfica y foliar, a nivel de filo, clase, orden, familia y género habiendo mayor diversidad de hongos y bacterias en el cultivo de tomate bajo el sistema de producción orgánico. Entonces se puede acotar que la diversidad microbiana podría verse afectada por cuatro factores; clima, manejo del cultivo, tipo de suelo y contenido de materia orgánica (MO).

La diversidad y estructuración de las comunidades fúngicas y bacterianas en los suelos neotropicales y en pastizales fueron diferentes tanto en diversidad y estructuración, ya que se han encontrado una gran diversidad en los suelos neotropicales en comparación de los pastizales del mismo modo la estructuración microbiana y fúngica se vio más evidente en los bosques neotropicales, explicando así la variación que tienen los microorganismos en función a las actividades realizadas a nivel del suelo (Rivera, 2015, p. 4). En estudios realizados en tres diferentes suelos (Forestal, Agrícola y Perturbado), presentan la misma riqueza de especies, aunque el suelo agrícola fue el que tuvo una menor diversidad, de la misma manera haciendo el análisis PCoA nos mostró que cambia la estructura de la comunidad bacteriana en los suelos agrícolas en comparación al suelo forestal (Acata, 2015).

En este presente estudio se pudo evidenciar que existe una alta diversidad de especies fúngicas a nivel de hojas bajo el sistema de producción orgánico y a nivel de suelo bajo el sistema de producción convencional (**Gráfico 11-3**). De la misma manera existió una mayor riqueza de especies fúngicas a nivel de hojas bajo el sistema de producción orgánico, mientras que a nivel de suelo se presentó una mayor riqueza de especies fúngicas bajo el sistema de producción convencional, esto se puede evidenciar mediante el índice de Simpson obtenido (**Gráfico 12-3**). Para las comunidades bacterianas a nivel de hojas bajos los sistemas de producción orgánico y convencional, no existió una gran diversidad de especies **en** comparación al tipo de suelo, el cual presentó una gran diversidad de especies, de la misma manera a nivel de suelo existió gran diversidad para los dos sistemas de producción (Orgánico y convencional) (**Gráfico 13-3**). Así mismo se pudo evidenciar que no existió una riqueza de especies a nivel de hojas para los dos sistemas de producción, en cuanto a nivel de suelo, el que presentó una mayor riqueza de especies, fue el suelo bajo el sistema de producción convencional (**Gráfico 14-3**).

La estructuración de los microorganismos bacterianos fue muy evidente a nivel de hoja y suelo, mientras que en el sistema orgánico y convencional no se evidenció una buena estructuración (**Gráfico 15-3-A**), del mismo modo no se evidenció ninguna estructuración de los microorganismos fúngicos (**Gráfico 15-3-B**). Este hecho se puede evidenciar en otros estudios (Acata, 2015) en los que muestran la estructuración de los microorganismos el cual ésta en función de las características y funciones de cada uno de los microorganismos.

CONCLUSIONES

- ✓ La composición microbiana fue diferente tanto a nivel de la rizósfera como a nivel foliar según el sistema de producción (orgánico y convencional), de manera general la abundancia relativa fúngica y bacteriana, fue mayor en el sistema de producción orgánica, tanto a nivel foliar como edáfica, del mismo modo para el sistema de producción orgánica y convencional a nivel de hoja y suelo el filo Ascomycota fue el que presentó una mayor abundancia.

- ✓ Según los índices de Shannon y Simpson para las especies fúngicas el más diverso a nivel de hoja fue el sistema de producción orgánica, del mismo modo a nivel de suelo el más diverso fue el sistema de producción convencional. Mientras para bacterias a nivel de hoja la diversidad es igual para el sistema de producción orgánica y convencional, mientras a nivel de suelo el más diverso fue el sistema de producción convencional.

- ✓ Dentro de la diversidad microbiana se observó una buena estructuración de las especies fúngicas a nivel de suelo y hoja en relación al sistema de producción orgánica y convencional. Mientras las especies bacterianas presentaron una buena estructuración a nivel de hoja y suelo del mismo modo para el sistema de producción orgánica y convencional.

RECOMENDACIONES

- ✓ Se recomienda realizar estudios similares en otras localidades con el fin de comparar resultados y obtener más información sobre la diversidad, estructuración de las especies fúngicas y bacterianas.

- ✓ Se recomienda usar un enfoque de estudio dependiente de cultivo para aislar los microorganismos más abundantes que pudieran ser de interés agrícola y/o biotecnológico para estudiar su aplicabilidad.

GLOSARIO DE TÉRMINOS

Abundancia relativa: Es el porcentaje de individuos de cada especie en la relación al total que conforman la comunidad o subcomunidad (Briones, 2012).

Cosmopolita: Que habita o puede habitar en mayor parte de climas y lugares (Bot, 1988).

Ecosistema: Cualquier unidad que incluya todos los organismos en un área dada interactuando con el ambiente físico, de forma que el flujo de energía que lleva a definir estructuras tróficas, diversidad biótica y ciclos de materiales (Odum, 1971).

Ecología microbiana: Es la ciencia que se encarga en estudiar las relaciones entre los microorganismos y el medio que le rodea, y que tiene en consideración tanto los factores ambientales abióticos como los bióticos (Guerrero, 2005).

Factores ambientales: En agronomía son los factores que intervienen en el desarrollo del cultivo como; luz, temperatura, humedad ambiental, entre otros, mismo que pretenden controlar mediante el uso y manejo de invernaderos (Odum, 1971).

Genoma: Es el conjunto de instrucciones genéticas que se encuentra en la célula (Craig Venter, 2000).

Microbiota: Es una comunidad de microorganismos vivos residentes en un nicho ecológico (Torraza, 2011, p.14).

Microbioma: Es un grupo de microorganismos diferentes que viven en conjunto en un hábitad (Torraza, 2011, p.14).

Mineralización: Proceso en el cual el nitrógeno orgánico del suelo está transformado por los microorganismos del suelo a formas inorgánicas (Amonios y Nitratos) (Binkley, 1989).

Metagenómica: Es la extracción, clonación secuenciación y análisis del genoma de una comunidad microbiana, lo cual permite el estudio de una gran variedad de genes y sus productos, además de un conjunto de operones que codifican rutas degradativas o bio-sintéticas (Handlesman et al., 1998).

Procesos biogeoquímicos: Son procesos naturales que reciclan elementos en diferentes formas químicas desde el medio ambiente hacia los organismos, y luego la inversa (Binkley, 1989).

Ribosomas: Es una partícula celular conformada de ARN y proteína que sirve como el sitio para la síntesis de proteínas en la célula (Craig Venter, 2000).

Rizósfera: Es una zona de interacción única y dinámica entre raíces de las plantas y los microorganismos del suelo (Steciow, 2000).

BIBLIOGRAFÍA

AGUAYO ACOSTA, Alberto. Identificación y caracterización parcial de una sustancia inhibitoria producida por *Sphingomonas* sp. DS-204 [En línea] (Trabajo de titulación). (Maestría) Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México. 2015. p.33. [Consulta: 20 febrero 2022]. Disponible en: <https://repositorioinstitucional.buap.mx/handle/20.500.12371/6242>

AMORIM, L., REZENDE, J.A.M. & FILHO, A. "Manual de Fitopatología". *Principios e Conceitos, Vol 1*. 5ta. (2018), Sao Paulo pp. 4-6.

SAMANIEGO, J., & CHEW, Yasmín. "Diversidad de géneros de hongos del suelo en tres campos con diferente condición agrícola en La Laguna, México". *Revista Mexicana de Biodiversidad* [en línea], 2007, (México), 78(2) pp. 383-390. [Consulta: 20 febrero 2022]. ISSN 1870-3453. Disponible en: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-34532007000200015

BINKLEY HART. *Mineralización de nitrógeno en el suelo de zonas áridas y semiáridas*. España, 1989, pp. 2.

BOT; ZOOL. Definición de rizósfera, *Real Academia Española*, 1988, pp. 43.

BRIONES, M. Relative abundance, and activity patterns of mammals at Chimalapa's forest, Oaxaca, Mexico. , *Acta Zool.* vol. 28, 2012, pp. 4.

CALDEROLI, Priscila. Análisis de las poblaciones de microorganismos fijadores de nitrógeno del suelo aplicando procedimientos metagenómicos [en línea] (Trabajo de titulación). (Doctorado) Universidad Nacional de la Plata, La Plata, Argentina. 2016. pp. 6. [Consulta: 20 febrero 2022]. Disponible en: http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/52022/Documento_completo__.pdf?sequence=3&isAllowed=y.

CORTÉS, N; et al. "Metagenómica: una ventana de oportunidad a nuevos genes y genomas microbianos". *Revista Iberoamericana de Ciencias* [en línea], 2015, (México) 1(7), pp. 40-42. [Consulta: 25 febrero 2022]. ISSN 2334-250. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/270567963_Metagenomica_una_ventana_de_oportunidad_a_nuevos_genes_y_genomas_microbianos.

DHARA, Sachdev P.; & SMITA, Zinjarde. Evaluación de la diversidad filogenética basada en el gen 16S rRNA y rasgos prometedores que promueven el crecimiento de las plantas de la comunidad *Acinetobacter* de la rizosfera del trigo. *microbiological research*, vol. 165, 2010, pp 55-58.

GÓMEZ ACATA, Selene Elizabeth. Análisis de comunidades microbianas en suelos agrícolas [en línea] (Trabajo de titulación). (Doctorado) Instituto Politécnico Nacional, México. 2015. pp. 12-16. [Consulta: 10 febrero 2022]. Disponible en: <https://repositorio.cinvestav.mx/bitstream/handle/cinvestav/1354/ssit0013103.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

GUERRERO MARCELO; ANITA LÓPEZ. Asociación Española de Ecología Terrestre España. *Ecología microbiana*. 2005. pp. 23.

HELBER BARBOSA, Jessica P.; & BAUTISTA, Silva. "Agencia iberoamericana para la difusión de la ciencia y la tecnología". *Revista Colombiana de Biotecnología de la U.N.* Bogotá - Colombia, 2017, pp 123-145.

HERNÁNDEZ LEÓN, R; et al. "Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas". *Pyton: Revista Internacional de Botánica Experimental* [en línea], 2010, (Argentina) 72(2), p. 134. [Consulta: 10 febrero 2022]. ISSN 1851-5657. Disponible en: <http://www.scielo.org.ar/pdf/phyton/v79n2/v79n2a04.pdf>

LUNDBERG. *The Earth Microbiome Project is a systematic attempt to characterize global microbial taxonomic and functional diversity for the benefit of the planet and humankind* [en línea]. Estados Unidos: 2013, pp. 45-67. [Consulta: 10 febrero 2022]. Disponible en: <https://earthmicrobiome.org/>

MADDEN, L. V., HUGHES, G. & VAN DEN BOSCH, F. *The Study of Plant Disease Epidemics* [en línea]. Minnesota: The American Phytopathological Society, 2015. pp 5-7. [Consulta: 05 febrero 2022]. Disponible en: <https://apsjournals.apsnet.org/doi/book/10.1094/9780890545058>

MANTILLA GUAYANAY, Tania Elizabeth. Caracterización molecular de la bacteria *clavibacter michiganensis* promotora del cáncer microbiano del tomate riñón (*Lycopersicon esculentum* Mill), en el Cantón Urcuquí [en línea] (Trabajo de titulación). (Ingeniería) Pontificia

Universidad Católica del Ecuador, Ibarra, Ecuador. 2019. pp 45-49. [Consulta: 05 febrero 2022].
Disponibile en: http://190.15.137.77/bitstream/11010/546/1/1.Tesis_TaniaMantilla.pdf

MANTILLA MARTINEZ, M.; & TORRES SAEZ, R. "Metagenomic approaches for characterization of poultry microbiome". *Revista Colombiana Biotecnología* [en línea]. 2019, (Colombia) 21(2), pp. 2-4. [Consulta: 18 marzo 2022]. Disponible en:
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0123-34752019000200077

ODUM. *Ecosistemas* [en línea]. Asociación Española de Ecología Terrestre, 1971. p. 2.
[Consulta: 18 marzo 2022]. Disponible en: <https://www.aeet.org/es/>

PAZ NARVAEZ, I.; & MENJIVAR FLORE, J. "Effect of compost on the rhizospheric bacteria diversity in mulberry (*Morus alba*) crops". *Revista Colombiana de Biotecnología* [en línea], 2019, (Colombia) 21(1), pp. 47-55. [Consulta: 18 marzo 2022]. Disponible en:
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0123-34752019000100047#:~:text=m%2D2%20of%20compost%20led,order%2C%20family%20and%20genera%20levels.

PRISCILA CALDEROLI, Jimena Anrea. *Análisis de las poblaciones de microorganismos fijadores de nitrógeno del suelo aplicando procedimientos metagenómicos*. S.l.: Universidad Nacional de la Plata, 2018, pp.33-35.

RIVERA URBALEJO, A. "Aportes y dificultades de la metagenómica de suelos y su impacto en la agricultura". *Acta Biologica Colombiana* [en línea], 2015, (Colombia) 26(3), p. 4. [Consulta: 18 marzo 2022]. ISSN 0120-548X. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/abc/v26n3/0120-548X-abc-26-03-449.pdf>

RANDY PLOETZ. *Fusarium Wilt of Banana* [en línea]. Estados Unidos: Centro Tropical de Investigación y Educación, 2015. p. 2. [Consulta: 15 marzo 2022]. Disponible en:
<https://www.promusa.org/Fusarium+wilt#:~:text=Fusarium%20wilt%20of%20banana%2C%20popularly,half%20of%20the%2020th%20century.>

REBIOLEST. *Pseudomonas fluorescens* de suelos agrícolas degradadora del herbicida ácido 2,4 Diclorofenoxiacético, 2018, pp.6-7.

SAMANIEGO. Guía de Cultivos del Ecuador. *Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias*, vol. o, no. 2, 2007, p. 185.

Agropecuarias, vol. o, no. 2, 2007, p. 185.

SAUCEDO BAZALAR, Manuel Jesús. Análisis metagenómico comparativo de las comunidades fúngicas y bacterianas asociadas al proceso de desarrollo de las enfermedades del tronco de la vid (*Vitis vinifera* L.) en piura, e identificación de hongos por espectrometría de masas maldi-tof/tof shotgun proteomics [en línea] (Trabajo de titulación). (Maestría) Universidad Nacional de Tumbes, Tumbes, Perú. 2017. p. 12. [Consulta: 18 marzo 2022]. Disponible en: <http://repositorio.untumbes.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12874/357/TESIS DE MAESTRIA - SAUCEDO BAZALAR.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.

SAUDER, L.; et al. "Candidatus Nitrosotenuis aquarius, una Archaeon oxidante de amoníaco de un biofiltro de acuario de agua dulce". *Microbiología Aplicada y Ambiental* [en línea], 2018, (México) 84(19), pp. 22-23. [Consulta: 15 marzo 2022]. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/AEM.01430-18>

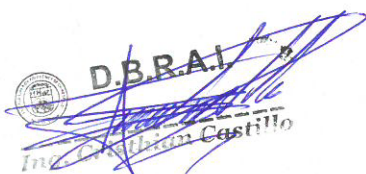
SILVESTRO, L.; et al. *Comunidades Fúngicas del Suelo: Impacto en la sustentabilidad de los cultivos extensivos en regiones templadas* [en línea]. Buenos Aires-Argentina, 2013. [Consulta: 20 marzo 2022]. Disponible en: http://naturalis.fcnym.unlp.edu.ar/repositorio/_documentos/sipcyt/bfa005843.pdf

STECIOW, M. Definición de Rizósfera, 2000. [en línea]. [Consulta: 22 marzo 2022]. Disponible en: <https://www.mendoza.conicet.gov.ar/portal/enciclopedia/terminos/Rizosfera.htm>.

SCHLOSS. DADA2 Pipeline Tutorial (1.16), 2009.

SOTO, A., 2015. Promoción de la salud y prevención de enfermedades no transmisibles. www.paho.org/ecu [en línea], Disponible en: https://www.paho.org/ecu/index.php?option=com_content&view=article&id=272:promocion-salud-prevencion-enfermedades-no-transmisibles&Itemid=342.

RODRÍGUEZ-TOVAR, A.; et al. T. "Ecología molecular de los hongos ectomicorrízicos". *Revista Fitotecnia* [en línea], 2004, (México) 27(3), pp. 267-271. [Consulta: 22 marzo 2022]. ISSN: 0187-7380. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/610/61027307.pdf>


D.B.R.A.I.
Ing. Christian Castillo



ANEXOS

ANEXO A: DIVERSIDAD DE RIQUEZA DE BACTERIAS.

DIVERSIDAD DE RIQUEZA DE BACTERIAS								
Sitio	Diversidad	Observado	Estimador	s.e.	LCL	UCL	Tipo	Sistema de cultivo
PAB141	Riqueza de especies	6	6	0,05	6	6,1	hoja	orgánico
PAB141	Diversidad de Shannon	1,071	1,071	0,003	1,071	1,077	hoja	orgánico
PAB141	Diversidad de Simpson	1,02	1,02	0,001	1,02	1,022	hoja	orgánico
PAB142	Riqueza de especies	5	5	0,011	5	5,022	hoja	orgánico
PAB142	Diversidad de Shannon	1,465	1,466	0,024	1,465	1,514	hoja	orgánico
PAB142	Diversidad de Simpson	1,191	1,191	0,012	1,191	1,214	hoja	orgánico
PAB143	Riqueza de especies	8	8	0,369	8	8,896	hoja	orgánico
PAB143	Diversidad de Shannon	1,265	1,267	0,021	1,265	1,308	hoja	orgánico
PAB143	Diversidad de Simpson	1,089	1,089	0,008	1,089	1,106	hoja	orgánico
PAB144	Riqueza de especies	5	5	0,001	5	5,002	hoja	convencional
PAB144	Diversidad de Shannon	1,499	1,5	0,031	1,499	1,561	hoja	convencional
PAB144	Diversidad de Simpson	1,211	1,211	0,015	1,211	1,24	hoja	convencional
PAB145	Riqueza de especies	5	5	0,018	5	5,037	hoja	convencional
PAB145	Diversidad de Shannon	1,402	1,403	0,029	1,402	1,46	hoja	convencional
PAB145	Diversidad de Simpson	1,167	1,167	0,014	1,167	1,194	hoja	convencional
PAB146	Riqueza de especies	3	3	0	3	3	hoja	convencional
PAB146	Diversidad de Shannon	1,318	1,319	0,023	1,318	1,364	hoja	convencional
PAB146	Diversidad de Simpson	1,143	1,143	0,014	1,143	1,17	hoja	convencional
PAB147	Riqueza de especies	547	547	1,754	547	553,908	suelo	orgánico
PAB147	Diversidad de Shannon	259,177	263,962	3,231	259,177	270,294	suelo	orgánico
PAB147	Diversidad de Simpson	57,6	57,816	2,117	57,6	61,966	suelo	orgánico
PAB152	Riqueza de especies	593	593	1,527	593	598,572	suelo	convencional
PAB152	Diversidad de Shannon	264,124	267,941	2,559	264,124	272,956	suelo	convencional
PAB152	Diversidad de Simpson	92,497	92,904	2,328	92,497	97,466	suelo	convencional

ANEXO B: DIVERSIDAD DE RIQUEZA DE HONGOS.

DIVERSIDAD DE RIQUEZA DE HONGOS								
Sitio	Diversidad	Observado	Estimador	s.e.	LCL	UCL	Tipo	Sistema de cultivo
PAB141	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	hoja	orgánico
PAB141	Diversidad de Shannon	6,039	6,039	0,029	6,039	6,096	hoja	orgánico
PAB141	Diversidad de Simpson	4,636	4,636	0,029	4,636	4,692	hoja	orgánico
PAB142	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	hoja	orgánico
PAB142	Diversidad de Shannon	5,543	5,544	0,025	5,543	5,593	hoja	orgánico
PAB142	Diversidad de Simpson	4,507	4,507	0,021	4,507	4,549	hoja	orgánico
PAB143	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	hoja	orgánico
PAB143	Diversidad de Shannon	6,436	6,437	0,027	6,436	6,49	hoja	orgánico
PAB143	Diversidad de Simpson	5,481	5,482	0,025	5,481	5,532	hoja	orgánico
PAB144	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	hoja	convencional
PAB144	Diversidad de Shannon	3,606	3,607	0,031	3,606	3,668	hoja	convencional
PAB144	Diversidad de Simpson	2,781	2,781	0,019	2,781	2,818	hoja	convencional
PAB145	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	hoja	convencional
PAB145	Diversidad de Shannon	3,328	3,329	0,019	3,328	3,366	hoja	convencional
PAB145	Diversidad de Simpson	2,632	2,632	0,011	2,632	2,654	hoja	convencional
PAB146	Riqueza de especies	1	1	0,002	1	1,005	hoja	convencional
PAB146	Diversidad de Shannon	1	1	0	1	1	hoja	convencional
PAB146	Diversidad de Simpson	1	1	0	1	1	hoja	convencional
PAB147	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	suelo	orgánico
PAB147	Diversidad de Shannon	2,92	2,921	0,025	2,92	2,971	suelo	orgánico
PAB147	Diversidad de Simpson	1,72	1,72	0,011	1,72	1,74	suelo	orgánico
PAB152	Riqueza de especies	10	10	0	10	10	suelo	convencional
PAB152	Diversidad de Shannon	8,524	8,525	0,028	8,524	8,581	suelo	convencional
PAB152	Diversidad de Simpson	7,383	7,384	0,039	7,383	7,46	suelo	convencional



epoch

Dirección de Bibliotecas y
Recursos del Aprendizaje

UNIDAD DE PROCESOS TÉCNICOS Y ANÁLISIS BIBLIOGRÁFICO Y
DOCUMENTAL

REVISIÓN DE NORMAS TÉCNICAS, RESUMEN Y BIBLIOGRAFÍA

Fecha de entrega: 19 / 07 / 2022

INFORMACIÓN DEL AUTOR/A (S)
Nombres – Apellidos: José Luis Pullupaxi Tite
INFORMACIÓN INSTITUCIONAL
Facultad: Recursos naturales
Carrera: Agronomía
Título a optar: Ingeniero Agrónomo
f. responsable: Ing. Cristhian Fernando Castillo Ruiz



D.B.K.A.T.

Ing. Cristhian Castillo



1261-UPT-DBRA-2022