



UNIVERSIDAD  
CATÓLICA  
DE CUENCA

**UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA**

*Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo*

**UNIDAD ACADÉMICA DE CIENCIAS**

**AGROPECUARIAS**

**CARRERA DE AGRONOMÍA**

**AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE  
HONGOS (ECTO Y ENDO) MICORRÍZICOS ASOCIADOS AL  
CULTIVO DE MAÍZ (*Zea mays* L.) EN EL BOSQUE SECO DEL  
SUR DEL PAÍS.**

**TRABAJO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL  
TÍTULO DE INGENIERO AGRÓNOMO**

**AUTOR: CHRISTIAN ANDRES GALARZA RIERA**

**DIRECTORA: MARJORIE JAZMIN SALAZAR ORELLANA Mgt.**

**CUENCA – ECUADOR**

**2023**

**DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO**



**UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA**

*Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo*

**UNIDAD ACADÉMICA DE CIENCIAS**

**AGROPECUARIAS**

**CARRERA DE AGRONOMÍA**

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE HONGOS  
(ECTO Y ENDO) MICORRÍZICOS ASOCIADOS AL CULTIVO DE MAÍZ  
(*Zea mays* L.) EN EL BOSQUE SECO DEL SUR DEL PAÍS

**TRABAJO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL  
TÍTULO DE INGENIERO AGRÓNOMO**

**AUTOR: CHRISTIAN ANDRES GALARZA RIERA**

**DIRECTORA: MARJORIE JAZMIN SALAZAR ORELLANA Mgt.**

**CUENCA – ECUADOR**

**2023**

**DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO**

**Declaratoria de Autoría y Responsabilidad**

**Christian Andres Galarza Riera** portador de la cédula de ciudadanía N° **0105846596**. Declaro ser el autor de la obra: “**Aislamiento y caracterización molecular de hongos (ecto y endo) micorrízicos asociados al cultivo de maíz (*Zea mays* L.) en el bosque seco del sur del país**”, sobre la cual me hago responsable sobre las opiniones, versiones e ideas expresadas. Declaro que la misma ha sido elaborada respetando los derechos de propiedad intelectual de terceros y eximo a la Universidad Católica de Cuenca sobre cualquier reclamación que pudiera existir al respecto. Declaro finalmente que mi obra ha sido realizada cumpliendo con todos los requisitos legales, éticos y bioéticos de investigación, que la misma no incumple con la normativa nacional e internacional en el área específica de investigación, sobre la que también me responsabilizo y eximo a la Universidad Católica de Cuenca de toda reclamación al respecto.

Cuenca, **23 de octubre de 2023**



**Christian Andres Galarza Riera**

**C.I. 0105846596**

## CERTIFICACIÓN

Yo, Marjorie Jazmin Salazar Orellana con cédula de identidad N° 0703228841 en calidad de directora del Trabajo de titulación con el tema: **“Aislamiento y caracterización molecular de hongos (ecto y endo) micorrízicos asociados al cultivo de maíz (*Zea mays* L.) en el bosque seco del sur del país”**, certifico que el presente trabajo fue desarrollado por, bajo mi supervisión



---

**Blga. Marjorie Jazmín Salazar Orellana**

**DIRECTORA**

## **AGRADECIMIENTOS**

A Mayita, mi madre, por ser un ferviente ejemplo de fortaleza, resiliencia y valentía; baluarte de todo lo bueno en esta vida.

A Leito, mi padre, por su cariño, sus libros y sus apasionadas fotografías que llenaron el álbum de mi corazón.

A mi abuelita, María de los Ángeles y a toda mi familia por su apoyo.

De manera especial mi más sincero agradecimiento a mi directora, Mgt. Jazmín Salazar por ser el impulso en la realización del proyecto. Su experticia fue el norte que encaminó a este ser en el mundo de las ciencias de la vida con miras a la conservación. Al PhD. Juan Carlos González por la oportunidad de compartir generosamente su conocimiento, clave para mi formación académica.

Al equipo técnico de los laboratorios de Microbiología, Principios Activos y Seguridad Alimentaria por el “acolite” en todas mis descabelladas ideas.

A todos quienes hicieron de este transitar una aventura apacible, llena de gratos e imborrables momentos.

**Christian Andres Galarza**

## **DEDICATORIA**

*A quienes ejercen con pasión la noble profesión de la Microbiología Agrícola.*

## ÍNDICE DE CONTENIDO

<b>RESUMEN.....</b>	<b>9</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>10</b>
<b>CAPÍTULO 1 .....</b>	<b>11</b>
<b>1.1 INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>11</b>
<b>1.2 PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA .....</b>	<b>12</b>
<b>1.3 HIPÓTESIS .....</b>	<b>13</b>
<b>1.4 OBJETIVOS .....</b>	<b>13</b>
<b>1.5 JUSTIFICACIÓN.....</b>	<b>13</b>
<b>CAPÍTULO 2 .....</b>	<b>14</b>
<b>2.1 MARCO TEÓRICO .....</b>	<b>14</b>
2.1.1 REINO FUNGI .....	14
2.1.2 MICORRIZAS .....	15
2.1.3 IMPORTANCIA DE LAS MICORRIZAS EN LOS ECOSISTEMAS .....	21
2.1.4 LAS MICORRIZAS EN EL CRECIMIENTO DEL MAÍZ Y PROPIEDADES EDAFOLÓGICAS ...	21
2.1.5 AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN, PRESERVACIÓN Y SEGUIMIENTO DEL CRECIMIENTO DE HONGOS.....	22
<b>CAPÍTULO 3 .....</b>	<b>25</b>
<b>3.1 MAÍZ.....</b>	<b>25</b>
3.1.1 ORIGEN Y DISTRIBUCIÓN .....	25
3.1.2 TAXONOMÍA .....	26

3.1.3	DESCRIPCIÓN BOTÁNICA.....	27
3.1.4	DESARROLLO DEL MAÍZ .....	28
3.1.5	REQUERIMIENTOS EDAFOCLIMÁTICOS.....	29
3.1.6	PRÁCTICAS CULTURALES .....	29
<b>CAPÍTULO 4 .....</b>		<b>31</b>
<b>4.1</b>	<b>METODOLOGÍA .....</b>	<b>31</b>
4.1.2	ÁREA DE ESTUDIO .....	31
4.1.3	MUESTREO.....	32
4.1.2	ANÁLISIS FÍSICO-QUÍMICO DEL SUELO .....	32
4.1.3	AISLAMIENTO Y CULTIVO DE MICROORGANISMOS .....	32
4.1.4	IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LOS HONGOS AISLADOS DE LA RIZOSFERA .....	32
4.1.5	CARACTERIZACIÓN DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS POR SECUENCIACIÓN MASIVA	33
<b>CAPÍTULO 5 .....</b>		<b>34</b>
<b>5.1</b>	<b>RESULTADOS .....</b>	<b>34</b>
5.1.1	CARACTERIZACIÓN DE HONGOS IDENTIFICADOS EN EL SUELO Y LA RIZOSFERA EN UN CULTIVO DE MAÍZ MEDIANTE TÉCNICAS MOLECULARES.....	34
5.1.2	COMPOSICIÓN E ÍNDICE DE DIVERSIDAD DE LA COMUNIDAD DE MICROORGANISMOS QUE COLONIZAN EL SUELO DE LA RIZOSFERA DE UN CULTIVO DE MAÍZ .....	37
5.1.3	DIFERENCIAS EN LA COMPOSICIÓN DE LA COMUNIDAD MICROBIANA QUE COLONIZA EL SUELO EN RELACIÓN A LAS PRÁCTICAS AGRÍCOLAS.....	39
5.4	ANÁLISIS FÍSICO QUÍMICO DEL SUELO .....	42
<b>CAPÍTULO 6 .....</b>		<b>47</b>
<b>6.1</b>	<b>DISCUSIÓN .....</b>	<b>47</b>
<b>CAPÍTULO 7 .....</b>		<b>50</b>

<b>7.1 CONCLUSIONES .....</b>	<b>50</b>
<b>7.2 RECOMENDACIONES .....</b>	<b>51</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>52</b>
<b>ANEXOS .....</b>	<b>75</b>

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b>	Desarrollo intracelular de una micorriza arbuscular .....	16
<b>Figura 2</b>	Desarrollo intracelular de una micorriza de orquídeas.....	17
<b>Figura 3</b>	Desarrollo intracelular de una micorriza ericoide .....	19
<b>Figura 4</b>	Desarrollo intracelular de una ectomicorriza.....	20
<b>Figura 5</b>	Estados fenológicos del maíz.....	28
<b>Figura 6</b>	Mapa de ubicación .....	31
<b>Figura 7</b>	Identificación de hongos aislados del suelo de un cultivo de maíz .....	34
<b>Figura 8</b>	Relación de cada especie de hongo con su funcionalidad en el suelo .....	35
<b>Figura 9</b>	Identificación de hongos aislados de la raíz .....	35
<b>Figura 10</b>	Relación de cada especie de hongo con su funcionalidad en la raíz .....	36
<b>Figura 11</b>	Relación del Índice de Shannon entres prácticas agrícolas .....	38
<b>Figura 12</b>	Composición de la comunidad bacteriana .....	39
<b>Figura 13</b>	Composición de la comunidad fúngica .....	40
<b>Figura 15</b>	Identificación de la textura del suelo.....	43
<b>Figura 16</b>	Propiedades químicas del suelo.....	43
<b>Figura 17</b>	Representación gráfica de los macronutrientes del suelo.....	45
<b>Figura 18</b>	Representación gráfica de los micronutrientes del suelo.....	47

## LISTA DE TABLAS

<b>Tabla 1</b>	Clasificación taxonómica del maíz .....	27
<b>Tabla 2</b>	Requerimientos edafoclimáticos del maíz .....	29
<b>Tabla 3</b>	Índice de Shannon (H) de cada práctica agrícola y bosque seco .....	38
<b>Tabla 4</b>	Micorrizas identificadas entre las tres prácticas agrícolas y el bosque seco.....	42
<b>Tabla 5</b>	Concentración de elementos primarios .....	44
<b>Tabla 6</b>	Concentración de elementos secundarios.....	45
<b>Tabla 7</b>	Concentración de micronutrientes seco .....	46

## LISTA DE ANEXOS

<b>Anexo 1</b>	Muestreo de suelos .....	75
<b>Anexo 2</b>	Preparación de muestras .....	75
<b>Anexo 3</b>	Siembra de hongos en medio PDA .....	76
<b>Anexo 4</b>	Seguimiento de la siembra en medio PDA .....	76
<b>Anexo 5</b>	Morfotipos de hongos en medio PDA .....	77
<b>Anexo 6</b>	Principales especies de hongos aislados del suelo y raíz del maíz .....	77
<b>Anexo 7</b>	Resultados de la identificación molecular de hongos bajo laboratorio .....	85
<b>Anexo 8</b>	Bacterias identificadas en la primera ureada .....	88
<b>Anexo 9</b>	Hongos identificados en la primera ureada .....	89
<b>Anexo 10</b>	Bacterias identificadas en la segunda ureada .....	89
<b>Anexo 11</b>	Hongos identificados en la segunda ureada .....	90
<b>Anexo 12</b>	Bacterias identificadas en la quema .....	91
<b>Anexo 13</b>	Hongos identificados en la quema.....	91
<b>Anexo 14</b>	Bacterias identificadas en el bosque seco.....	92
<b>Anexo 15</b>	Hongos identificados en el bosque seco .....	92

## RESUMEN

El objetivo de esta investigación fue evaluar la diversidad de hongos en el suelo rizosférico del maíz cultivado bajo diferentes prácticas agrícolas en el cantón Pindal provincia de Loja, Ecuador.

Se recolectaron muestras de suelos y raíces de dos sitios experimentales en las tres prácticas agrícolas: siembra, ureada y quema. Las muestras fueron analizadas mediante técnicas moleculares para identificar la presencia de hongos.

Los resultados indicaron que el suelo rizosférico de los dos sitios experimentales presentaron una alta diversidad de hongos. Se identificaron un total de 7 especies de hongos en el suelo y 28 especies de hongos en la raíz del maíz. El análisis metagenómico del suelo reveló un total de 7 clases bacterianas, 16 familias fúngicas y 4 especies de hongos micorrízicos.

Las funciones de los hongos presentes en la raíz y suelo se clasificaron en 15 grupos. La composición de la comunidad de hongos que colonizan el suelo rizosférico varió en función de las prácticas agrícolas. El suelo rizosférico del bosque seco presentó una mayor diversidad de hongos que el suelo rizosférico de los sitios experimentales con manejo agrícola. Finalmente, las propiedades químicas y físicas del suelo variaron según las prácticas agrícolas.

Los resultados demuestran que el suelo rizosférico del cultivo de maíz es un ambiente complejo con una alta diversidad de hongos. Las prácticas agrícolas pueden afectar la composición de la comunidad de hongos que colonizan el suelo rizosférico, lo que puede tener un impacto en el rendimiento y calidad del cultivo.

Palabras clave: comunidad microbiana, micorrizas, metagenómica, prácticas agrícolas.

## **ABSTRACT**

This research aimed to evaluate the diversity of fungi in the rhizospheric soil of maize grown under different agricultural practices in the Pindal canton, Loja province, Ecuador.

Soil and root samples were collected from two experimental sites under the three agricultural practices: planting, urea application, and burning. The samples were analyzed by molecular techniques to identify the presence of fungi.

The results indicated that the rhizospheric soil of the two experimental sites showed a high fungi diversity. A total of seven fungal species were identified in the soil and 28 fungal species in the maize root. Metagenomic analysis of the soil revealed seven bacterial classes, 16 fungal families, and four species of mycorrhizal fungi.

The functions of the fungi present in the root and soil were classified into 15 groups. The composition of the fungal community colonizing the rhizospheric soil varied according to agricultural practices. The rhizospheric soil of the dry forest had a higher diversity of fungi than the rhizospheric soil of the experimental sites with agricultural management. Finally, soil chemical and physical properties varied according to agricultural practices.

The results demonstrate that the rhizospheric soil of the corn crop is a complex environment with a high diversity of fungi. Agricultural practices can affect the composition of the fungal community, colonizing the rhizospheric soil, which can impact on crop yield and quality.

Keywords: microbial community, mycorrhizae, metagenomics, agricultural practices.

# CAPÍTULO 1

## 1.1 INTRODUCCIÓN

La agricultura ha experimentado cambios significativos en los últimos años a causa de la intensificación de prácticas agrícolas, producto del crecimiento poblacional, ocasionando el deterioro de los recursos naturales, en particular del suelo (Milner & Boldsen, 2023). La perspectiva agronómica por enriquecer este recurso y comprender estructuralmente el microbioma ha sido desatendida.

En un esfuerzo importante por identificar el rol de los microorganismos que coexisten en el suelo Wei et al. (2019) manifiestan que parte de esos interactúan con los exudados de la raíz incidiendo en la salud de las plantas, cuyo fin principal es brindar protección contra patógenos (Berendsen et al., 2012), por medio de la secreción de aminoácidos y ácidos orgánicos que se dan entre los exudados de las raíces y el suelo (Yuan et al., 2018). Dichos exudados, son el conjunto de azúcares, ácidos orgánicos, metabolitos, fitohormonas y polímeros son decisivos para atraer, seleccionar y alterar la estructura de la comunidad de los microorganismos (Wen et al., 2020).

El microbioma de la raíz alberga un sinnúmero de hongos, que desempeñan un indispensable papel ecológico en la descomposición de materia orgánica (van der Heijden et al., 2015), circulación del carbono en el ecosistema (Bahram et al., 2018) y en la biogeoquímica del suelo (Asiegbu & Kovalchuk, 2021).

Los hongos endófitos cumplen funciones inter o intraespecíficas en las plantas, ya que son necesarios para la reasignación de biomasa, en temporadas adversas como la sequía, facilitando así la absorción de nutrientes que son inaccesibles para estos (Børja et al., 2017), ayudando a estimular la liberación de nutrientes, especialmente nitrógeno y fósforo (Kyaschenko et al., 2018). (Asiegbu & Kovalchuk, 2021).

Las bacterias integran otro componente del microbioma en el suelo y cumplen roles específicos en las plantas, actuando en el incremento de la composición de principios activos (Çakmakçı et al., 2020), confiriendo tolerancia a metales pesados (Zhang et al., 2008), promoviendo el crecimiento (Lafi et al., 2017) y produciendo metabolitos que evitan la infección por patógenos (Ali et al., 2015).

Para identificar y cuantificar pequeñas poblaciones microbianas del suelo se han empleado diversas estrategias de identificación molecular basadas en el ADN, como electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (DGGE) y reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) (Pang et al., 2021), aunque la expresión de ARNm no siempre se correlaciona de manera directa con la cantidad de proteínas producidas (Lin et al., 2013) el análisis metagenómico puede servir como una herramienta valiosa para profundizar en la composición y las funciones microbianas en los agroecosistemas (Lafi et al., 2017), lo que contribuye al manejo de información sobre el rol de los consorcios microbianos en el suelo. El metabarcoding es útil para amplificar y secuenciar regiones específicas de genes que permiten una evaluación rápida y específica de la diversidad taxonómica de una comunidad microbiana (Young & Hebert, 2022).

## **1.2 PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA**

La relación simbiótica entre los microorganismos y las plantas brinda beneficios ecosistémicos (Augé et al., 2008) (Abbott & Johnson, 2017) (Allen & Allen, 2017) (Asiegbu & Kovalchuk, 2021). A pesar de esto los microorganismos se enfrentan a diversos desafíos como prácticas agrícolas inadecuadas, exceso de fertilización inorgánica, labranza y quema, que posiblemente pueden tener un impacto sobre la microbiota del suelo. Además, cuando se considera el escenario del cambio climático, la perspectiva se vuelve aún más preocupante.

El trabajo de investigación centraliza el estudio de la diversidad microbiana del maíz al ser considerado uno de los cereales más cultivados a nivel mundial (FAO, 2021). En el Ecuador constituye el segundo cultivo de interés para la dieta y economía de muchas comunidades; y a nivel cantonal, Pindal es uno de los más grandes productores de maíz duro (INEC, 2022),

sus condiciones climáticas son muy irregulares, donde el periodo más seco corresponde al comprendido entre los meses de julio a diciembre, que incide de manera drástica en su producción (GAD, 2019) por lo tanto, estudiar las comunidades microbianas inherentes al cultivo del maíz en relación a cada práctica agrícola resulta crucial para la sostenibilidad agrícola, la comprensión de los ecosistemas locales y sustentar la seguridad alimentaria.

### **1.3 HIPÓTESIS**

La composición de la microbiota del suelo varía en el ciclo de cultivo de acuerdo a las prácticas agrícolas.

### **1.4 OBJETIVOS**

#### **1.4.1 Objetivo general**

Identificar la diversidad endo y ecto micorrízicos asociada al suelo rizosférico en el cultivo de maíz.

#### **1.4.2 Objetivos específicos**

Caracterizar la función de hongos identificados en la rizosfera y suelo en un cultivo de maíz mediante técnicas moleculares.

Determinar la composición e índice de diversidad de la comunidad de microorganismos que colonizan el suelo de la rizosfera de un cultivo de maíz.

Identificar diferencias en la composición de la comunidad microbiana que coloniza el suelo en relación a las prácticas agrícolas.

### **1.5 JUSTIFICACIÓN**

A nivel mundial, se ha estudiado la dinámica e impacto de las micorrizas en la fisiología de las plantas (van der Heijden & Marcel, 2023), el efecto en la inmovilización de nutrientes como el fósforo (Hemkemeyer et al., 2021) y la tolerancia de las plantas a condiciones extremas en diversos ecosistemas (Asiegbu & Kovalchuk, 2021).

En Ecuador, se han realizado investigaciones para evaluar el efecto de hongos micorrízicos en el desarrollo de plantas bajo distintos escenarios agrícolas. Sin embargo, la información sobre la composición y estructura de las comunidades microbianas es escasa, en este sentido, los datos y resultados serán de importancia para entender la estructura de la comunidad microbiana en diversos escenarios agrícolas, y su efecto en la composición del suelo.

## **CAPÍTULO 2**

### **2.1 MARCO TEÓRICO**

#### **2.1.1 Reino Fungi**

El reino Fungi incluye organismos que desempeñan roles cruciales en la descomposición de materia orgánica muerta (Gadd, 2021), elevan la tasa de crecimiento de plantas vasculares (Singara, 2015) y proporcionan recursos en la industria farmacológica (Bernal et al., 2021) y alimentaria (Bernal et al., 2021).

Se conocen aproximadamente 70.000 especies de hongos pero se cree que existen más de 1,5 millones de especies sin describir (Hawksworth et al., 1995), estos se han clasificado en siete phylum que corresponden a: Ascomycota, Basidiomycota, Blastocladiomycota, Chytridiomycota, Glomeromycota, Neocallimastigomycota, Microsporidia (James et al., 2006) (Hibbett et al., 2007), aunque para este último su ubicación filogenética en relación con sus parientes cercanos se desconoce (Park & Poulin, 2021).

Dada la gran diversidad de especies de hongos descritas, por su estilo de vida se agrupan en: simbioses, saprobios, y parasitarios (Rodríguez & Redman, 1997). Los simbioses fúngicos, constituye un tema de gran interés en este apartado debido a que es un claro ejemplo de la relación intrínseca que puede establecerse entre los hongos denominados micorrizas y las plantas (Brundrett, 2009) (Elliott et al., 2019).

### **2.1.2 Micorrizas**

El término micorriza proviene del griego “mykes” y “rhiza”, que se refiere literalmente a la relación hongo-raíz (Trappe, 2005), fue acuñado por primera vez en 1885, aunque ya existían diversas publicaciones relacionadas con el tema en esa época (Frank, 2005). Las micorrizas son una forma de asociación o simbiosis que se establecen entre el tejido cortical de las raíces y los hongos (Tripathi et al., 2018). Este grupo diverso de microorganismos interactúa con aproximadamente el 90 por ciento de las plantas vasculares (Smith & Read, 2008), involucrando alrededor de 50,000 especies de hongos con cerca de 250,000 especies de plantas (van der Heijden et al., 2015).

Los hongos micorrízicos habitan en la rizosfera y presentan diversas características morfológicas. Se sabe que colonizan el tejido cortical de las raíces, conectando con sus hifas la raíz y el suelo en busca de nutrientes, especialmente nitratos y fosfatos (van der Heijden et al., 2015), azúcares, aminoácidos y agua. (Watkinson et al., 2016).

Los hongos micorrízicos desempeñan un rol importante en el hábitat de las plantas, debido a que influyen en varios aspectos de su desarrollo. Promueven la producción de fitohormonas (Hyakumachi & Kubota, 2003) (Janardan et al., 2011), que estimulan el crecimiento vegetal (Murali et al., 2021) así como la mineralización de nutrientes del suelo catalizadas por diversas enzimas (Elsharkawy & El-Khateeb, 2019) y sumando la resistencia contra estresores vegetales (Hyakumachi & Kubota, 2003) (Choudhary et al., 2007) (Mohiddin et al., 2017).

Estudios demuestran que la asociación entre hongos micorrízicos y raíces afectan su estructura y función (Linderman, 1988) (Maherali, 2014), alterando la exudación radicular (Bansal & Mukerji, 1994) (Vives-Peris et al., 2020) lo que a su vez desencadena la activación de diversos procesos biogeoquímicos (Giri et al., 2005). Esto resulta en un mayor intercambio bidireccional de carbono, permitiendo que las plantas absorban mayor cantidad de nutrientes (Tripathi et al., 2018) y representando ventajas ecológicas en la aptitud de las plantas hacia el entorno (Miransari, 2010).

### **2.1.2.1 Clasificación**

En base a sus tipología existen diversas clasificaciones con respecto a los tipos de micorrizas (Brundrett, 2004)(Smith & Read, 2008) siendo mayoritariamente aceptada la que divide a las micorrizas en endo (micorrizas arbusculares, micorrizas de orquídeas y micorrizas ericoides) (Marschner, 2011) y ectomicorrizas (van der Heijden et al., 2015).

### **2.1.2.2 Micorrizas arbusculares**

Los hongos micorrízicos arbusculares o AMF se clasifican en el phylum Glomeromycota. Este tipo de hongo penetra en el interior celular de las raíces y desarrolla estructuras intrarradicales (hifas, arbuscúlos, vesículas) o estructuras extrarradicales (hifas y esporas) en el suelo (Rodrigues & Rodrigues, 2019), de esta manera mantienen una relación superficie-volumen en la absorción de nutrientes (Owen et al., 2015) mejorando el intercambio de distintos metabolitos y carbono entre el hongo y el huésped (Garg et al., 2006).

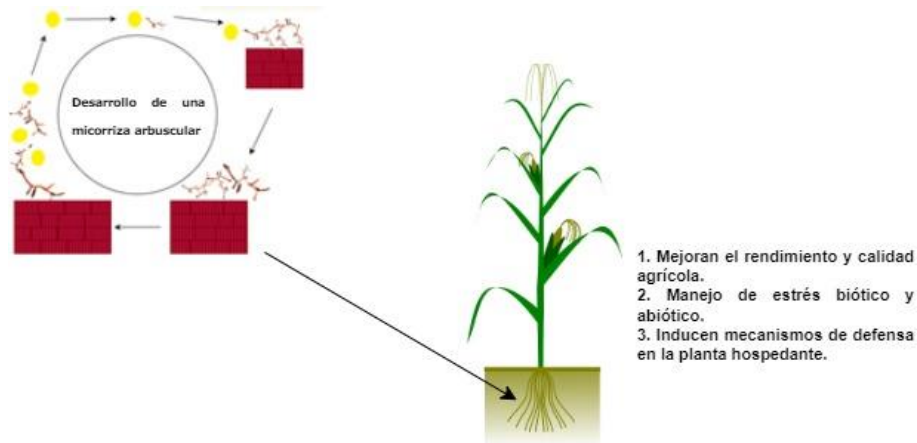
Para Morgan et al. (2005) el establecimiento de la red de micorrizas arbusculares presenta ventajas básicas en la adquisición de nutrientes minerales:

- Las hifas fúngicas se extienden fuera del área de agotamiento de nutrientes que rodea la raíz de la planta.
- Las hifas fúngicas extienden el área de superficie de las raíces lo que permite que las plantas absorban más nutrientes.
- Las hifas pueden extenderse hacia lugares del suelo que son demasiado pequeños para que entren las raíces.
- Algunos hongos micorrízicos pueden solubilizar los nutrientes orgánicos del suelo, convirtiéndolos accesibles para las plantas.

La esquematización del desarrollo intracelular y ventajas de una micorriza arbuscular se aprecia en la figura 1.

#### ***Figura. 1***

*Desarrollo intracelular de una micorriza arbuscular*



### 2.1.2.3 Micorrizas de orquídeas

Las micorrizas de orquídeas (OMF) pertenecen al phylum Basidiomycota, un grupo muy heterogéneo (Illyés et al., 2010), estas se agrupan en las células corticales de la raíz y en semillas. Infectan principalmente el tejido del velamen e ingresan por medio de la exodermis (Sathiyadash et al., 2012) lugar en donde el hongo se propaga intracelularmente formando una estructura muy enrollada denominada pelotones (Sathiyadash et al., 2020).

La relación mencionada es única en el reino plantae, en algunas ocasiones la colonización fúngica es irregular en las orquídeas epífitas y litófitas, mientras que en las orquídeas terrestres es difusa (Muthukumar & Kowsalya, 2017).

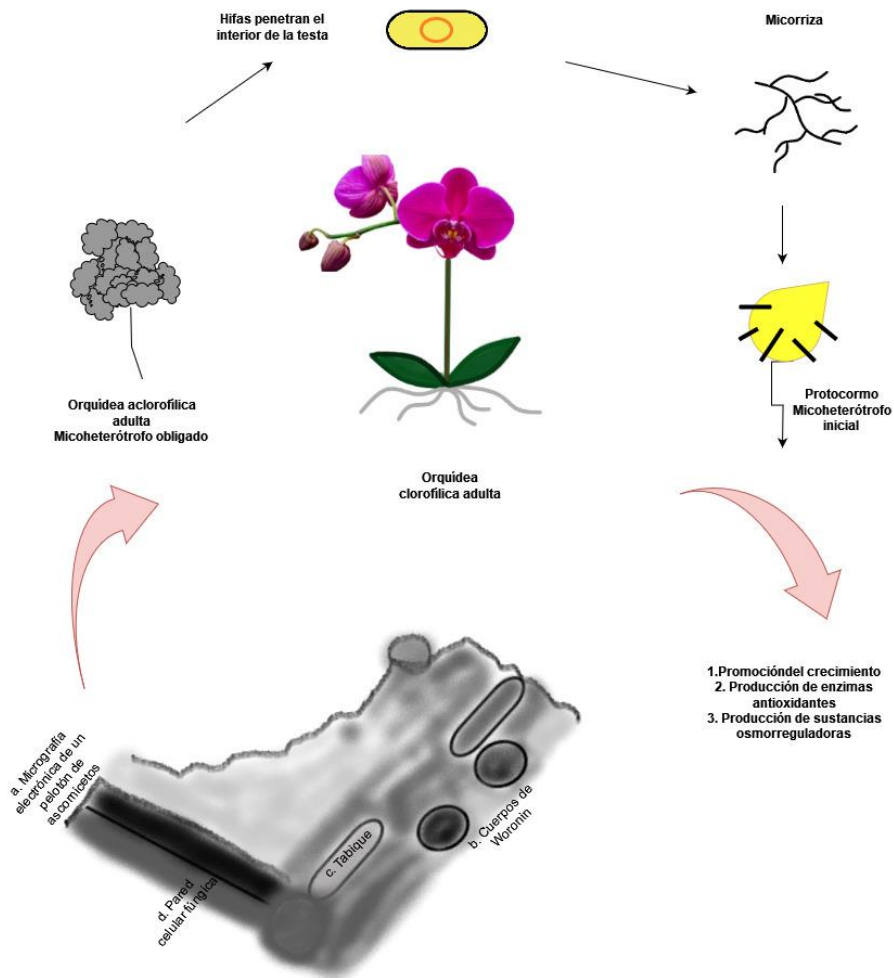
T. Li et al. (2021) describen las ventajas de las micorrizas de orquídeas:

- Posibilita la transferencia de nutrientes (carbono, nitrógeno y fósforo).
- Estimulan el crecimiento vegetal.
- Son productores de fitohormonas.
- Son fundamentales en la resistencia de enfermedades.

La esquematización del desarrollo intracelular y ventajas de una micorriza orquideoide se aprecia en la figura 2.

#### **Figura. 2**

*Desarrollo intracelular de una micorriza de orquídea*



#### 2.1.2.4 Micorrizas ericoides

Las micorrizas ericoides (ErM) pertenecen al phylum Ascomycota (Smith & Read, 2008), están asociadas a especies de plantas de las familias *Ericaceae*, *Epacridaceae* y *Empetraceae* (Dighton, 2009). Su proceso de colonización inicia con el reconocimiento de la planta huésped, el hongo atraviesa la célula vegetal dando lugar a la proliferación de hifas en forma de espirales (Mukerji et al., 2002). Mejora la transferencia de nutrientes en especies de tundra, brezales y bosques neotropicales (Pacheco et al., 2022) .

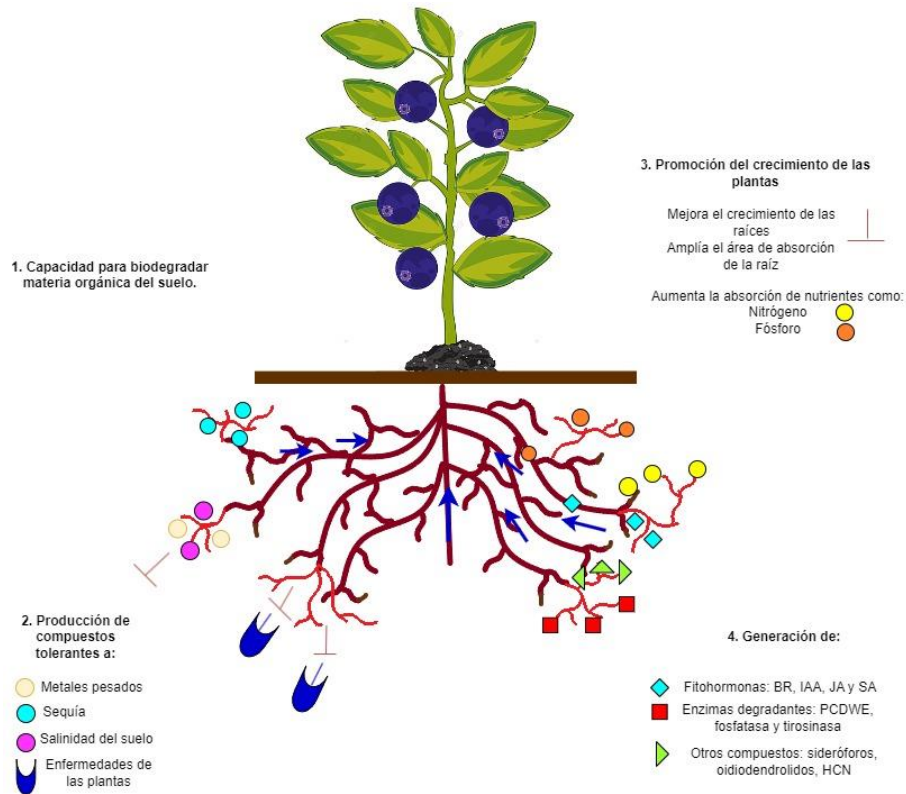
Según Wei et al. (2022) los principales beneficios son:

- Promoción del crecimiento de las plantas.
- Capacidad para biodegradar materia orgánica del suelo.
- Producción compuestos bioactivos.
- Generación de antioxidantes.

La esquematización desarrollo intracelular y ventajas de una micorriza ericoide se aprecia en la figura 3.

Figura 3

Desarrollo intracelular de una micorriza ericoide.



### 2.1.2.5 Ectomicorrizas

Los hongos ectomicorrízicos (EcM) pertenecen al phylum Basidiomycota y Ascomycota. Estos forman un sistema denominado heterorrízico en el que se distinguen raíces de extensión larga y corta (Lakhanpal, 2001) caracterizadas por la presencia de tres estructuras principales: vaina o manto de tejido fúngico, un crecimiento interno laberíntico de hifas entre las células de la raíz, denominado red de Hartig y un sistema de crecimiento externo de elementos hifales que forma conexiones con el suelo (Smith & Read, 2008).

La infección ectomicorrízica inicia a partir de esporas, esclerocios, hifas y/o rizomorfos que invaden las raíces de los árboles, La formación de propágulos se estimulan a partir de los exudados de las raíces hasta cubrir la misma con una densa vaina de hifas (Lakhanpal, 2001).

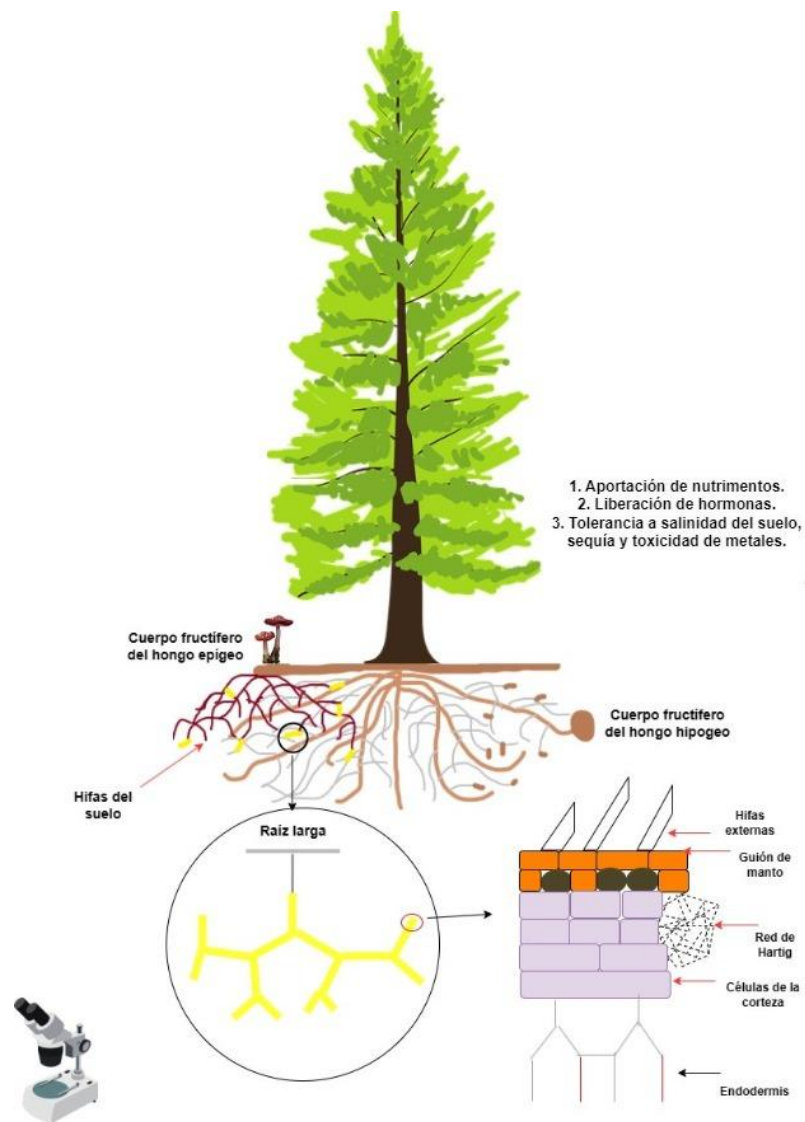
Oros-Ortega et al. (2017) menciona que las ventajas más importantes de los hongos ectomicorrízicos son:

- Aportación de nutrimentos.
- Liberación de sustancias químicas
- Elevación de la tolerancia a condiciones ambientales adversas (salinidad, sequía) y toxicidad de algunos metales.

La esquematización del desarrollo intracelular y ventajas de una ectomicorriza se aprecia en la figura 4.

#### **Figura 4**

##### *Desarrollo intracelular de una ectomicorriza*



### **2.1.3 Importancia de las micorrizas en los ecosistemas**

Los hongos micorrízicos arbusculares (AMF) pertenecen a las familias Acaulosporaceae, Gigasporaceae, Glomeraceae, Paraglomeraceae, Parasclerocystisaceae, Rhizophagus, y Sclerocystis (Vasar et al., 2021), su presencia en las plantas mejora la tolerancia hacia los ambientes áridos y salinos (Santander et al., 2021), mantienen una correlación positiva con la humedad del suelo, carbono orgánico y potasio disponible (Zhang et al., 2017), a pesar de que su tasa de colonización puede disminuir en suelos húmedos (Hernández et al., 2020) su relación se fortalece cuando las condiciones climáticas son adversas (Bai et al., 2013).

La inoculación de micorrizas arbusculares en especies forestales tiene un efecto positivo debido a que mejora el crecimiento y tamaño del dosel (Huante et al., 2012). En zonas de bosque seco se reportó al orden Gigasporales como el más abundante (Azevedo de Assis et al., 2018). Prácticas como agricultura de roza y quema favorecen la cantidad de propágulos (Guadarrama et al., 2014). Devia-Grimaldo et al. (2021) indican que en zonas afectadas por incendios forestales la abundancia de hongos micorrízicos arbusculares es alta.

Bajo otro escenario en los ecosistemas de sabana que por lo general son sujetos a sequía, los AMF predominantes pertenecen al género *Glomus*. Su proliferación está influenciada en gran medida por los factores edáficos (Soka & Ritchie, 2018) disminuyendo en suelos de uso agrícola (Stürmer et al., 2018).

En ecosistemas como los bosques templados, el contenido de calcio y sodio inciden en la riqueza de AMF (Marín et al., 2017), estos hongos se encuentran mayoritariamente distribuidos en los horizontes orgánicos (Carteron et al., 2021).

En este tipo de ecosistema, los hongos ectomicorrízicos (EcM) habitan en plantas específicas por lo general leñosas, así que su coexistencia con especies de otro tipo es negativa (Toju & Sato, 2018). Estos hongos pueden inhibir daños ocasionados por patógenos (Bennett et al., 2017) y mejorar la nutrición orgánica (Phillips et al., 2013).

### **2.1.4 Las micorrizas en el crecimiento del maíz y propiedades edafológicas**

Los hongos micorrízicos arbusculares (AMF) mejoran la dinámica del carbono debido al aumento de enzimas principalmente de oxidasa ( Ma et al., 2022) y proteína neutra en la planta (Xu et al., 2019). La inoculación de AMF incrementa el desarrollo del maíz, mejorando las características morfofisiológicas del sistema radicular debido a la acumulación de putrescina (Hu & Chen, 2020), que contribuye a una mayor absorción de nutrientes y mejora la asimilación de nitrógeno (Hussain et al., 2021).

Borriello et al. (2012) demostraron que la estructura de los AMF del cultivo de maíz está influenciada por el sistema de producción, prácticas de labranza y fertilización nitrogenada. Una fertilización adecuada fortalece la relación hongo-planta (Qin et al., 2020) de esta manera mejoran la captación de fósforo en suelos perturbados por actividades antropogénicas (Hao et al., 2021) y aumentan la capacidad de brotación (Sawers et al., 2017).

Los AMF tienen un impacto beneficioso en el rendimiento del grano, materia subterránea seca (Agbodjato et al., 2022), aumentan la acumulación de fósforo y potasio en la etapa del llenado (B. J. Chen et al., 2023) y generan resistencia a las diversas tensiones ambientales (Moreira et al., 2017),.

Sus atributos en la producción agrícola son tales que las micorrizas arbusculares contrarrestan la senescencia inducida por sequía, sin perjudicar el rendimiento y calidad del forraje (Polcyn et al., 2019), alivian el estrés salino y promueven el crecimiento del maíz bajo estrés ocasionado por temperaturas mínimas (Liu et al., 2016) y aumentan significativamente en la cantidad de aminoácidos (Zhu et al., 2016).

Finalmente se ha demostrado que reducen la toxicidad en plantas de maíz, aminoran la fitotoxicidad inducida por nanopartículas de zinc (Wang et al., 2016), aumentan la tolerancia a metales como el cobre (Merlos et al., 2016) y remueven metales fitotóxicos como el cromo (Cr) (Beltrán-Nambo et al., 2021).

## **2.1.5 Aislamiento, identificación, preservación y seguimiento del crecimiento de hongos**

### **2.1.5.1 Aislamiento de hongos filamentosos**

Lo más apropiado para aislar hongos filamentosos es cultivarlos en cajas Petri estériles empleando un medio de cultivo a una temperatura óptima hasta verificar la formación de micelio (Harirchi et al., 2022), lo que requiere observación constante para prevenir problemas como la sequedad, falta de nutrientes y contaminación del cultivo (Bhat, 2017). Para mejorar el crecimiento en medios líquidos éstos deben ser agitados persistentemente (Kües & Fischer, 2006).

Si el aislamiento es directo hay que cerciorarse que los cultivos fúngicos sean puros siguiendo las recomendaciones de Kües & Fischer.( 2006). Entre los métodos más empleados para aislar hongos filamentosos del suelo están el de Drechsler, método de frotamiento y estampado, placas de suelos warcup, revestimiento de suspensión, filtración de partículas, pasteurización con etanol y fenol, aislamiento selectivo de suelos sapróbicos, técnicas de enriquecimiento y cebo selectivos para el aislamiento de quitridos del suelo, entre otros (Bills et al., 2004).

### **2.1.5.2 Identificación de hongos filamentosos**

Para la clasificación de un taxón, la identificación molecular se puede realizar de manera sincrónica con la identificación morfológica, la selección del enfoque molecular variará en función de la cantidad de muestras, siendo necesario en algunos casos la PCR-RFLP (Gherbawy & Voigt, 2010).

La amplificación y secuenciación del Espaciador Interno Transcrito (ITS) de ADN, específicamente el ITS1 y el ITS2 permite determinar la identificación a niveles taxonómicos de familia a especies (Martin & Rygiewicz, 2005) (Gherbawy & Voigt, 2010) mientras que, la subunidad pequeña del ANDr 18S (SSU) y la subunidad grande del ADNr 28S (LSU) se usan para clasificar taxones en niveles de clase, género y especie. La Unidad Taxonómica Operativa (OTU) funciona como una herramienta analítica que se emplea en conjunto con la secuenciación ITS para simplificar y agrupar las secuencias de ADN resultantes y realizar un análisis de diversidad microbiana (Tedersoo et al., 2018).

En la taxonomía polifásica, enfoques moleculares como RFLP, amplificación aleatoria de ADN polimórfico, huellas dactilares de ADN, polimorfismo de longitud de fragmento amplificado (AFLP), proteómica, secuenciación del genoma completo, etc., se emplean especialmente en cepas que no se pueden describir tradicionalmente. Para estas técnicas moleculares se requieren análisis MALDI-TOF MS, o FTIR para una identificación rápida (Santos et al., 2010) (Bleichrodt & Read, 2019) (Leite et al., 2020).

Para hongos micorrízicos, la diferenciación en familias se logra mediante la identificación tradicional por morfotipos. Sin embargo, para una identificación más precisa, se recurre a las técnicas descritas anteriormente.

Para ectomicorrizas, la identificación molecular requiere de un proceso que inicia con la ruptura de las células fúngicas (Janowski et al., 2019), generalmente mediante métodos de disrupción mecánica como la molienda o sonicación (Rezadoost et al., 2016). Después es importante purificar la mezcla resultante para evitar la interferencia de metabolitos secundarios en el ADN y permitir replicaciones posteriores (Janowski et al., 2019).

En general, se ha encontrado que combinar métodos morfológicos con enfoques moleculares mejora la precisión en la identificación de micorrizas (Yousefshahi et al., 2020).

### **2.1.5.3 Preservación de hongos filamentosos**

La solución más sencilla para ralentizar el reloj biológico es disminuir la temperatura de los materiales biológicos y el entorno que los rodea, comúnmente conocida como criopreservación, y en otras ocasiones la técnica de sublimación de agua o liofilización, ayuda a preservarlos por mucho tiempo (Wolkers & Oldenhof, 2021).

En general, existen dos técnicas habituales de conservación, durante un periodo de tiempo a corto y largo plazo. El método de preservación a corto plazo se considera fácil y aplicable, por lo general se basan en la disminución de la actividad metabólica. En el segundo tipo, se conservan a muy bajas temperaturas en ultracongelación, liofilización o en tanques de nitrógeno líquido. (Harirchi et al., 2022).

#### **2.1.5.4 Seguimiento del crecimiento de hongos**

Es de suma importancia verificar y controlar la viabilidad celular, pureza y estabilidad del genotipo, por medio de ensayos moleculares y de rutina.

El seguimiento del crecimiento permite identificar y corregir cualquier problema con las condiciones óptimas, por lo tanto, para dar un seguimiento del crecimiento a menudo se emplea la técnica de concentración de biomasa (Banerjee & Chisti, 1993) puede ser monitoreada por su concentración o actividad metabólica (Biechele et al., 2015), además existen métodos directos o indirectos descritos por Harirchi et al. (2022) que ayudan en el seguimiento del crecimiento.

## **CAPÍTULO 3**

### **3.1 MAÍZ**

#### **3.1.1 Origen y Distribución**

El maíz (*Zea mays* L) cuyos términos etimológicamente son, Zea o “sustento de vida” es originario del griego antiguo; Mays que significa “dador de vida” proviene del taino prehispánico (Shah et al., 2016) (Tanumihardjo et al., 2020); dicho cultivo se desplazó por todo el mundo, constituyendo un alimento básico en especial para los nativos americanos (Pleasant, 2016).

El maíz es un cultivo C4, herbáceo, domesticado con un origen de hace aproximadamente 7.000 y 10.000 años procedente de las tierras altas de México (Wilkes, 2004), se cree que surgió de una maleza silvestre nativa, teosinte (*Zea mays* L.: ssp. Mexicana) (Hallauer et al., 2009).

El rendimiento de maíz a nivel mundial sobrepasa las mil millones de toneladas métricas con un rendimiento alrededor de 5.8 toneladas por hectárea (FAO, 2021). Los mayores productores de maíz son: Estados Unidos, China y Brasil (USDA, 2021). Su importancia económica se debe a los múltiples beneficios en la alimentación humana, a pesar de ello se

ha documentado que carece naturalmente de varios aminoácidos esenciales y vitamina B (Krivanek et al., 2007);

El maíz constituye la materia prima para la fabricación de pienso animal o productos industriales, biocombustibles (Zhang et al., 2021) y varios subproductos como salvado de maíz, germen de maíz, licor de maceración de maíz, gluten, etc., generando un profundo análisis en las distintas transformaciones cíclicas basadas en la reutilización de recursos o productos agrícolas (Wang et al., 2016).

En el Ecuador, el sector agrícola aporta cerca del 15 por ciento del producto interno bruto a nivel nacional (Asobanca, 2022). Según datos proporcionados por INEC. (2021) el maíz duro seco, es el segundo cultivo de importancia a nivel nacional con una producción de 1.699.370 toneladas y un rendimiento de 4,64 toneladas por hectárea, con diversos ecotipos desarrollados, entre ellos, INIAP H-551, INIAP H-553, INIAP H-601, INIAP H-602, INIAP 182 Almendral, INIAP H 824 Lojanito (Caviedes, 2019).

Lamentablemente, cada año en el país se pierden alrededor de 150.542,20 ha de cultivos (M. Sánchez et al., 2020) atribuyéndose a causas como plagas, enfermedades y factores ambientales, asimismo para las zonas rurales, aspectos como la inequidad en el acceso a tierras, distribución y gestión de riego, canales de comercialización directa, precios justos, desarrollo e innovación tecnológica, juegan un papel importante ya que su deficiencia obstaculiza el desarrollo productivo (Caviedes, 2019) lo que consecuentemente genera una dinámica negativa del valor agregado bruto (Banco Central del Ecuador, 2022).

En la provincia de Loja el maíz duro seco constituye el principal cultivo con una producción de 66.000 kilogramos y un rendimiento de 3.46 toneladas por hectárea (INEC, 2021). Los híbridos comercializados dentro de la provincia son Dekalb 7088 con un rendimiento de 4,80 t/ha, Pioneer 30K75 2,98 t/ha, Tornado 7254 2,79 t/ha, Triunfo 4,93 t/ha, AGRI-104 4,89, INIAP H-601 con 5,48 e INIAP H-553 con 5,17 t/ha (Caviedes, 2019).

### **3.1.2 Taxonomía**

Según Awata et al. (2019) el maíz presenta la siguiente clasificación taxonómica:

**Tabla 1**

*Clasificación taxonómica del maíz*

<b>Taxonomía</b>	<b>Clasificación</b>
Reino	<i>Plantae</i>
Subreino	<i>Tracheobionta</i>
División	<i>Magnoliophyta</i>
Clase	<i>Liliopsida</i>
Orden	<i>Cyperales</i>
Familia	<i>Poacear</i>
Género	<i>Zea</i>

### **3.1.3 Descripción botánica**

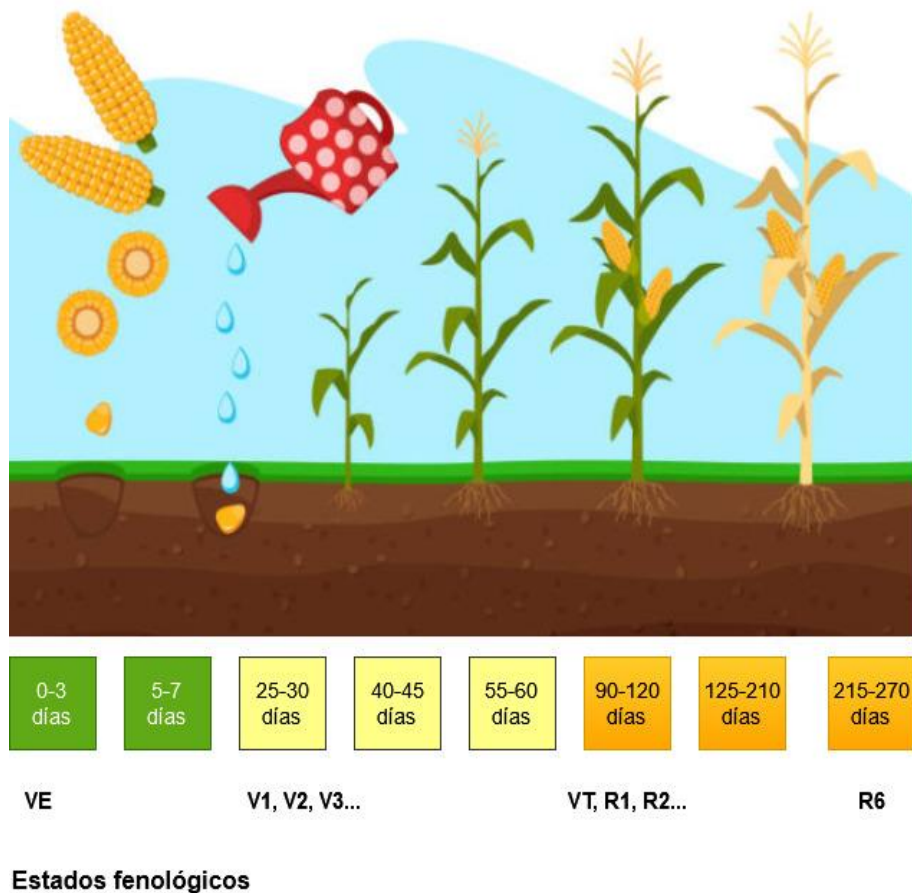
El maíz es una planta liliópsida con un sistema radicular fibroso (Sánchez et al., 2020), que actúa como puente de desarrollo entre el ápice y el área proximal (Hochholdinger et al., 2004). En el sistema radicular se distinguen tres zonas: meristemática, de elongación y de diferenciación (Hochholdinger et al., 2004). El tallo es erecto (culmo), constituido de corteza, epidermis y haces vasculares (Marquina, 2017) que darán paso a la formación de nudos y entrenudos, en ocasiones con macollos (Gwirtz & Garcia-Casal, 2014). Las hojas suelen ser anchas y dísticas. La inflorescencia tiene primordios de flores bisexuales, cuando la inflorescencia es masculina está ubicada en el área superior del tallo y si es femenina se encuentran entre los brotes laterales (Australian Government, 2008). El resultado de la reproducción sexual del maíz es un fruto cariósido, seco e indehisciente de una sola semilla formado de endospermo, embrión, pericarpio y punta (Gwirtz & Garcia-Casal, 2014).

### 3.1.4 Desarrollo del maíz

Las etapas reproductivas se refieren principalmente al desarrollo del grano y comienzan con la “formación de seda” (R1) y terminan en la madurez o “capa negra” (R6) (Nleya et al., 2019). El desarrollo de la planta está dividido en distintas etapas: vegetativo (V) y reproductivo (R), a su vez, cada etapa se subdivide, por ejemplo, para el estadio vegetativo se designan numéricamente V1, V2, V3 hasta V (n) dónde (n) representa el último estadio foliar antes de VT. La primera y última etapa V están designadas como VE (emergencia) y VT (espiga) pasando a la etapa reproductiva desde la fecundación, formación del grano y madurez (R1-R6) (Ritchie et al., 1986).

**Figura5**

*Estados fenológicos del maíz*



### 3.1.5 Requerimientos edafoclimáticos

**Tabla 2**

*Requerimientos edafoclimáticos del maíz*

<b>Requerimeintos</b>	<b>Rango óptimo</b>	<b>Autor</b>
Temperatura	7-29 °C	(Serna-Saldivar, 2019)
Radiación solar	750 a 1000 horas luz/año	
Precipitación	550 mm a 2000 mm/año	
Altitud	45 a 125 msnm	(Egüez et al., 2012)
Suelo	Terreno plano, suelo de textura franco y profundo con drenaje superficial adecuado	
pH	5.5 a 7.3	

### 3.1.6 Prácticas culturales

a) Preparación del suelo

En sistemas convencionales se efectúan labores de arado que puede realizarse con grada o vertedera (Chileno, 2014), en ocasiones es conveniente prácticas como labranza mínima, para evitar la erosión y permitir una mayor retención de humedad (Deras, 2012).

b) Siembra

Ortigoza (2019) recomienda aplicar cal agrícola en toda la superficie del suelo mínimo 3 meses antes de la siembra para corregir la acidez. La semilla a emplear debe ser fresca, certificada, con un porcentaje de germinación mayor al 90 por ciento (Zambrano et al., 2021). Las épocas recomendadas de siembra son en los meses coincidentes con el mayor índice de precipitación, por medio de siembra directa se emplea 18 kg de semilla/ha a una distancia de

80 cm por 40 cm, con dos semillas por espacio, y una densidad de 31.250 plantas/hectárea (Chileno, 2014).

c) Fertilización

Se recomienda antes de aplicar cualquier compuesto partir siempre de un análisis de suelo. La práctica comúnmente adaptada al inicio del ciclo del cultivo es fraccionar los fertilizantes nitrogenados en el 50% a los quince días después de la siembra (dds) y el otro 50% a los 30 dds, Deras. (2012) recomienda aplicar 325 kg/ha de 16-20-00 o 116 kg/ha de urea en suelos francos o de textura fina, mientras que en suelos de textura arenosa la fertilización se lo hace al momento de la siembra 325 kg/ha de 16-20-00, a los 30 dds 130 kg/ha de Sulfato de Amonio y a los 45 dds aplicar 65 kg/ha de urea, sin embargo, por su parte Villavicencio et al. (2014) recomienda la aplicación de Fosfato Diamónico para corregir deficiencia de nutrientes.

La aplicación de enmiendas orgánicas en combinación con fertilizantes inorgánicos demuestra ser una estrategia factible de producción sostenible ya que permite mayor absorción de nutrientes, acumulación de biomasa, aumenta la captura de carbono del suelo e incrementa la producción de los cultivos (Brar et al., 2015) (Mahmood et al., 2017) (Canatoy & Daquiado, 2021).

d) Control de malezas

En zonas con abundante cantidad de malezas, se sugiere un control mecánico alrededor de los 20 dds (INIAP, 2012) o la aplicación de productos herbicidas después de las primeras lluvias.

e) Cosecha y Poscosecha

Se realiza la cosecha una vez los granos alcanzan el estado de madurez fisiológica, con un contenido de humedad entre 28 y 35%, para ello se retiran las mazorcas y se desgrana (INIAP, 2012).

Al finalizar, la quema de residuos agrícolas es una práctica común entre los agricultores cuyo fin es limpiar el campo para la próxima temporada, se ha demostrado que esta práctica

agrícola es emisora de altas cantidades de CO<sub>2</sub>, CO, hidrocarburos, u otros gases como el SO<sub>2</sub> y NO<sub>x</sub>, y algunas partículas que llegan a ser cancerígenas para el ser humano (Chen et al., 2017) además de incidir en funciones biológicas en el material orgánico, secuestro de carbono y reducción de la capa superficial del suelo (Thomaz, 2009) (Punyalue et al., 2015) sin embargo, dado los efectos negativos la labranza de conservación podría constituir una oportunidad para minimizar la perturbación del suelo (Hou et al., 2019).

El almacenamiento poscosecha se lo realiza cuando los granos han adquirido entre 12 y 13 por ciento de humedad, en ambientes secos y ventilados (INIAP, 2012)

## CAPÍTULO 4

### 4.1 METODOLOGÍA

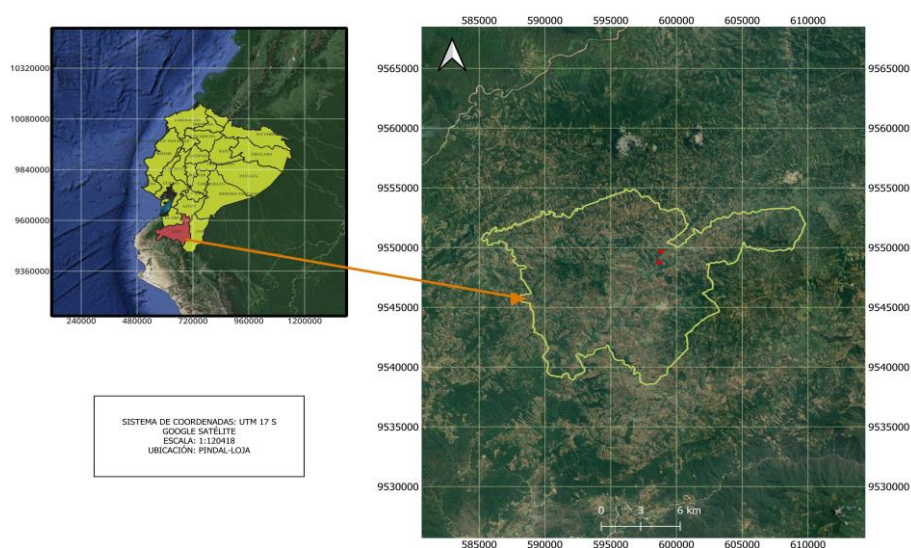
#### 4.1.2 Área de estudio

La Investigación se realizó en el cantón Pindal de la provincia de Loja (Figura 6), ubicado al sur del Ecuador, con un clima tropical húmedo y seco; los cultivos representativos de la zona son: maíz, banano, café, arroz.

**Figura**

**6**

*Mapa de ubicación*



### **4.1.3 Muestreo**

Se seleccionaron dos parcelas de 10 x 10 m<sup>2</sup> para el muestreo del cultivo de maíz en el cantón Pindal. En cada parcela, con respecto al suelo se colectaron submuestras de 1kg en: i) reposo del suelo, ii) suelo al comienzo del ciclo, iii) al final del ciclo, y iv) 300 gramos de suelo rizosférico (20 plantas) por los exudados. Con las submuestras de cada parcela se formó una muestra compuesta que se utilizó para el aislamiento de microorganismos, extracción de ADN metagenómico del suelo y análisis físico-químicos.

### **4.1.2 Análisis físico-químico del suelo**

Se pesó aproximadamente 1 kg de la muestra compuesta para el análisis físico-químico, que incluye pH, densidad aparente, textura, conductividad eléctrica y humedad, contenido de calcio, magnesio, azufre, zinc, cobre, hierro y manganeso. Los análisis se realizaron en el Laboratorio de Suelos de la Estación Experimental del Austro (INIAP) y en Agrobiolab.

### **4.1.3 Aislamiento y cultivo de microorganismos**

Se pesó un gramo de cada una de las muestras compuestas colectadas en los sitios de muestreo y mediante diluciones seriadas se inocularon por punción en cajas Petri que contenían medio de cultivo Agar Papa Dextrosa suplementado con Sulfato de Estreptomicina en el caso de hongos, para bacterias se usó Agar Nutritivo y la siembra fue por estriado. Para la identificación microbiológica se realizó una descripción morfológica de la colonia tanto en hongos y bacterias.

### **4.1.4 Identificación molecular de los hongos aislados de la rizosfera**

La identificación molecular mediante el análisis de la región ITS para hongos se realizó en IDGen con el siguiente protocolo: la extracción de ADN fue por métodos tradicionales, empleando aproximadamente 100 miligramos de muestra, para ser evaluada la integridad y calidad del ADN mediante espectrofotometría y visualizada en gel de agarosa.

Una vez diluido el ADN hasta los 20ng/μl se amplificó mediante PCR utilizando primers ITS 1 e ITS4. Las secuencias obtenidas fueron limpiadas y ensambladas por medio de diversos programas bioinformáticos para finalmente compararlas con las bases de datos de nucleótidos de GenBank de NCBI.

#### **4.1.5 Caracterización de las comunidades microbianas por secuenciación masiva**

Se extrajo ADN de aproximadamente 500 mg de muestras de suelo rizosférico mediante métodos tradicionales. La calidad del ADN se evaluó mediante espectrofotométrica en Nanodrop utilizando los primers 16S V3-V4 y primers ITS 86F-4R con extremos cohesivos P5-P7. Las lecturas obtenidas se procesaron mediante un software bioinformático, eliminando las secuencias quiméricas. Las secuencias finales se identificaron mediante BLAST con un índice de identidad del 99% para bacterias y 97% para hongos

# CAPÍTULO 5

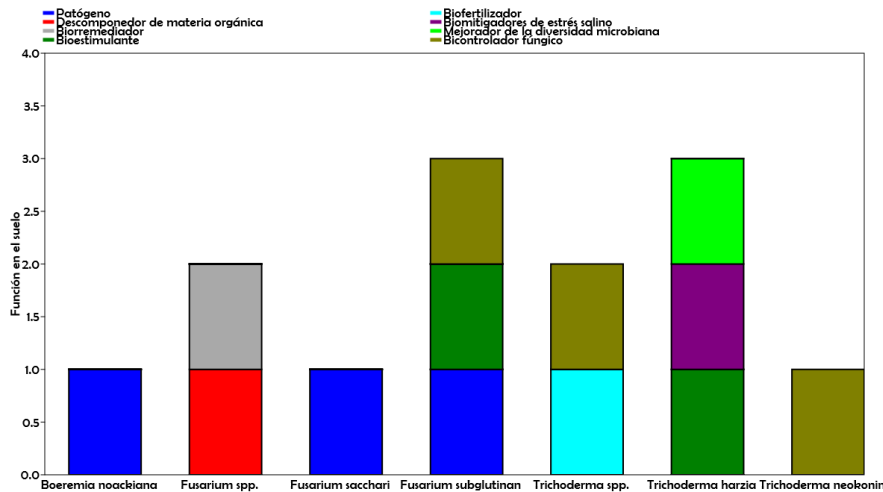
## 5.1 Resultados

### 5.1.1 Caracterización de hongos identificados en el suelo y la rizosfera en un cultivo de maíz mediante técnicas moleculares

Los resultados presentados en la figura 7 indican un total de siete especies de hongos aislados del suelo y cultivados bajo condiciones de laboratorio con características morfológicas distintas que de acuerdo al análisis molecular corresponden a: *Boeremia noackiana*, *Fusarium spp.*, *Fusarium sacchari*, *Fusarium subglutinans*, *Trichoderma spp.*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma neokoningii*.

**Figura 7**

Identificación de hongos aislados del suelo de un cultivo de maíz

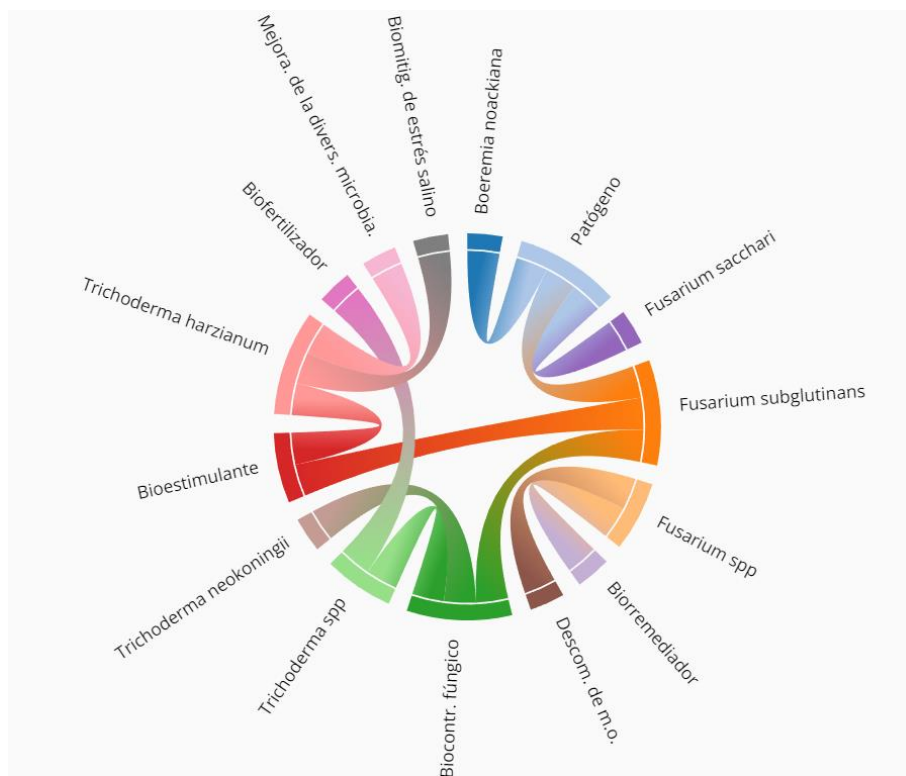


La relación de cada especie de hongo con el suelo se clasificó en siete grupos distintos de acuerdo a los reportes previos de diversas investigaciones, por lo tanto, en la figura 8 se observa que del total corresponden a: patógenos (23.08%), biocontroladores fúngicos (23.08%), bioestimulantes (15.39%), descomponedores de materia orgánica (7.69%), biorremediadores (7.69%), biofertilizantes (7.69%), biomitigadores de estrés salino (7.69%) y mejoradores de la diversidad microbiana (7.69%).

Los resultados en la figura 8 muestran una predominancia de patógenos y biocontroladores fúngicos en el suelo de maíz, posiblemente los hongos patógenos están ligados a la riqueza de nutrientes del suelo y hospedantes potenciales que fortalecen la relación hongo-planta, mientras que los biocontroladores fúngicos pueden ser parte de la diversidad microbiana que está favorecida por las condiciones físicas del suelo. Es de importancia su coexistencia ya que la presencia de ambos puede favorecer o impedir el desarrollo del cultivo.

**Figura 8**

*Relación de cada especie de hongo con su funcionalidad en el suelo*

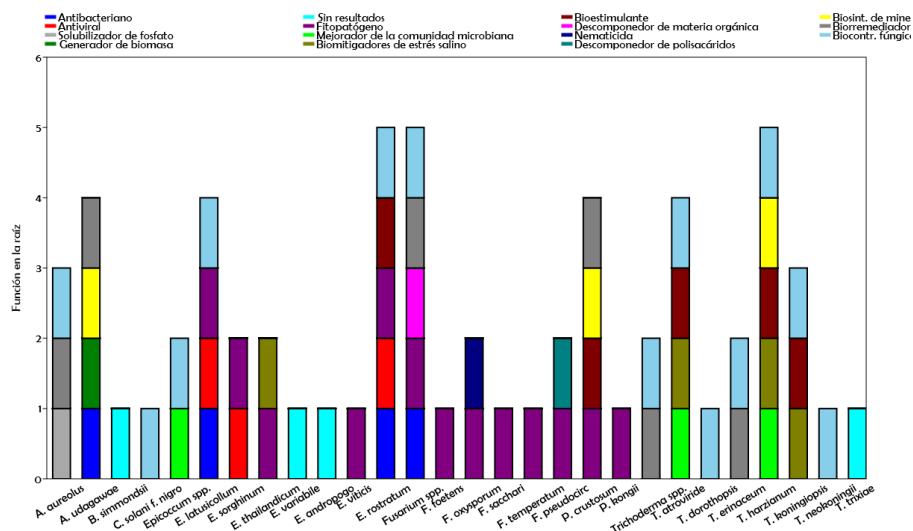


Los resultados presentados en la figura 9 indican un total de 28 especies de hongos aislados de la raíz y cultivados bajo condiciones de laboratorio con características morfológicas distintas, que de acuerdo al análisis molecular corresponden a: *Aspergillus aureolus*, *Aspergillus udagawae*, *Bipolaris simmondsii*, *Clonostachys solani f. nigrovirens*, *Epicoccum andropogonearum*, *Epicoccum laticollum*, *Epicoccum sorghinum*, *Epicoccum spp.*, *Epicoccum thailandicum*, *Epicoccum variabile*, *Epicoccum viticis*, *Exserohilum rostratum*, *Fusarium foetens*, *Fusarium oxysporum* *Fusarium pseudocircinatum*, *Fusarium sacchari*

*Fusarium spp.*, *Fusarium temperatum*, *Penicillium crustosum*, *Penicillium kongii*, *Trichoderma atroviride*, *Trichoderma dorotheopsis*, *Trichoderma erinaceum*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma koningiopsis*, *Trichoderma neokoningii*, *Trichoderma spp.* y *Trichoderma trixiae*.

**Figura 9**

Identificación de hongos aislados de la raíz



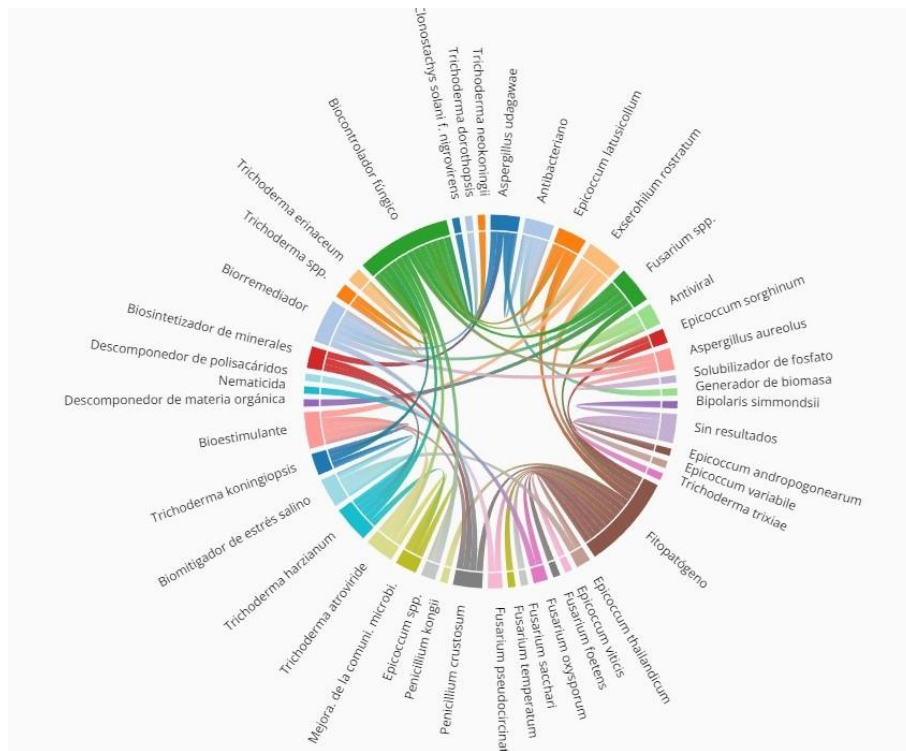
**Figura 10**

Relación de cada especie de hongo con su funcionalidad en la raíz

La relación de cada especie de hongos con la raíz se clasificó en 15 grupos distintos de acuerdo a los reportes previos de diversas investigaciones, por lo tanto en la figura 10 se observa que del total de especies corresponden a: fitopatógenos (20.63%), biocontroladores fúngicos (20.63%), biorremediadores (9.52%), bioestimulantes (7.94%), antibacteriano (6.35%), sin resultados (6.35%), biomitigadores de estrés salino (6.35%), antiviral (4.76%), mejorador de la comunidad microbiana (4.76%), biosintetizador de minerales (4.76%), solubilizador de fosfato (1.59%), generador de biomasa (1.59%), descomponedor de materia orgánica (1.59%), nematicida (1.59%) y descomponedor de polisacáridos (1.59%).

Los resultados muestran una predominancia de fitopatógenos, biocontroladores fúngicos, biorremediadores, bioestimulantes, especies antibacterianas y biomitigadores de estrés salino. Los fitopatógenos y biocontroladores fúngicos pueden estar presentes a causa de los

exudados de la raíz, que son fuente de nutrientes para estas especies. La presencia de hongos con propiedades bioestimulantes y biomitigadores de estrés salino son de importancia en el desarrollo del cultivo debido a que su presencia está relacionada a las condiciones del entorno, en ocasiones desfavorables. Los hongos reportados como biorremediadores posiblemente están ligados con la presencia de contaminantes en el suelo. Finalmente, los hongos identificados con propiedades antibacterianas son un vivo ejemplo de la coexistencia activa entre hongos y diversos microorganismos, la presencia de estos puede en ocasiones debilitar la actividad bacteriana.



### 5.1.2 Composición e índice de diversidad de la comunidad de microorganismos que colonizan el suelo de la rizosfera de un cultivo de maíz

El Índice de Shannon (H) representa la heterogeneidad de una comunidad, generalmente con valores que oscilan entre 2 y 3; valores menores a 2 indican una baja diversidad, mientras que valores superiores a 3 representan una alta diversidad de especies, por lo tanto, en la tabla 3 se ha determinado que el grupo de especies de la comunidad microbiana más alta

corresponde al bosque seco; la media aritmética del Índice de Shannon (H) entre las tres prácticas agrícolas y bosque seco es de 3.16 , observándose el valor más alto de 3.25 que corresponde al bosque seco y el valor más bajo de 3.12 que corresponde a la quema.

**Tabla 3**

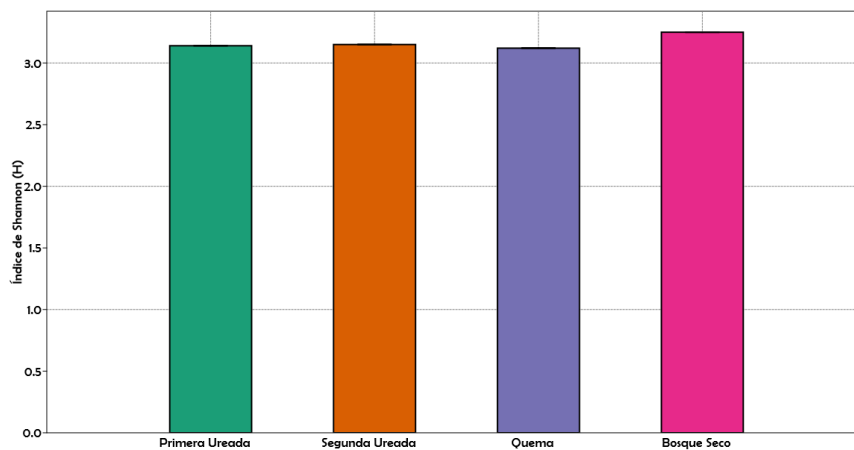
*Índice de Shannon (H) de cada práctica agrícola y bosque seco*

	<b>Primera Ureada</b>	<b>Segunda Ureada</b>	<b>Quema</b>	<b>Bosque Seco</b>
<b>Taxa_S</b>	37	44	44	45
<b>Individuos</b>	200	200	200	200
<b>Shannon_H</b>	3.14	3.15	3.12	3.25

En base a la información del cuadro 3, se infiere que existen diferencias significativas entre el bosque seco y las tres prácticas agrícolas. El Índice de Shannon para el bosque seco indica una diversidad moderada, por el contrario, los valores de cada práctica agrícola reflejan una diversidad moderada baja. La diferencia entre los valores del Índice de Shannon para el bosque seco y el valor promedio de las prácticas agrícolas es de 0.13. Estas diferencias pueden estar atribuidas a actividades como la aplicación de urea que puede alterar el pH del suelo y afectar la distribución de hongos, la quema puede dañar la comunidad fúngica y reducir la diversidad, mientras que las condiciones naturales del bosque seco pueden ser más favorables para la diversidad fúngica.

**Figura 11**

*Relación del Índice de Shannon entres prácticas agrícolas*



### 5.1.3 Diferencias en la composición de la comunidad microbiana que coloniza el suelo en relación a las prácticas agrícolas.

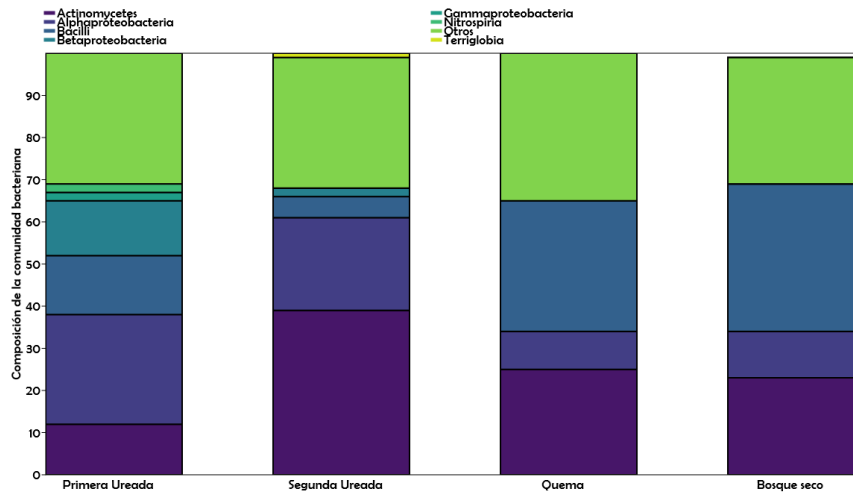
Los resultados del metabarcoding representan las clases identificadas de la comunidad bacteriana: no identificadas (31.8%), actinomicetes (24.8%), bacilli (21.3%), alphaproteobacteria (17%), betaproteobacteria (3.8%), gammaproteobacteria (0.5%), nitrospiria (0.5%) y terriglobia (0.3%).

Las clases bacterianas están mayoritariamente distribuidas en actinomicetes que tienen efectos positivos en la productividad del suelo (Farda et al., 2022), bacilli con propiedades bioestimulantes (Tsoetsi et al., 2022) y alphaproteobacteria con funciones protectoras de patógenos (Gazdag et al., 2019).

Para representar los valores expresados de la comunidad bacteriana en la figura 12 se observa la composición bacteriana por práctica agrícola y bosque seco.

#### **Figura 12**

*Composición de la comunidad bacteriana*

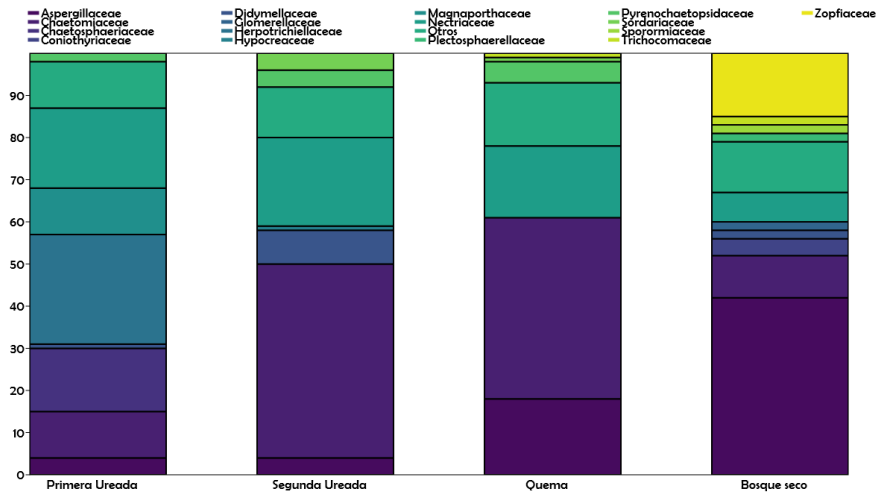


En los resultados del metabarcoding se reportan las siguientes familias identificadas de la comunidad fúngica: *chaetomiaceae* (27,5%), *aspergillaceae* (17%), *nectriaceae* (16%), *no identificadas* (12,5%), *herpotrichiellaceae* (6,5%), *chaetosphaeriaceae* (3,75%), *zopfiaceae* (3,75%), *didymellaceae* (2,75%), *magnaporthaceae* (2,75%), *pyrenochaetopsidaceae* (2,75%), *sordariaceae* (1,25%), *coniothyriaceae* (1%), *trichocomaceae* (0,75%), *glomerellaceae* (0,5%), *plectosphaerellaceae* (0,5%), *sporormiaceae* (0,5%), *hypocreaceae* (0,25%).

Como se observa en la figura 13 las familias de las comunidades fúngicas están mayoritariamente distribuidas en *chaetomiaceae*, hongos con un rol importante en la descomposición de materia orgánica, liberación de nutrientes y protección contra patógenos (Wang et al., 2022); *aspergillaceae* mayoritariamente reportados como fitopatógenos (Salvatore et al., 2022) y *nectriaceae* con propiedades solubilizadores de nutrientes y algunos fitopatógenos (Lombard et al., 2015).

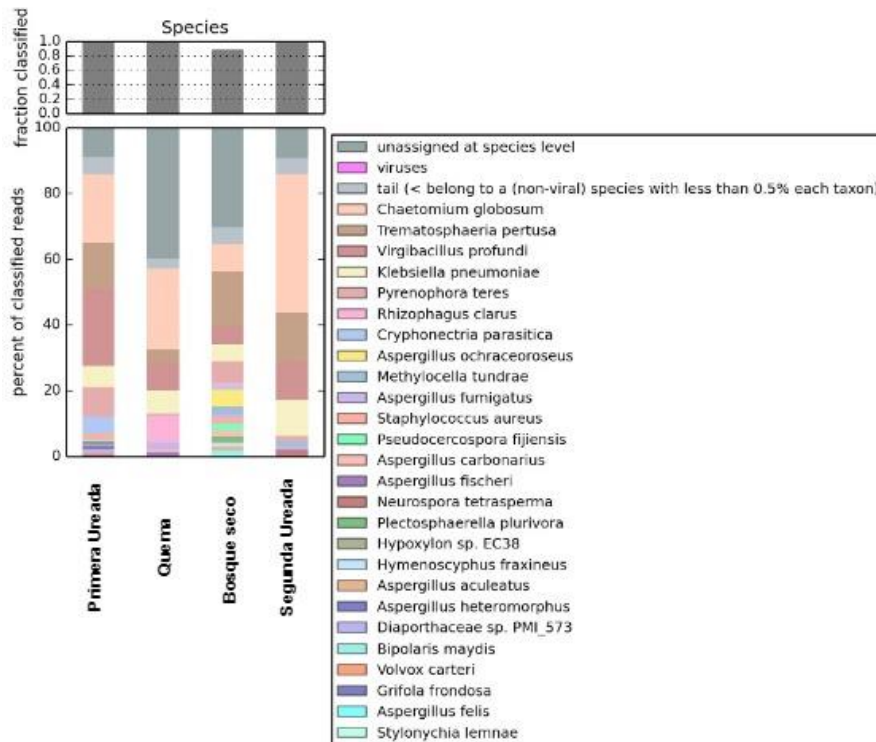
**Figura 13**

*Composición de la comunidad fúngica*



Con el fin de complementar el análisis metagenómico en otra base de datos, a razón de contrastar la información y ayudar en la identificación molecular de hongos se observa en la figura 14 una representación visual de la abundancia de las diferentes especies presentes en las muestras de suelo.

**Figura 14**



Debido a la poca cantidad de ADN presente en las micorrizas, no se logró previsualizar en la figura 14, sin embargo, se lograron identificar en el resultado de la secuenciación final cuatro

especies de micorrizas con un porcentaje menor al 1%. Se observa en la tabla 4 que en la primera ureada se encuentran especies como: *Acaulospora colombiana*, *Gigaspora rosea*, *Rhizophagus clarus* y *Rhizophagus irregularis*. Estas son capaces de solubilizar el nitrógeno inorgánico y hacerlo disponible para las plantas, además este elemento es indispensable para el crecimiento de las micorrizas. Se observa una disminución de las siguientes especies *Acaulospora colombiana* y *Gigaspora rosea* en la segunda ureada, posiblemente debido al exceso de fertilización nitrogenada. Para la quema están presentes tres especies de micorrizas *Acaulospora colombiana*, *Rhizophagus clarus* y *Rhizophagus irregularis*, pero no se identificó la presencia de *Gigaspora rosea* posiblemente por causas como la destrucción de las raíces del maíz, la liberación de toxinas y el cambio en la composición del suelo (Bragagnolo et al., 2020). Por último, en el bosque seco se encuentran una mayor diversidad de micorrizas atribuidas a sus propiedades naturales, poca perturbación de hábitat y aumento de especies de plantas.

**Tabla 4**

*Micorrizas identificadas entre las tres prácticas agrícolas y el bosque seco*

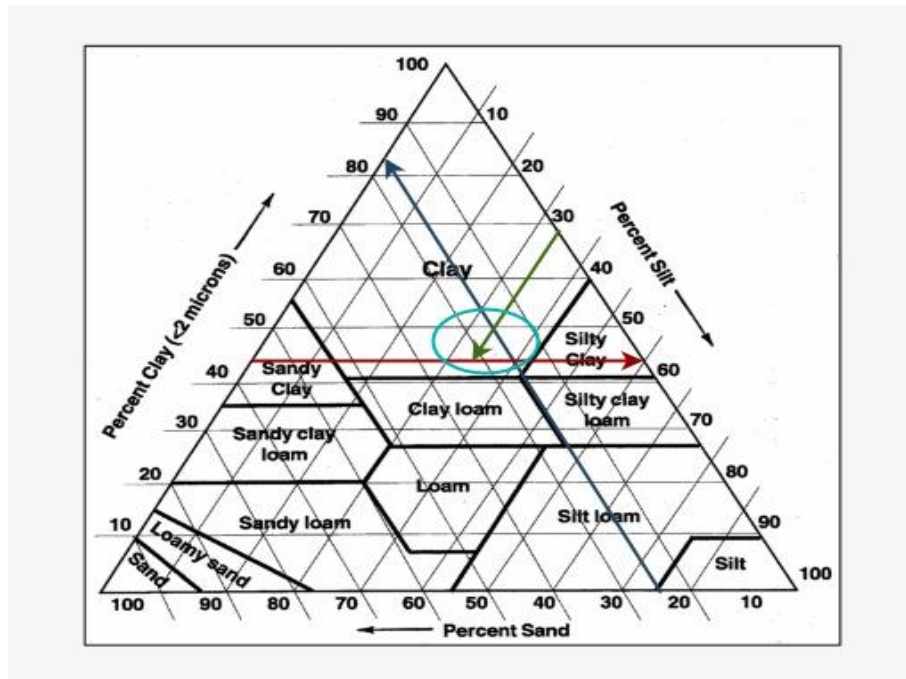
<b>Primera Ureada</b>	<b>Segunda Ureada</b>	<b>Quema</b>	<b>Bosque seco</b>
<i>Acaulospora colombiana</i>	<i>Rhizophagus clarus</i>	<i>Acaulospora colombiana</i>	<i>Acaulospora colombiana</i>
<i>Gigaspora rosea</i>	<i>Rhizophagus irregularis</i>	<i>Rhizophagus clarus</i>	<i>Gigaspora rosea</i>
<i>Rhizophagus clarus</i>		<i>Rhizophagus irregularis</i>	<i>Glomus cerebriforme</i>
<i>Rhizophagus irregularis</i>			<i>Rhizophagus irregularis</i>

#### **5.4 Análisis físico químico del suelo**

Los resultados de la textura de los análisis físico químicos del suelo fueron generalizados en una media aritmética, con un porcentaje de: arena (24%), limo (32%) y arcilla (44%), según estos resultados de trata de un suelo de textura arcillosa representados en la figura 15.

**Figura 14**

*Identificación de la textura del suelo*

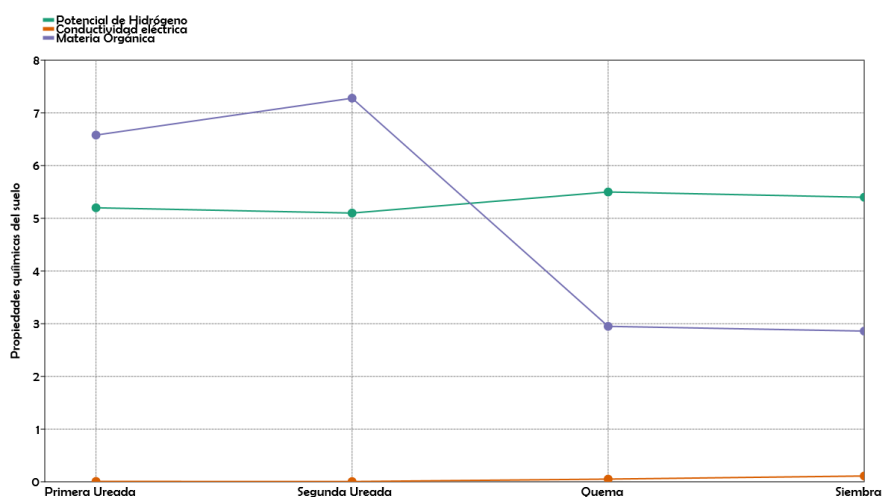


Los valores de la media aritmética del Potencial de Hidrógeno (pH) fueron generalizados, con un máximo de 5,4 en la siembra y un mínimo de 5,1 en la segunda ureada; los valores de la media aritmética de la Conductividad Eléctrica (CE) presentaron un máximo de 0,11 S/m en la siembra y un mínimo de 0,005 S/m en la segunda ureada; finalmente los valores de Materia Orgánica presenta un mínimo de 2,86% en la siembra y máximo de 7,28% en la segunda ureada.

Estos valores fueron representados en la figura 16.

**Figura 15**

*Propiedades químicas del suelo*



## Macronutrientes

Los valores de los elementos primarios correspondientes a los macronutrientes fueron normalizados y representados en la unidad de medida partes por millón. Los valores más altos de nitrógeno se encuentran en la siembra posiblemente por el contenido de nitrógeno asimilado entre la primera y segunda ureada, más la desintegración de materia orgánica.

Los valores más altos de fósforo corresponden a la siembra, a causa de una fertilización complementaria no reportada lo que altera el contenido de la comunidad microbiana.

Finalmente, los valores más altos de potasio se obtuvieron en la quema debido a la combustión de residuos vegetales, como rastrojos, biomasa, entre otros. En la quema las cenizas del maíz son incorporadas al suelo por medio de agentes ambientales lo que hace que este elemento aumente. Se observan los valores descritos anteriormente en tabla 5.

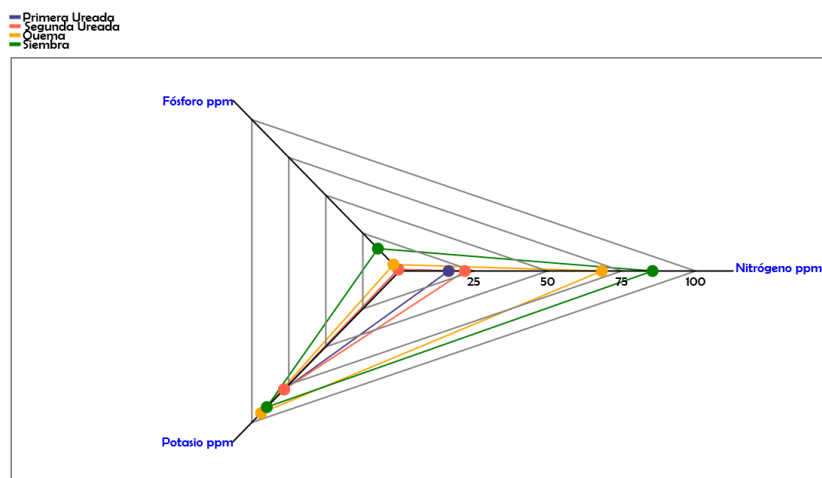
**Tabla 5**

*Concentración de elementos primarios entre las tres prácticas agrícolas y el bosque seco*

	Nitrógeno ppm	Fósforo ppm	Potasio ppm
<b>Primera Ureada</b>	16,5	1,0	78,2
<b>Segunda Ureada</b>	22,0	1,0	78,2
<b>Quema</b>	68,3	4,3	93,8
<b>Siembra</b>	85,4	14,8	89,9

**Figura 16**

*Representación gráfica de los elementos primarios del suelo*



Los valores de los elementos secundarios correspondientes a los macronutrientes fueron normalizados y representados en la unidad de medida partes por millón. Los valores más altos de calcio se registraron en la primera ureada debido a que la aplicación de fertilizantes químicos ya que pueden acidificar el suelo y aumentar la solubilidad de este elemento. Los valores más altos de magnesio se encontraron en la quema a consecuencia de que la actividad microbiana se reduce en esta práctica lo que hace que este elemento se encuentre disponible para las plantas. Finalmente los valores más altos de azufre se encontraron en la quema que pueden ser atribuido a la combustión de biomasa. Se observan los valores descritos anteriormente en la tabla 6.

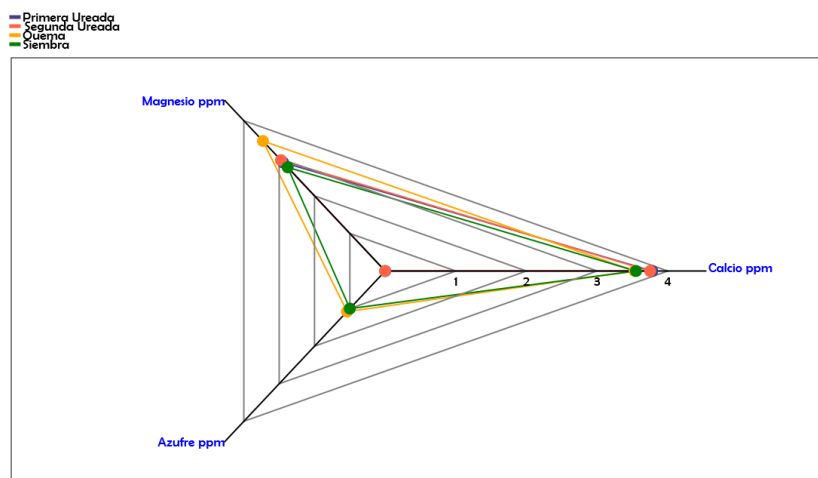
**Tabla 6**

*Concentración de elementos secundarios entre las tres prácticas agrícolas y el bosque seco*

	Calcio ppm	Magnesio ppm	Azufre ppm
Primera Ureada	3,78	2,89	0,00
Segunda Ureada	3,75	2,95	0,00
Quema	3,53	3,46	1,08
Siembra	3,55	2,76	1,00

**Figura 17**

*Representación gráfica de los elementos secundarios en el suelo*



### **Micronutrientes**

Los valores de los micronutrientes fueron normalizados y representados en la unidad de medida partes por millón. Los valores de boro más altos corresponden a la siembra, elemento que es necesario en el crecimiento de plantas, bacterias y hongos. Los valores más altos de cobre corresponden a la segunda ureada debido al contenido de materia orgánica como fuente importante de este elemento, indispensable en proceso de la fotosíntesis. Los valores más altos de hierro corresponden a la segunda ureada posiblemente a causa de la clase textural del suelo, que hace que la materia orgánica se encuentre disponible en mayor cantidad. Los valores más altos de manganeso corresponden a la quema atribuidos a la volatilización del cenizas. Finalmente los valores más altos de zinc se encontraron en la quema debido a que en la combustión de biomasa se libera este elemento al suelo en forma de óxidos solubles. Se observan los valores descritos anteriormente en el cuadro 6

**Tabla 7**

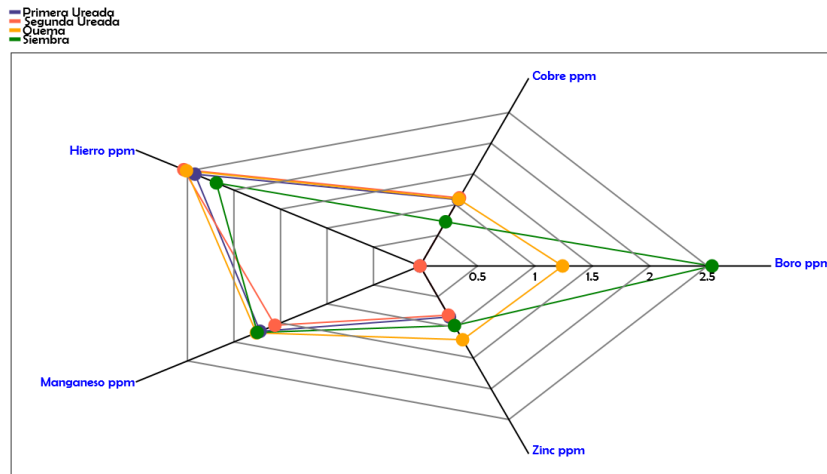
*Concentración de micronutrientes entre las tres prácticas agrícolas y el bosque seco*

	Boro ppm	Cobre ppm	Hierro ppm	Manganeso ppm	Zinc ppm
<b>Primera Ureada</b>	0,00	1,08	2,42	1,72	0,83
<b>Segunda Ureada</b>	0,00	1,11	2,54	1,56	0,80

<b>Quema</b>	1,24	1,09	2,51	1,76	1,20
<b>Siembra</b>	2,54	0,72	2,19	1,75	0,97

**Figura 18**

*Representación gráfica de los micronutrientes del suelo*



## CAPÍTULO 6

### 6.1 Discusión

De acuerdo con los resultados del análisis molecular, la densidad de hongos en la raíz de maíz fue significativamente mayor que en el suelo circundante. Esta diferencia se puede atribuir a los exudados de las raíces que constituyen una fuente de alimento y nutrientes para los microorganismos estimulando su crecimiento y desarrollo (Mirsam et al., 2021).

Los hongos presentes en la raíz tienen diversas propiedades en las plantas pudiendo ser bioestimulantes (Landa-Faz et al., 2023) (Khaekhum et al., 2021), biofertilizadores (Prastiti et al., 2023), biomitigadores de estrés salino (Anshu et al., 2022) y biocontroladores fúngicos (Maruyama et al., 2020) (Thapa et al., 2020). Las comunidades microbianas responden a las especies de cultivos y prácticas de manejo (Benitez et al., 2021), posiblemente esto explique la escasa cantidad de hongos cultivables en el suelo, además estas especies de hongos coinciden con las de Cavaglieri et al. (2009).

Los resultados de la composición microbiana mostraron un dato interesante, el índice de Shannon (H) entre las tres prácticas agrícolas reveló que para la segunda ureada el valor es superior en comparación a la primera ureada y quema, este fenómeno puede ser ocasionado por la suplementación de fertilizantes químicos nitrogenados que generan un desequilibrio de los nutrientes en el suelo alterando el crecimiento y desarrollo de microorganismos (Tsotetsi et al., 2022), además los datos sugieren que la aplicación de nitrógeno hasta un cierto rango fortalece el desarrollo de las raíces haciendo de este un espacio para el desarrollo de la comunidad microbiana (Huang et al., 2020). En particular estos datos se corresponden con los de Xue et al. (2011) al mencionar que los compuestos nitrogenados mejoran la riqueza y diversidad de las comunidades bacterianas, aumentan en gran medida las especies de bacterias fijadoras de nitrógeno y micorrizas arbusculares (Sarula et al., 2022). Por el contrario los valores más bajos correspondientes a la quema puede ser atribuido a la incorporación de rastrojos vegetales (Xiao-Min et al., 2015), esta práctica tradicional tiene efectos negativos en el suelo del cultivo de maíz debido a que disminuye el contenido de nitrógeno disponible y materia orgánica, en consecuencia perjudica la composición de la comunidad microbiana (Ebel, 2018). Es necesario indicar que los valores de índice (H) obtenidos no corresponden a los declarados por (Xue et al., 2011).

La comunidad bacteriana se encuentra representada en las siguientes clases taxonómicas: *actinomycetes*, *bacilli*, *alphaproteobacteria*, *betaproteobacteria*, *gammaproteobacteria*, *nitrospira* y *terrglobia*. La diversidad de los microorganismos depende de varios factores, como el tipo de suelo, cultivo, condiciones medio ambientales, por ejemplo, Cavaglieri et al. (2009) describió la presencia de las siguientes clases bacterianas: *actinomycetes*, *bacilli* y *gammaproteobacteria* en diferentes etapas de maíz. Estos hallazgos coinciden con los de Chukwuneme et al. (2021) quien reporta una cantidad exuberante de las clases: *actinomycetes*, *proteobacterias delta*, *alfa*, *beta* y *gamma*, *bacilli*. Microorganismos como *actinomycetes* son indispensables en el crecimiento de las plantas mientras que otros actúan como patógenos (Gao et al., 2019). El resto de clases como *alphaproteobacteria*,

*betaproteobacteria* y *gammaproteobacteria* son necesarios en los procesos biogeoquímicos del suelo (Liu et al., 2023).

En la comunidad fúngica existió una predominancia de las siguientes familias: *chaetomiaceae*, *aspergillaceae*, *nectriaceae* y *herpotrichiellaceae*. Estos hongos representativos del suelo poseen la capacidad para descomponer lignocelulosa (Ma et al., 2013). Su abundancia depende en gran medida de la disponibilidad de nutrientes del suelo (Dlamini et al., 2023), aunque su predominio se debe a su función directa lo que significa que su distribución no se relaciona con su taxonomía (Fadiji et al., 2021).

Las micorrizas infectan a una gran cantidad de especies vegetales con el objetivo de mejorar el desarrollo y rendimiento (Fei Wang et al., 2016) . Estas liberan distintos exudados a la rizosfera para atraer bacterias solubilizadoras de fósforo (Fei Wang et al., 2016). Los resultados de especies de micorrizas identificadas entre las tres prácticas agrícolas, resultó una mayor abundancia en la primera ureada posiblemente debido a la aplicación de fertilizantes químicos que aumenta la biomasa fúngica (Morugán-Coronado et al., 2022), sin embargo existe una mayor diversidad de micorrizas correspondientes al bosque seco, debido a su estado natural con poca perturbación antrópica.

Las especies de micorrizas identificadas de la clase Glomeromycetes, como *Acaulospora colombiana*, no ha sido reportada hasta el momento en suelo de maíz, sin embargo, la inoculación de esta especie tiene beneficios en los agregados del suelo (Barbosa et al., 2019). Finalmente, los resultados de especies identificadas de micorrizas coinciden con los de Landínez-Torres et al. (2020) que reportaron las mismas especies en América del Sur.

# CAPÍTULO 7

## 7.1 CONCLUSIONES

En el presente trabajo se reportó especies de hongos cultivables del suelo como *Boeremia noackiana*, *Fusarium spp.*, *Fusarium sacchari*, *Fusarium subglutinans*, *Trichoderma spp.*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma neokoningii*. Para la raíz se reportó las siguientes *Aspergillus aureolus* *Aspergillus udagawae*, *Bipolaris simmondsii*, *Clonostachys solani f. nigrovirens*, *Epicoccum andropogonearum*, *Epicoccum latusicollum*, *Epicoccum sorghinum*, *Epicoccum spp.*, *Epicoccum thailandicum*, *Epicoccum variabile*, *Epicoccum viticis*, *Exserohilum rostratum* *Fusarium foetens*, *Fusarium oxysporum* *Fusarium pseudocircinatum*, *Fusarium sacchari* *Fusarium spp.*, *Fusarium temperatum*, *Penicillium crustosum*, *Penicillium kongii*, *Trichoderma atroviride*, *Trichoderma dorothisopsis*, *Trichoderma erinaceum*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma koningiopsis*, *Trichoderma neokoningii*, *Trichoderma spp.* y *Trichoderma trixiae*. Estas especies representan una ínfima fracción del total que se pueden cultivar a nivel de laboratorio, además se correlacionó cada especie identificada a nivel molecular con su funcionalidad en el suelo y raíz según los reportes de literatura.

La composición de la comunidad microbiana fue representada con el índice de Shannon (H) entre la primera ureada, la segunda ureada, la quema y bosque seco. El valor más alto se reportó en el bosque seco, debido a sus condiciones propias ambientales, seguido de la segunda ureada, primera ureada y quema. Se encontró que existen diferencias significativas entre cada práctica agrícola y el bosque seco.

El metabarcoding identificó el predominio de las siguientes clases bacterianas: *actinomycetes*, *bacilli*, *alphaproteobacteria*, *betaproteobacteria* , *gammaproteobacteria*, *nitrospiria* y *terriglobia*, mientras que las familias identificadas a nivel fúngico fueron: *chaetomiaceae*, *aspergillaceae*, *nectriaceae*, *herpotrichiellaceae*, *chaetosphaeriaceae*, *zopfiaceae*, *didymellaceae*, *magnaporthaceae*, *pyrenochaetopsidaceae*, *sordariaceae*, *coniothyriaceae*, *trichocomaceae*, *glomerellaceae*, *plectosphaerellaceae*, *sporormiaceae*,

*hypocreaceae*. Para contrastar se empleó los mismos resultados en otra base datos y se logró identificar las siguientes especies de micorrizas: *Acaulospora colombiana*, *Gigaspora rosea*, *Glomus cerebriforme*, *Rhizophagus irregularis*, *Rhizophagus clarus*.

Las propiedades químicas del suelo fueron comparadas en cada práctica agrícola encontrándose el valor más alto de materia orgánica en la segunda ureada y el más bajo en la siembra; el valor más alto de pH en la quema y más bajo en la primera ureada, por último, los valores más altos de conductividad eléctrica se encontraron en la quema y siembra consecutivamente.

La concentración de elementos primarios y secundarios correspondientes a macronutrientes fueron normalizados y comparados por práctica agrícola; encontrándose el valor más alto de nitrógeno y fósforo en la siembra y potasio en la quema; el valor de calcio más alto fue en primera ureada, de magnesio y azufre en la quema.

## **7.2 RECOMENDACIONES**

Comprender la dinámica de las interacciones entre las comunidades microbianas de los diferentes cultivos asociados.

Identificar las especies de hongos y bacterias que son más beneficiosas para los cultivos.

Inocular las especies de micorrizas encontradas en diversos ecotipos de maíz de interés agronómico.

Desarrollar estrategias de manejo que permitan mejorar la composición microbiana.

## BIBLIOGRAFÍA

- Abbott, L. K., & Johnson, N. C. (2017). Introduction: Perspectives on Mycorrhizas and Soil Fertility. In *Mycorrhizal Mediation of Soil: Fertility, Structure, and Carbon Storage*. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-804312-7.00006-1>
- Agbodjato, N. A., Assogba, S. A., Babalola, O. O., Koda, A. D., Aguégué, R. M., Sina, H., Dagbénonbakin, G. D., Adjanooun, A., & Baba-Moussa, L. (2022). Formulation of Biostimulants Based on Arbuscular Mycorrhizal Fungi for Maize Growth and Yield. *Frontiers in Agronomy*, 4(June), 1–15. <https://doi.org/10.3389/fagro.2022.894489>
- Ali, G. S., Norman, D., & El-Sayed, A. S. (2015). Soluble and Volatile Metabolites of Plant Growth-Promoting Rhizobacteria (PGPRs): Role and Practical Applications in Inhibiting Pathogens and Activating Induced Systemic Resistance (ISR). In *Advances in Botanical Research* (Vol. 75). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/bs.abr.2015.07.004>
- Allen, M. F., & Allen, E. B. (2017). Mycorrhizal Mediation of Soil Fertility Amidst Nitrogen Eutrophication and Climate Change. In *Mycorrhizal Mediation of Soil: Fertility, Structure, and Carbon Storage*. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-804312-7.00012-7>
- Asiegbu, F., & Kovalchuk, A. (2021). Forest Microbiology Tree Microbiome: Phyllosphere, Endosphere, and Rhizosphere, Volume 1. In *Academic Press is an imprint of Elsevier*.
- Asobanca. (2022). *Boletín Macroeconómico Agosto 2022*.
- Augé, R. M., Toler, H. D., Sams, C. E., & Nasim, G. (2008). Hydraulic conductance and water potential gradients in squash leaves showing mycorrhiza-induced increases in stomatal conductance. *Mycorrhiza*, 18(3), 115–121. <https://doi.org/10.1007/s00572-008-0162-9>
- Australian Government. (2008). The Biology of *Zea mays* L. ssp *mays* (maize or Corn). In *Office of the Gene Technology Regulator* (Issue September).
- Awata, L. A., Tongoona, P., Danquah, E., Ifie, B. E., Suresh, L. M., Jumbo, M. B., Marchelo-D, P. W., & Sitonik, A. (2019). Understanding tropical maize (*Zea mays* L.): The major monocot in modernization and sustainability of agriculture in sub-Saharan Africa. *Ijaar*, 7, 32–77. <https://doi.org/10.33500/ijaar.2019.07.004>

- Azevedo de Assis, D. M., Correia de Melo, M. A., Alves da Silva, D. K., Oehl, F., & Alves da Silva, G. (2018). Assemblages of arbuscular mycorrhizal fungi in tropical humid and dry forests in the northeast of Brazil. *Botany*, *96*(12), 859–871. <https://doi.org/10.1139/cjb-2018-0068>
- Bahram, M., Hildebrand, F., Forslund, S. K., Anderson, J. L., Soudzilovskaia, N. A., Bodegom, P. M., Bengtsson-Palme, J., Anslan, S., Coelho, L. P., Harend, H., Huerta-Cepas, J., Medema, M. H., Maltz, M. R., Mundra, S., Olsson, P. A., Pent, M., Pöhlme, S., Sunagawa, S., Ryberg, M., ... Bork, P. (2018). Structure and function of the global topsoil microbiome. *Nature*, *560*(7717), 233–237. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0386-6>
- Bai, G., Bao, Y., Du, G., & Qi, Y. (2013). Arbuscular mycorrhizal fungi associated with vegetation and soil parameters under rest grazing management in a desert steppe ecosystem. *Mycorrhiza*, *23*(4), 289–301. <https://doi.org/10.1007/s00572-012-0468-5>
- Banco Central del Ecuador. (2022). Cuentas Nacionales Trimestrales Resultados Segundo Trimestre 2022. In *Banco Central del Ecuador*. <https://contenido.bce.fin.ec/home1/estadisticas/cntrimestral/CNTrimestral.jsp>
- Banerjee, U. C., & Chisti, Y. (1993). *Spectrophotometric determination*. 4(August), 2002.
- Bansal, M., & Mukerji, K. G. (1994). Efficacy of root litter as a biofertiliser. *Biology and Fertility of Soils*, *18*(3), 228–230. <https://doi.org/10.1007/BF00647671>
- Barbosa, M. V., Pedroso, D. D. F., Curi, N., & Carneiro, M. A. C. (2019). Do different arbuscular mycorrhizal fungi affect the formation and stability of soil aggregates? *Ciencia e Agrotecnologia*, *43*. <https://doi.org/10.1590/1413-7054201943003519>
- Beltrán-Nambo, M. de los A., Rojas-Jacuinde, N., Martínez-Trujillo, M., Jaramillo-López, P. F., Romero, M. G., & Carreón-Abud, Y. (2021). Differential strategies of two species of arbuscular mycorrhizal fungi in the protection of maize plants grown in chromium-contaminated soils. *BioMetals*, *34*(6), 1247–1261. <https://doi.org/10.1007/s10534-021-00340-x>
- Benitez, M. S., Ewing, P. M., Osborne, S. L., & Lehman, R. M. (2021). Rhizosphere microbial communities explain positive effects of diverse crop rotations on maize and soybean

- performance. *Soil Biology and Biochemistry*, 159(December 2020), 108309.  
<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108309>
- Bennett, J. A., Maherali, H., Reinhart, K. O., Lekberg, Y., Hart, M. M., & Klironomos, J. (2017). *Population Dynamics Population Dynamics*. 69(2), 381–386.
- Berendsen, R. L., Pieterse, C. M. J., & Bakker, P. A. H. M. (2012). The rhizosphere microbiome and plant health. *Trends in Plant Science*, 17(8), 478–486.  
<https://doi.org/10.1016/j.tplants.2012.04.001>
- Bernal, S. P. F., Gritti, M. A., dos Santos, V. P., Ottoni, J. R., de Oliveira, V. M., Peichoto, M. E., & Passarini, M. R. Z. (2021). Pharmaceutical biotechnological potential of filamentous fungi isolated from textile industry. *Archives of Microbiology*, 203(7), 3933–3944.  
<https://doi.org/10.1007/s00203-021-02379-3>
- Bhat, K. A. (2017). A New Agar Plate Assisted Slide Culture Technique to Study Mycoparasitism of Trichoderma sp. on Rhizoctonia solani and Fusarium oxysporium. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(8), 3176–3180.  
<https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.608.378>
- Biechele, P., Busse, C., Solle, D., Scheper, T., & Reardon, K. (2015). Sensor systems for bioprocess monitoring. *Engineering in Life Sciences*, 15(5), 469–488.  
<https://doi.org/10.1002/elsc.201500014>
- Bills, G. F., Christensen, M., Powell, M., & Thorn, G. (2004). Saprobic Soil Fungi. *Biodiversity of Fungi: Inventory and Monitoring Methods*, 271–302. <https://doi.org/10.1016/B978-012509551-8/50016-7>
- Bleichrodt, R. J., & Read, N. D. (2019). Flow cytometry and FACS applied to filamentous fungi. *Fungal Biology Reviews*, 33(1), 1–15. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2018.06.001>
- Børja, I., Godbold, D. L., Světlík, J., Nagy, N. E., Gebauer, R., Urban, J., Volařík, D., Lange, H., Krokene, P., Čermák, P., & Eldhuset, T. D. (2017). Norway Spruce Fine Roots and Fungal Hyphae Grow Deeper in Forest Soils After Extended Drought. In M. Lukac, P. Grenni, & M. Gamboni (Eds.), *Soil Biological Communities and Ecosystem Resilience* (pp. 123–142). [https://doi.org/10.1007/978-3-319-63336-7\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-319-63336-7_2)

- Borriello, R., Lumini, E., Girlanda, M., Bonfante, P., & Bianciotto, V. (2012). Effects of different management practices on arbuscular mycorrhizal fungal diversity in maize fields by a molecular approach. *Biology and Fertility of Soils*, 48(8), 911–922. <https://doi.org/10.1007/s00374-012-0683-4>
- Brar, B., Singh, J., Singh, G., & Kaur, G. (2015). Effects of long term application of inorganic and organic fertilizers on soil organic carbon and physical properties in maize-wheat rotation. *Agronomy*, 5(2), 220–238. <https://doi.org/10.3390/agronomy5020220>
- Brundrett, M. (2004). Diversity and classification of mycorrhizal associations. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 79(3), 473–495. <https://doi.org/10.1017/S1464793103006316>
- Brundrett, M. C. (2009). Mycorrhizal associations and other means of nutrition of vascular plants: Understanding the global diversity of host plants by resolving conflicting information and developing reliable means of diagnosis. *Plant and Soil*, 320(1–2), 37–77. <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9877-9>
- Çakmakçı, R., Mosber, G., Milton, A. H., Alatürk, F., & Ali, B. (2020). The Effect of Auxin and Auxin-Producing Bacteria on the Growth, Essential Oil Yield, and Composition in Medicinal and Aromatic Plants. *Current Microbiology*, 77(4), 564–577. <https://doi.org/10.1007/s00284-020-01917-4>
- Canatoy, R. C., & Daquiado, N. P. (2021). Fertilization influence on biomass yield and nutrient uptake of sweet corn in potentially hardsetting soil under no tillage. *Bulletin of the National Research Centre*, 45(1). <https://doi.org/10.1186/s42269-021-00526-w>
- Carneiro, M. A. C., de Assis, P. C. R., Paulino, H. B., da Rocha, M. R., Teixeira, R. A., Pinto, F. A., dos Santos, J. V., Siqueira, J. O., & de Souza, E. D. (2019). Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and nematodes in a 14 years no-tillage chronosequence. *Rhizosphere*, 10(March), 100149. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2019.100149>
- Carteron, A., Beigas, M., Joly, S., Turner, B. L., & Laliberté, E. (2021). Temperate Forests Dominated by Arbuscular or Ectomycorrhizal Fungi Are Characterized by Strong Shifts from Saprotrophic to Mycorrhizal Fungi with Increasing Soil Depth. *Microbial Ecology*,

82(2), 377–390. <https://doi.org/10.1007/s00248-020-01540-7>

- Cavaglieri, L., Orlando, J., & Etcheverry, M. (2009). Rhizosphere microbial community structure at different maize plant growth stages and root locations. *Microbiological Research*, 164(4), 391–399. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2007.03.006>
- Caviedes, M. (2019). Producción de semilla de maíz en el Ecuador: retos y oportunidades. *ACI Avances En Ciencias e Ingenierías*, 11(1), 116–123. <https://doi.org/10.18272/aci.v11i1.1100>
- Chen, B. J., Zhang, F. L., Yang, S., Li, X. L., He, T. Q., Zhang, C. X., Tian, M. H., Wu, M., Hao, X. F., & Zhang, X. L. (2023). Effects of arbuscular mycorrhizae fungi on maize physiological characteristics during grain filling stage, yield, and grain quality under different nitrogen fertilizer forms. *Acta Agronomica Sinica(China)*, 49(1), 249–261. <https://doi.org/10.3724/SP.J.1006.2023.23010>
- Chen, J., Li, C., Ristovski, Z., Milic, A., Gu, Y., Islam, M. S., Wang, S., Hao, J., Zhang, H., He, C., Guo, H., Fu, H., Miljevic, B., Morawska, L., Thai, P., LAM, Y. F., Pereira, G., Ding, A., Huang, X., & Dumka, U. C. (2017). A review of biomass burning: Emissions and impacts on air quality, health and climate in China. *Science of the Total Environment*, 579(November 2016), 1000–1034. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.11.025>.
- Chileno, Néstor EVALUACIÓN DE ABONOS ORGÁNICOS EN LA PRODUCCIÓN DE MAÍZ TUSILLA (Zea mays), E. E. C. S. P. D. S. (2014). Evaluación de abonos orgánicos en la producción de maíz tusilla (zea mays), en el cantón shushufindi provincia de sucumbíos [Universidad Nacional de Loja]. [https://dspace.unl.edu.ec/jspui/bitstream/123456789/6020/1/Néstor Giovanni Chileno Durán.pdf](https://dspace.unl.edu.ec/jspui/bitstream/123456789/6020/1/Néstor%20Giovanny%20Chileno%20Durán.pdf)
- Choudhary, D. K., Prakash, A., & Johri, B. N. (2007). Induced systemic resistance (ISR) in plants: Mechanism of action. *Indian Journal of Microbiology*, 47(4), 289–297. <https://doi.org/10.1007/s12088-007-0054-2>
- Chukwuneme, C. F., Ayangbenro, A. S., Babalola, O. O., & Raphael Kutu, F. (2021). Functional diversity of microbial communities in two contrasting maize rhizosphere soils.

*Rhizosphere*, 17, 100282. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2020.100282>

Coban, O., de Deyn, G. B., & van der Ploeg, M. (2022). Soil microbiota as game-changers in restoration of degraded lands. *Science*, 375(6584). <https://doi.org/10.1126/science.abe0725>

Deng, Z., Wang, Y., Xiao, C., Zhang, D., Feng, G., & Long, W. (2022). Effects of Plant Fine Root Functional Traits and Soil Nutrients on the Diversity of Rhizosphere Microbial Communities in Tropical Cloud Forests in a Dry Season. *Forests*, 13(3), 1–14. <https://doi.org/10.3390/f13030421>

Deras, H. (2012). GUIA TÉCNICA: EL CULTIVO DE MAÍZ. *IICA*, 1, 40. <http://repiica.iica.int/docs/b3469e/b3469e.pdf>

Devia-Grimaldo, L. D., Pérez-Moncada, U. A., López-D, E. O., & Varón-López, M. (2021). Hongos micorrízicos arbusculares (HMA) en bosques secos tropicales (BST) afectados por fuego y depósitos fluviovolcánicos en el departamento del Tolima, Colombia. *Revista de La Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 45(177), 1137–1153. <https://doi.org/10.18257/raccefyn.1482>

Di Salvo, L. P., Cellucci, G. C., Carlino, M. E., & García de Salamone, I. E. (2018). Plant growth-promoting rhizobacteria inoculation and nitrogen fertilization increase maize (*Zea mays* L.) grain yield and modified rhizosphere microbial communities. *Applied Soil Ecology*, 126(December 2017), 113–120. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2018.02.010>

Dighton, J. (2009). Mycorrhizae Defining Statement Introduction Types of Mycorrhizae Mycorrhizal Function Ecology of Mycorrhizae Mycorrhizae and Plant Production Mycorrhizae and Pollution Further Reading. *Encyclopedia of Microbiology (Third Edition)*, 153–162.

Dlamini, S. P., Akanmu, A. O., Fadiji, A. E., & Babalola, O. O. (2023). Maize rhizosphere modulates the microbiome diversity and community structure to enhance plant health. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 30(1), 103499. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103499>

Ebel, R. (2018). Effects of Slash-and-Burn-Farming and a Fire-Free Management on a

- Cambisol in a Traditional Maya Farming System. *CIENCIA Ergo Sum*, 25(2), 0–11.  
<https://doi.org/10.30878/ces.v25n2a5>
- Egüez, J., Pintado, P., Molina, R., & Narro, L. (2012). INIAP KH-824 “LOJANITO.” *Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias*.
- Elliott, T. F., Jusino, M. A., Trappe, J. M., Lepp, H., Ballard, G. A., Bruhl, J. J., & Vernes, K. (2019). A global review of the ecological significance of symbiotic associations between birds and fungi. In *Fungal Diversity* (Vol. 98, Issue 1). Springer Netherlands.  
<https://doi.org/10.1007/s13225-019-00436-3>
- Elsharkawy, M. M., & El-Khateeb, N. M. M. (2019). Antifungal activity and resistance induction against *Sclerotium cepivorum* by plant growth-promoting fungi in onion plants. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 29(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-019-0178-9>
- Fadiji, A. E., Kanu, J. O., & Babalola, O. O. (2021). Impact of cropping systems on the functional diversity of rhizosphere microbial communities associated with maize plant: a shotgun approach. *Archives of Microbiology*, 203(6), 3605–3613.  
<https://doi.org/10.1007/s00203-021-02354-y>
- FAO. (2021). *World Food Situation*. <https://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/>
- Farda, B., Djebaili, R., Vaccarelli, I., Del Gallo, M., & Pellegrini, M. (2022). Actinomycetes from Caves: An Overview of Their Diversity, Biotechnological Properties, and Insights for Their Use in Soil Environments. *Microorganisms*, 10(2).  
<https://doi.org/10.3390/microorganisms10020453>
- Frank, B. (2005). On the nutritional dependence of certain trees on root symbiosis with belowground fungi (an English translation of A.B. Frank’s classic paper of 1885). *Mycorrhiza*, 15(4), 267–275. <https://doi.org/10.1007/s00572-004-0329-y>
- GAD PINDAL. (2019). *Actualización Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial Diagnóstico Estratégico GAD Pindal Equipo Coordinador y Técnico del PDOT*.
- Gadd, G. M. (2021). Fungal biomineralization. *Current Biology*, 31(24), R1557–R1563.  
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.10.041>
- Gałązka, A., Gawryjolek, K., Grządziel, J., Frać, M., & Księżak, J. (2017). Microbial community

- diversity and the interaction of soil under maize growth in different cultivation techniques. *Plant, Soil and Environment*, 63(6), 264–270. <https://doi.org/10.17221/171/2017-PSE>
- Gao, X., Wu, Z., Liu, R., Wu, J., Zeng, Q., & Qi, Y. (2019). Rhizosphere Bacterial Community Characteristics over Different Years of Sugarcane Ratooning in Consecutive Monoculture. *BioMed Research International*, 2019. <https://doi.org/10.1155/2019/4943150>
- Garg, N., Geetanjali, & Kaur, A. (2006). Arbuscular mycorrhiza: Nutritional aspects. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 52(6), 593–606. <https://doi.org/10.1080/03650340601037127>
- Gazdag, O., Takács, T., Ködöböcz, L., Krett, G., & Szili-Kovács, T. (2019). Alphaproteobacteria communities depend more on soil types than land managements. *Acta Agriculturae Scandinavica Section B: Soil and Plant Science*, 69(2), 147–154. <https://doi.org/10.1080/09064710.2018.1520289>
- Gherbawy, Y., & Voigt, K. (2010). Molecular identification of fungi. In *Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2010*. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-05042-8>
- Giri, B., Giang, P., Kumari, R., Prasad, R., & Varma, A. (2005). Influence of Microorganisms on Phosphorus Bioavailability in Soils. In *Microorganisms in Soils: Roles in Genesis and Functions* (pp. 177–191). [https://doi.org/10.1007/3-540-26609-7\\_9](https://doi.org/10.1007/3-540-26609-7_9)
- Guadarrama, P., Castillo, S., Ramos-Zapata, J. A., Hernández-Cuevas, L. V., & Camargo-Ricalde, S. L. (2014). Arbuscular mycorrhizal fungal communities in changing environments: The effects of seasonality and anthropogenic disturbance in a seasonal dry forest. *Pedobiologia*, 57(2), 87–95. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2014.01.002>
- Gwartz, J., & Garcia-Casal, M. N. (2014). Processing maize flour and corn meal food products. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1312(1), 66–75. <https://doi.org/10.1111/nyas.12299>
- Hallauer, A. R., Carena, M. J., & Maize, A. (2009). Cereals. In *Cereals*. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-72297-9>
- Hao, L., Zhang, Z., Hao, B., Diao, F., Zhang, J., Bao, Z., & Guo, W. (2021). Arbuscular mycorrhizal fungi alter microbiome structure of rhizosphere soil to enhance maize

- tolerance to La. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 212, 111996.  
<https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.111996>
- Harirchi, S., Roustana, N., Varjani, S., & Taherzadeh, M. (2022). Sampling, preservation, and growth monitoring of filamentous fungi. In *Current Developments in Biotechnology and Bioengineering* (p. 158). <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-91872-5.00014-4>
- Hawksworth, D. L., Kirk, P. M., Sutton, B. C., & Pegler, D. N. (1995). Ainsworth and Bisby's Dictionary of the Fungi. Egham. *International Mycological Institute, June 2018*.
- Hemkemeyer, M., Schwalb, S. A., Heinze, S., Joergensen, R. G., & Wichern, F. (2021). Functions of elements in soil microorganisms. *Microbiological Research*, 252(July), 126832. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2021.126832>
- Hernández, D., Larsen, J., González-Rodríguez, A., Tapia-Torres, Y., Barrera, E. de la, Eguiarte, L. E., & García-Oliva, F. (2020). Cooperation between *Sporobolus airoides* and associated arbuscular mycorrhizal fungi for phosphorus acquisition under drought conditions in an oligotrophic desert ecosystem. *Rhizosphere*, 15(April). <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2020.100225>
- Hibbett, D. S., Binder, M., Bischoff, J. F., Blackwell, M., Cannon, P. F., Eriksson, O. E., Huhndorf, S., James, T., Kirk, P. M., Lücking, R., Thorsten Lumbsch, H., Lutzoni, F., Matheny, P. B., McLaughlin, D. J., Powell, M. J., Redhead, S., Schoch, C. L., Spatafora, J. W., Stalpers, J. A., ... Zhang, N. (2007). A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycological Research*, 111(5), 509–547. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2007.03.004>
- Hochholdinger, F., Woll, K., Sauer, M., & Dembinsky, D. (2004). Genetic dissection of root formation in maize (*Zea mays*) reveals root-type specific developmental programmes. *Annals of Botany*, 93(4), 359–368. <https://doi.org/10.1093/aob/mch056>
- Hou, L., Keske, C., Hoag, D., Balezentis, T., & Wang, X. (2019). Abatement costs of emissions from burning maize straw in major maize regions of China: Balancing food security with the environment. *Journal of Cleaner Production*, 208, 178–187. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2018.10.047>

- Hu, Y., & Chen, B. (2020). Arbuscular mycorrhiza induced putrescine degradation into  $\gamma$ -aminobutyric acid, malic acid accumulation, and improvement of nitrogen assimilation in roots of water-stressed maize plants. *Mycorrhiza*, 30(2–3), 329–339. <https://doi.org/10.1007/s00572-020-00952-0>
- Huang, M., Fu, H., Kong, X., Ma, L., Liu, C., Fang, Y., Zhang, Z., Song, F., & Yang, F. (2020). Effects of fertilization methods on chemical properties, enzyme activity, and fungal community structure of black soil in Northeast China. *Diversity*, 12(12), 1–15. <https://doi.org/10.3390/d12120476>
- Huante, P., Ceccon, E., Orozco-Segovia, A., Sánchez-Coronado, M. E., Acosta, I., & Rincón, E. (2012). The role of arbuscular mycorrhizal fungi on the early-stage restoration of seasonally dry tropical forest in Chamela, Mexico. *Revista Árvore*, 36(2), 279–289. <https://doi.org/10.1590/s0100-67622012000200009>
- Hussain, H. A., Qingwen, Z., Hussain, S., Hongbo, L., Waqqas, A., & Li, Z. (2021). Effects of Arbuscular Mycorrhizal Fungi on Maize Growth, Root Colonization, and Root Exudates Varied with Inoculum and Application Method. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 21(2), 1577–1590. <https://doi.org/10.1007/s42729-021-00463-7>
- Hyakumachi, M., & Kubota, M. (2003). Fungi As Plant Growth Promoter And Disease Suppressor. In *Fungal Biotechnology in Agricultural, Food, and Environmental Applications* (p. 10). <https://doi.org/10.1201/9780203913369.ch9>
- Illyés, Z., Ouanphanivanh, N., Rudnóy, S., Orczán, Á. K., & Bratek, Z. (2010). The most recent results on orchid mycorrhizal fungi in Hungary. *Acta Biologica Hungarica*, 61(SUPPL. 1), 68–76. <https://doi.org/10.1556/ABiol.61.2010.Suppl.8>
- (INIAP), I. N. de I. A. (2012). Cosecha Y Poscosecha de Maíz Duro. In *Manual de producción de maíz duro*. <https://doi.org/10.2307/j.ctv23dxbm8.10>
- James, T. Y., Carolina, N., Letcher, P. M., Longcore, J. E., Mozley-standridge, S. E., Powell, M. J., & Griffith, G. W. (2006). *A molecular phylogeny of the flagellated fungi (Chytridiomycota) and description of a new phylum (Blastocladiomycota)*. 98(6), 860–871.
- Janardan, Y., Verma, J. P., & Kavindra Nath Tiwari. (2011). Plant growth promoting activities of

- fungi and their effect on chickpea plant growth. *Asian Journal of Biological Sciences*, 4, 291–299.
- Janowski, D., Wilgan, R., Leski, T., Karlinski, L., & Rudawska, M. (2019). Effective molecular identification of ectomycorrhizal fungi: Revisiting DNA isolation methods. *Forests*, 10(3), 1–10. <https://doi.org/10.3390/f10030218>
- Kihara, J., Martius, C., Bationo, A., Thuita, M., Lesueur, D., Herrmann, L., Amelung, W., & Vlek, P. L. G. (2012). Soil aggregation and total diversity of bacteria and fungi in various tillage systems of sub-humid and semi-arid Kenya. *Applied Soil Ecology*, 58, 12–20. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2012.03.004>
- Krivanek, A. F., De Groote, H., Gunaratna, N. S., Diallo, A. O., & Friesen, D. (2007). Breeding and disseminating quality protein maize (QPM) for Africa. *African Journal of Biotechnology*, 6(4), 312–324.
- Kües, U., & Fischer, R. (2006). Growth, Differentiation and Sexuality. In *The Mycota* (Vol. 105, Issue 3, p. 453). [https://doi.org/10.1639/0007-2745\(2002\)105\[0502:\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1639/0007-2745(2002)105[0502:]2.0.co;2)
- Kyaschenko, J., Ovaskainen, O., Ekblad, A., Hagenbo, A., Karlton, E., Clemmensen, K. E., & Lindahl, B. D. (2018). Soil fertility in boreal forest relates to root-driven nitrogen retention and carbon sequestration in the mor layer. *New Phytologist*, 221(3), 1492–1502. <https://doi.org/10.1111/nph.15454>
- Lafi, F. F., Alam, I., Geurts, R., Bisseling, T., Bajic, V. B., Hirt, H., & Saad, M. M. (2017). Draft Genome Sequence of *Ochrobactrum intermedium* Strain SA148, a Plant Growth-Promoting Desert Rhizobacterium. In *Genome Announc.*
- Lakhanpal, T. N. (2001). ECTOMYCORRHIZA- AN OVERVIEW. In *Mycorrhizal Biology* (Vol. 56, Issue 5, p. 521). [https://doi.org/10.1016/s0031-9422\(00\)00365-4](https://doi.org/10.1016/s0031-9422(00)00365-4)
- Lakshmi, V., & Kannan, K. (2016). Isolation and identification of gold nanoparticles synthesizing fungi from Indian Kolar Gold Field mine soil. *Journal of Environmental Biology*, 37(July), 565–571.
- Landínez-Torres, A. Y., Abril, J. L. B., Tosi, S., & Nicola, L. (2020). Soil microfungi of the colombian natural regions. *International Journal of Environmental Research and Public*

*Health*, 17(22), 1–28. <https://doi.org/10.3390/ijerph17228311>

- Leite, L. N., Lelis, F. J. N., de Sousa Xavier, M. A., dos Santos, J., Cardoso, L., Barbosa, F. S., dos Santos, R. F., Dias, S. A. M., & de Oliveira Xavier, A. R. E. (2020). Molecular identification and characterization of filamentous fungi and yeasts isolated in a pharmaceutical industry environment. *Journal of Applied Pharmaceutical Science*, 10(7), 27–36. <https://doi.org/10.7324/JAPS.2020.10704>
- Li, H., Duan, Y., Xu, G., Chang, S., Ju, M., Wu, Y., Qu, W., Cao, H., Zhang, H., & Miao, H. (2023). Production profile and comparison analysis of main toxin components of *Fusarium oxysporum* f. sp. *sesami* isolates with different pathogenicity levels. *Oil Crop Science*, 8(2), 104–110. <https://doi.org/10.1016/j.ocsci.2023.05.004>
- Li, T., Wu, S., Yang, W., Selosse, M.-A., & Gao, J. (2021). How Mycorrhizal Associations Influence Orchid Distribution and Population Dynamics. *Frontiers in Plant Science*, 12(May). <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.647114>
- Ligarreto, G., Gutiérrez, L. N. G., & Ladino, C. C. P. (2023). Differential responses of *Phaseolus* spp. against Black node disease (*Boeremia noackiana*). *Bragantia*, 82(Schwartz 1982). <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20220225>
- Lin, W., Wu, L., Lin, S., Zhang, A., Zhou, M., Lin, R., Wang, H., Chen, J., Zhang, Z., & Lin, R. (2013). Metaproteomic analysis of ratoon sugarcane rhizospheric soil. *BMC Microbiology*, 13(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2180-13-135>
- Linderman, R. (1988). Mycorrhizal Interactions with the Rhizosphere Microflora: The mycorrhizosphere Effect. *OR. Phytopathology*, 78(366–371).
- Liu, L., Jin, X., Lu, X., Guo, L., Lu, P., Yu, H., & Lv, B. (2023). Mechanisms of Surfactin from *Bacillus subtilis* SF1 against *Fusarium foetens*: A Novel Pathogen Inducing Potato Wilt. *Journal of Fungi*, 9(3), 1–19. <https://doi.org/10.3390/jof9030367>
- Liu, S., Guo, X., Feng, G., Maimaitiaili, B., Fan, J., & He, X. (2016). Indigenous arbuscular mycorrhizal fungi can alleviate salt stress and promote growth of cotton and maize in saline fields. *Plant and Soil*, 398(1–2), 195–206. <https://doi.org/10.1007/s11104-015-2656-5>

- Liu, Y., Li, C., Cai, G., Sauheitl, L., Xiao, M., Shibistova, O., Ge, T., & Guggenberger, G. (2023). Meta-analysis on the effects of types and levels of N, P, and K fertilization on organic carbon in cropland soils. *Geoderma*, 437(October 2022), 116580. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2023.116580>
- Ma, A., Zhuang, X., Wu, J., Cui, M., Lv, D., Liu, C., & Zhuang, G. (2013). Ascomycota Members Dominate Fungal Communities during Straw Residue Decomposition in Arable Soil. *PLoS ONE*, 8(6), 1–9. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066146>
- Ma, J., Xie, Y., Yang, Y., Jing, C., You, X., Yang, J., Sun, C., Qin, S., Chen, J., Cao, K., Huang, J., & Li, Y. (2022). AMF colonization affects allelopathic effects of *Zea mays* L. root exudates and community structure of rhizosphere bacteria. *Frontiers in Plant Science*, 13(November), 1–15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1050104>
- Maherali, H. (2014). Is there an association between root architecture and mycorrhizal growth response? *New Phytologist*, 204(1), 192–200. <https://doi.org/10.1111/nph.12927>
- Mahmood, F., Imran Khan, Umair Ashraf, T. S., Hussain, S., Shahid, M., Abid, M., & Ullah, S. (2017). Effects of organic and inorganic manures on maize and their residual impact on soil physico-chemical properties. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 17(1), 22–32. [http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0718-95162017005000002&lng=en&nrm=iso&tlng=en](http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-95162017005000002&lng=en&nrm=iso&tlng=en)
- Mahrous, N. N., Columbus, M. P., Southam, G., & Macfie, S. M. (2019). Changes in microbial community structure and increased metal bioavailability in a metal-contaminated soil and in the rhizosphere of corn (*Zea mays*). *Rhizosphere*, 11(May), 100169. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2019.100169>
- Marín, C., Aguilera, P., Oehl, F., & Godoy, R. (2017). Factors affecting arbuscular mycorrhizal fungi of Chilean temperate rainforests. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 17(4), 966–984. <https://doi.org/10.4067/S0718-95162017000400010>
- Marquina, R. (2017). Efecto de tres dosis de biol en el rendimiento de *zea mays* l. var. morado caraz en santiago de chuco-la libertad. <https://dspace.unitru.edu.pe/handle/UNITRU/868/browse?value=Marquina> Gomez,

Rosa Maria&type=author

- Marschner, P. (2011). Rhizosphere Biology. *Marschner's Mineral Nutrition of Higher Plants: Third Edition*, 369–388. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384905-2.00015-7>
- Martin, K. J., & Rygiewicz, P. T. (2005). Fungal-specific PCR primers developed for analysis of the ITS region of environmental DNA extracts. *BMC Microbiology*, 5. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-5-28>
- Maruyama, C. R., Bilesky-José, N., de Lima, R., & Fraceto, L. F. (2020). Encapsulation of *Trichoderma harzianum* Preserves Enzymatic Activity and Enhances the Potential for Biological Control. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 8(March), 1–14. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2020.00225>
- Merlos, M. A., Zitka, O., Adam, V., Azcón-Aguilar, C., & Ferrol, N. (2016). The arbuscular mycorrhizal fungus *Rhizophagus irregularis* differentially regulates the copper response of two maize cultivars differing in copper tolerance. *Plant Science*, 253, 68–76. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2016.09.010>
- Milner, G. R., & Boldsen, J. L. (2023). Population trends and the transition to agriculture: Global processes as seen from North America. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 120(4). <https://doi.org/10.1073/pnas.2209478119>
- Miransari, M. (2010). Contribution of arbuscular mycorrhizal symbiosis to plant growth under different types of soil stress. *Plant Biology*, 12(4), 563–569. <https://doi.org/10.1111/j.1438-8677.2009.00308.x>
- Mirsam, H., Kalqutny, S. H., Suriani, Aqil, M., Azrai, M., Pakki, S., Muis, A., Djaenuddin, N., Rauf, A. W., & Muslimin. (2021). Indigenous fungi from corn as a potential plant growth promoter and its role in *Fusarium verticillioides* suppression on corn. *Heliyon*, 7(9), e07926. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e07926>
- Mohiddin, F., Bashir, I., Padder, S. A., & Hamid, B. (2017). Evaluation of different substrates for mass multiplication of *Trichoderma* species. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 6(6), 563–569.

- Moreira, F. H., De Sousa, F. M., Siqueira, J. O., Barbosa, R. H., Paulino, H. B., & Cabone, M. A. (2017). Fungos micorrízicos arbusculares e estimulante da colonização na cultura do algodoeiro e do milho. *Ciencia Rural*, 47(6), 1–8. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151535>
- Morgan, J. A. W., Bending, G. D., & White, P. J. (2005). Biological costs and benefits to plant-microbe interactions in the rhizosphere. *Journal of Experimental Botany*, 56(417), 1729–1739. <https://doi.org/10.1093/jxb/eri205>
- Morugán-Coronado, A., Pérez-Rodríguez, P., Insolia, E., Soto-Gómez, D., Fernández-Calviño, D., & Zornoza, R. (2022). The impact of crop diversification, tillage and fertilization type on soil total microbial, fungal and bacterial abundance: A worldwide meta-analysis of agricultural sites. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 329. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2022.107867>
- Mukerji, K. G., C.Manoharachary, & Chamola, B. P. (2002). Techniques in Mycorrhizal. In *Techniques in Mycorrhizal*.
- Murali, M., Naziya, B., Ansari, M. A., Alomary, M. N., Alyahya, S., Almatroudi, A., Thriveni, M. C., Gowtham, H. G., Singh, S. B., Aiyaz, M., Kalegowda, N., Lakshmidevi, N., & Amruthesh, K. N. (2021). Bioprospecting of Rhizosphere-resident fungi: Their role and importance in sustainable agriculture. *Journal of Fungi*, 7(4). <https://doi.org/10.3390/jof7040314>
- Nasr, S. H., Mousa, A. S. M., Yasser, M. M., & Marzouk, M. A. (2021). Antagonistic potential of some phosphate solubilizing fungi against some phyto-pathogenic fungi. *Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences*, 10(1). <https://doi.org/10.1186/s43088-021-00159-y>
- Nleya, T., Chungu, C., & Kleinjan, J. (2019). Corn Growth and Development. *IGrow Corn: Best Management Practices*, June, 1.
- Nurbailis, Liswarni, Y., Yanti, Y., & Widiastuti, A. (2023). Exploration of the indigenous rhizosphere fungi as corncob waste decomposers and its potential as biological agent *Fusarium graminearum* and increase corn growth. *IOP Conference Series: Earth and*

- Environmental Science*, 1160(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/1160/1/012043>
- Oros-Ortega, I., Andrade-Torres, A., Lara-Pérez, L. A., Guzmán-Olmos, R. F., Casanova-Lugo, F., Sáenz-Carbonell, L. A., & Córdova-Lara, I. (2017). Ectomycorrhizal ecology, biotechnology and taxonomy for the conservation and use of *Abies religiosa* in temperate areas of Mexico. *Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y Del Ambiente*, 23(3), 411–426. <https://doi.org/10.5154/r.rchscfa.2016.11.060>
- Owen, D., Williams, A. P., Griffith, G. W., & Withers, P. J. A. (2015). Use of commercial bio-inoculants to increase agricultural production through improved phosphorous acquisition. *Applied Soil Ecology*, 86, 41–54. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.09.012>
- Pacheco, A., Barcos-Arias, M., Naranjo-Morán, J., Peña Tapia, D., & Moreira-Gómez, R. (2022). Ericaceous Plants: A Review for the Bioprospecting of Ericoid Mycorrhizae from Ecuador. *Diversity*, 14(8), 1–14. <https://doi.org/10.3390/d14080648>
- Pambuka, G. T., Kinge, T. R., Ghosh, S., Cason, E. D., Nyaga, M. M., & Gryzenhout, M. (2022). Plant and Soil Core Mycobiomes in a Two-Year Sorghum–Legume Intercropping System of Underutilized Crops in South Africa. *Microorganisms*, 10(10). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10102079>
- Pang, Z., Dong, F., Liu, Q., Lin, W., Hu, C., & Yuan, Z. (2021). Soil Metagenomics Reveals Effects of Continuous Sugarcane Cropping on the Structure and Functional Pathway of Rhizospheric Microbial Community. *Frontiers in Microbiology*, 12(March), 1–19. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.627569>
- Park, E., & Poulin, R. (2021). Revisiting the phylogeny of microsporidia. *International Journal for Parasitology*, 51(10), 855–864. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2021.02.005>
- Phillips, R. P., Brzostek, E., & Midgley, M. G. (2013). The mycorrhizal-associated nutrient economy: A new framework for predicting carbon-nutrient couplings in temperate forests. *New Phytologist*, 199(1), 41–51. <https://doi.org/10.1111/nph.12221>
- Pleasant, J. (2016). Food yields and nutrient analyses of the three sisters: A Haudenosaunee cropping system. *Ethnobiology Letters*, 7(1), 87–98. <https://doi.org/10.14237/ebl.7.1.2016.721>

- Polcyn, W., Paluch-Lubawa, E., Lehmann, T., & Mikula, R. (2019). Arbuscular mycorrhiza in highly fertilized maize cultures alleviates short-term drought effects but does not improve fodder yield and quality. *Frontiers in Plant Science*, 10(April), 1–16. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00496>
- Poveda, J., Hermosa, R., Monte, E., & Nicolás, C. (2019). *Trichoderma harzianum* favours the access of arbuscular mycorrhizal fungi to non-host Brassicaceae roots and increases plant productivity. *Scientific Reports*, 9(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48269-z>
- Punyalue, A., Jongjaidee, J., Jamjod, S., & Rerkasem, B. (2015). Reduce Burning in Maize Production by Relay Cropping with Legume. *Agriculture and Agricultural Science Procedia*, 5, 17–21. <https://doi.org/10.1016/j.aaspro.2015.08.003>
- Qin, Z., Zhang, H., Feng, G., Christie, P., Zhang, J., Li, X., & Gai, J. (2020). Soil phosphorus availability modifies the relationship between AM fungal diversity and mycorrhizal benefits to maize in an agricultural soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 144(December 2019), 107790. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107790>
- Ravi, S., D’Odorico, P., Zobeck, T. M., & Over, T. M. (2009). The effect of fire-induced soil hydrophobicity on wind erosion in a semiarid grassland: Experimental observations and theoretical framework. *Geomorphology*, 105(1–2), 80–86. <https://doi.org/10.1016/j.geomorph.2007.12.010>
- Rezadoost, M. H., Kordrostami, M., & Kumleh, H. H. (2016). An efficient protocol for isolation of inhibitor-free nucleic acids even from recalcitrant plants. *3 Biotech*, 6(1), 1–7. <https://doi.org/10.1007/s13205-016-0375-0>
- Ritchie, S. W., Hanway, J. J., & Benson, G. (1986). How a Corn Plant Develops. Sp. Rpt. 48. *Iowa Agricultural and Home Economics Experiment Station Publications*, 48(Jan), 1–21.
- Rodrigues, K. M., & Rodrigues, B. F. (2019). Arbuscular mycorrhizae: Natural ecological engineers for agro-ecosystem sustainability. *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering: Microbial Biotechnology in Agro-Environmental Sustainability*, 165–175. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-64191-5.00012-2>

- Rodriguez, R. J., & Redman, R. S. (1997). Fungal Life-Styles and Ecosystem Dynamics: Biological Aspects of Plant Pathogens, Plant Endophytes and Saprophytes. *Advances in Botanical Research*, 24(C), 169–193. [https://doi.org/10.1016/S0065-2296\(08\)60073-7](https://doi.org/10.1016/S0065-2296(08)60073-7)
- Sánchez, M., Vayas, T., Mayorga, F., & Freire, C. (2020). Sector agrícola del Ecuador. In *Universidad Técnica de Ambato*. <https://blogs.cedia.org.ec/obest/wp-content/uploads/sites/7/2020/06/Diagnóstico-sector-agrícola-Ecuador.pdf>
- Sánchez, V., Van der Meer, M. T. J., Kagami, M., Van den Wyngaert, S., Van de Waal, D. B., Van Donk, E., & Gsell, A. S. (2020). Trophic position, elemental ratios and nitrogen transfer in a planktonic host–parasite–consumer food chain including a fungal parasite. *Oecologia*, 194(4), 541–554. <https://doi.org/10.1007/s00442-020-04721-w>
- Santander, C., García, S., Moreira, J., Aponte, H., Araneda, P., Olave, J., Vidal, G., & Cornejo, P. (2021). Arbuscular mycorrhizal fungal abundance in elevation belts of the hyperarid Atacama Desert. *Fungal Ecology*, 51, 101060. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2021.101060>
- Santos, C., Fraga, M. E., Kozakiewicz, Z., & Lima, N. (2010). Fourier transform infrared as a powerful technique for the identification and characterization of filamentous fungi and yeasts. *Research in Microbiology*, 161(2), 168–175. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2009.12.007>
- Sarula, Yang, H., Zhang, R., Li, Y., Meng, F., & Ma, J. (2022). Impact of Drip Irrigation and Nitrogen Fertilization on Soil Microbial Diversity of Spring Maize. *Plants*, 11(23), 1–21. <https://doi.org/10.3390/plants11233206>
- Sathiyadash, K., Muthukumar, T., Karthikeyan, V., & Rajendran, K. (2020). Orchid Mycorrhizal Fungi: Structure, Function, and Diversity. In *Orchid Biology: Recent Trends & Challenges* (pp. 239–280). [https://doi.org/10.1007/978-981-32-9456-1\\_13](https://doi.org/10.1007/978-981-32-9456-1_13)
- Sathiyadash, K., Muthukumar, T., Uma, E., & Pandey, R. R. (2012). Mycorrhizal association and morphology in orchids. *Journal of Plant Interactions*, 7(3), 238–247. <https://doi.org/10.1080/17429145.2012.699105>
- Sawers, R. J. H., Svane, S. F., Quan, C., Grønlund, M., Wozniak, B., Gebreselassie, M. N.,

- González-Muñoz, E., Chávez Montes, R. A., Baxter, I., Goudet, J., Jakobsen, I., & Paszkowski, U. (2017). Phosphorus acquisition efficiency in arbuscular mycorrhizal maize is correlated with the abundance of root-external hyphae and the accumulation of transcripts encoding PHT1 phosphate transporters. *New Phytologist*, *214*(2), 632–643. <https://doi.org/10.1111/nph.14403>
- Serna-Saldivar, S. (2019). Corn. Chemistry and Technology (Issue 1). <https://shop.elsevier.com/books/corn/serna-saldivar/978-0-12-811971-6>
- Shah, T., Prasad, K., & Kumar, P. (2016). Maize—A potential source of human nutrition and health: A review. *Cogent Food and Agriculture*, *2*(1). <https://doi.org/10.1080/23311932.2016.1166995>
- Singara, M. (2015). Fungi: An Overview. *Plant Biology and Biotechnology: Plant Diversity, Organization, Function and Improvement*, *1*, 1–827. <https://doi.org/10.1007/978-81-322-2286-6>
- Smith, S., & Read, D. (2008). Mycorrhizal Symbiosis. In *Soil Science* (Vol. 137, Issue 3). <https://doi.org/10.1097/00010694-198403000-00011>
- Soka, G. E., & Ritchie, M. E. (2018). Arbuscular mycorrhizal spore composition and diversity associated with different land uses in a tropical savanna landscape, Tanzania. *Applied Soil Ecology*, *125*(October 2017), 222–232. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2018.01.013>
- Stürmer, S. L., Kimmelmeier, K., Moreira, B. C., Kasuya, M. C. M., Pereira, G. M. D., & da Silva, K. (2018). Arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) communities in tropical savannas of Roraima, Brazil. *Mycological Progress*, *17*(10), 1149–1159. <https://doi.org/10.1007/s11557-018-1430-5>
- Tanumihardjo, S. A., McCulley, L., Roh, R., Lopez-Ridaura, S., Palacios-Rojas, N., & Gunaratna, N. S. (2020). Maize agro-food systems to ensure food and nutrition security in reference to the Sustainable Development Goals. *Global Food Security*, *25*(October), 100327. <https://doi.org/10.1016/j.gfs.2019.100327>
- Tedersoo, L., Sánchez-Ramírez, S., Kõljalg, U., Bahram, M., Döring, M., Schigel, D., May, T., Ryberg, M., & Abarenkov, K. (2018). High-level classification of the Fungi and a tool for

- evolutionary ecological analyses. *Fungal Diversity*, 90(1), 135–159.  
<https://doi.org/10.1007/s13225-018-0401-0>
- Thapa, S., Sotang, N., Limbu, A. K., & Joshi, A. (2020). Impact of Trichoderma sp. in Agriculture: A Mini-Review. *Journal of Biology and Today's World*, 9(7), 1–5.  
<https://www.iomcworld.org/articles/impact-of-emtrichoderma-spem-in-agriculture-a-minireview-53635.html>  
<https://www.iomcworld.org/abstract/impact-of-emtrichoderma-spem-in-agriculture-a-minireview-53635.html>
- Thomaz, E. L. (2009). The influence of traditional steep land agricultural practices on runoff and soil loss. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 130(1–2), 23–30.  
<https://doi.org/10.1016/j.agee.2008.11.009>
- Toju, H., & Sato, H. (2018). Root-associated fungi shared between arbuscular mycorrhizal and ectomycorrhizal conifers in a temperate forest. *Frontiers in Microbiology*, 9(MAR), 1–11.  
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00433>
- Trappe, J. M. (2005). A.B. Frank and mycorrhizae: The challenge to evolutionary and ecologic theory. *Mycorrhiza*, 15(4), 277–281. <https://doi.org/10.1007/s00572-004-0330-5>
- Tripathi, S., Mishra, S. K., & Varma, A. (2018). Microbial socialization highlights the AMF effect. In *Mycorrhiza - Nutrient Uptake, Biocontrol, Eco restoration: Fourth Edition*.  
[https://doi.org/10.1007/978-3-319-68867-1\\_5](https://doi.org/10.1007/978-3-319-68867-1_5)
- Tsotetsi, T., Nephali, L., Malebe, M., & Tugizimana, F. (2022). Bacillus for Plant Growth Promotion and Stress Resilience: What Have We Learned? *Plants*, 11(19).  
<https://doi.org/10.3390/plants11192482>
- Ullah, S., Ai, C., Huang, S., Zhang, J., Jia, L., Ma, J., Zhou, W., & He, P. (2019). The responses of extracellular enzyme activities and microbial community composition under nitrogen addition in an upland soil. *PLoS ONE*, 14(9), 1–19.  
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223026>
- van der Heijden, M. G. A., & Marcel, G. A. (2023). *Manuscript number : NRMICRO-21-126S*  
*Title : Soil Microbiomes and One Health Department of Microbiological Sciences , North Dakota State University , Fargo 58102 , USA.* 21, 6–20. <https://doi.org/10.1038/s41579->

- van der Heijden, M. G. A., Martin, F. M., Selosse, M. A., & Sanders, I. R. (2015). Mycorrhizal ecology and evolution: The past, the present, and the future. *New Phytologist*, 205(4), 1406–1423. <https://doi.org/10.1111/nph.13288>
- Vasar, M., Davison, J., Sepp, S. K., Öpik, M., Moora, M., Koorem, K., Meng, Y., Oja, J., Akhmetzhanova, A. A., Al-Quraishy, S., Onipchenko, V. G., Cantero, J. J., Glassman, S. I., Hozzein, W. N., & Zobel, M. (2021). Arbuscular mycorrhizal fungal communities in the soils of desert habitats. *Microorganisms*, 9(2), 1–14. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9020229>
- Vives-Peris, V., de Ollas, C., Gómez-Cadenas, A., & Pérez-Clemente, R. M. (2020). Root exudates: from plant to rhizosphere and beyond. *Plant Cell Reports*, 39(1), 3–17. <https://doi.org/10.1007/s00299-019-02447-5>
- Wang, B., Dong, F., Chen, M., Zhu, J., Tan, J., Fu, X., Wang, Y., & Chen, S. (2016). Advances in Recycling and Utilization of Agricultural Wastes in China: Based on Environmental Risk, Crucial Pathways, Influencing Factors, Policy Mechanism. *Procedia Environmental Sciences*, 31, 12–17. <https://doi.org/10.1016/j.proenv.2016.02.002>
- Wang, Fayuan, Liu, X., Shi, Z., Tong, R., Adams, C. A., & Shi, X. (2016). Arbuscular mycorrhizae alleviate negative effects of zinc oxide nanoparticle and zinc accumulation in maize plants - A soil microcosm experiment. *Chemosphere*, 147, 88–97. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2015.12.076>
- Wang, Fei, Shi, N., Jiang, R., Zhang, F., & Feng, G. (2016). In situ stable isotope probing of phosphate-solubilizing bacteria in the hyphosphere. *Journal of Experimental Botany*, 67(6), 1689–1701. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv561>
- Wang, Y., Zhang, L., Meng, F., Lou, Z., An, X., Jiang, X., Zhao, H., & Zhang, W. (2023). Responses of Soil Microbial Communities in Soybean–Maize Rotation to Different Fertilization Treatments. *Agronomy*, 13(6), 1590. <https://doi.org/10.3390/agronomy13061590>
- Watkinson, S., Boddy, L., & Money, N. (2016). The Fungi. In *The Fungi*.

<https://doi.org/10.1016/c2009-0-60941-7>

- Wei, X., Zhang, W., Zulfiqar, F., Zhang, C., & Chen, J. (2022). Ericoid mycorrhizal fungi as biostimulants for improving propagation and production of ericaceous plants. *Frontiers in Plant Science*, 13(November), 1–14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1027390>
- Wei, Z., Gu, Y., Friman, V. P., Kowalchuk, G. A., Xu, Y., Shen, Q., & Jousset, A. (2019). Initial soil microbiome composition and functioning predetermine future plant health. *Science Advances*, 5(9), 1–12. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aaw0759>
- Wen, T., Yuan, J., He, X., Lin, Y., Huang, Q., & Shen, Q. (2020). Enrichment of beneficial cucumber rhizosphere microbes mediated by organic acid secretion. *Horticulture Research*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41438-020-00380-3>
- Wilkes, G. (2004). Corn, strange, and marvelous: But is a definitive origin known? In C. Smith, J. Betrán, & E. Runge (Eds.), *Corn: Origin, History, Technology, and Production*. (pp. 3–63).
- Wolkers, W., & Oldenhof, H. (2021). Cryopreservation and Freeze-Drying Protocols. In *Methods in Molecular Biology* (Vol. 2180). [https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0783-1\\_16](https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0783-1_16)
- Xiao-Min, Q., Yi, Z., Li, T., & Guang-qiang, L. (2015). Effects of Nitrogen Application Rates on Rhizosphere Microbial Community Functional Diversity in Maize and Potato Intercropping. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 32, 10.
- Xu, H., Shao, H., & Lu, Y. (2019). Arbuscular mycorrhiza fungi and related soil microbial activity drive carbon mineralization in the maize rhizosphere. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 182(July), 109476. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2019.109476>
- Xue, X. I. A., Jie, G. U., Sheng-guo, C. H. E., Hua, G. A. O., & Qing-jun, Q. I. N. (2011). Effects of Nitrogen Application Rates on Microbial Community and Enzyme Activities in Lou Soil. *Scientia Agricultura Sinica*, 44(8), 1618–1627. <https://doi.org/10.3864/j.issn.0578-1752.2011.08.010>
- Young, M. R., & Hebert, P. D. N. (2022). Unearthing soil arthropod diversity through DNA metabarcoding. *PeerJ*, 10. <https://doi.org/10.7717/peerj.12845>
- Yousefshahi, B., Bazgir, M., Jamali, S., & Kakhki, F. V. (2020). Morphological and molecular

- identification of ectomycorrhizal fungi associated with Persian oak (*Quercus brantii* Lindl.) tree. *Journal of Forest Science*, 66(6), 244–251. <https://doi.org/10.17221/31/2020-JFS>
- Yuan, J., Zhao, J., Wen, T., Zhao, M., Li, R., Goossens, P., Huang, Q., Bai, Y., Vivanco, J., Kowalchuk, G., Berendsen, R., & Shen, Q. (2018). Root exudates drive the soil-borne legacy of aboveground pathogen infection. *Microbiome*, 6(156), 1–12. <https://doi.org/10.1590/S0085-56262009000100026>
- Zambrano, J. L., Velásquez, J., Peñaherrera, D., Sangoquiza, C., Cartagena, Y., Villacrés, E., Garcés, S., Ortíz, R., León, J., D.†, C., López, V., Asaquibay, C., Nieto, M., G., S., Pintado, P., Yáñez, C., & Racines, M. (2021). *Guía para la producción sustentable de maíz en la Sierra ecuatoriana. Manual N°122*.
- Zhang, H., Kim, M.-S., Sun, Y., Dowd, S., Shi, H., & Paré, P. W. (2008). Soil bacteria confer plant salt tolerance by tissue-specific regulation of the sodium transporter HKT1. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 21(6), 737–744. <https://doi.org/10.1094/MPMI-21-6-0737>
- Zhang, R., Ma, S., Li, L., Zhang, M., Tian, S., Wang, D., Liu, K., Liu, H., Zhu, W., & Wang, X. (2021). Comprehensive utilization of corn starch processing by-products: A review. *Grain and Oil Science and Technology*, 4(3), 89–107. <https://doi.org/10.1016/j.gaost.2021.08.003>
- Zhang, Y., He, X., Zhao, L., Zhang, J., & Xu, W. (2017). Dynamics of arbuscular mycorrhizal fungi and glomalin under *Psammochloa villosa* along a typical dune in desert, North China. *Symbiosis*, 73(3), 145–153. <https://doi.org/10.1007/s13199-017-0488-1>
- Zhu, S., Vivanco, J. M., & Manter, D. K. (2016). Nitrogen fertilizer rate affects root exudation, the rhizosphere microbiome and nitrogen-use-efficiency of maize. *Applied Soil Ecology*, 107, 324–333. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2016.07.009>
- Zhu, X., Song, F., & Liu, F. (2016). Altered amino acid profile of arbuscular mycorrhizal maize plants under low temperature stress. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 179(2), 186–189. <https://doi.org/10.1002/jpln.201400165>

## ANEXOS

### **Anexo 1**

*Muestreo de suelos*



### **Anexo 2**

*Preparación de muestras*



### **Anexo 3**

*Siembra de hongos en medio PDA*



### **Anexo 4**

*Seguimiento de la siembra en medio PDA*



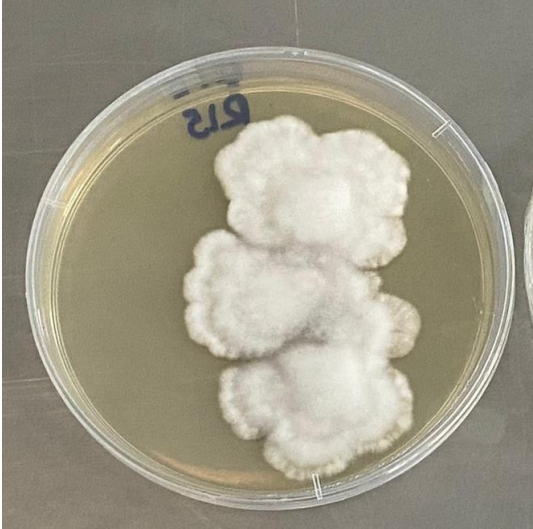
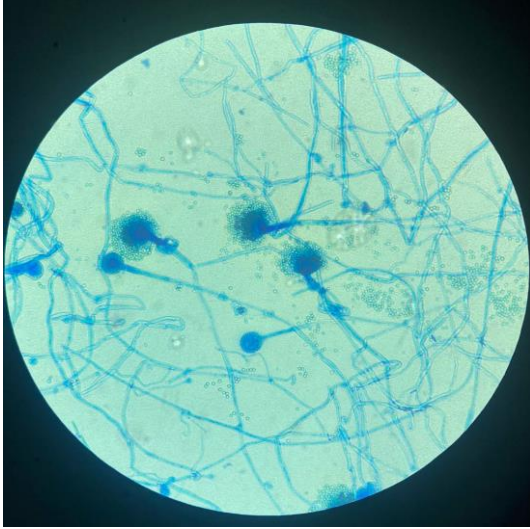
**Anexo 5**


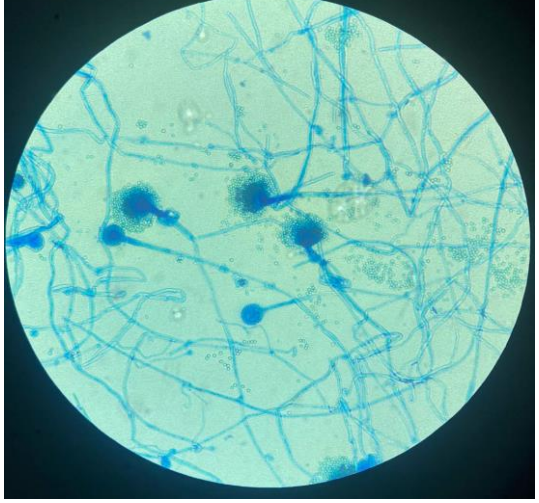
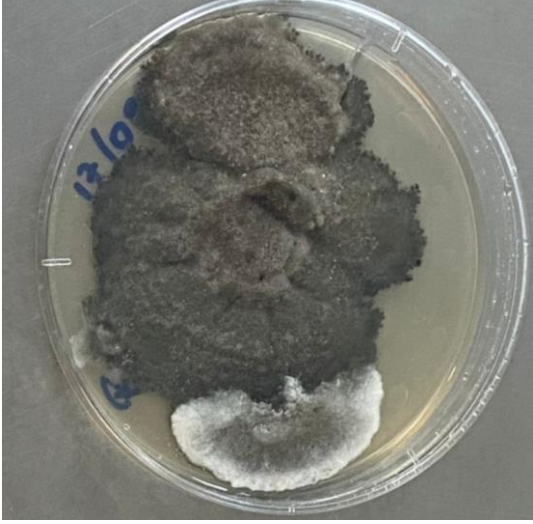

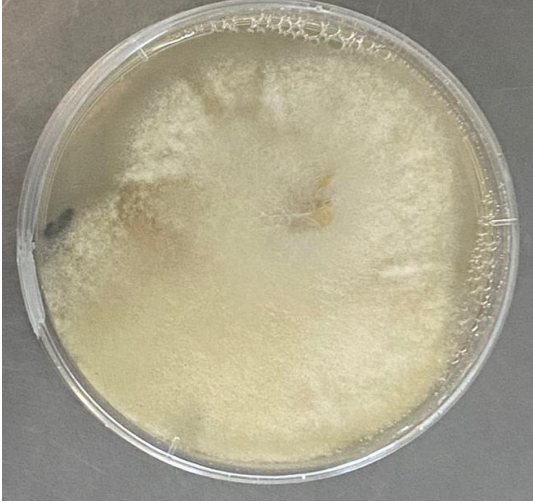
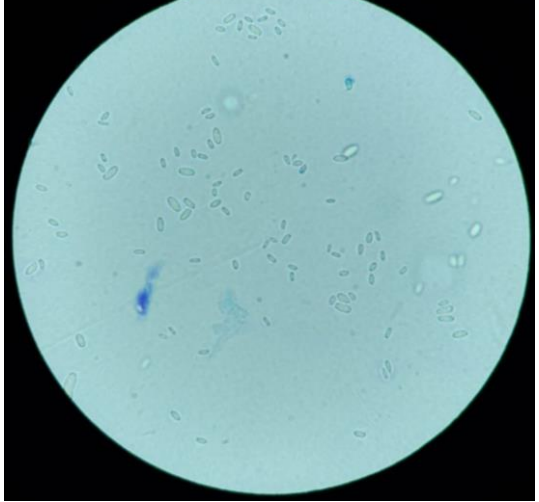
*Morfotipos de hongos en medio PDA*

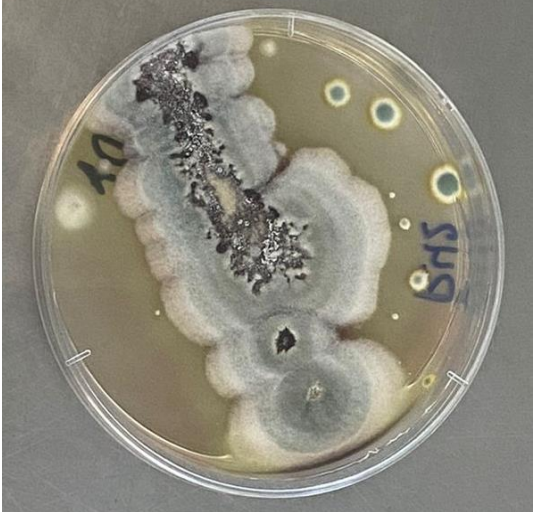
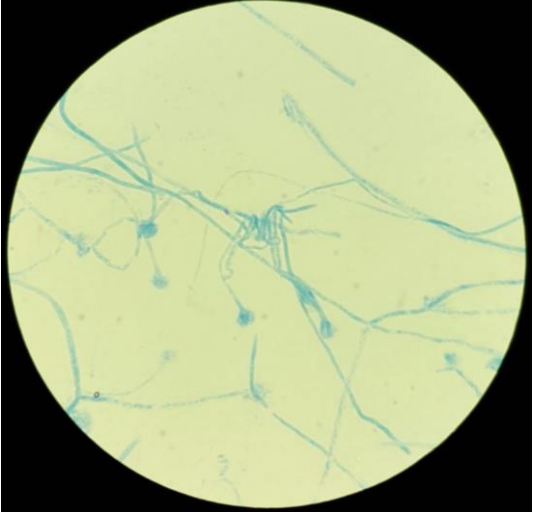

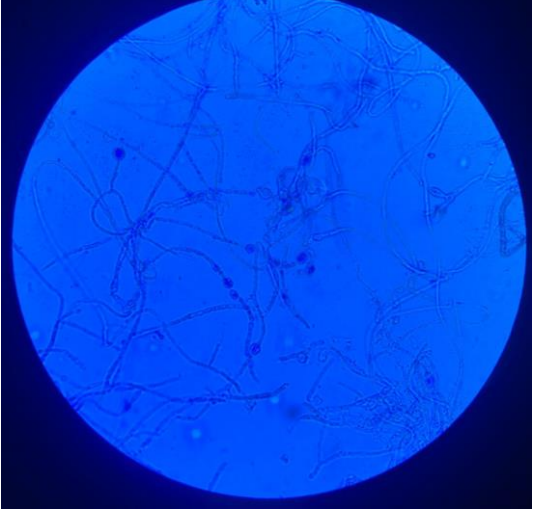

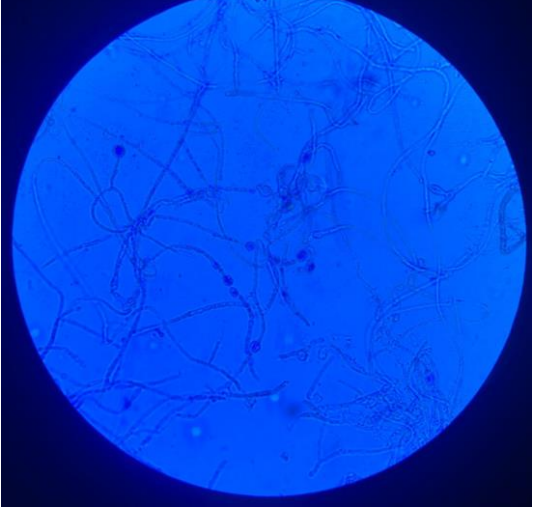


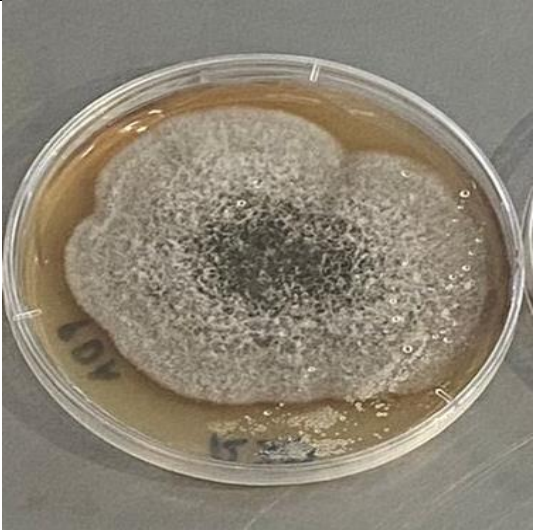
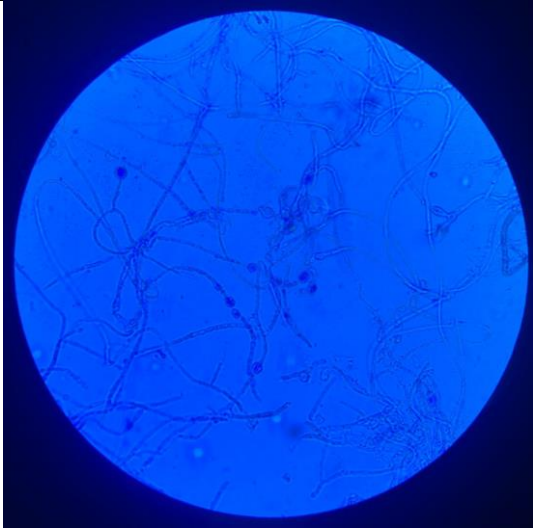

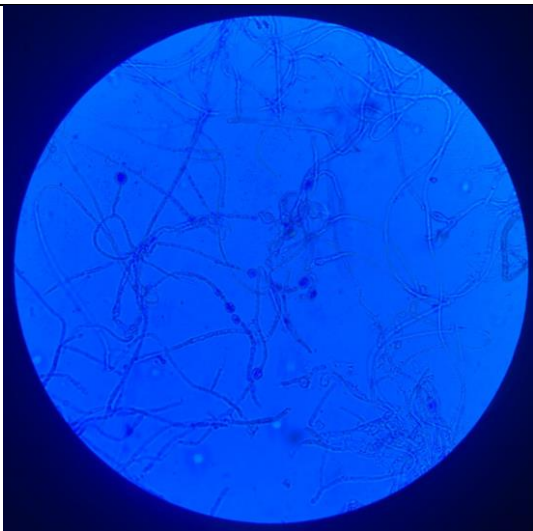

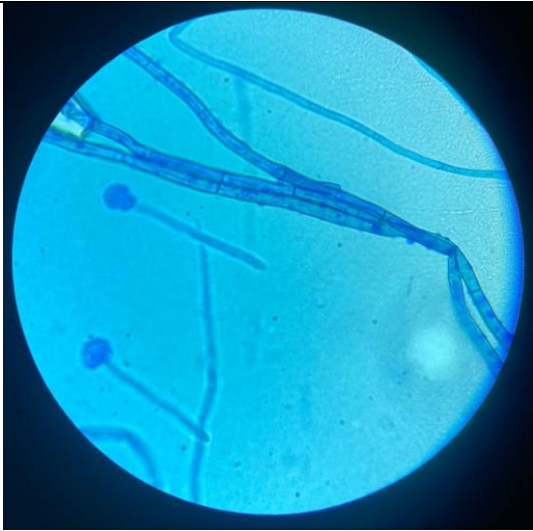
**Anexo 6**


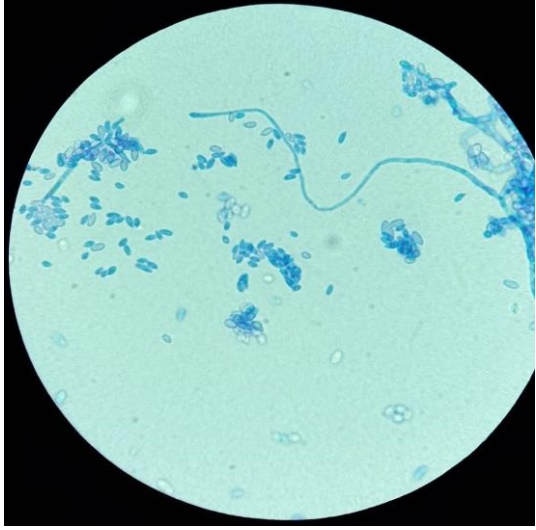

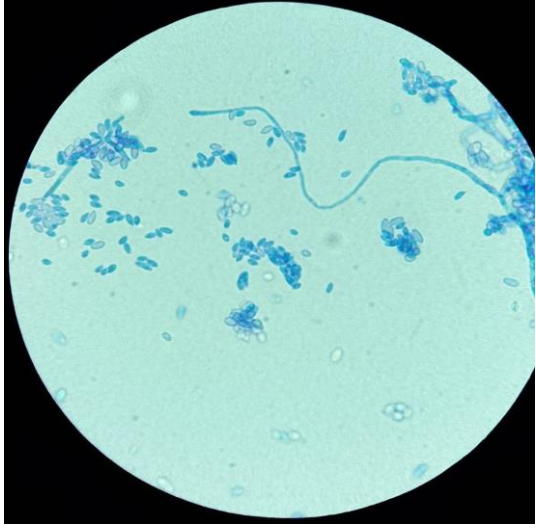
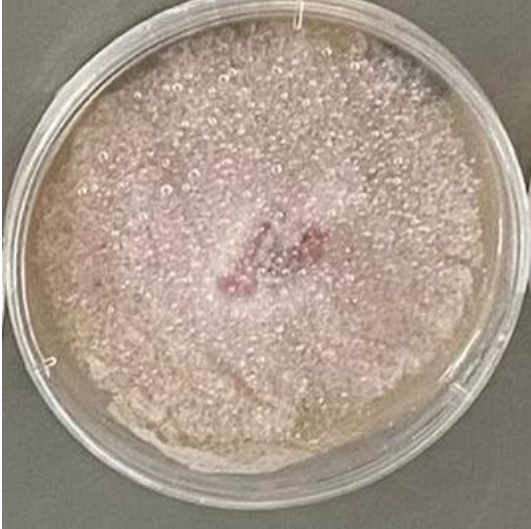
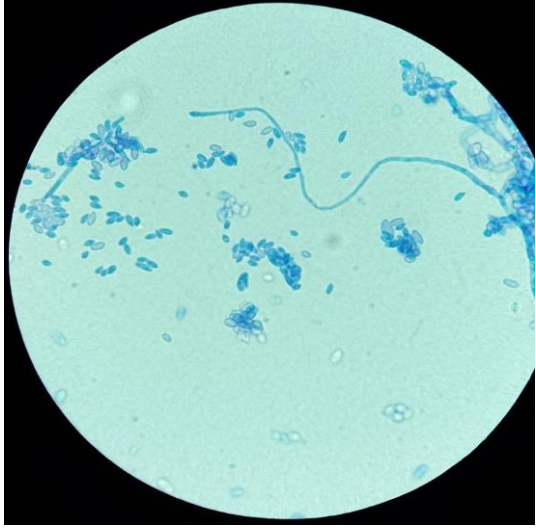
*Principales especies de hongos aislados del suelo y raíz del maíz*


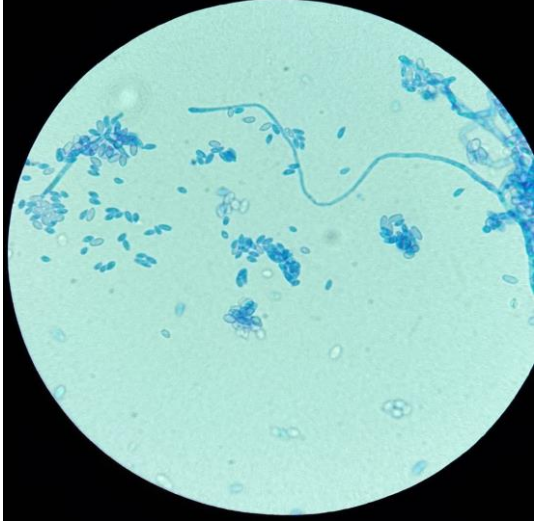
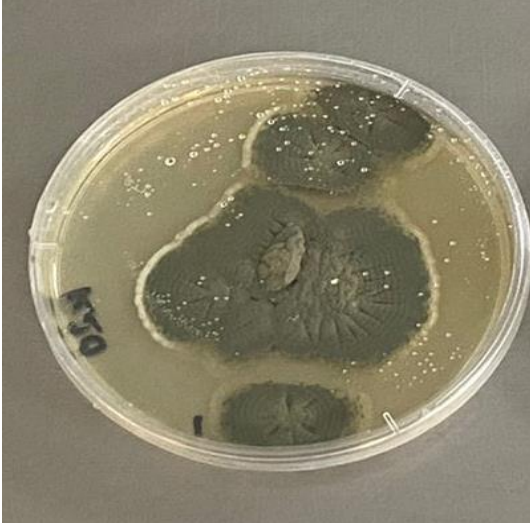
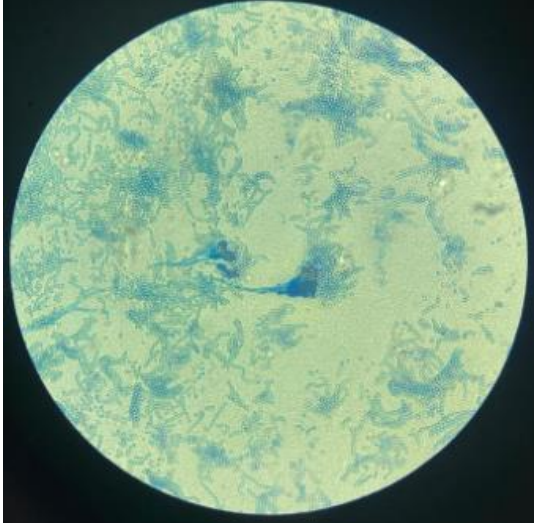

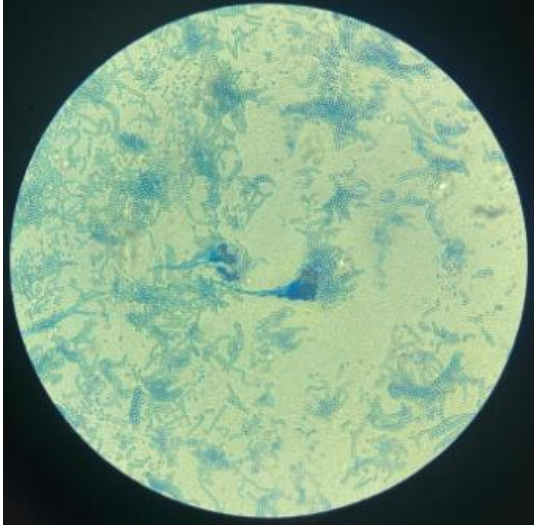
Especie	Hongo en medio PDA	Vista microscópica (40x)
Aspergillus sp1		


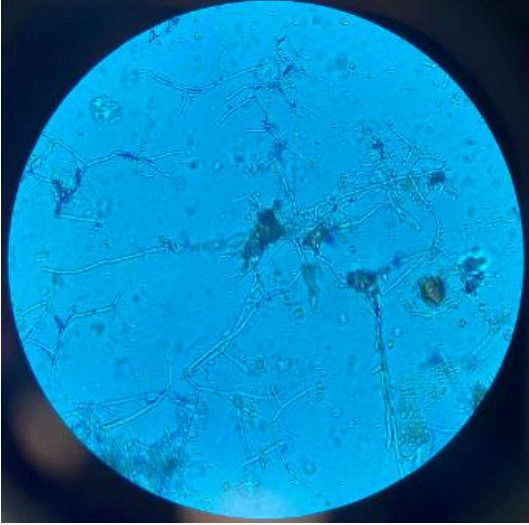

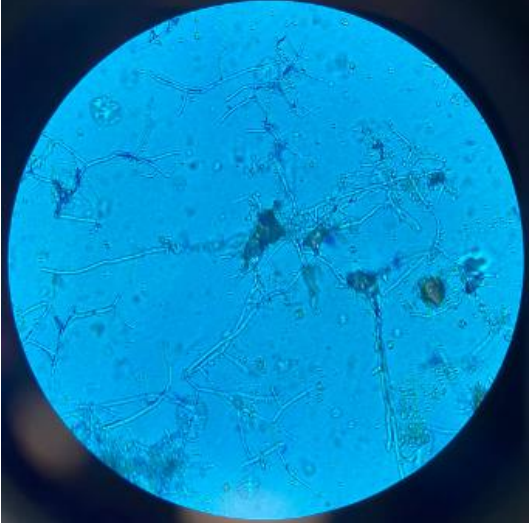

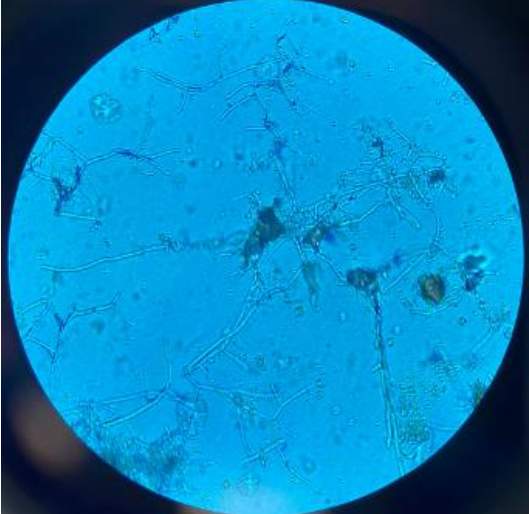
<p>Aspergillus sp2</p>		
<p>Bipolaris simonsii</p>		
<p>Boeremia nockiana</p>		


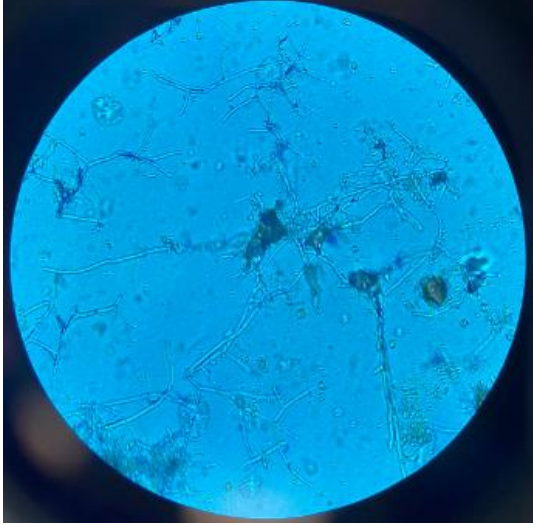

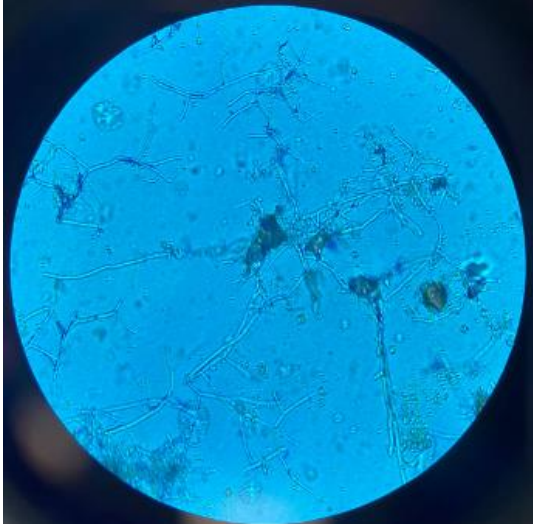
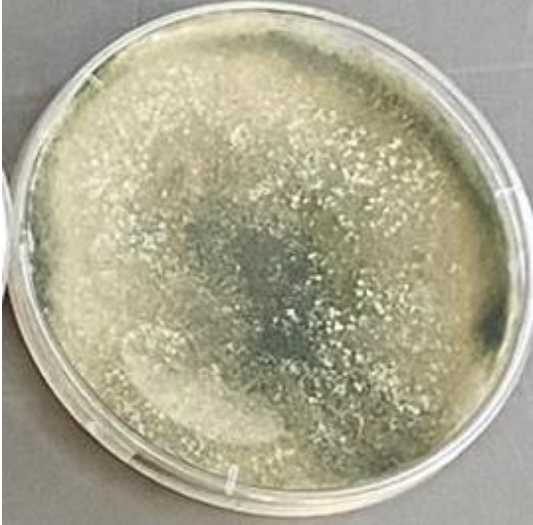
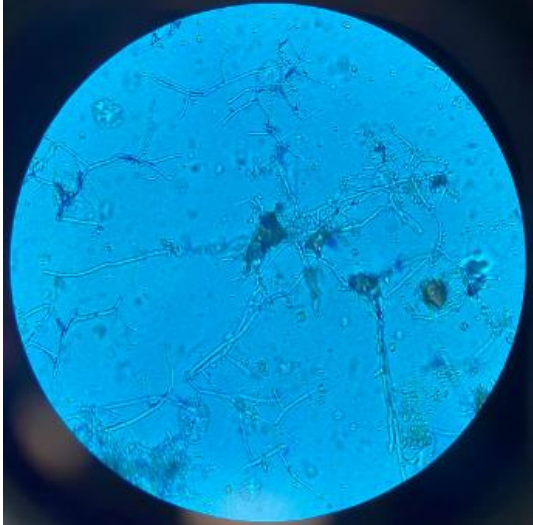
<p>Clonostachys solani f. nigrovirens</p>		
<p>Epicoccum sp1</p>		
<p>Epicoccum sp2</p>		

<p>Epicoccum sp3</p>		
<p>Epicoccum sp4</p>		
<p>Exserohilum rostratum</p>		

<p>Fusarium sp1</p>		
<p>Fusarium sp2</p>		
<p>Fusarium sp3</p>		

<p>Fusarium sp4</p>		
<p>Penicillium sp1</p>		
<p>Penicillium sp2</p>		

<p>Trichoderma sp1</p>		
<p>Trichoderma sp2</p>		
<p>Trichoderma sp3</p>		

<p>Trichoderma sp4</p>	 A petri dish containing a Trichoderma sp4 culture. The growth is a dense, yellowish-white mycelium covering the surface of the agar.	 A circular micrograph showing Trichoderma sp4 hyphae. The hyphae are long, thin, and branched, with a distinct central vacuole and a thin cell wall. The background is a bright blue color.
<p>Trichoderma sp5</p>	 A petri dish containing a Trichoderma sp5 culture. The growth is a dense, light brownish-tan mycelium covering the surface of the agar.	 A circular micrograph showing Trichoderma sp5 hyphae. The hyphae are long, thin, and branched, with a distinct central vacuole and a thin cell wall. The background is a bright blue color.
<p>Trichoderma sp6</p>	 A petri dish containing a Trichoderma sp6 culture. The growth is a dense, greenish-yellow mycelium covering the surface of the agar.	 A circular micrograph showing Trichoderma sp6 hyphae. The hyphae are long, thin, and branched, with a distinct central vacuole and a thin cell wall. The background is a bright blue color.

## Anexo 7

### Resultados de la identificación molecular de hongos cultivados bajo laboratorio



Av. De los Granados E14-285 y Eloy Alfaro  
Teléfono: 0998982450  
e-mail: [idgen.ecuador@gmail.com](mailto:idgen.ecuador@gmail.com)  
R.U.C. 1713443479001

#### Informe de Resultados

Nombre del Proyecto: Identificación molecular de microorganismos – Jazmín Salazar.

Informe No.: A-406

Técnico Responsable: Francisco Garrido, Ing.

Fecha: 30/08/2023

#### Resumen de Resultados

Código IDgen	Muestra	Longitud	Calidad	Organismo	Fragmento	% de identidad	Nº Accesoión
H494	R1	374	92.8	<i>Epicoccum andropogonearum</i>	ITS	100	<a href="#">OK442369.1</a>
H495	R2	585	98.3	<i>Trichoderma koningiopsis</i>	ITS	99.83	<a href="#">MT111912.1</a>
H496	R3	573	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	99.83	<a href="#">MH624140.1</a>
H497	R4	572	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MK870382.1</a>
H498	R5	467	89.7	<i>Fusarium sp.</i>	ITS	99.73	<a href="#">OQ555145.1</a>
H499	R7	580	98.1	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">OQ630535.1</a>
H500	R9	582	98.3	<i>Trichoderma atroviride</i>	ITS	100	<a href="#">KX379178.1</a>
H501	R11	507	100	<i>Fusarium sp.</i>	ITS	100	<a href="#">OQ555145.1</a>
H502	R12	565	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MT520637.1</a>
H503	R13	560	99.8	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">QMS15056.1</a>
H504	R15	552	97.6	<i>Aspergillus aureolus</i>	ITS	99.64	<a href="#">NR_135405.1</a>
H505	R16	512	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	99.61	<a href="#">KM066579.2</a>
H506	R17	574	99.7	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	99.48	<a href="#">MF101384.1</a>
H507	R18	576	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	99.65	<a href="#">MH748164.1</a>
H508	R19	577	99.8	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	99.65	<a href="#">MF101384.1</a>
H509	R20	493	98.6	<i>Penicillium kongii</i>	ITS	100	<a href="#">NR_138336.1</a>
H510	R21	577	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MT446202.1</a>
H511	R22	582	8.5	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	95.26	<a href="#">MT557551.1</a>
H512	R23	574	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MT446202.1</a>
H513	R24	513	1.3	<i>Fusarium oxysporum</i>	ITS	88.27	<a href="#">OK175490.1</a>
H514	R30	504	99.6	<i>Epicoccum sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MK809031.1</a>
H515	R31	518	99.6	<i>Epicoccum sorghinum</i>	ITS	99.81	<a href="#">MW081248.1</a>
H516	R33	530	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MT446202.1</a>
H517	R34	464	90.9	<i>Epicoccum sorghinum</i>	ITS	99.78	<a href="#">MT079324.1</a>
H518	R35	528	99.8	<i>Aspergillus sp.</i>	ITS	99.24	<a href="#">LC433821.1</a>
H519	R36	565	81.1	<i>Trichoderma trixiae</i>	ITS	99.06	<a href="#">MH866080.1</a>
H520	R37	441	8.2	<i>Epicoccum sp.</i>	ITS	94.28	<a href="#">MT887580.1</a>
H521	39R	843	81.0	<i>Exserohilum rostratum</i>	ITS	100	<a href="#">KP340105.1</a>

H522	R40	493	30.2	<i>Fusarium temperatum</i>	ITS	94.52	<a href="#">ON229468.1</a>
H523	R41	695	82.6	<i>Aspergillus udagawae</i>	ITS	99.30	<a href="#">LC317462.1</a>
H524	R42	491	41.8	<i>Clonostachys solani f. nigrovirens</i>	ITS	95.93	<a href="#">OQ910844.1</a>
H525	R43	1157	62.4	<i>Penicillium crustosum</i>	ITS	99.82	<a href="#">NR_077153.1</a>
H526	R46	603	88.1	<i>Trichoderma coningiopsis</i>	ITS	100	<a href="#">NR_131281.1</a>
H527	R47	995	67.7	<i>Aspergillus udagawae</i>	ITS	99.47	<a href="#">OL711845.1</a>
H528	R48	589	97.1	<i>Trichoderma atroviride</i>	ITS	100	<a href="#">MN262486.1</a>
H529	R50	713	76.3	<i>Trichoderma neokoningii</i>	ITS	100	<a href="#">NR_138446.1</a>
H530	R51	599	96.8	<i>Trichoderma harzianum</i>	ITS	100	<a href="#">MT378439.1</a>
H531	R57	784	62.5	<i>Bipolaris simmondsii</i>	ITS	99.75	<a href="#">KX452437.1</a>
H532	R58	507	60.4	<i>Trichoderma atroviride</i>	ITS	98.62	<a href="#">KX379178.1</a>
H533	R59	792	77.0	<i>Trichoderma atroviride</i>	ITS	99.42	<a href="#">AY380906.1</a>
H534	R60	543	96.5	<i>Fusarium oxysporum</i>	ITS	99.82	<a href="#">MN909179.1</a>
H535	R62	526	95.2	<i>Fusarium oxysporum</i>	ITS	100	<a href="#">MK429839.1</a>
H536	R64	625	82.7	<i>Fusarium foetens</i>	ITS	100	<a href="#">OP163643.1</a>
H537	R67	814	66.7	<i>Epicoccum thailandicum</i>	ITS	99.80	<a href="#">MN010545.1</a>
				<i>Epicoccum latusicollum</i>		99.80	<a href="#">MG787261.1</a>
H538	R71	1290	56.5	<i>Epicoccum viticis</i>	ITS	100	<a href="#">NR_158267.1</a>
				<i>Epicoccum variabile</i>		100	<a href="#">MN973501.1</a>
H539	R73	868	64.2	<i>Epicoccum sp.</i>	ITS	100	<a href="#">KF177690.1</a>
H540	R74	507	98.8	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">JN572048.1</a>
H541	3SR	444	80.2	<i>Trichoderma harzianum</i>	ITS	100	<a href="#">MT530123.1</a>
H542	4SR	510	98	<i>Fusarium sp.</i>	ITS	100	<a href="#">OQ555145.1</a>
H543	8SR	571	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MN905866.1</a>
H544	9SR	572	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MK870382.1</a>
H545	10SR	579	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MN701675.1</a>
H546	18SR	583	99.7	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">JN572048.1</a>
H547	19SR	490	99.8	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">JN572048.1</a>
H548	20SR	437	53.8	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MT557551.1</a>
H549	21Sr	560	100	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MT446202.1</a>
H550	22SR	676	88.9	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">OQ630534.1</a>
H551	23SR	535	98.9	<i>Trichoderma sp.</i>	ITS	100	<a href="#">JN572048.1</a>
H552	25SR	879	77.2	<i>Boeremia noackiana</i>	ITS	100	<a href="#">NR_135976.1</a>
H553	26SR	542	67.2	<i>Fusarium sacchari</i>	ITS	100	<a href="#">KU604026.1</a>
				<i>Fusarium subglutinans</i>		100	<a href="#">KRO71623.1</a>
H554	27SR	581	97.6	<i>Trichoderma neokoningii</i>	ITS	99.83	<a href="#">MZ339274.2</a>
H555	28SR	411	91.0	<i>Fusarium sp.</i>	ITS	99.76	<a href="#">MT557205.1</a>
H556	RA1	658	56.4	<i>Fusarium sacchari</i>	ITS	99.52	<a href="#">KU604026.1</a>
H557	RA2	530	97.5	<i>Fusarium sp.</i>	ITS	100	<a href="#">MW590611.1</a>



Av. De los Granados E14-285 y Eloy Alfaro  
Teléfono: 0998982450  
e-mail: [idgen.ecuador@gmail.com](mailto:idgen.ecuador@gmail.com)  
R.U.C. 1713443479001

H558	RA9	539	96.3	<i>Fusarium pseudocircinatum</i>	ITS	100	<a href="#">KX385054.1</a>
H559	Posible Quitridio	-					

**Nota:** Los resultados con un porcentaje de identidad menor al 97% no permiten asegurar que el aislado corresponde a esa especie. Es posible que se trate de una especie no descrita o una especie para la cual no hay referencias en la base de datos.



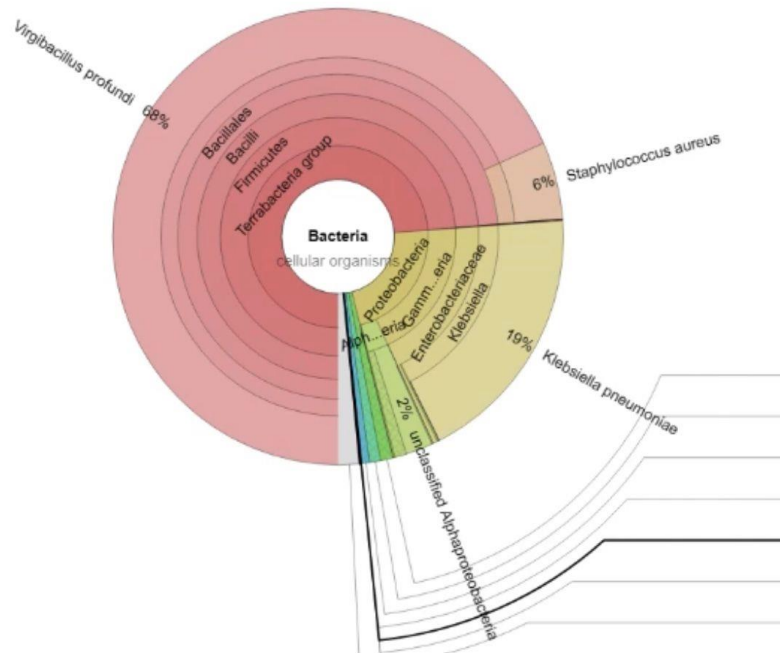
Firma autorizada

**Francisco Javier Flores Flor, PhD.**

**Propietario IDgen**

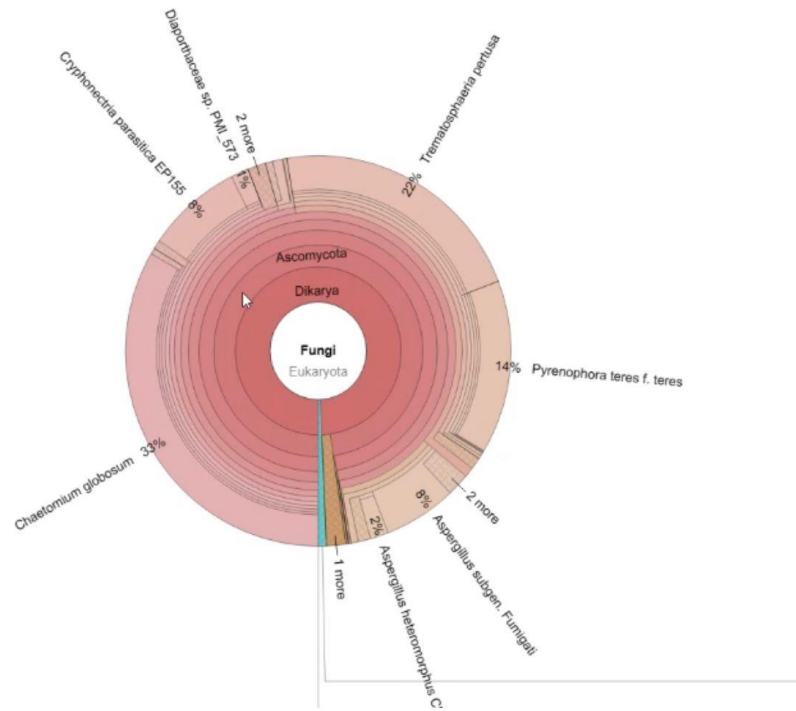
## Anexo 8

### Bacterias identificadas en la primera ureada



## Anexo 9

### Hongos identificados en la primera ureada



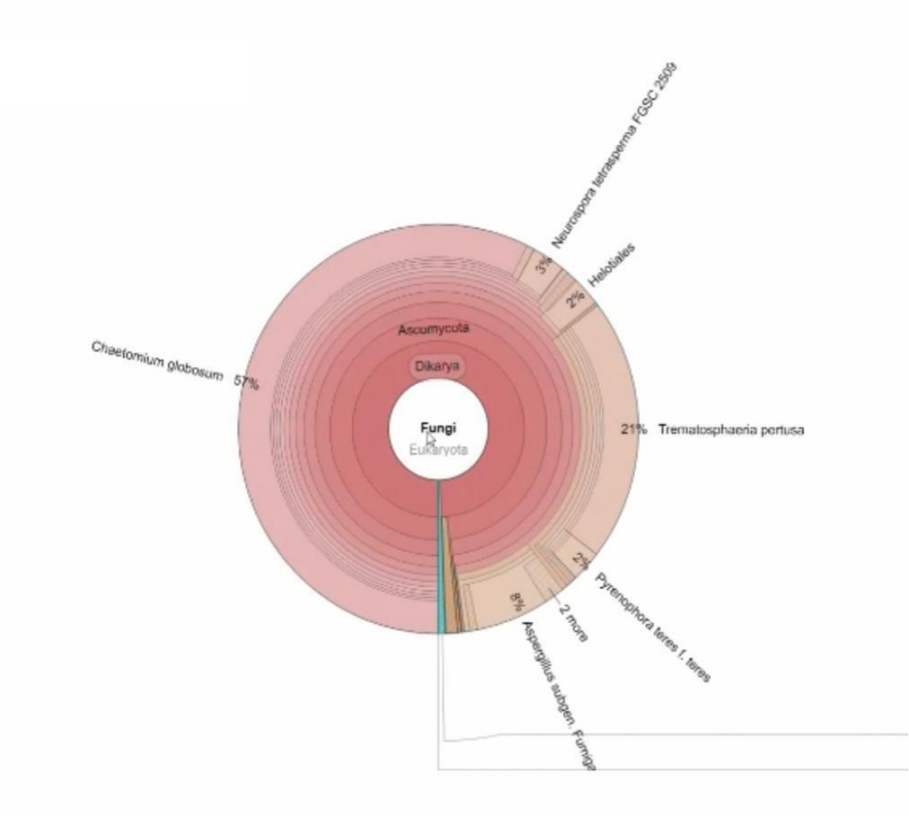
## Anexo 10

### Bacterias identificadas en la segunda ureada



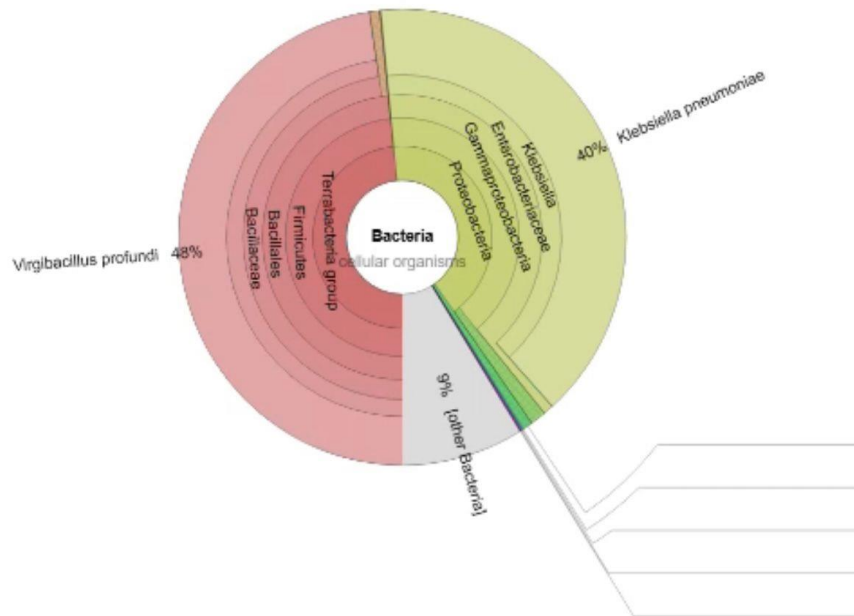
**Anexo 11**

*Hongos identificados en la segunda ureada*



**Anexo 12**

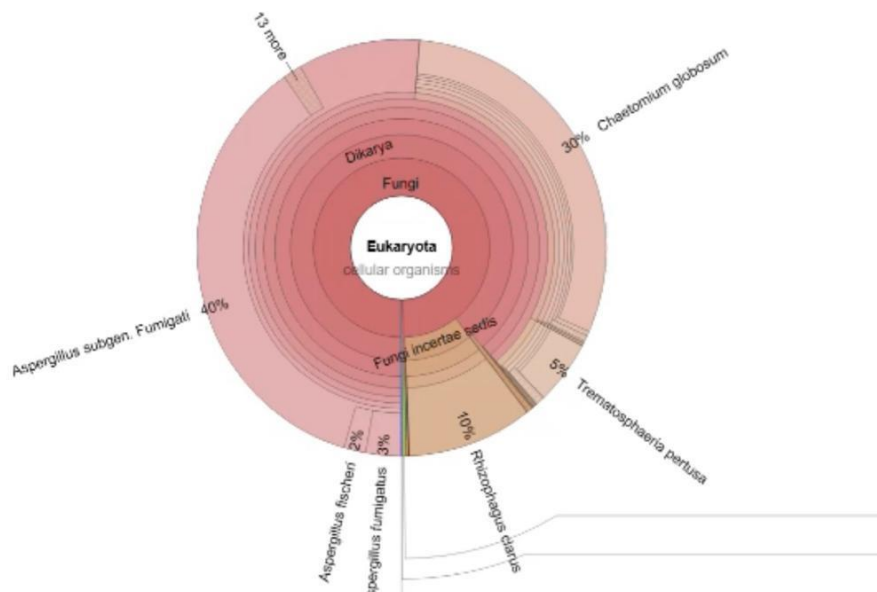
*Bacterias identificadas en la quema*



**Anexo**

**13**

*Hongos identificados en la quema*



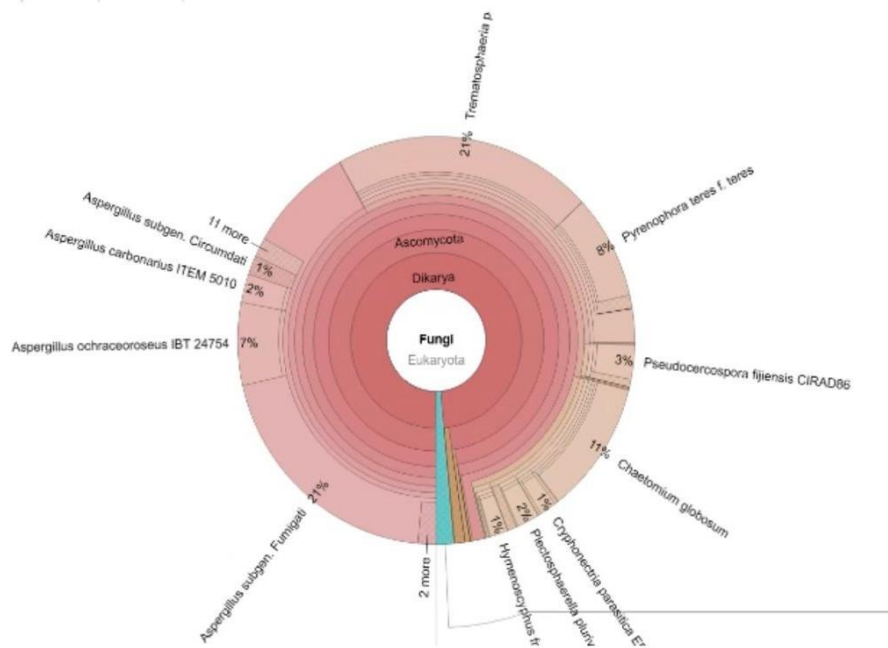
## Anexo 14

### Bacterias identificadas en el bosque seco



## Anexo 15

### Hongos identificados en el bosque seco



**Christian Andres Galarza Riera** portador de la cédula de ciudadanía N° **0105846596**. En calidad de autor y titular de los derechos patrimoniales del trabajo de titulación “**Aislamiento y caracterización molecular de hongos (ecto y endo) micorrízicos asociados al cultivo de maíz (*Zea Mays* L.) en el bosque seco del sur del país**” de conformidad a lo establecido en el artículo 114 Código Orgánico de la Economía Social de los Conocimientos, Creatividad e Innovación, reconozco a favor de la Universidad Católica de Cuenca una licencia gratuita, intransferible y no exclusiva para el uso no comercial de la obra, con fines estrictamente académicos y no comerciales. Autorizo además a la Universidad Católica de Cuenca, para que realice la publicación de este trabajo de titulación en el Repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior.

Cuenca, **23 de octubre de 2023**



**Christian Andres Galarza Riera**

**C.I. 0105846596**