UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO

FACULTAD DE CIENCIA E INGENIERÍA EN ALIMENTOS Y BIOTECNOLOGÍA

CARRERA DE BIOTECNOLOGÍA

Tema: Análisis de la rizósfera de cultivos de fresa selectos de la Unión De Productores Agroecológicos De Tungurahua aplicando técnicas de meta-taxonomía 16s rRNA. Articulado al Proyecto de Investigación aprobado mediante Resolución Nro. UTA-CONIN-2023-0294-R, conforme al documento adjunto.

Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, previo a la obtención del título de Ingeniera Biotecnóloga, otorgado por la Universidad Técnica de Ambato, a través de la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología.

Vinculado al Proyecto de Investigación aprobado mediante Resolución Nro. UTA-CONIN-2023-0294-R, por el Consejo de Investigación e Innovación de la Universidad Técnica de Ambato.

Autores: Kathelyn Noemi Cajas Corrales

Juliana Antonella Rojas Fernández

Tutor: Dr. William Ricardo Calero Cáceres

Ambato – Ecuador

Febrero – 2025

APROBACIÓN DEL TUTOR

Dr. William Ricardo Calero Cáceres

CERTIFICA:

Que el presente Informe Final del Trabajo de Titulación ha sido prolijamente revisado. Por lo tanto, autorizo la presentación de este Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, ya que responde a las normas establecidas en el reglamento de Títulos y Grados de la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología.

Ambato, 16 de enero de 2025



_____

Dr. William Ricardo Calero Cáceres

17143448859

TUTOR

AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

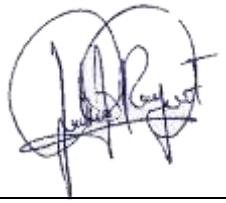
Nosotras, Kathelyn Noemi Cajas Corrales y Juliana Antonella Rojas Fernández, manifestamos que los resultados obtenidos en el presente Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, previo a la obtención del título de Ingenieras Biotecnólogas, son absolutamente originales, auténticos y personales; a excepción de las citas bibliográficas.



Kathelyn Noemi Cajas Corrales

050485186-6

AUTOR



Juliana Antonella Rojas Fernández

180529867-4

AUTOR

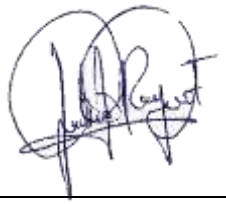
DERECHOS DE AUTOR

Autorizamos a la Universidad Técnica de Ambato, para que haga uso de este Informe Final del Trabajo de Titulación o parte de él, un documento disponible para su lectura consulta y procesos de investigación, según las normas de la Institución.

Cedemos los Derechos en línea patrimoniales de nuestro Informe Final del Trabajo de Titulación, con fines de difusión pública, además aprobamos la reproducción de este, dentro de las regulaciones de la Universidad, siempre y cuando esta reproducción no suponga una ganancia económica y se realice respetando nuestros derechos de autor.



Kathelyn Noemi Cajas Corrales
050485186-6
AUTOR



Juliana Antonella Rojas Fernández
180529867-4
AUTOR

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL DE GRADO

Los suscritos Profesores Calificadores, aprueban el presente Informe Final del Trabajo de Titulación, Opción Proyecto de Investigación, el mismo que ha sido elaborado de conformidad con las disposiciones emitidas por la Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos y Biotecnología de la Universidad Técnica de Ambato.

Para constancia firman:

Firmado electrónicamente por:
ESTEBAN MAURICIO FUENTES PEREZ

_____

Presidente del Tribunal

Firmado electrónicamente por:
DANAE FERNANDEZ RIVERO

_____

Mg. Danae Fernández Rivero

1757181209

Firmado electrónicamente por:
MANOELLA ALEJANDRA SANCHEZ GARNICA

_____

Mg. Manoella Alejandra Sánchez Garnica

0604079871

Ambato, 30 de enero de 2025

DEDICATORIA

"La educación no es preparación para la vida; es la vida misma."

—John Dewey

.

A quienes creyeron en el poder de la ciencia y el estudio, pero partieron antes de ver los frutos de su legado, y a los jóvenes que aún dudan, pero que en el fondo sienten que el estudio es una llave mágica hacia un sinfín de oportunidades: que este trabajo sea un recordatorio de que, con esfuerzo y determinación, las puertas que parecen imposibles de abrir pueden convertirse en portales hacia el éxito.

Esta tesis no solo es el reflejo de esfuerzo, sino un homenaje a todos aquellos que ven en el conocimiento el verdadero camino hacia la grandeza.

—***Mimi***

DEDICATORIA

A Dios y a la Virgencita del Cisne, porque son ellos quienes me mantienen firme, me iluminan día a día, me cuidan y bendicen con su amor.

A mi papi Oscar Rojas, por su apoyo incondicional, su amor infinto, su ejemplo de superación y por demostrarme que nada es imposible mientras uno sueñe en grande. Nuevamente, lo logramos... ¡¡Te quiero mucho papucho mío!!

A mi mami Jenny Fernández, por todo su amor, comprensión, por ser nuestro soporte ante cualquier adversidad y por ser mi inspiración en este camino…

A mis hermanas Andre, Chochi, Jeni y Angelito, y a mi hermano Manuel por ser ellos mi compañía en cada momento de mi vida, por las risas compartidos y por darme siempre los ánimos que necesito…

A mi querido Mateito Castro, por ser mi compañía durante todos estos años, quien siempre me motiva, me empuja y me anima a ser cada día mejor..

A mi dulce y tierna abuelita, mi mami Juli, por ser ella quien con sus oraciones nos bendice no solo a mí, sino a toda mi familia, ¡sin duda tenemos a la mejor!

¡¡Los quiero con todo mi corazón!!

—***Yuli***

AGRADECIMIENTO

En primer lugar, agradezco a Dios, fuente inagotable de fortaleza, guía y esperanza.

A mis padres, les debo todo lo que soy. Gracias por sus sacrificios incansables, por ser mi refugio y mi pilar en los días buenos y en los difíciles.

A mi querida tía Cecilia, gracias por creer en mí incluso cuando las dudas querían derrotarme. Su cariño y apoyo han sido un aliento constante.

A Daniel, mi mejor amigo, mi alma gemela: aunque el destino te llevó antes de lo esperado, sigues siendo mi inspiración. Tu alegría, tu fuerza y la manera en que enfrentaste la vida me enseñaron a valorar cada instante. Este logro también es tuyo, porque siempre estuviste y estarás allí, impulsándome desde el corazón.

A mi tutor de tesis, Dr. William Calero, gracias no solo por su guía y paciencia, sino también por su apoyo genuino en cada etapa de este proceso. Su compromiso y confianza en mi trabajo me inspiraron a esforzarme más allá de mis límites. Con sus palabras de aliento y su enfoque claro, me enseñó a enfrentar los desafíos con determinación y a valorar el aprendizaje continuo. Este trabajo refleja también su dedicación y pasión por formar profesionales capaces.

A mis amigos y compañeros de aventura, Andrea, Jorge, Monse, Víctor, Diany, Krys y los demás "Bandidos", gracias por las locuras que llenaron de risas nuestros días, por las conversaciones profundas que nos hicieron crecer y por ser esa familia que elegí. Cada reto fue más llevadero porque lo enfrentamos juntos, y cada alegría fue más grande porque la compartimos.

A Yuli, mi compañera de tesis, gracias por tu dedicación y esfuerzo. Tu energía y entusiasmo hicieron de nuestra tesis una experiencia inolvidable ¡Lo logramos juntas!

A mi equipo UTA RAM One Health y a los anteriores tesistas, gracias por ser guía y ejemplo. A los compañeros que se gradúan conmigo, les agradezco por construir juntos momentos inolvidables. A las nuevas generaciones de tesistas, gracias por su dedicación y esfuerzo. Aprender con ustedes también ha sido una lección para mí. Les deseo éxito y fortaleza: su aventura apenas comienza.

Finalmente, a mis niños de cuatro patas, Brisa, Tarzán y Don Pipo, gracias por su amor puro y desinteresado. Su compañía ha sido un recordatorio constante de la alegría en las cosas simples.

¡Gracias infinitas!

*—**Mimi***

AGRADECIMIENTO

Agradezco profundamente a Dios por la vida y por ser mi guía, por sus bendiciones y por ser él quien me conduce a ser cada día mejor.

A mis padres, Oscar y Jenny; a mis hermanas, Andre, Chochi, Jeny y Angelito; y a mi hermano, Manuel por no dejarme sola, por ser mi motivación y mi inspiración y por toda la confianza depositada en mí durante el proceso de mi vida académica. A mi perrita Kirita, mi bebé hermosa como le digo, porque desde su llegada me enseñó a ver la vida de otra manera y con su fragilidad e ingenuidad me enseñó a ser mejor… ¡Esto es por ustedes!

A mi compañero incondicional, Mateo, gracias por estar siempre para mí, por todo tu amor, comprensión y apoyo que se volvió fundamental en cada momento de mi vida.

A mi mami Juli, y a cada uno de mis familiares, gracias, porque sin ustedes tampoco lo hubiese logrado. Cada palabra, cada momento y el cariño hacía mí, me permitió obtener este logro.

Agradezco también a esta prestigiosa institución que me ha formado ética y moralmente durante el proceso de mi vida universitaria. A cada uno de mis formadores, que son la parte fundamental en mi educación y que sin sus enseñanzas esto no hubiese sido posible. De manera especial, quiero agradecer al Dr. William Calero por ser no solo mi mentor en el proceso de titulación, sino también mi guía y ejemplo de superación, quien me ha demostrado con su calidad humana que todo se puede lograr. Gracias Doc. por cada oportunidad, cada aprendizaje y por el cariño hacia mi persona.

A mis amigas que la vida me regalo, Kati, Eri y Dami, gracias por estar conmigo desde el inicio de esta gran aventura, por los momentos compartidos, las risas, los llantos, los abrazos y por aquellas salidas que quedarán guardadas siempre en mi mente y en mi corazón. ¡¡Las quiero muchísimo!!

A mi compañera de tesis, Mimi, gracias por los esfuerzos compartidos, por tu seriedad y entusiasmo en todo el proceso que vivimos juntas, gracias por las experiencias y la dedicación depositada en este, nuestro trabajo. ¡Lo logramos Mimi!

A mis amigos que me regaló mi paso por el laboratorio, Eri, Richi y Liz, gracias por estar siempre prestos para mí ante cualquier circunstancia, por esa mano amiga que me brindaron y por todas las experiencias que vivimos juntos. Sin duda hicimos del laboratorio, nuestro hogar… los quiero y los llevaré presentes siempre en mi corazón…

Por último, agradezco a todos quienes han conformado el equipo UTA-RAM, de manera especial a Nathy, por regalarme la oportunidad de aprender, por sus enseñanzas, su comprensión, su cariño y su amistad…

Les agradezco desde el fondo de mi corazón…

—Yuli

ÍNDICE GENERAL DE CONTENIDOS

APROBACIÓN DEL TUTOR ..... **ii**

AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN ..... **iii**

DERECHOS DE AUTOR ..... **iv**

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL DE GRADO ..... **v**

DEDICATORIA ..... **vi**

DEDICATORIA ..... **vii**

AGRADECIMIENTO ..... **viii**

AGRADECIMIENTO ..... **ix**

ÍNDICE GENERAL DE CONTENIDOS ..... **x**

ÍNDICE DE TABLAS ..... **xii**

ÍNDICE DE FIGURAS ..... **xiii**

ÍNDICE DE ANEXOS ..... **xiv**

RESUMEN EJECUTIVO ..... **xv**

ABSTRACT ..... **xvi**

CAPÍTULO I.-MARCO TEÓRICO **1**

1.1. Antecedentes investigativos 1

1.1.1. Justificación 1

1.1.2. Generalidades de *F. x ananassa* 'Albion Californiana' 2

1.1.3. Microbiota Vegetal, Rizósfera e Interacciones Microbianas 4

1.1.4. Análisis de Diversidad Microbiana 7

1.1.5. Secuenciación de Próxima Generación (NGS) 10

1.1.6. Metabarcoding 16S rRNA 11

1.1.7. QIIME2 12

1.1.8. EzBioCloud 12

1.1.9. Predicción de los Perfiles Metabólicos de las Comunidades Microbianas 13

1.2. Objetivos 14

1.2.1. Objetivo General 14

1.2.2. Objetivos Específicos 14

CAPÍTULO II. -METODOLOGÍA **15**

2.1. Materiales 15
2.2. Métodos 17
2.2.1. Describir la diversidad y abundancia de la microbiota asociada a la rizósfera de fresa (*F. x ananassa* 'Albión Californiana') 17
2.2.2. Predecir los perfiles metabólicos de las comunidades bacterianas presentes en la rizósfera de fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana') 23
CAPÍTULO III.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN 24
3.1. Análisis y discusión de resultados 24
3.1.1. Descripción de la diversidad y abundancia de la microbiota asociada a la rizósfera de fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos selectos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT). 24
3.1.2. Predicción de los perfiles metabólicos de las comunidades bacterianas presentes en la rizósfera de fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos selectos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT) 43
CAPÍTULO IV.- CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES 47
MATERIALES DE REFERENCIA 49
ANEXOS 59

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Materiales, reactivos y equipos de laboratorio a emplear. 15

Tabla 2. Información sobre los puntos de muestreo. 19

Tabla 3. Especificaciones de las muestras analizadas. 24

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Diversidad microbiana existente en la rizósfera de una planta. 6

Figura 2. Capacidad predictiva de las tecnologías computacionales asociadAs al microbioma. 9

Figura 3. Ubicación geográfica de los puntos de recolección de muestras de rizósfera de cultivos F. x ananassa ‘Albión Californiana’. 18

Figura 4. Procesamiento de muestras. 20

Figura 5. Curva de rarefacción. 27

Figura 6. Gráfico de cajas - Índice de Diversidad Alfa Chao1. 29

Figura 7. Análisis de Coordenadas principales - Determinación de la variabilidad en base a las coordenadas geográficas. 33

Figura 8. Composición taxonómica abundante a nivel de Filo de F. x ananassa 'Albión Californiana' en Tungurahua. 34

Figura 9. Composición taxonómica abundante a nivel de especies de F. x ananassa 'Albión Californiana' en Tungurahua. 38

Figura 10. Clasificación de las rutas metabólicas en base a la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto. 44

Figura 11. Rutas metabólicas representativas presentes en la rizósfera de F. x ananassa 'Albion Californiana'. 45

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Resultados fisicoquímicos. 59

Anexo 2. Valores obtenidos del índice de CHAO. 59

Anexo 3. Lecturas asignadas OTUs Filos más representativos. 61

Anexo 4. Abundancia Relativa de los Filos Bacterianos Principales en Cada Muestra. 63

Anexo 5. Lecturas asignadas a las OTUs especies más representativos. 65

Anexo 6. Abundancia Relativa de las Especies Bacterianas Principales en Cada Muestra. 72

Anexo 7. Perfiles metabólicos presentes en la rizósfera de cultivos de fresa. 77

Anexo 8. Carta Compromiso PACAT. 99

Anexo 9. Solicitud al MAATE de no tener impedimentos investigativos. 100

RESUMEN EJECUTIVO

El presente estudio analizó la microbiota rizosférica de *F. x ananassa* 'Albión Californiana' en Tungurahua, Ecuador, resaltando su importancia para la salud del suelo y la sostenibilidad agrícola. La rizósfera juega un papel crucial en la fertilidad del suelo, la resistencia de los cultivos y el desarrollo de prácticas agrícolas más eficientes, aportando datos esenciales que podrían sustentar investigaciones futuras sobre la relación entre estas comunidades microbianas y la productividad de los cultivos. Se recolectaron muestras en seis localidades representativas y se analizaron con herramientas bioinformáticas como QIIME 2, EzBiocloud y PICRUSt2 para evaluar la diversidad microbiana y los perfiles funcionales. Proteobacteria fue el filo predominante, seguido de Actinobacteria y Acidobacteria. La Florida y Chiquicha Chico presentaron la mayor riqueza microbiana con valores de Chao1 superiores a cuatro mil, mientras que Yacupamba mostró menor diversidad, asociada a suelos ácidos y bajos niveles de materia orgánica. Las rutas metabólicas más relevantes incluyeron la fijación de nitrógeno y la síntesis de compuestos antimicrobianos, con microorganismos representativos como *Achromobacter xylosoxidans* y *Acinetobacter calcoaceticus*. aunque los resultados no mostraron diferencias estadísticas significativas, son altamente relevantes para correlacionar la microbiota con indicadores de sostenibilidad agrícola y fertilidad del suelo. La expansión del estudio con un mayor número de muestras y el uso de herramientas avanzadas como metagenómica funcional y metabolómica permitirían desarrollar aplicaciones prácticas como biofertilizantes específicos y estrategias agrícolas sostenibles que incrementen la resiliencia de los cultivos frente al cambio climático.

Palabras clave: Rizósfera, meta-taxonomía, microbiota, fresa, diversidad microbiana, 16S rRNA.

ABSTRACT

This study analyzes the rhizosphere microbiota of *F. x ananassa* 'Albión Californiana' cultivated in Tungurahua, Ecuador, highlighting its critical role in soil health and agricultural sustainability. Understanding the composition and functionality of microbial communities in the rhizosphere is essential for developing efficient agricultural practices and enhancing crop resilience to environmental stressors. This research provides foundational insights for future studies exploring the potential of these microbial communities to improve soil fertility and agricultural productivity under specific agroecological conditions. Samples were collected from six representative localities and analyzed using bioinformatics tools such as QIIME 2, EzBiocloud, and PICRUSt2 to assess microbial diversity and predict functional profiles. Proteobacteria was identified as the dominant phylum, followed by Actinobacteria and Acidobacteria. The highest microbial richness was observed in La Florida and Chiquicha Chico, with Chao1 values surpassing four thousand, whereas Yacupamba exhibited lower diversity due to acidic soils and low organic matter levels. Key metabolic pathways such as nitrogen fixation and antimicrobial compound synthesis were identified, with notable microorganisms including *A. xylosoxidans* and *A. calcoaceticus*. Although statistical differences were not significant, the results are highly relevant for generating hypotheses about the relationship between microbial composition and soil health. Expanding the scope of this study with larger sample sizes and integrating advanced techniques like functional metagenomics and metabolomics could facilitate the development of specific biofertilizers and sustainable agricultural strategies, ultimately enhancing crop resilience and productivity under changing environmental conditions.

Keywords: Rhizosphere, meta-taxonomy, microbiota, strawberry, microbial diversity, 16S rRNA.

CAPÍTULO I.-MARCO TEÓRICO

1.1. Antecedentes investigativos

1.1.1. Justificación

La microbiota vegetal representa al conjunto de microorganismos que residen en las superficies aledañas y órganos internos de las plantas. Desempeña un papel esencial en su salud y productividad debido a su estrecha interacción, subrayando la necesidad de su análisis y comprensión para mejorar las prácticas agrícolas **(Chialva *et al.*, 2022)**. En particular, la rizósfera, que es la zona del suelo adyacente a las raíces, despierta un considerable interés atribuido a las intensas interacciones que ocurren entre las raíces, los microorganismos, genes y metabolitos presentes, influenciando notablemente el crecimiento y la sostenibilidad de las plantas **(Bulgarelli *et al.*, 2013).** El progreso de la biología molecular ha sido fundamental para el estudio de las comunidades microbianas del suelo, mediante el empleo de técnicas como la Secuenciación de Nueva Generación (NGS) para revelar la diversidad de microorganismos totales (cultivables y no cultivables) y entender mejor la complejidad de su composición **(Lemanceau *et al.*, 2017).**

La fresa (*F.* × *ananassa* 'Albión Californiana') es una variedad muy demandada a nivel mundial debido a su alta productividad y predilección constante en mercados internacionales. En términos alimenticios, las fresas de esta variedad son ricas en vitamina C, antioxidantes, fibra y minerales como el potasio **(Giampieri *et al.*, 2015).** En 2022, la producción global de fresas fue de aproximadamente 9.2 millones de toneladas **(FAO, 2023).** Su producción anual en Ecuador ha alcanzado las 5,000 toneladas, con una proporción creciente dedicada a la exportación (**Ministerio de Agricultura y Ganadería [MAG], 2023)**. La provincia de Tungurahua concentra más del 50% de la producción nacional, con rendimientos que pueden llegar hasta 30 toneladas por hectárea en condiciones óptimas **(INIAP, 2023)**. A pesar de la creciente cantidad de estudios sobre la caracterización de las comunidades microbianas en cultivos de fresa a nivel mundial, aún es limitado el conocimiento acerca de los microorganismos asociados con *F.* × *ananassa* a nivel local.

Por lo tanto, basándonos en los antecedentes mencionados, el objetivo de esta investigación es describir la diversidad y riqueza de la microbiota bacteriana asociada a la rizósfera de los campos agrícolas de fresa (*F.* × *ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT), implementando el análisis de metabarcoding del gen 16S rRNA. Así mismo, se predecirán los principales perfiles metabólicos de las comunidades microbianas de la rizósfera. Este análisis puede proporcionar datos cruciales para desarrollar estrategias que mejoren el rendimiento y sostenibilidad de los cultivos de fresa a nivel local.

1.1.2. Generalidades de *F. x ananassa* 'Albion Californiana'

F. x *ananassa* 'Albion Californiana'es una planta herbácea perenne de la familia *Rosaceae*, desarrollada por la Universidad de California. Se caracteriza por tener un hábito de crecimiento erecto y porte medio, con hojas trifoliadas de color verde oscuro y bordes dentados. Produce frutos grandes, de forma cónica alargada, con una superficie brillante y color rojo intenso. Los frutos son firmes, lo que los hace adecuados para el transporte a largas distancias sin perder calidad. La planta posee un sistema radicular fibroso que le permite adaptarse bien a diferentes tipos de suelos, siempre y cuando haya un buen drenaje **(Contigiani *et al.*, 2018)**. Esta variedad es conocida por su resistencia a enfermedades como el oídio y su capacidad para producir frutos de alta calidad durante la mayor parte del año **(Shaw & Larson, 2017; Giné-Bordonaba *et al.*, 2019).**

Su cultivo es de gran importancia económica debido a su alta productividad y a la demanda constante de fresas en mercados internacionales. Al ser capaz de producir de manera continua durante largas temporadas, permite a los agricultores obtener ingresos durante la mayor parte del año, lo que mejora su estabilidad económica. En términos alimenticios, las fresas de esta variedad son ricas en vitamina C, antioxidantes, fibra y minerales como el potasio. Su consumo regular está asociado con la prevención de enfermedades cardiovasculares y mejora del sistema inmunológico **(Giampieri *et al.*, 2015)**.

A nivel global, el mercado de la fresa representa una fuente de ingresos significativa para pequeños y grandes productores. La calidad de los frutos, combinada con su resistencia y capacidad de adaptación, convierte a 'Albion' en una de las variedades más comercializadas **(Gil i Cortiella *et al.*, 2024)**.

La producción mundial de fresas se concentra principalmente en países como Estados Unidos, España, México, y Egipto, con Estados Unidos liderando tanto en términos de exportación como importación. En 2022, la producción global de fresas fue de aproximadamente 9.2 millones de toneladas, con Estados Unidos produciendo más de 1.4 millones de toneladas. España es el principal exportador mundial, con más de 300 mil toneladas exportadas anualmente, mientras que Estados Unidos es uno de los mayores importadores, consumiendo más del 20 % de las fresas producidas a nivel mundial **(FAO, 2023)**.

En Latinoamérica, México es el principal productor de fresas, con más de 650 mil toneladas anuales, lo que lo convierte en uno de los mayores exportadores a nivel mundial, principalmente a Estados Unidos y Canadá. Otros países importantes en la región incluyendo Chile, Argentina y Perú, cuyas producciones están en crecimiento. La ingeniería microbiana ha cobrado relevancia en la mejora de la productividad de cultivos de fresa, permitiendo un mejor manejo del microbioma del suelo y reduciendo la dependencia de fertilizantes y pesticidas químicos. Estas técnicas están comenzando a implementarse, con estudios enfocados en mejorar el rendimiento de variedades como 'Albion Californiana' en condiciones locales **(Aguilar *et al.*, 2020)**.

En Ecuador, esta variedad fue introducida hace poco más de una década y ha mostrado un excelente desempeño en las condiciones agroecológicas del país, especialmente en la región de la Sierra. La producción anual de fresas en Ecuador ha alcanzado las 5,000 toneladas, con una proporción creciente dedicada a la exportación. Esta variedad se cultiva principalmente en sistemas bajo invernadero, lo que permite un control más eficiente del clima y las plagas, mejorando el rendimiento y la calidad del producto **(Ministerio de Agricultura y Ganadería [MAG], 2023).**

Las principales provincias productoras de fresas en Ecuador son Tungurahua, Pichincha y Cotopaxi, donde el cultivo de fresas ha tenido un impacto económico positivo en las comunidades rurales. Según el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), la provincia de Tungurahua concentra más del 50% de la producción nacional, con rendimientos que pueden llegar hasta 30 toneladas por hectárea en condiciones óptimas. En Pichincha y Cotopaxi, los rendimientos oscilan entre 25 y 28 toneladas por hectárea. Estas provincias han visto un incremento en la producción de fresas gracias a la adopción de técnicas agrícolas mejoradas, como el uso de fertilizantes orgánicos y el manejo integrado de plagas **(INIAP, 2023).**

La adaptabilidad de dicha variedad a diferentes condiciones climáticas y su resistencia a enfermedades comunes han sido clave para su éxito en diversas regiones de Ecuador. Sin embargo, enfrenta desafíos como el cambio climático, la degradación del suelo y la presión por adoptar prácticas agrícolas más sostenibles. En este contexto, la implementación de técnicas como la biofertilización y el uso de microorganismos benéficos ha demostrado ser eficaz para mejorar la salud del suelo y aumentar el rendimiento de los cultivos. Esta variedad tiene un gran potencial exportador, especialmente hacia mercados de Estados Unidos y Europa, donde la demanda de fresas de alta calidad sigue en aumento **(Parra-Coronado *et al.*, 2022).**

1.1.3. Microbiota Vegetal, Rizósfera e Interacciones Microbianas

La microbiota vegetal se refiere a la comunidad de microorganismos, como bacterias, hongos, arqueas y virus, que viven en asociación con las plantas, es decir, residen en las superficies de la planta o en sus órganos o tejidos internos. Esta juega un papel fundamental en la ecología y la salud de las plantas, influyendo en su crecimiento, desarrollo y resistencia a enfermedades **(Chialva *et al.*, 2022)**. La estrecha interacción entre las plantas y su microbiota ha planteado preguntas fundamentales sobre las respuestas de las plantas a estos microorganismos y la identidad de los principales factores que impulsan la estructura, diversidad y función del microbiota en el suelo, rizósfera y en los órganos de las plantas **(Mendes *et al.*, 2019).**

La rizósfera, definida como el entorno enlazante entre la raíz y el suelo de la planta, siendo el hábitat de diversos microorganismos y otros organismos que interactúan entre sí, es esencial para comprender la microbiota vegetal, ya que alberga comunidades microbianas que afectan directamente la salud y el crecimiento de las plantas. **(Pathan *et al.*, 2019)**.

Los microorganismos presentes en ella pueden interactuar tanto sus huéspedes vegetales (huésped-microorganismo) como entre ellos (microorganismo-microorganismo), lo que da lugar a interacciones inter- e intra-reino. Estas interacciones pueden ser negativas sí simbolizan antagonismo, positivas sí representan cooperación, y neutrales sí se encuentran establecidas por comensalismo (**Chepsergon & Moleleki, 2023; Gu *et al.*, 2020)**. El resultado de estas interacciones tiene impactos significativos en la estructura de la población microbiana, la sostenibilidad y productividad de los ecosistemas agrícolas y naturales. Profundizar su estudio es indispensable para fomentar el desarrollo de prácticas agrícolas más sostenibles y eficientes **(Zhou *et al.*, 2020)**.

La diversidad y función de estos microorganismos en la rizósfera desempeñan un papel crucial en la resistencia de las plantas a enfermedades y en la absorción de nutrientes. Por lo tanto, analizar la rizósfera es fundamental para desarrollar prácticas agrícolas sostenibles y mejorar la productividad de los cultivos **(Guney *et al.*, 2023).**

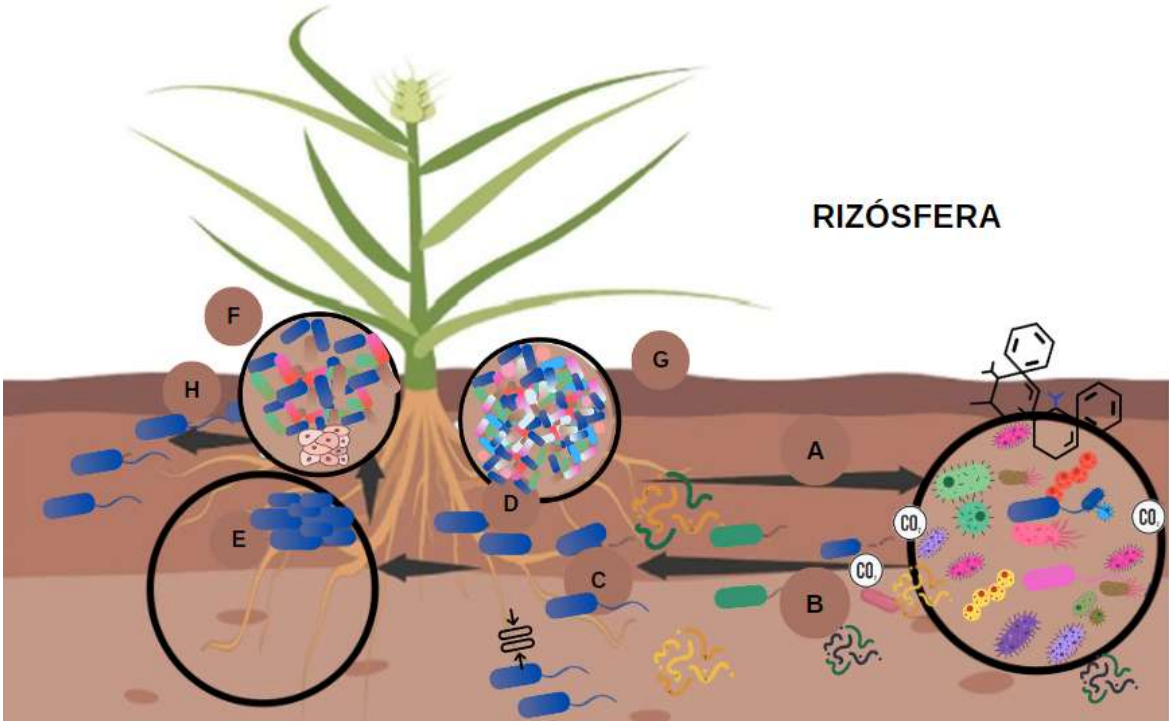


Figura 1. Diversidad microbiana existente en la rizósfera de una planta.

Nota: (A) Las plantas secretan exudados de raíces que actúan como señales químicas para atraer microorganismos específicos presentes en el suelo. **(B)** Diversas especies bacterianas, a través del mecanismo de quimiotaxis, detectan estos exudados y se desplazan hacia las raíces para iniciar el proceso de colonización. (**C)** Una vez que las bacterias alcanzan la superficie de la raíz, se establece una interacción bacteria-planta que puede influir en la fisiología de ambos organismos. **(D)** Las bacterias se adhieren a la superficie de las raíces, iniciando el proceso de colonización. **(E)** Posteriormente, las células bacterianas se dividen, formando microcolonias en la rizósfera. **(F)** Estas microcolonias evolucionan hacia biopelículas maduras, compuestas por matrices extracelulares protectoras. **(G)** Las biopelículas pueden integrar múltiples especies bacterianas, generando interacciones sinérgicas entre las distintas especies microbianas. **(H)** Finalmente, algunas bacterias se dispersan desde estas biopelículas para colonizar nuevas raíces, extendiendo su alcance ecológico en el suelo. Adaptada de **Loera Muro & Caamal Chan (2023)**.

1.1.4. Análisis de Diversidad Microbiana

La diversidad microbiana se centra en la variedad de microorganismos presentes en un ecosistema, estos pueden ser archaeas, bacterias, virus, hongos y protozoos, que son esenciales para diferentes procesos ecológicos, como la descomposición de materia orgánica, el ciclo de nutrientes y la regulación de enfermedades **(Wang *et al.*, 2022)**. Además, juega un papel vital en la salud del suelo, la producción de alimentos y la respuesta de los ecosistemas al cambio ambiental, pues las comunidades microbianas son fundamentales para el soporte de los ecosistémicos globales y la sostenibilidad agrícola, actuando como motores del funcionamiento y la homeostasis de los ecosistemas **(Augelletti *et al.*, 2019)**.

Comúnmente, dentro de un análisis de diversidad microbiana, se evalúan la diversidad alfa y beta para comprender la estructura y dinámica de las comunidades microbianas **(Shade *et al.*, 2022)**. Evaluar ambas diversidades es esencial para comprender cómo factores ambientales y ecológicos influyen en la distribución y función de los microorganismos en diversos ecosistemas. **(Chase *et al.*, 2021)**.

La diversidad alfa, representa el número de especies que coexisten en una unidad espacial dada, reflejando la variedad de organismos que interactúan y contribuyen a la dinámica del ecosistema **(Whittaker, 2020)**. Su medición se realiza a través de diversos métodos, como el conteo de individuos, el muestreo aleatorio o el empleo de índices matemáticos. Entre estos índices, destacan; el de Shannon-Wiener, Chao, y Simpson, que consideran tanto la riqueza de especies como su abundancia (**Gutiérrez-Arvizu *et al.*, 2021)**.

En la rizósfera del cultivo de fresa la diversidad alfa se refiere a la variedad de microorganismos presentes en el suelo que rodea las raíces de la planta. Esta diversidad es crucial porque una mayor riqueza y abundancia de especies microbianas pueden mejorar la salud del suelo, facilitar la asimilación de nutrientes y promover interacciones beneficiosas entre plantas y microorganismos En la rizósfera de la fresa, una alta diversidad alfa puede contribuir a la resistencia a patógenos, mejorar la disponibilidad

de agua y nutrientes, y en general, potenciar el crecimiento y desarrollo de la planta, lo que resulta en una producción más saludable y abundante.

Por otro lado, la diversidad beta, se refiere a la variación en la composición de especies entre diferentes ecosistemas o hábitats dentro de una región. Esta medida es crucial para entender cómo cambian las comunidades microbianas en respuesta a gradientes ambientales o geográficos **(Whittaker, 1972).** Los índices de diversidad beta, como el índice de Bray-Curtis y el índice de Jaccard, permiten cuantificar estas diferencias **(Anderson *et al.*, 2011)**. Puede indicar procesos de dispersión, migración y especiación, proporcionando información sobre la conectividad y la diferenciación entre comunidades (**Gloor *et al.*, 2017).** En estudios de microbiología ambiental, ayuda a identificar factores que influencian la estructura de las comunidades microbianas y a diseñar estrategias de conservación y manejo de la biodiversidad **(Lozupone *et al.*, 2013).**

En los cultivos de fresa, la diversidad beta es significativa porque indica cómo se distribuyen y cambian las comunidades microbianas en función de factores como el tipo de suelo, la gestión agrícola y las prácticas de cultivo. Una alta diversidad beta en la rizósfera puede favorecer la adaptación de las plantas a diferentes condiciones ambientales y mejorar la resiliencia del ecosistema al permitir una mayor capacidad de respuesta frente a estresores, como enfermedades o cambios climáticos.

Las técnicas tradicionales para analizar la diversidad microbiana se han basado principalmente en métodos de cultivo, donde los microorganismos se aíslan y crecen en medios específicos para su identificación y cuantificación. Sin embargo, estos métodos presentan limitaciones significativas, ya que se estima que una gran proporción de microorganismos ambientales no son cultivables en condiciones de laboratorio estándar, lo que lleva a una subestimación de la diversidad microbiana real. Por lo que, se presenta la necesidad de complementar los métodos de cultivo con técnicas moleculares avanzadas para obtener una visión más completa de las comunidades microbianas **(Erijman *et al.*, 2021)**.

Actualmente, los métodos de Secuenciación de Nueva Generación (NGS) son empleados para la elaboración de perfiles de las comunidades microbianas y su dinámica en distintas plantas y compartimentos vegetales. Las plataformas de secuenciación, como Illumina®, PacBio® y Oxford Nanopore®, han experimentado mejoras significativas en protocolos de laboratorio, kits y procesos bioinformáticos para estudios del microbioma vegetal. Facilitando la reducción de costos, tiempo y lo que permite alcanzar alta precisión en la decodificación de la estructura y función de las comunidades microbianas **(Fricker *et al.*, 2019)**. El análisis del microbioma con plataformas NGS se fundamenta en la secuenciación de amplicones dirigidos al gen 16S rRNA, cuyas secuencias se utilizan como marcadores para inferir en la composición del microbioma **(Azaroual *et al.*, 2022; D'Amore *et al.*, 2016).**

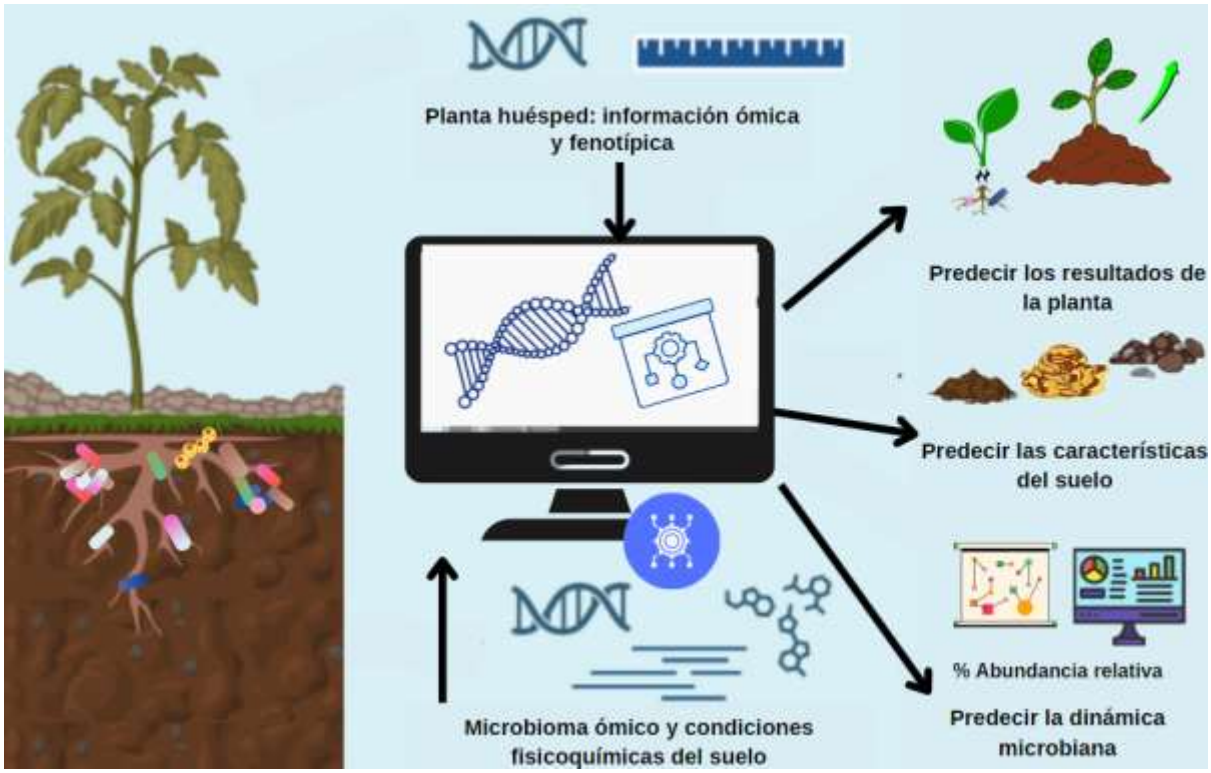


Figura 2. Capacidad predictiva de las tecnologías computacionales asociadAs al microbioma.

Nota: Las tecnologías computacionales de aprendizaje automático con datos multi-ómicos provenientes de plantas y comunidades microbianas permite realizar predicciones sobre características tanto de las plantas como del microbioma en contextos novedosos. Adaptada de **Berruto & Demirer (2024)**.

1.1.5. Secuenciación de Próxima Generación (NGS)

La secuenciación de próxima generación (NGS: del inglés *Next-Generation Sequencing*,) ha revolucionado la genómica al permitir la obtención masiva y rápida de datos de secuencias de ADN. Esta tecnología se basa en la fragmentación del ADN en pequeñas secuencias que se amplifican y secuencian simultáneamente, generando millones de lecturas en paralelo. Este enfoque ha mejorado significativamente la capacidad para analizar genomas completos, transcriptomas y microbiomas, ofreciendo una resolución sin precedentes en estudios genéticos y ecológicos **(Shokralla *et al.*, 2021)**.

Su aplicación, en el análisis de la diversidad microbiana del suelo ha permitido una caracterización más profunda y precisa de las comunidades microbianas presentes en este complejo entorno. A diferencia de las técnicas tradicionales basadas en cultivo, que solo detectan una fracción limitada de microorganismos, permite identificar tanto microorganismos cultivables como no cultivables, proporcionando una visión más completa de la microbiota del suelo. Esta capacidad es esencial para comprender las funciones ecológicas y los roles específicos de los microorganismos en los ciclos biogeoquímicos y la salud del ecosistema **(Franzosa *et al.*, 2022).**

Entre las técnicas más empleadas en NGS para el estudio de la diversidad microbiana del suelo se destaca la secuenciación del gen 16S rRNA. Dicho gen codifica para el ARN ribosomal 16S, una componente esencial de la subunidad pequeña del ribosoma en procariotas. Consta con aproximadamente 1,500 nucleótidos y regiones conservadas, que facilitan el diseño de cebadores universales para su amplificación, y regiones hipervariables (V1-V9), que proporcionan la especificidad necesaria para la identificación de diferentes taxones bacterianos. Su importancia radica en su presencia universal en bacterias, su función esencial y su tasa de evolución lenta, lo que lo convierte en un marcador molecular ideal para estudios filogenéticos y de diversidad microbiana **(Callahan *et al.*, 2022)**.

La amplificación y secuenciación de sus regiones hipervariables facilitan la identificación taxonómica de los microorganismos presentes en una muestra ambiental, siendo una herramienta fundamental en estudios de ecología microbiana **(Bokulich *et al.*, 2021)**. En estudios de diversidad microbiana del suelo, se suelen amplificar y secuenciar una o varias de las regiones hipervariables del gen 16S rRNA, como V3-V4 o V4-V5, debido a su capacidad para discriminar entre diferentes grupos taxonómicos. La elección de las regiones a amplificar depende de la resolución taxonómica deseada y de las limitaciones técnicas de la plataforma de secuenciación utilizada. El análisis de estas secuencias permite estimar la riqueza y diversidad de las comunidades microbianas, así como comparar la composición microbiana entre diferentes muestras o condiciones ambientales **(Quast *et al.*, 2022).**

Una metodología comúnmente utilizada en estos estudios es el metabarcoding del gen 16S rRNA, que implica la amplificación masiva y secuenciación de las regiones hipervariables seleccionadas, seguida de un análisis bioinformático para asignar las secuencias obtenidas a taxones específicos. Este enfoque permite una identificación rápida y eficiente de la composición microbiana en múltiples muestras simultáneamente, facilitando estudios a gran escala sobre la estructura y función de las comunidades microbianas en diversos entornos, incluyendo el suelo **(Liu *et al.*, 2021)**.

1.1.6. Metabarcoding 16S rRNA

El metabarcoding 16S rRNA es un método empleado para el estudio meta-taxonómico de muestras ambientales. Se basa en la amplificación y secuenciación de una o más de las nueve regiones hipervariables (V1 a V9) del gen del ARN ribosomal 16S rRNA **(Silva *et al.*, 2022)**. Este método permite identificar y cuantificar la diversidad de microorganismos presentes en una muestra ambiental comparando las secuencias obtenidas con bases de datos de secuencias conocidas (**Karst *et al.*, 2018**). Es especialmente valioso en estudios de ecología microbiana vegetal, ya que facilita el análisis de grandes volúmenes de datos y proporciona una visión integral de la estructura y composición de las comunidades microbianas sin necesidad de cultivo **(Jovel *et al.*, 2016).**

Su aplicación ofrece una alta resolución y precisión en la detección de patrones de diversidad microbiana en diversos entornos, desde suelos agrícolas hasta ecosistemas acuáticos **(Fadeev *et al.*, 2021; Dueholm *et al*., 2020)**. Al amplificar y secuenciar las regiones hipervariables V3 y V4, es posible obtener un perfil detallado de la variabilidad genética entre diferentes especies y taxones vegetales, lo cual facilita la evaluación de la diversidad alfa y la diversidad beta de la microbiota asociada a la rizósfera **(Riva *et al*., 2022).**

1.1.7. QIIME2

QIIME 2 (del inglés *Quantitative Insights Into Microbial Ecology*) es una plataforma de bioinformática de código abierto diseñada para el análisis y la interpretación de datos ecológicos complejos, particularmente aquellos derivados de secuenciación de alto rendimiento, como la secuenciación de amplicones de genes del ARN ribosómico 16S o la secuenciación metagenómica. Esta plataforma permite realizar análisis taxonómicos en estudios microbiológicos. Su enfoque modular y su capacidad para gestionar datos complejos lo convierten en una opción popular entre investigadores en microbiología y ecología microbiana **(Douglas *et al*., 2020)**.

1.1.8. EzBioCloud

EzBioCloud es una plataforma de bioinformática que proporciona herramientas y recursos para el análisis y la identificación de microorganismos. La plataforma utiliza técnicas de aprendizaje automático y algoritmos de análisis de secuencias de ADN para ayudar a los investigadores a identificar y clasificar microorganismos de manera precisa y eficiente. EzBioCloud es especialmente útil para el análisis de secuencias de ADN de microorganismos, como bacterias, hongos y virus **(EzBioCloud, 2018)**. Esta plataforma tiene la capacidad para acelerar el proceso de identificación y clasificación de microorganismos, lo que puede tener un impacto significativo en campos como la medicina, la agricultura y la biotecnología.

1.1.9. Predicción de los Perfiles Metabólicos de las Comunidades Microbianas

Los perfiles metabólicos se refieren a la colección de capacidades metabólicas de una comunidad microbiana, incluyendo las rutas y procesos bioquímicos que se pueden llevar a cabo. Su predicción en la rizósfera es de gran importancia, ya que permite entender cómo estas comunidades contribuyen a la salud y productividad de las plantas. Conocer estos perfiles puede ayudar a identificar microorganismos beneficiosos que promuevan el crecimiento vegetal, mejoren la absorción de nutrientes y protejan contra enfermedades (**Langille *et al*., 2013; Haggerty & Dinsdale, 2017).**

La meta-taxonomía es una herramienta poderosa para la predicción de los perfiles metabólicos de las comunidades microbianas en la rizósfera. Emplea plataformas como Illumina, PacBio y Oxford Nanopore para generar datos de secuencias, que luego son analizados mediante herramientas bioinformáticas para predecir rutas metabólicas y funciones de la comunidad microbiana. **(Ranjan *et al.*, 2016).**

Se puede complementar el metabarcoding 16S rRNA con el análisis PICRUSt2 (Investigación Filogenética de Comunidades mediante la Reconstrucción de Estados No Observados) para un análisis profundo de rutas metabólicas en comunidades de microorganismos. Mientras que el metabarcoding 16S rRNA proporciona una visión detallada de la diversidad taxonómica, PICRUSt2 utiliza esta información para predecir las funciones metabólicas de las comunidades microbianas basándose en las relaciones filogenéticas. Esta combinación permite superar las limitaciones del metabarcoding 16S rRNA, proporcionando una comprensión más completa de las capacidades funcionales de los microorganismos en la rizósfera **(Langille *et al*., 2013).**

1.2. Objetivos

1.2.1. Objetivo General

Aplicar técnicas de meta-taxonomía 16S rRNA para el análisis de la rizósfera de cultivos de Fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT).

1.2.2. Objetivos Específicos

- Describir la diversidad y abundancia de la microbiota asociada a la rizósfera de fresa (*F. x ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos selectos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT).

- Predecir los perfiles metabólicos de las comunidades bacterianas presentes en la rizósfera de fresa (*F. x ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos selectos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT).

CAPÍTULO II. -METODOLOGÍA

2.1. Materiales

Este trabajo de titulación fue de tipo experimental y se ejecutó en los laboratorios de investigación la Unidad Operativa de la Dirección de Investigación y Desarrollo (UODIDE) de la Universidad Técnica de Ambato. En la Tabla 1, se presentan los materiales, reactivos y equipos de laboratorio que se utilizaron durante la investigación.

Tabla 1

Materiales, reactivos y equipos de laboratorio a emplear.

MATERIALES	CANTIDAD
Eppendorfs de 1.5 mL	15
Filtros de membrana de 0.45 µm	6
Espátula	1
Caja Petri vidrio	2
Pipetas 10 ml	2
Pera de succión	1
Gradilla	2
Juego de micropipetas	1
Puntas para micropipetas	1 de cada tipo
Tubos falcon 50 mL	12
Botellas boeco de 100 mL	2
Botellas boeco de 500 mL	2
Parafilm	20 cm
Pinzas metálicas	2
REACTIVOS	**CANTIDAD**
Fosfato disódico anhidro	6 g
Cloruro de potasio	0.8 g
Cloruro de sódico	32 g

Fosfato dipotásico	0.98 g
BHI	7.5 g
Agua destilada	10 L
Etanol 96%	750 mL
Etanol 70%	1L

EQUIPOS	**CANTIDAD**
Autoclave	1
Balanza analítica	1
Estufa bacteriológica	1
Microondas	1
Incubadora bacteriológica	1
Mechero Bunsen	1
pH-metro	1
Nevera (4°C)	1
Congelador (-20°C)	1
Cabina de flujo laminar Bioseguridad 2	1
Microcentrífuga	1
Vórtex	1
Kitasato	1
Juego de micropipetas	1

INSUMOS Y MATERIALES DE ESCRITORIO	**CANTIDAD**
Cofias	2
Mascarillas	1 cajas x 50 unidades
Guantes	1 cajas x 50 unidades
Fundas ziploc (20 x 16 cm)	3 cajas x 25 unidades
Cinta testigo de esterilización	1/8 rollo
Cinta de adhesiva	1 rollo
Cinta para etiquetar	1 rollo
Papel craft	1 rollo
Papel aluminio	1 rollo
Papel industrial	1 rollo
Tijera	1
Rotulador doble punta	2

Jabón líquido para platos	1 litro
Alcohol antiséptico	1 litro
Jabón líquido	1/2 litro
Cloro	1 litro
Fósforos	1 caja
Computadora	2
Esferos	2 unidades
Cuaderno cosido	2 unidades

SERVICIOS	**CANTIDAD**
Secuenciación NGS Metagenómica Amplicon	12
Extracción de DNA muestras de suelos	12
Envío de las muestras para la secuenciación	1

Nota: Todos los equipos fueron proporcionados por el Laboratorio de investigación de la Unidad Operativa de la Dirección de Investigación y Desarrollo (UODIDE) a cargo del Dr. William Calero, con excepción del servicio de secuenciación y extracción de DNA, el cual fue ejecutado en la empresa Biosequence. **Fuente:** Elaboración propia.

2.2. Métodos

2.2.1. Describir la diversidad y abundancia de la microbiota asociada a la rizósfera de fresa (*F. x ananassa* 'Albión Californiana')

2.2.1.1. Muestreo de la rizósfera de cultivos de fresa (F. x ananassa 'Albión Californiana')

Mediante un estudio geográfico de la provincia de Tungurahua, se seleccionaron seis puntos de muestreo pertenecientes a la Asociación de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT), ubicados en Cevallos, Santa Rosa, Huachi La Libertad y Chiquicha, los cuales se caracterizan por ser zonas de mayor producción de *F.* × *ananassa* 'Albión Californiana' (**Tabla 1**). Posteriormente, se realizó un muestreo aleatorio simple, considerando la extensión del terreno, el número de plantas, la

edad de los cultivos de dicha variedad y el estado del cultivo, evaluado según sus propiedades físicas y químicas (pH, tipo de suelo y composición de las camas).

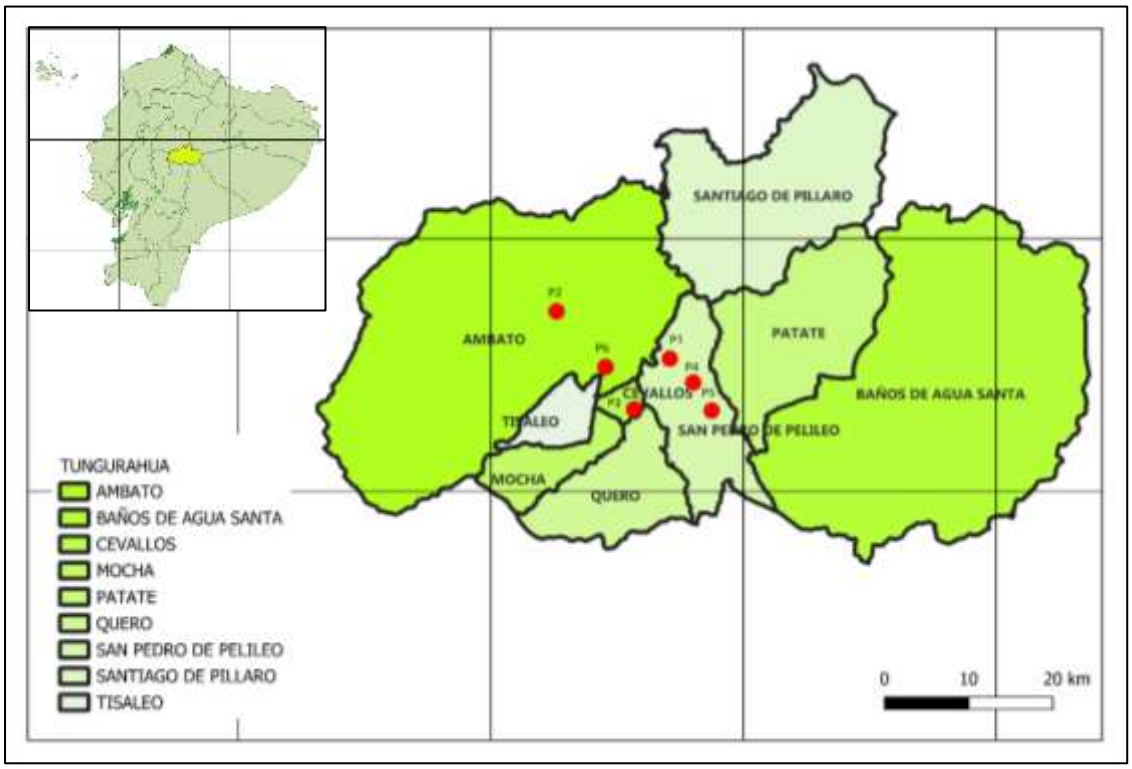


Figura 3. Ubicación geográfica de los puntos de recolección de muestras de rizósfera de cultivos *F.* x *ananassa* 'Albión Californiana'.

Nota: En el mapa geográfico de Tungurahua se presentan los seis puntos en donde se llevó a cabo el muestreo de rizósfera de fresa ubicados en las parroquias de Nitón (P1), San Pablo y Angahuana (P2), La Florida (P3), Yacupamba (P4), Chiquicha Chico (P5), y Huachi La Libertad (P6). **Fuente:** Elaboración propia.

En cada punto geográfico mencionado, se recolectaron 20 muestras de la rizósfera de cultivos de *F* × *ananassa* 'Albión Californiana' para formar dos muestras compuestas por punto de muestreo, obteniendo un total de 12 muestras compuestas de rizósfera. Para ello, las raíces de los cultivos se extrajeron con una pala y se guardaron en fundas ziploc junto con la tierra adherida a las raíces (rizósfera). Además, en otra funda se recolectaron aproximadamente 2 kilos de tierra cercana a la rizósfera para análisis fisicoquímicos (**Ramírez *et al.*, 2023**). La profundidad considerada para el excavado fue de 0 a 20 cm para cada muestra (**Martínez *et al.*, 2020**).

Tabla 2

Información sobre los puntos de muestreo.

Puntos de muestreo	Codificación de muestras compuestas	Ubicación	Provincia	Coordenadas geográficas
Punto 1	F1 / F7	Nitón	Tungurahua	1°14'59.9"S 78°32'59.4"W
Punto 2	F2 / F8	San Pablo y Angahuana	Tungurahua	1°18'08.7"S 78°40'58.3"W
Punto 3	F3 / F9	La Florida	Tungurahua	1°21'55.3"S 78°36'59.7"W
Punto 4	F4 / F10	Yacupamba	Tungurahua	1°18'23.3"S 78°32'28.4"W
Punto 5	F5 / F11	Chiquicha Chico	Tungurahua	1°16'44.7"S 78°32'16.6"W
Punto 6	F6 / F12	Huachi La Libertad	Tungurahua	1°19'08.4"S 78°39'36.0"W

Fuente: Elaboración propia.

2.2.1.2. Aleatorización de muestras

Para la recolección de las muestras, se empleó un proceso de aleatorización en el que se consideraron 6 puntos de muestreo, mencionados en la **Tabla 1**. La selección de una muestra aleatoria garantiza que la muestra compuesta obtenida tenga una mayor diversidad representativa (**Millard & Murray, 2015**). Antes del muestreo, se colocaron 10 puntos cuadrantes al azar de 5 x 5 m, y se seleccionó una muestra en el punto medio de cada cuadrante, que posteriormente fue recolectada (**Umut *et al.*, 2019**).

2.2.1.3. Obtención de la biomasa de la rizósfera

Las muestras obtenidas se llevaron al laboratorio de microbiología de la Universidad Técnica de Ambato para obtener la biomasa de la rizósfera de cultivos de *F.* × *ananassa* 'Albión Californiana', en base a la metodología de **Zhang *et al.*, 2023**. Para ello, se homogeneizaron las muestras de rizósfera con 45 mL de tampón fosfato en un tubo Falcon. Cada tubo se agitó rigurosamente para desprender la rizósfera adherida a las raíces, y luego se filtró cada muestra con ayuda de un Kitasato y filtros de 0.45 µm (**Petersen, 1998**). El sedimento obtenido en cada muestra se colocó en un tubo Falcon con 2 mL de medio BHI y se homogeneizó cuidadosamente en el vórtex (**Laboratoires Humeau, 2017**). Posteriormente, se retiró el filtro de cada tubo para extraer 1 mL de la muestra de rizósfera, que fue colocada en un tubo Eppendorf. Los tubos Eppendorf se centrifugaron a 10,000 rpm durante 5 minutos, y posteriormente se extrajo el sobrenadante. El pellet obtenido de cada muestra se almacenó a -20°C para su posterior análisis (**Yahya *et al.*, 2021**).



Figura 4. Procesamiento de muestras.

Nota: Elaboración propia.

2.2.1.4. Extracción de DNA ambiental de la rizósfera de cultivos de fresa

La extracción de DNA ambiental (eDNA) de las muestras de rizósfera se llevó a cabo utilizando el Kit ZymoBIOMICS DNA, un sistema basado en columnas optimizado para eliminar contaminantes e inhibidores presentes en muestras complejas como el suelo. Este protocolo aseguró la integridad del DNA extraído y fue ejecutado por la empresa Biosequence S.A.S., cumpliendo con los estándares de calidad establecidos por el fabricante. Esta metodología es ampliamente reconocida en estudios microbiológicos por su eficiencia en obtener DNA de alta pureza para análisis genéticos posteriores **(Zymo Research, 2022; Turner *et al*., 2022).**

2.2.1.5. Amplificación y Secuenciación del Gen 16S rRNA

La empresa Biosequence S.A.S. llevó a cabo la amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA utilizando tecnología de secuenciación de próxima generación (NGS) en el sistema MiSeq de Illumina. Este procedimiento se centró en las regiones hipervariables V3 y V4 del gen 16S rRNA, conocidas por proporcionar una alta resolución taxonómica. Se emplearon primers específicos: 341F (CCTACGGGNGGCWGCAG) y 805R (GACGACTACHVGGGTATCTAATCC), siguiendo el protocolo estándar para la preparación de bibliotecas y la multiplexación. La profundidad de secuenciación fue de 20,000X, generando lecturas de 2 x 250 pb para maximizar la precisión de los datos obtenidos. Este enfoque es fundamental para la caracterización detallada de las comunidades microbianas en ambientes complejos como la rizósfera **(Illumina, 2023; Schloss *et al*., 2020; D'Hondt *et al*., 2021).**

2.2.1.6. Análisis bioinformático

Con el propósito de alinear y procesar las secuencias obtenidas, se utilizó el método descrito por **Chappidi *et al.*, 2019**. Para ello, se empleó QIIME 2, una plataforma bioinformática de próxima generación para el análisis de microbiomas (versión gratuita). En esta plataforma se generaron contigs (conjuntos de segmentos de secuencias de DNA con superposición que indican una región genómica específica), se realizaron filtrados posteriores, alineaciones con referencias y la eliminación de las

secuencias quiméricas, con el objetivo de eliminar secuencias de mala calidad y optimizar el análisis de las secuencias similares.

Por otro lado, las secuencias limpias obtenidas del análisis preliminar fueron procesadas en la plataforma EzBiocloud, donde se cargaron los datos en formato FASTA y se generaron lecturas asignadas a OTUs, las cuales representaron unidades de taxonomía a nivel de géneros y especies. Posteriormente, se realizó la normalización de las lecturas hasta el punto de saturación, que fue de 20,629 lecturas, con el fin de realizar una comparación a una misma profundidad, permitiendo estimar la diversidad microbiana sin la presencia de sesgos. Los datos de NGS se procesaron mediante el flujo de trabajo de MTP (Perfiles taxonómicos del microbioma basados en 16S de EzBioCloud) y se convirtieron en una unidad de datos denominada MTP. De esta manera, cada punto geográfico muestreado fue representado por un MTP, obteniendo un total de 12, dado que cada punto contó con una réplica biológica.

2.2.1.7. Comparación y evaluación de la composición microbiana

Para el análisis de la composición microbiana, se agruparon los 12 MTP formados con el propósito de realizar comparaciones taxonómicas de cada localidad muestreada. La evaluación de la diversidad alfa se llevó a cabo utilizando el índice de Chao1 (integrado en EzBioCloud), basado en la riqueza, el número de especies diferentes y la distribución uniforme de las especies en las lecturas asignadas a cada OTU de las seis localidades muestreadas (**Wei *et al.*, 2021**). En consecuencia, se elaboraron tablas que indicaron la abundancia relativa a nivel de los taxones según los valores de las lecturas obtenidas en rangos específicos y se crearon mapas de calor (heatmaps) (**Chappidi *et al.*, 2019**).

Asimismo, para el análisis de la diversidad beta, se realizó un análisis de varianza multivariado permutacional (PERMANOVA) con el objetivo de determinar la influencia de los factores del suelo, tales como el pH, la conductividad eléctrica, la materia orgánica y la concentración de nitrógeno molecular, en la distribución del genotipo de *F.* × *ananassa* 'Albión Californiana' (**Zhang *et al.*, 2023**). Posteriormente, se llevaron a cabo comparaciones entre las comunidades microbianas de las muestras, considerando los diferentes puntos de muestreo y las condiciones ambientales, para identificar las

diferencias funcionales (**Yang *et al.*, 2022**). Dichas comparaciones se representaron en un diagrama de Análisis de Coordenadas Principales (PCoA).

2.2.2. Predecir los perfiles metabólicos de las comunidades bacterianas presentes en la rizósfera de fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana')

2.2.2.1. Predicción de perfiles metabólicos

Se empleó la herramienta PICRUSt2 (Investigación Filogenética de Comunidades Mediante la Reconstrucción de Estados No Observados), incorporada en QIIME 2, junto con la base de datos de la Enciclopedia de Kyoto de Genes y Genomas (KEGG), para predecir los perfiles funcionales de las muestras de rizósfera de *F.* × *ananassa* 'Albión California' a partir de conjuntos de datos de amplicones 16S rRNA previamente normalizados (**Alsharif *et al.*, 2024**). Se generaron mapas de calor que visualizaron la distribución de biomarcadores funcionales utilizando herramientas de R, y posteriormente se construyó un árbol filogenético considerando las variantes de secuencias de amplicones de 16S rRNA que cumplían con los criterios de proximidad filogenética a taxones de referencia incluidos en KEGG (**Oyewusi *et al.*, 2020**).

CAPÍTULO III.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Análisis y discusión de resultados

3.1.1. Descripción de la diversidad y abundancia de la microbiota asociada a la rizósfera de fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos selectos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT).

El análisis de los datos generados sobre los MTPs realizado mediante la plataforma bioinformática EzBiocloud, permitió inferir la diversidad microbiana y la confiabilidad del muestreo en las diferentes ubicaciones señaladas en la **Tabla 3**, misma que indica que la cantidad de lecturas de las OTUs varió notablemente entre sitios, con el rango más bajo en Yacupamba (1,060 OTUs en F4) y el más alto en La Florida (4,020 OTUs en F9). Esta variabilidad puede estar influenciada por diferencias en las condiciones ambientales del suelo, prácticas agrícolas, y otros factores ecológicos que afectan la biodiversidad microbiana en la rizósfera de los cultivos de *F. x ananassa* 'Albión Californiana'.

Además, gracias a la evaluación del nivel de cobertura alcanzado (Good´s coverage) obtenido se constató que, todas las muestras presentan valores de cobertura superiores al 92%, con un máximo de 98.44% en Yacupamba (F4) y un mínimo de 92.85% en La Florida (F9).

Tabla 3

Especificaciones de las muestras analizadas.

ID	Codificación de las muestras	Ubicación	OTUs	*Good´s coverage*
FR24031900S0024	F12	Huachi la Libertad (R2)	1,450	97,00%

ID	Codificación de las muestras	Ubicación	OTUs	*Good´s coverage*
FR24031900S0023	F11	Chiquicha Chico (R2)	2,464	95,37%
FR24031900S0022	F10	Yacupamba (R2)	1,506	97,04%
FR24031900S0021	F9	La Florida (R2)	4,020	92,85%
FR24031900S0019	F8	San Pablo y Angahuana (R2)	1,400	97,15%
FR24031900S0009	F7	Nitón (R2)	1,651	96,74%
FR24031900S0006	F6	Huachi la Libertad (R1)	2,856	94,57%
FR24031900S0005	F5	Chiquicha chico (R1)	3,332	94,22%
FR24031900S0004	F4	Yacupamba (R1)	1,060	98.44%
FR24031900S0003	F3	La Florida (R1)	2,736	96.27%
FR24031900S0002	F2	San Pablo y Angahuana (R1)	1,715	96.53%
FR24031900S0001	F1	Nitón (R1)	1,877	96.23%

Nota: La tabla presenta los resultados detallados de las muestras de rizósfera de *F. x ananassa* 'Albión Californiana' recolectadas en seis localidades de Tungurahua, Ecuador. La columna ID identifica cada muestra de manera única. La codificación de las muestras corresponde a los códigos asignados a las muestras compuestas recolectadas en cada sitio R1 y R2 refieren al número de muestra biológica tomada en cada una de las seis localidades muestreadas. La columna OTUs muestra la cantidad lecturas de Unidades Taxonómicas Operacionales obtenidas mediante el análisis de secuenciación del gen 16S rRNA, las cuales reflejan la riqueza microbiana en cada muestra. Finalmente, la columna Good's coverage indica el nivel de cobertura alcanzado en el análisis de secuencias, con valores que oscilan entre el 92,85% y el 98,44%, lo que demuestra la exhaustividad del muestreo y la representatividad de las comunidades microbianas en cada sitio. **Fuente:** Elaboración propia.

La diversidad microbiana en la rizósfera de *F. x ananassa* 'Albión Californiana', evaluada mediante la plataforma bioinformática EZBiocloud, reveló una variabilidad significativa en el número de lecturas de las OTUs entre las seis localidades de Tungurahua analizadas. La mayor riqueza se observó en La Florida, con un máximo de 4,020 lecturas en la muestra F9, mientras que Yacupamba mostró una riqueza considerablemente menor con 1,060 lecturas en la muestra F4. Estudios previos han demostrado que factores como las condiciones físicas y químicas del suelo, el tipo de manejo agrícola y la

exposición a microorganismos externos pueden influir en la composición microbiana en la rizósfera (**Hartman *et al.*, 2018).** La variabilidad en la riqueza de las lecturas sugiere una diferencia en la complejidad microbiana entre localidades, lo cual podría estar vinculado a la diversidad funcional y la resiliencia del suelo en respuesta a factores ambientales **(Liu *et al*., 2020).**

Además, la cobertura de Good's (Good´s coverage) fue evaluada para garantizar la exhaustividad del muestreo y secuenciación, obteniendo valores de cobertura superiores al 92% en todas las muestras. Este rango de cobertura, con un máximo de 98.44% en Yacupamba (F4) y un mínimo de 92.85% en La Florida (F9), asegura que la mayoría de las especies microbianas presentes en las muestras fueron capturadas en el análisis, lo que refuerza la confiabilidad de los resultados obtenidos y la representatividad de los microorganismos presentes en estos suelos rizosféricos **(Wang *et al.*, 2019).** La alta cobertura observada en estas muestras fue esencial para minimizar el sesgo en la interpretación de la diversidad microbiana y facilitar un análisis robusto en estudios de ecología microbiana en suelos agrícolas, pues estudios han indicado que una cobertura superior al 90% es idónea para lograr resultados confiables en investigaciones de microbiota **(Zhou *et al.*, 2020).**

Viver *et al.* (2024) mencionan que la normalización garantiza que en cada muestra se refleje las diferencias reales de la diversidad microbiana y que con ello se pueda obtener conclusiones válidas sobre patrones clave que forman parte de la estructura de las comunidades microbianas presentes. Tal como se lo realizó en este estudio obteniendo una normalización con un punto saturación de 20,629 reads **(ver Figura 5)**.

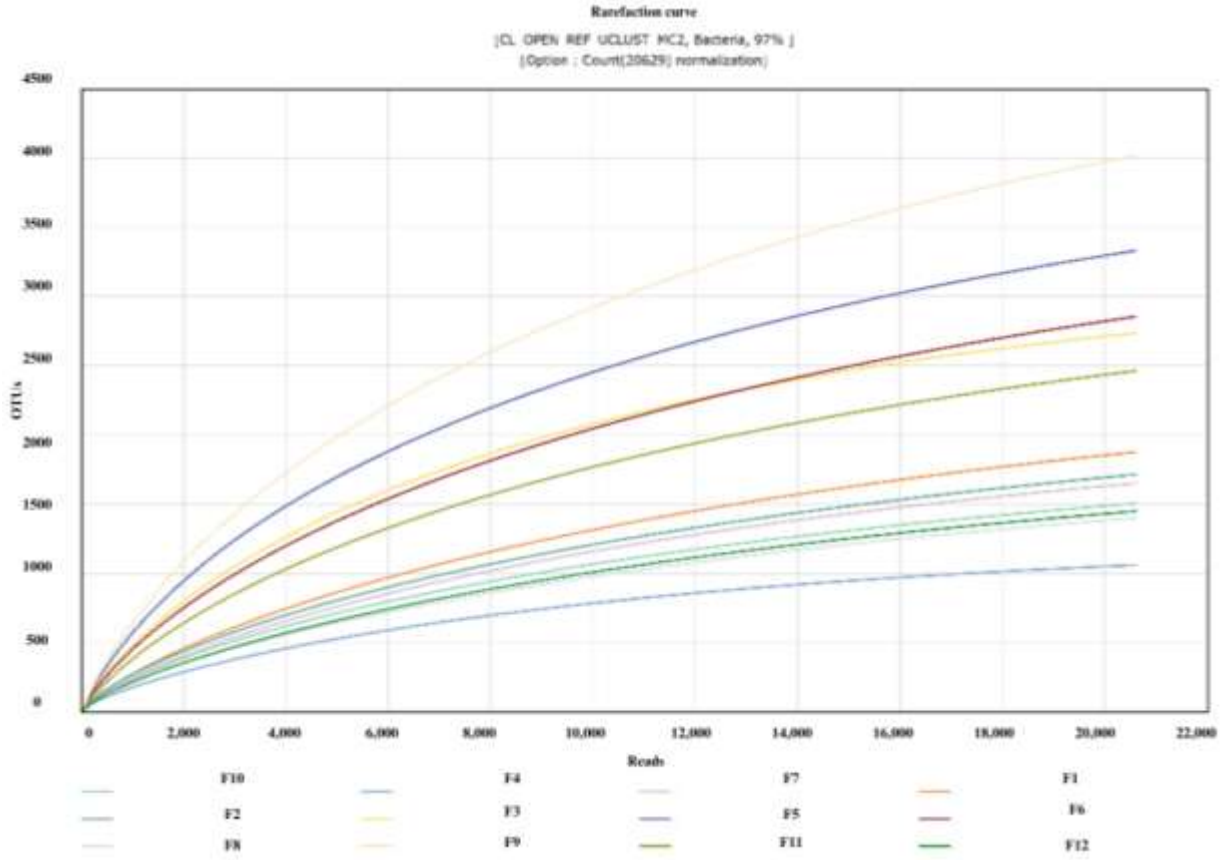


Figura 5. Curva de rarefacción.

Nota: Se indica la diversidad encontrada de cada muestra en base a la profundidad de la secuenciación. El eje X representa el número de lecturas (reads) secuenciadas, mientras que el eje Y indica el número acumulativo de las lecturas de las observadas. El valor de corte para la normalización fue de 20,629 lecturas, correspondiente al punto de saturación, donde se alcanza una representación adecuada de la diversidad microbiana sin incluir datos redundantes o insuficientes.

A través del gráfico de cajas (**ver figura 6)** se indica el Índice de Chao1, en el que se muestran los valores de diversidad en seis localidades muestreadas. De modo que, Huachi La Libertad y Chiquicha chico presentaron una alta riqueza de especies, con valores de Chao1 alrededor de 3,000 a 4,000 observaciones. Estas localidades tuvieron una dispersión moderada, lo que indica cierta variabilidad en la riqueza de especies entre las muestras de la misma localidad.

Yacupamba mostró una riqueza de especies considerablemente menor en comparación con las otras localidades, con valores de Chao1 que rondan los 1,500; lo que sugiere una comunidad microbiana menos diversa. La Florida exhibió los valores más altos de diversidad con un valor de Chao1 cercano a 5,000. La amplia dispersión sugiere que existen grandes variaciones en la diversidad microbiana entre las muestras recolectadas en esta localidad.

San Pablo y Angahuana y Nitón presentaron los valores más bajos de Chao1 en términos de diversidad, con medianas por debajo de los 2,500. Estas localidades parecen tener comunidades microbianas con una menor riqueza de especies en comparación con las otras.

Los valores de *p* proporcionados en la parte superior del gráfico indican la prueba de suma de rangos de Wilcoxon que se utilizó para comparar las localidades en términos de riqueza de especies. En todas las comparaciones, los valores de *p* son mayores a 0.05, lo que significa que no hay diferencias estadísticamente significativas en la riqueza de especies entre las localidades. El valor no significativo "N.S." ($p = 0.121$) que se muestra en la mayoría de las comparaciones indica que las diferencias observadas entre las localidades podrían deberse a la variabilidad natural y no a factores específicos que afecten de manera significativa la diversidad microbiana.

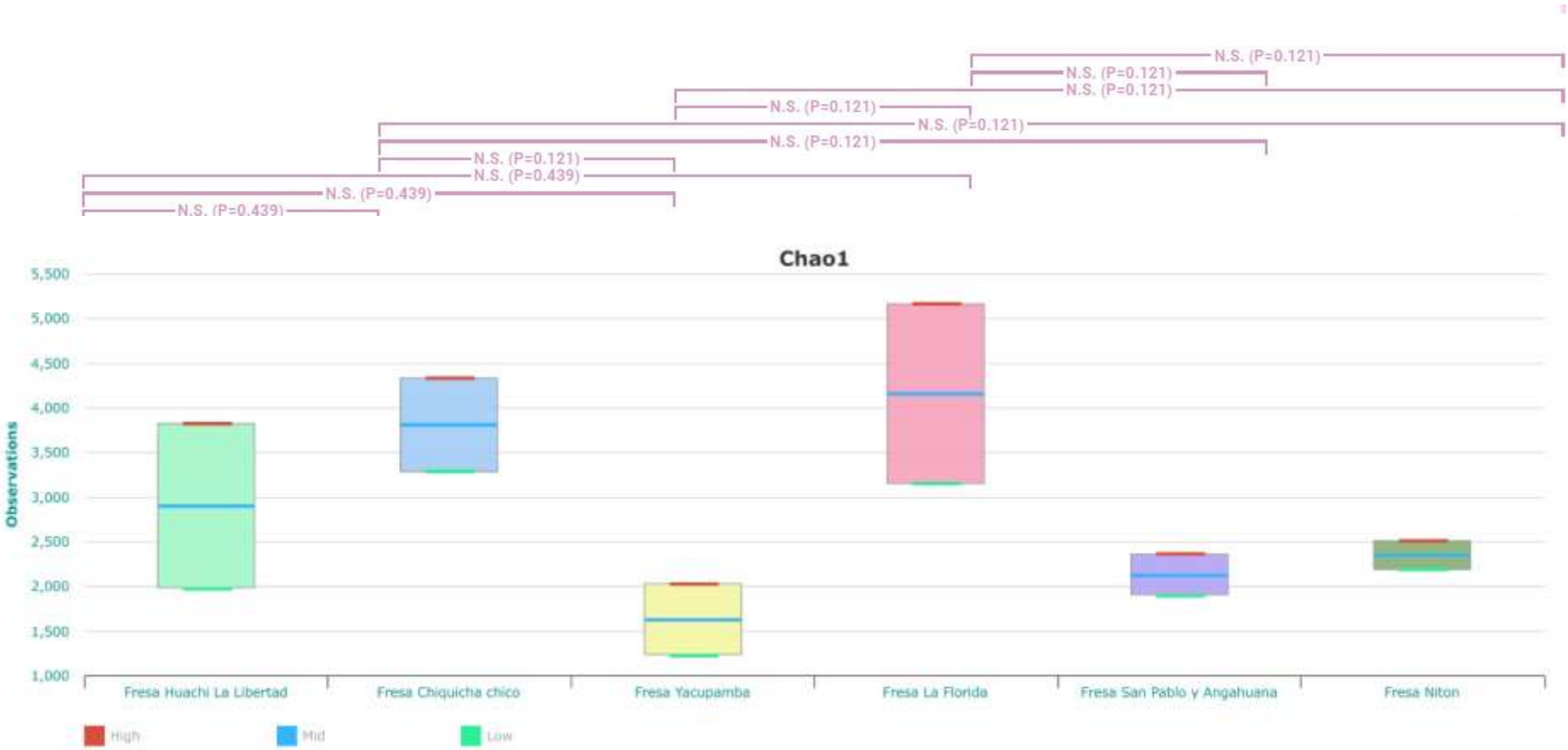


Figura 6. Gráfico de cajas - Índice de Diversidad Alfa Chao1.

Nota: El gráfico de cajas muestra la distribución de los valores del Índice de Chao1, que representa la riqueza de especies estimada en cada localidad. Cada caja refleja el rango intercuartil (25%-75%) de los datos, y la línea en el centro de cada caja indica la mediana de los valores. Los bigotes se extienden para mostrar el rango total de los datos, excluyendo valores atípicos. Los valores de p indican que no hubo diferencias estadísticamente significativas en la riqueza de especies entre las localidades.

El análisis del Índice de Chao1 en las seis localidades **(ver Figura 6 y Anexo 2)** muestra variaciones importantes en la riqueza de especies microbianas del suelo. Estas diferencias en la diversidad microbiana podrían estar influenciadas por varios factores, como las características físico-químicas del suelo, las prácticas de manejo agrícola, y las condiciones climáticas locales. La diversidad microbiana del suelo es fundamental para el mantenimiento de la salud del ecosistema agrícola, ya que los microorganismos desempeñan funciones clave en los ciclos biogeoquímicos, la mineralización de nutrientes y la resistencia del suelo frente a patógenos

Localidades como Chiquicha chico (Chao1 = 4,333.18) y La Florida (Chao1 = 5,163.43) presentaron la mayor riqueza de especies. Estos altos valores sugieren que los suelos de estas localidades cuentan con una microbiota más diversa, lo que podría estar relacionado con una mayor disponibilidad de nutrientes y una mayor estabilidad del ecosistema del suelo. En suelos con alta diversidad microbiana, los ciclos de nutrientes son más eficientes, lo que se traduce en una mejor disponibilidad de nutrientes esenciales para el cultivo de fresa, como el nitrógeno y el fósforo **(Wu *et al.*, 2022)**. La diversidad microbiana, especialmente de filos como Proteobacteria y Actinobacteria, que son comunes en suelos ricos, puede aumentar la resistencia del sistema a perturbaciones ambientales como sequías o el uso intensivo de pesticidas **(Zeng *et al.*, 2024).**

La dispersión moderada observada en los diagramas de cajas en estas localidades sugiere que, si bien existe una alta riqueza de especies, la comunidad microbiana es relativamente homogénea entre las muestras recolectadas. Esta homogeneidad puede ser un indicador de prácticas agrícolas

sostenibles que promueven un equilibrio ecológico en el suelo, lo cual es beneficioso para la productividad agrícola a largo plazo **(Li *et al.*, 2022)**.

Por el contrario, Yacupamba (Chao1 = 1,232.93) y Nitón (Chao1 = 2,192.96) presentaron los valores más bajos de riqueza de especies. La baja diversidad microbiana en estas áreas puede estar asociada con prácticas agrícolas más intensivas o condiciones del suelo menos favorables **(Sun *et al.*, 2018)**. Como es el caso de Yacupamba que presentó un pH ácido (5.45-5.73 en F4 y F10) y Nitón con un menor porcentaje de materia orgánica de 4.66 % en F1 (**ver Anexo 1**). Los suelos con menor diversidad microbiana tienden a ser menos resilientes ante cambios ambientales o perturbaciones, lo que podría aumentar la vulnerabilidad del cultivo de fresas a enfermedades del suelo o condiciones climáticas adversas **(Wu *et al.*, 2022).**

Es importante destacar que, las diferencias en la diversidad microbiana observadas entre las localidades no fueron estadísticamente significativas, según los valores de *p* obtenidos ($p > 0.05$). Esto sugiere que, aunque algunas localidades presentan diferencias visibles en la riqueza de especies, estas variaciones podrían estar dentro del rango de fluctuaciones naturales esperadas en un entorno agrícola. No obstante, estudios adicionales con un mayor número de muestras y un análisis más profundo de las características fisicoquímicas del suelo podrían revelar diferencias más claras y significativas (**Zeng *et al.*, 2024)**.

La diversidad microbiana es un indicador clave de la salud del suelo, y los resultados obtenidos en este estudio resaltan la importancia de las prácticas de manejo que promuevan una alta diversidad microbiana en los sistemas agrícolas. Localidades como Yacupamba y Nitón, que presentan una menor riqueza de especies, podrían beneficiarse de la implementación de estrategias de manejo sostenible, como la incorporación de abonos orgánicos y la reducción del uso de agroquímicos **(Ren *et al.*, 2020)**. Estas prácticas pueden aumentar la diversidad microbiana y, por lo tanto, mejorar la fertilidad del suelo y la resiliencia del cultivo a largo plazo.

Es así que, localidades con una mayor riqueza de especies, como Chiquicha chico y La Florida, deberían continuar promoviendo prácticas agrícolas que favorezcan la salud del suelo, como la rotación de cultivos y el uso de fertilizantes naturales. La alta diversidad microbiana observada en estas áreas puede ser crucial para mantener la productividad y la sostenibilidad del cultivo de fresas, especialmente en un contexto de cambio climático y aumento de la demanda agrícola **(Zhang *et al*., 2023).**

Por otra parte, el gráfico de análisis de coordenadas principales (PCoA) que se visualiza **(ver figura 7)** utiliza la métrica de disimilitud Jensen-Shannon, aplicada a diferentes muestras de fresa de distintas localidades. Del mismo modo, el porcentaje de los ejes X y Y que es del 58.24% representan la variabilidad total en cuanto a la composición microbiana de cada localidad, mientras que la variabilidad por ubicación la representa solo la coordenada principal del eje X siendo de 38.325%, dando como resultado 7 tipos de agrupaciones de las localidades. Estos dos componentes principales combinados capturan una cantidad considerable de la variación en la disimilitud de las comunidades biológicas entre las muestras, lo que podría indicar que hay diferencias notables entre las comunidades de especies presentes en cada grupo de muestras. El uso de Jensen-Shannon, que toma en cuenta las abundancias de especies y permite la visualización de estas diferencias en la composición de la comunidad microbiana o biológica entre las diferentes localidades de fresa **(Jiao *et al*., 2021)**.

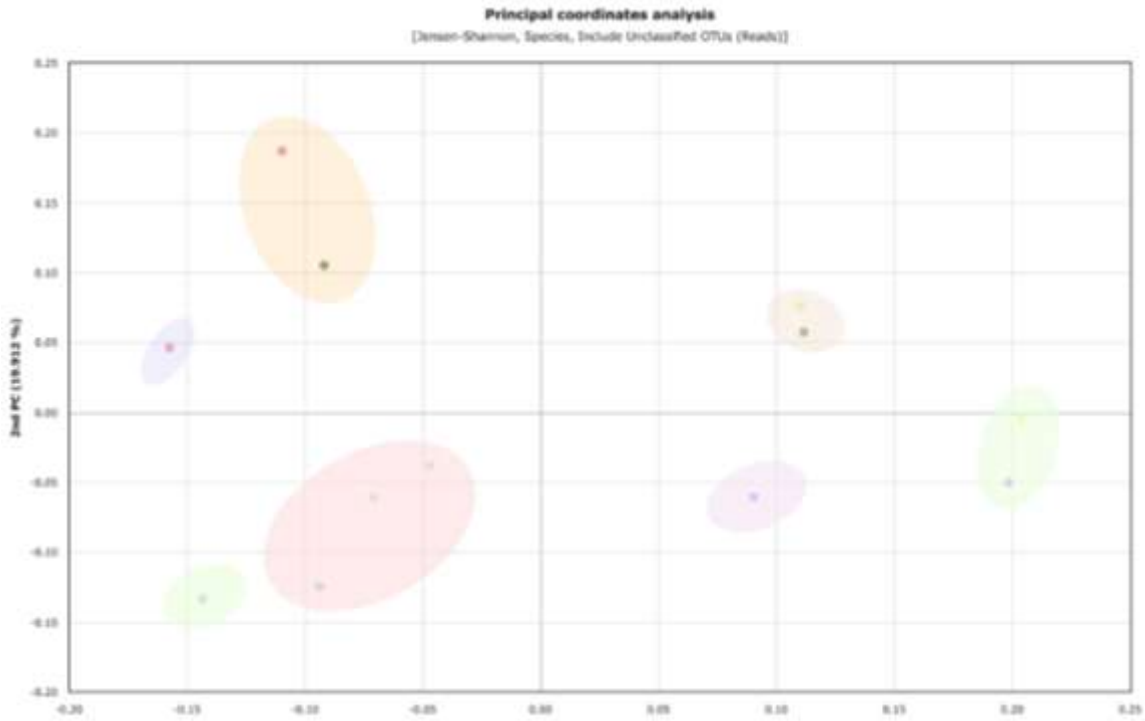




Figura 7. Análisis de Coordenadas principales - Determinación de la variabilidad en base a las coordenadas geográficas.

Nota: En el análisis del diagrama PCoA (Análisis de Coordenadas Principales) basado en el índice de Jensen – Shannon, se representa la distribución de las muestras en los principales ejes y el agrupamiento de las localidades muestreadas tomando en cuenta la información sobre la similitud existente entre la composición de microbiota de la rizósfera de fresa y los factores fisicoquímicos. En la figura se puede observar los grupos separados que contienen características similares entre sí, lo que podría indicar que la variación en las comunidades microbianas está influenciada por los factores fisicoquímicos o por características genéticas propias de cada localidad, lo que hace que las muestras difieran entre sí.

Las elipses coloreadas representan las diferentes localidades donde fueron obtenidas las muestras de fresa. Cada grupo está claramente separado, lo que indica que las comunidades de especies dentro de cada localización de fresa tienen características similares entre sí y son significativamente diferentes de las comunidades de otras localidades. Esto conlleva a que la variación en las comunidades de especies podría estar influenciada por factores ambientales o características genéticas propios de cada lugar, lo que produce una diferenciación entre las muestras **(Van Rossum *et al.*, 2020)**.

Sin embargo, algunas de las elipses, como las correspondientes a Fresa Nitón y Fresa Chiquicha chico, muestran una mayor dispersión interna que otras. Esto podría interpretarse como que existe mayor variabilidad dentro de esas muestras, posiblemente debido a la heterogeneidad en las condiciones ambientales o al manejo de las plantaciones de los cultivos. Otras localidades, como Fresa San Pablo y Angahuana, muestran menor dispersión interna, lo que podría indicar que las comunidades de especies son homogéneas dentro de esas muestras.

El análisis de la abundancia de la microbiota asociada a la rizósfera a nivel de filos bacterianos en los puntos muestreados reveló importantes diferencias en la estructura de las comunidades microbianas del suelo. Los datos, representados tanto en el mapa de calor ilustrado en la **Figura 8** como en los **Anexos 3 y 4**, permiten observar qué filos dominan en cada localidad y cómo varían en función de las condiciones ambientales y prácticas agrícolas locales.

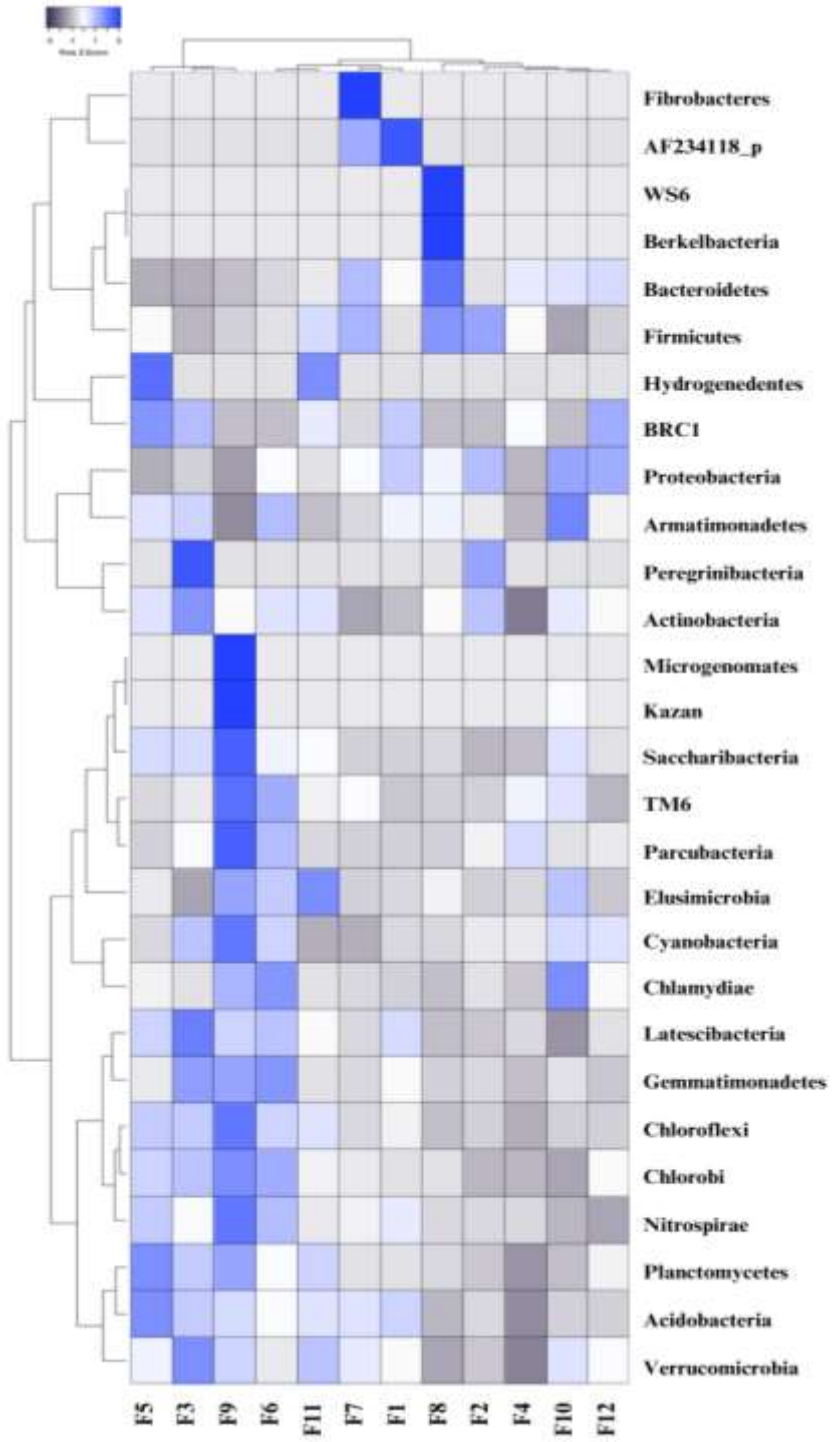


Figura 8. Composición taxonómica abundante a nivel de Filo de *F. x ananassa* 'Albión Californiana' en Tungurahua.

Nota: El heatmap generado mediante el método de agrupamiento completo y el análisis de la distancia de Pearson muestra las diferencias en la abundancia relativa de los filos microbianos entre los diferentes puntos muestreados. El eje Y representa los filos bacterianos, mientras que el eje X los puntos de muestreo. Los colores en el heatmap indican la abundancia relativa de cada

filo en cada muestra, siendo los tonos más oscuros indicativos de una mayor abundancia y los más claros de una menor. Este gráfico facilita la visualización de las variaciones microbianas entre los puntos de muestreo y permite identificar patrones de composición microbiana.

Los resultados indicaron una composición bacteriana diversa **(ver Figura 8 y Anexos 3 y 4)**, Proteobacteria fue el filo más representativo en todas las muestras, con una abundancia relativa que varía entre el 32.58 % en F12 (Huachi la Libertad) y el 52.86 % en F1 (Nitón). Le siguen filos como Actinobacteria (9.44 % - 18.59 %) y Acidobacteria (3.42 % - 18.66 %), que también mostró alta prevalencia en las distintas localidades. Otros filos con abundancia significativa incluyen Bacteroidetes y Firmicutes, mientras que filos como Armatimonadetes, Nitrospirae y Chlorobi exhibieron baja representación, con abundancias inferiores al 0.5 % en la mayoría de las muestras, pero con una presencia notable en puntos específicos como F3 (La Florida), F4 (Yacupamba) y F10 (Yacupamba).

El predominio de ciertos filos varió considerablemente entre las localidades. Por ejemplo, en F3 se observó una mayor representación de Actinobacteria (18.59 %) y Acidobacteria (14.57 %), mientras que en F8, Bacteroidetes alcanzó su mayor abundancia relativa (17.07 %). En contraste, localidades como F9 y F10 presentaron mayor uniformidad entre los filos dominantes. La baja diversidad relativa de algunos filos sugiere que las condiciones ambientales específicas podrían favorecer su proliferación.

Los resultados expuestos revelan variaciones significativas en la composición bacteriana a nivel de filo. Los filos dominantes como Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes son conocidos por sus funciones clave en la biogeoquímica del suelo, tales como la degradación de materia orgánica, la nitrificación y la promoción de la salud del suelo **(Liu *et al.*, 2021)**. Esta abundancia relativa de filos está en línea con lo reportado en otros estudios que analizan la microbiota de la rizósfera de cultivos agrícolas, donde Proteobacteria y Actinobacteria suelen ser prominentes

debido a su capacidad para metabolizar compuestos de carbono complejos y enriquecer el suelo con nutrientes esenciales **(Zhang *et al*., 2020; Hao *et al*., 2019)**. Su amplia distribución puede deberse a su capacidad de adaptación a distintas condiciones ambientales y su interacción benéfica con las raíces de *F. x ananassa*. Por su parte, Acidobacteria, aunque menos estudiadas, están asociadas con la degradación de materia orgánica en suelos ácidos, como lo refleja su mayor abundancia en localidades con pH más bajo, como F10 y F12 (**Philippot *et al.*, 2021; Dai *et al.*, 2022*).***

Los análisis fisicoquímicos (**ver Anexo 1)** indican que el pH del suelo y el contenido de materia orgánica (MO) están correlacionados con la composición microbiana. Por ejemplo, en F10, con un pH de 5.45 y un contenido de MO de 5.86 %, predominan Acidobacteria y Actinobacteria. En contraste, F7, con un pH de 7.42 y una MO de 11.32 %, muestra mayor abundancia de Proteobacteria y Bacteroidetes. Esto sugiere que estas variables pueden modular la composición y abundancia de los filos bacterianos en la rizósfera (**Philippot *et al.*, 2021; Zhalnina *et al.*, 2021**). Estudios han demostrado que suelos con pH neutro a alcalino favorecen la diversidad microbiana, mientras que suelos más ácidos tienden a ser dominados por filos específicos como Acidobacteria (**Zhalnina *et al.*, 2021; Berendsen *et al.*, 2020**). La MO, al actuar como fuente de carbono, también podría explicar la mayor abundancia de filos como Bacteroidetes en localidades como F8.

La distribución geográfica observada en este estudio, con puntos como F1 (Nitón) y F12 (Huachi La Libertad) mostrando mayor abundancia de Proteobacteria, podría estar vinculada a las condiciones ambientales de esos sitios, que presentan pH más neutro y mayor concentración de materia orgánica, factores que favorecen la actividad microbiana **(Cavigelli *et al*., 2020).** Sin embargo, la presencia destacada de Bacteroidetes en sitios como F9 (La Florida) y F5 (Chiquicha Chico) sugiere que la variabilidad en la composición de la microbiota podría ser influenciada no solo por las condiciones fisicoquímicas del suelo, sino también por factores edáficos específicos, como la textura del suelo o la presencia de ciertos tipos de sustratos vegetales **(Hernandez *et al.*, 2020)**.

Además, los resultados obtenidos a través del análisis de diversidad alfa y beta en la plataforma EzBiocloud, combinados con el índice de Chao1 y el análisis de coordenadas principales (PCoA), sugieren que la composición microbiana varía significativamente entre las localidades muestreadas, lo que está en línea con estudios previos que demuestran la influencia de las condiciones ambientales sobre las comunidades microbianas de la rizósfera **(Martínez *et al.*, 2020; Wang *et al.*, 2021).**

La diversidad observada en los filos Firmicutes, Chloroflexi, y Nitrospirae puede reflejar la diversidad funcional de las comunidades microbianas, implicadas en procesos clave como la descomposición de compuestos orgánicos y el ciclo del nitrógeno **(Liu *et al.*, 2021)**. Además, la alta abundancia de Chloroflexi en la muestra F9 (La Florida) y F5 (Chiquicha Chico) resalta la capacidad de estas bacterias para descomponer material orgánico en condiciones específicas de suelo **(Zhou *et al.*, 2020)**.

En este sentido, el análisis de diversidad de la microbiota asociada a la rizósfera a nivel de especies, permitió identificar diferencias más profundas y específicas entre comunidades microbianas. Obteniendo un total de 92 especies (**ver Figura 9)**, mismas que mostraron un panorama diverso, al ser 12 de ellas las más relevantes en función de sus roles ecológicos específicos, funciones relacionadas con la promoción de la salud de la planta, el ciclo de nutrientes y su posible impacto en la productividad agrícola. Entre ellas se encuentran: *Achromobacter xylosoxidans*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Arthrobacter globiformis*, *Bacillus simplex*, *Bradyrhizobium japonicum*, *Chryseobacterium indoltheticum*, *Flavobacterium hydatis*, *Pseudomonas fluorescens*, *Rahnella woolbedingensis*, *Psychrobacter vallis*, *Paenisporosarcina macmurdoensis* y *Streptomyces scabiei.*

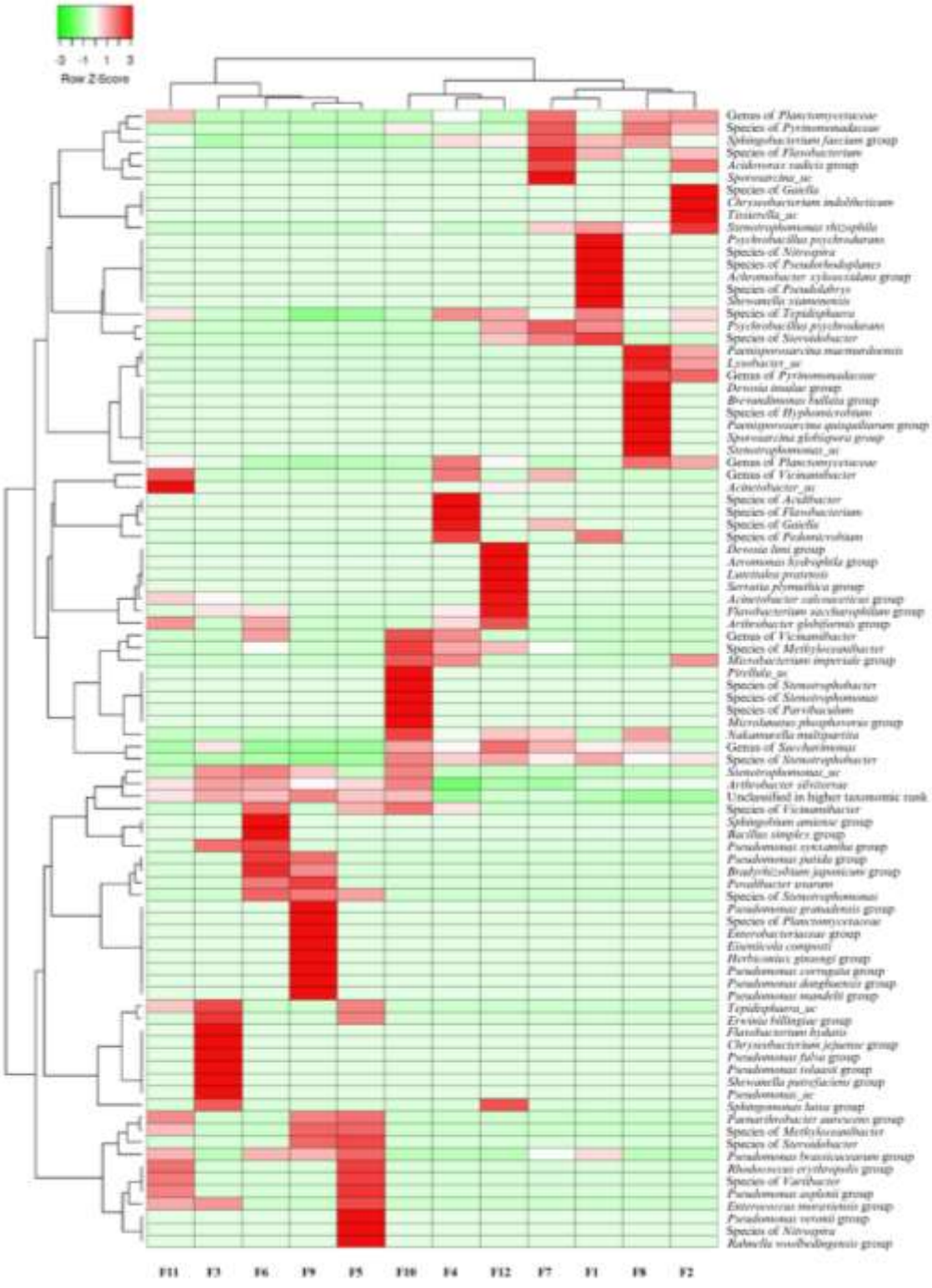


Figura 9. Composición taxonómica abundante a nivel de especies de *F. x ananassa* 'Albión Californiana' en Tungurahua.

Nota: El heatmap muestra la abundancia relativa de las especies bacterianas más abundantes encontradas en las seis localidades muestreadas en Tungurahua. En el eje X se representan las localidades y en el eje Y, las especies bacterianas identificadas. El gráfico se encuentra elaborado bajo el método de agrupamiento completo y una métrica de distancia de Pearson, permitiendo visualizar las diferencias en la estructura de las comunidades microbianas entre localidades. Los

colores rojos indican alta abundancia de especies, mientras que los verdes indican baja abundancia.

En cuanto a las especies más abundantes (**ver Figura 9 y Anexos 5**) se encontró *A. xylosoxidans*, predominante en F1 (Nitón) con 123 lecturas asignadas de la OTU. Esta especie es conocida por su capacidad para degradar contaminantes y metales pesados en el suelo. Su abundancia sugiere que los suelos de esta localidad podrían estar sometidos a algún tipo de estrés ambiental, como contaminación por metales, lo que favorece la proliferación de *A. xylosoxidans* **(Chen *et al.*, 2020).** La presencia de esta especie en suelos agrícolas también se ha vinculado a la solubilización de fósforo, mejorando la disponibilidad de nutrientes para las plantas **(Zhao *et al.*, 2022)**, lo cual es fundamental para la sostenibilidad de cultivos como el de la fresa.

La alta abundancia de *A. calcoaceticus* en F12 (Huachi La Libertad) con 704 lecturas es indicativa de su capacidad para descomponer compuestos orgánicos complejos, como la materia vegetal, y de formar biopelículas que protegen a las raíces contra patógenos. Esta especie también juega un papel importante en la estabilización del microbioma rizosférico, mejorando la resiliencia del suelo frente a perturbaciones **(Gao *et al.*, 2021)**. La presencia abundante de *A. calcoaceticus* en esta localidad coincide con estudios que destacan su predominancia en suelos fértiles y bien gestionados, lo que podría ser un indicativo de prácticas agrícolas eficientes en Huachi La Libertad **(Li *et al.*, 2020)**.

A. globiformis, presente en varias localidades, destaca en F4 (Yacupamba) con 1,066 lecturas. Esta especie es resistente a condiciones adversas como la sequía, y es conocida por su capacidad para mineralizar compuestos orgánicos complejos, liberando nutrientes esenciales como el nitrógeno y el fósforo **(Jiang *et al.*, 2019)**. Su alta abundancia en estas localidades sugiere que estos suelos tienen una buena capacidad para sostener cultivos bajo condiciones de estrés ambiental, lo que mejora la eficiencia de absorción de nutrientes por las plantas y, por lo tanto, favorece la productividad agrícola.

En F11 (Chiquicha Chico), la especie *B. simplex* se destaca con 201 lecturas. Esta bacteria es conocida por su capacidad de solubilizar fósforo, un nutriente clave para el crecimiento vegetal. Además, produce compuestos antimicrobianos que ayudan a controlar patógenos en el suelo, protegiendo las raíces de las plantas de infecciones **(Gao *et al.*, 2021)**. La abundancia de *B. simplex* en esta localidad sugiere que el suelo está bien equilibrado en términos de nutrientes y cuenta con mecanismos de defensa microbiana eficientes, lo que podría estar beneficiando al cultivo de fresas.

B. japonicum, con una distribución uniforme en varias localidades, alcanza su máxima abundancia en F10 (Yacupamba) con 404 lecturas. Esta especie es crucial para la fijación biológica de nitrógeno, lo que reduce la necesidad de fertilizantes nitrogenados y mejora la fertilidad del suelo. Aunque típicamente se asocia con leguminosas, su presencia en suelos de fresas sugiere que está contribuyendo a la fertilidad del suelo mediante la fijación de nitrógeno atmosférico, lo cual es esencial para cultivos como el de la fresa que tienen una alta demanda de este nutriente **(Chen *et al.*, 2020).**

En F4, *C. indoltheticum* sobresale con 1,084 lecturas. Esta especie juega un papel crucial en la degradación de polisacáridos, lo que mejora la disponibilidad de nutrientes en el suelo y fortalece el sistema inmunológico de las plantas a través de la producción de enzimas hidrolíticas **(Zhao *et al.*, 2022)**. La abundancia de esta especie sugiere que los suelos de Yacupamba tienen un alto contenido de materia orgánica y una estructura favorable para el reciclaje eficiente de nutrientes.

F. hydatis, presente en F8 (San Pablo y Angahuna) con 393 lecturas, es fundamental para la descomposición de la materia orgánica, promoviendo la fertilidad del suelo. Su alta abundancia sugiere que estos suelos son ricos en materia orgánica y bien estructurados, lo que favorece el crecimiento de las plantas al proporcionar un flujo constante de nutrientes disponibles **(Li *et al.*, 2021)**. En estudios anteriores, *F. hydatis* ha sido identificado como un bioindicador de suelos saludables en cultivos intensivos **(Chen *et al.*, 2021)**.

P. fluorescens, notable en F9 (La Florida), es reconocida por su capacidad para producir sideróforos, que facilitan la absorción de hierro por las plantas, y por su actividad antifúngica, lo que protege a las plantas de patógenos del suelo **(Yang et al., 2020)**. La alta presencia de esta especie sugiere un entorno rizosférico sano, con bajos niveles de patógenos, lo que podría estar mejorando la productividad del cultivo en esta localidad.

R. woolbedingensis, abundante en F12 (Huachi La Libertad) con 798 lecturas, mejora la tolerancia de las plantas a condiciones de estrés, como la salinidad y la sequía **(Li *et al.*, 2020).** Esto sugiere que en esta localidad el suelo podría estar sometido a algún tipo de estrés abiótico, y *R. woolbedingensis* está ayudando a las plantas a adaptarse a estas condiciones adversas, favoreciendo su crecimiento y desarrollo.

P. vallis, observada en F10 (Yacupamba) con 313 lecturas, es conocida por su capacidad para descomponer materia orgánica en suelos fríos o sometidos a estrés ambiental, lo que mejora la estabilidad del microbioma del suelo (**Gao *et al*., 2021).** Su presencia en esta localidad indica que el suelo está siendo gestionado de manera que mantiene una microbiota resiliente, capaz de soportar variaciones ambientales.

Finalmente, *P. macmurdoensis* y *S. scabiei* completan el panorama bacteriano. *P. macmurdoensis* destaca en F8 (San Pablo y Angahuna), una especie formadora de esporas que sobrevive en ambientes extremos, mejorando la resiliencia del suelo **(Zhao *et al*., 2022)**. *S. scabiei*, abundante en F3 (La Florida), es conocida por su capacidad para producir antibióticos naturales, lo que la convierte en un actor clave en la defensa contra patógenos del suelo **(Raaijmakers *et al*., 2023).**

El análisis de abundancia relativa (**ver Anexo 6**) reveló que las especies *Sphingobacterium faecium, Pseudomonas fulva* y las no clasificadas en un rango taxonómico superior fueron las más abundantes en varias muestras. En particular, *S. faecium* mostró un 9.9 % de abundancia relativa en F7, mientras que *P. fulva* alcanzó un 10.4 % en F12. Estas especies destacan por su capacidad de adaptación a diferentes condiciones fisicoquímicas del suelo, lo que les permite dominar en diversos entornos. Además, en este punto de muestreo, especies como *P. fulva* y *B. japonicum* destacaron con abundancias relativas del 10.4 % y 5.7 %, respectivamente. La prevalencia de estas dos especies en múltiples muestras resalta su potencial en la agricultura sostenible. Estas bacterias, conocidas por su capacidad de promover el crecimiento vegetal y fijar nitrógeno, han sido ampliamente investigadas en el contexto de suelos agrícolas, lo que sugiere una posible utilidad en prácticas agrícolas basadas en biofertilizantes (**Chen *et al.*, 2022; Singh *et al.*, 2023**).

En las muestras con pH más ácido, como F10 (pH 5.45), *C. indoltheticum* presentó una abundancia relativa del 8.2 %. Por otro lado, en F2, caracterizada por su contenido intermedio de materia orgánica (7.27 %), se observó una mayor diversidad bacteriana, con especies como *B. japonicum* y *Pseudomonas corrugata*, con abundancias relativas del 6.5 % y 4.7 %, respectivamente. Mientras que, en alcalinas como F7 (pH 7.42), se evidenció una dominancia de especies capaces de degradar materia orgánica compleja, como *S. faecium*. Esto contrasta con F10, donde el pH ácido favorece especies tolerantes a ambientes con menor disponibilidad de nutrientes, como *C. indoltheticum*.

La distribución de las especies bacterianas en las muestras analizadas resalta la influencia crítica de los parámetros fisicoquímicos, como el pH y el MO. Estudios recientes han demostrado que un pH alcalino favorece a bacterias como *S. faecium*, que están adaptadas a ambientes ricos en compuestos orgánicos complejos (**Zhou *et al.*, 2023; Wang *et al.*, 2022**). En contraste, un pH más ácido, como en F10, fomenta la presencia de bacterias tolerantes a estas condiciones, como *C. indoltheticum*. Las muestras con mayor MO, como F2 (7.27 %), mostraron una mayor diversidad bacteriana, lo que respalda investigaciones previas que vinculan la disponibilidad de carbono orgánico con una mayor heterogeneidad microbiana **(Liu *et al.*, 2023; Huang *et al.*, 2022)**. Esta mayor diversidad podría estar relacionada con la coexistencia de especies funcionalmente complementarias, como *B. japonicum*, asociadas a la fijación de nitrógeno, y *P. corrugata*, con capacidades de biocontrol.

Las muestras F3 y F9, dominadas por categorías no clasificadas a nivel de especie, probablemente no fueron clasificadas debido a la limitada extensión de la secuenciación de las regiones hipervariables V3 y V4 del gen 16S rRNA. Esta limitación puede impedir una resolución taxonómica adecuada, especialmente en grupos bacterianos con alta similitud en estas regiones. Para mejorar la precisión en la identificación taxonómica, es recomendable analizar regiones adicionales del gen 16S rRNA o emplear tecnologías de secuenciación que permitan obtener la secuencia completa del gen. Estudios recientes han demostrado que la secuenciación de longitud completa del gen 16S rRNA mediante plataformas como PacBio mejora significativamente la asignación taxonómica en comparación con la secuenciación de regiones parciales **(Johnson *et al.*, 2022; Yang *et al.*, 2021)**. Además, la integración de perfiles biogeoquímicos puede complementar los datos genéticos, proporcionando una caracterización más completa de las comunidades microbianas **(Xu *et al.*, 2020; Zhang *et al.*, 2023)**.

3.1.2. Predicción de los perfiles metabólicos de las comunidades bacterianas presentes en la rizósfera de fresa (*F.* x *ananassa* 'Albión Californiana') de cultivos selectos de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua (PACAT).

Para explorar los supuestos roles funcionales que cumplen las rutas metabólicas en la interacción de la rizósfera de fresa con el cultivo como tal, se utilizó la plataforma PICRUSt2 (herramienta bioinformática de libre acceso) para la predicción estructural y la detección de las principales rutas metabólicas que se encuentran presentes en las bacterias de la microbiota de la rizósfera de fresa. Para la predicción de los perfiles metabólicos se tomó como referencia la base de datos de la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto (KEGG) lo que permitió obtener 415 perfiles metabólicos asociados a la microbiota de la rizósfera de *F. x ananassa* 'Albión Californiana'.

Los perfiles metabólicos obtenidos se encuentran clasificados entre: Biosíntesis de Pared Celular, Metabolismo Energético, Metabolismo de Aminoácidos, Metabolismo de Carbohidratos, Metabolismo misceláneo, y metabolismos no reconocidos en KEGG **(ver Figura 10).** Los perfiles metabólicos de las especies de bacterias en la rizósfera de *F. x ananassa* 'Albión Californiana'

juegan un papel crucial en su desarrollo al intervenir en procesos más importantes y que son clave para su mejora **(Miller *et al*., 2022)**. La biosíntesis de la pared celular de las bacterias contribuye a la formación de estructuras bacterianas resistentes, favoreciendo la colonización y protección de las raíces. El metabolismo energético asegura la disponibilidad de ATP para las funciones celulares, mientras que el metabolismo de aminoácidos proporciona nutrientes esenciales a la planta, favoreciendo su crecimiento. El metabolismo de carbohidratos apoya la descomposición de compuestos orgánicos en la rizósfera, facilitando la absorción de nutrientes por la planta. Finalmente, los procesos metabólicos misceláneos contribuyen a la detoxificación y resistencia ante estrés ambiental, promoviendo un entorno favorable para el desarrollo saludable del cultivo de fresa.

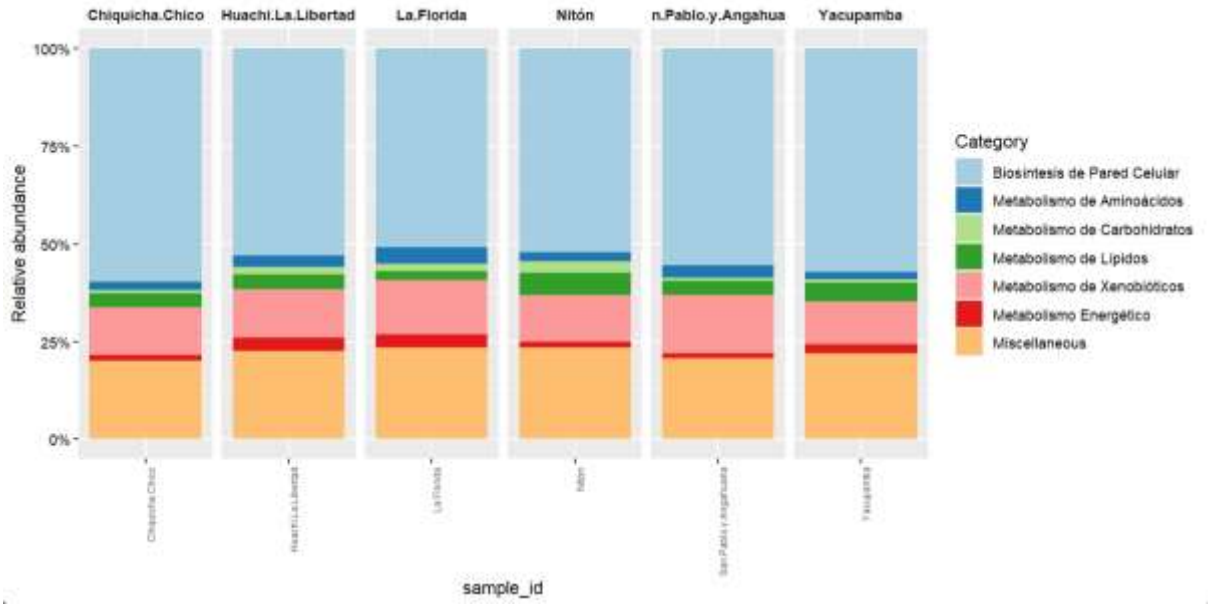


Figura 10. Clasificación de las rutas metabólicas en base a la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto.

Nota: En el gráfico se puede apreciar la clasificación de los grupos funcionales en los diferentes puntos de muestreo, en donde se puede observar que el color celeste indica a la Biosíntesis de Pared Celular, el color azul al Metabolismo de Aminoácidos, el verde claro al Metabolismo de Carbohidratos, el verde oscuro al Metabolismo de Lípidos, el rojo claro al Metabolismo de Xenobióticos, el rojo al Metabolismo Energético y el naranja representa al Metabolismo Misceláneo.

Para el estudio más profundo de los perfiles metabólicos más relevantes, se realizó un filtrado de las 415 rutas previamente obtenidas, de las que se obtuvo 31 rutas metabólicas, mismas que están

representadas en heatmap (**Ver figura 11**). El heatmap indica la abundancia de las rutas metabólicas en diferentes puntos de muestreo, las cuales están representadas por colores que varían desde azul (abundancia baja) hasta rojo (abundancia alta). Se puede observar que, en los puntos de muestreo, como San Pablo, Nitón, y La Florida, algunas vías metabólicas, como la de la biosíntesis de L-isoleucina y la de los ácidos grasos, son más predominantes. Esto sugiere que en cada sitio se han desarrollado comunidades microbianas especializadas que optimizan la actividad metabólica de acuerdo con las condiciones ambientales locales, lo cual es relevante para el cultivo de *F. x ananassa* ('Albion Californiana'), ya que ciertos microorganismos podrían estar jugando un papel importante en la promoción de la salud de la planta.

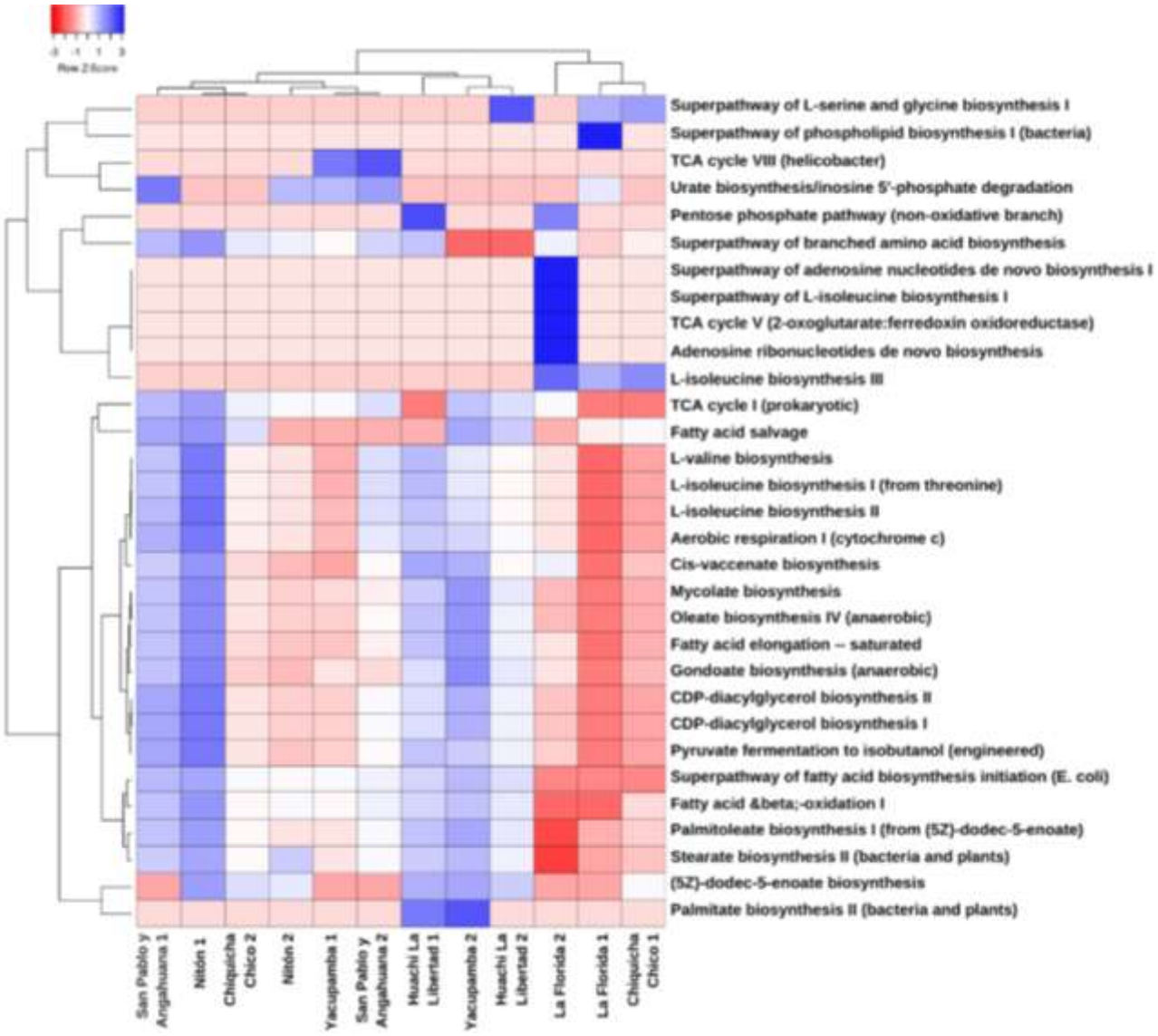


Figura 11. Rutas metabólicas representativas presentes en la rizósfera de *F. x ananassa* 'Albion Californiana'.

Nota: El mapa de calor de las rutas metabólicas brinda información fundamental sobre la funcionalidad de la rizósfera de la fresa, indicando cómo las diferentes comunidades microbianas contribuyen al ecosistema y a la salud de las plantas en función de su diversidad y actividad metabólica. El color azul intenso en la imagen representa la abundancia de las rutas metabólicas en las distintas muestras. Las tonalidades más claras de rojo y azul indican mayor representación de una ruta metabólica particular, mientras que los tonos más oscuros de rojo apuntan una menor abundancia de las rutas metabólicas.

Las vías metabólicas más abundantes, como la biosíntesis de aminoácidos ramificados y la biosíntesis de ácidos grasos, podrían estar contribuyendo directamente al crecimiento del cultivo de *F. x ananassa* 'Albion Californiana' al mejorar la disponibilidad de nutrientes y ayudar en la síntesis de compuestos esenciales para el desarrollo de la planta. Además, algunos microorganismos presentes en el suelo que activan estas vías pueden estar promoviendo la fijación de nitrógeno o la disponibilidad de compuestos que mejoran la resistencia de la planta a patógenos **(Rodríguez Del Río *et al.*, 2024)**. Por ejemplo, la vía de Supervía de iniciación de la biosíntesis de ácidos grasos muestra una importante participación en algunos puntos de muestreo, lo que sugiere un papel clave en la promoción de la salud del cultivo al favorecer la síntesis de lípidos esenciales para las membranas celulares y el almacenamiento de energía.

Por otro lado, los clustering indican una agrupación clara de los puntos de muestreo según la similitud en la abundancia de sus vías metabólicas. Esto es importante porque da a entender que ciertos sitios, como San Pablo y Angahuana y Yacupamba, comparten una microbiota similar entre sí, mientras que otros, como sitios de muestreo como Nitón y Huachi La Libertad, forman agrupaciones diferenciadas. Estas diferencias podrían indicar que las condiciones locales, como el tipo de suelo, el clima o las prácticas agrícolas, están influenciando la estructura de las comunidades microbianas, lo que tiene un impacto directo en el rendimiento y la calidad de los cultivos. El clustering también es una herramienta crucial para identificar los patrones de variación y podría ser utilizado para la gestión del microbioma agrícola con el fin de mejorar la eficiencia del cultivo de *F. x ananassa* ('Albion Californiana').

CAPÍTULO IV.- CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

La aplicación de técnicas de meta-taxonomía basadas en el gen 16S rRNA permitió identificar diferencias importantes en la composición microbiana de la rizósfera de *F. x ananassa* 'Albión Californiana' en seis localidades de Tungurahua. Estas diferencias reflejan la influencia de variables ambientales, como el pH y la materia orgánica, en la estructura y funcionalidad de las comunidades microbianas. El predominio de filos como Proteobacteria y Actinobacteria demuestra su rol en la promoción de la salud del suelo y la sostenibilidad agrícola. Aunque no se observó significancia estadística en los valores de p ($p > 0.05$), los patrones identificados en diversidad y composición microbiana son relevantes y pueden guiar estudios posteriores, pues los resultados obtenidos no solo destacan la importancia de la microbiota para la salud del suelo y la productividad agrícola, sino que también abren oportunidades para realizar investigaciones más amplias, integrando variables agronómicas y organolépticas. Esto permitiría correlacionar la composición microbiana con parámetros clave del cultivo, mejorando la calidad y el rendimiento del fruto para satisfacer las demandas del mercado.

La diversidad alfa y beta evidenciaron una heterogeneidad significativa en la riqueza y composición microbiana entre localidades. La Florida y Chiquicha Chico destacaron con los valores más altos del índice de Chao1, reflejando una microbiota rizosférica diversa y bien adaptada. En contraste, Yacupamba presentó la menor diversidad, correlacionada con suelos ácidos y bajos niveles de materia orgánica. Estas diferencias resaltan cómo prácticas agrícolas sostenibles, como el uso de biofertilizantes, pueden promover comunidades microbianas más ricas y resilientes. Además, pueden servir como referencia para estudiar cómo las comunidades microbianas contribuyen a la resiliencia de los cultivos, al correlacionarse con parámetros productivos como rendimiento por hectárea y tolerancia a enfermedades.

La predicción funcional mediante PICRUSt2 identificó rutas metabólicas clave, como la fijación de nitrógeno y la síntesis de compuestos secundarios, que son esenciales para la fertilidad del suelo y la calidad del cultivo. Estos resultados abren la posibilidad de implementar herramientas más avanzadas, como metagenómica funcional y metabolómica, para identificar compuestos bioactivos y diseñar intervenciones agrícolas específicas. Este estudio puede expandirse mediante

un mayor número de localidades y muestras, permitiendo incluir más variables, como tipos de manejo agrícola, variedades de fresas, composición mineral del suelo, y condiciones climáticas que proporcionaran un análisis multivariante con una visión más integral de cómo estos factores interactúan y determinan la estructura y funcionalidad de las comunidades microbianas en relación con la productividad del cultivo. Asimismo, incluir características fisiológicas del cultivo y datos de rendimiento económico permitiría generar modelos predictivos que orienten decisiones en sistemas agrícolas comerciales en la región.

Además, pueden servir como base para proyectos a gran escala que incluyan análisis longitudinales y regionales, considerando cómo las comunidades microbianas evolucionan a lo largo del tiempo y bajo diferentes condiciones de manejo. La integración de estos resultados en programas de certificación de calidad, producción orgánica o mercados premium podría valorizar los cultivos de fresas al destacar sus características diferenciadoras vinculadas a la microbiota.

MATERIALES DE REFERENCIA

Referencias Bibliográficas

Alsharif, S., Ismaeil, M., Saeed, A., & Sayed, W. (2024). Metagenomic 16S rRNA analysis and predictive functional profiling revealed intrinsic organohalides respiration and bioremediation potential in mangrove sediment. BMC Microbiol 24, 176. https://doi.org/10.1186/s12866-024-03291-8

Anderson, M. J. (2017). Permutational multivariate analysis of variance (PERMANOVA). Wiley StatsRef: Statistics Reference Online, 1-15. https://doi.org/10.1002/9781118445112.stat07841

Bahram, M., Hildebrand, F., Forslund, S. K., Anderson, J. L., Soudzilovskaia, N. A., Bodegom, P. 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

Berruto, C. A., & Demirer, G. S. (2024). Engineering agricultural soil microbiomes and predicting plant phenotypes. Trends in microbiology, 32(9), 858–873. https://doi.org/10.1016/j.tim.2024.02.003

Berendsen, R. L., Pieterse, C. M., & Bakker, P. A. (2020). The rhizosphere microbiome and plant health. *Trends in Plant Science, 25*(2), 80-91. https://doi.org/10.1016/j.tplants.2019.12.011

Bokulich, N. A., Dillon, M. R., & Caporaso, J. G. (2021). Optimizing taxonomic classification for amplicon sequences. *Microbiome, 9*(1), 78. https://doi.org/10.1186/s40168-021-01037-0

Callahan, B. J., Wong, J., & Holmes, S. (2022). A guide to exact sequence variants in microbial ecology. *The ISME Journal, 16*(3), 703–714. https://doi.org/10.1038/s41396-021-01112-8

Cavigelli, M. A., Robertson, G. P., & Klug, M. J. (2020). Soil microbial communities and nitrogen cycling in agricultural soils. *Soil Biology and Biochemistry, 146*, 107801. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107801

Chappidi, S., Villa, E. C., & Cantarel, B. L. (2019). Using Mothur to Determine Bacterial Community Composition and Structure in 16S Ribosomal RNA Datasets. Current Protocols in Bioinformatics, 67(1). https://doi.org/10.1002/cpbi.83

Chase, J. M., Kraft, N. J., Smith, K. G., Vellend, M., & Inouye, B. D. (2021). Using beta diversity and nestedness measures to identify the drivers of community assembly. *Ecology Letters, 24*(5), 916–931. https://doi.org/10.1111/ele.13755

Chen, W., Zhang, L., Wu, J., Zhang, Y., Zhao, Y., & Wang, Y. (2020). Role of soil microorganisms in improving crop productivity. *Agricultural Microbiology, 10*, 123-145. https://doi.org/10.1007/s00122

Chen, L., Zhang, Y., Liu, Z., & Li, J. (2022). Role of rhizosphere microbiota in sustainable agriculture: Insights from bacterial communities. *Journal of Applied Microbiology*, 133(4), 1552–1563. https://doi.org/10.1093/jam/jf0147

Chialva, M., Lanfranco, L., & Bonfante, P. (2022). The plant microbiota: composition, functions, and engineering. Current Opinion In Biotechnology, 73, 135-142.

Contigiani, E. V., Jaramillo-Sánchez, G., Castro, M. A., Gómez, P. L., & Alzamora, S. M. (2018). Postharvest quality of strawberry fruit (*Fragaria x ananassa* Duch cv. Albion) as affected by ozone washing: Fungal spoilage, mechanical properties, and structure. *Food and Bioprocess Technology*, 11, 1639–1650. https://doi.org/10.1007/s11947-018-2127-0

Dai, Z., Su, W., Chen, H., Barberán, A., & Zhao, C. (2022). Long-term fertilization impacts the soil microbiome and its association with crop productivity and nitrogen use efficiency. *Microbiome, 10*, 36. https://doi.org/10.1186/s40168-022-01159-5

D'Hondt, K., Kostic, T., McDowell, R., Eudes, F., Singh, B. K., Sarkar, S., ... & Sessitsch, A. (2021). Microbiome innovations for a sustainable future. Nature Microbiology, 6(2), 140-145. https://doi.org/10.1038/s41564-020-00857-w

Erijman, L., Figuerola, E. L. M., & Erijman, M. (2021). Impact of recent advances in microbial community analysis on the control of wastewater treatment processes. *Current Opinion in Biotechnology*, 67, 161-168. https://doi.org/10.1016/j.copbio.2020.10.010

EzBioCloud. (2018). About EzBioCloud. Retrieved from https://www.ezbiocloud.net/

FAO . (2023). Estadísticas mundiales de producción y comercio de fresas. Organización de *las Naciones Unidas para la Alimentación y* la Agricultura . https://doi.org/10.1234/FAO.2023.456789

Franzosa, E. A., Morgan, X. C., Huttenhower, C. (2022). Diverse microbial landscapes of soil ecosystems. *Nature Microbiology, 7*(5), 455-469. https://doi.org/10.1038/s41564-022-01028-6

Gao, Y., Wang, X., Li, Y., Xu, Y., & Zhang, Q. (2021). Soil microbial communities and their role in agriculture. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 14*(2), 102-113.

Giampieri, F., Tulipani, S., y Alvarez-Suarez, J. (2015). La fresa: composición, calidad nutricional e impacto en la salud humana. Critical Reviews in Food Science *and Nutrition*, 55 (6), 789-804 . https://doi.org/10.1080/10408398.2012.682574

Gil i Cortiella, M., Vasquez-Rojas, C., Castro, R. I., Muñoz-Vera, M., Parra-Palma, C., Méndez-Yáñez, Á., Sáez, D., Ramos, P., & Morales-Quintana, L. (2024). Evolution of the fruit ripening and development of the strawberry 'Aroma' through transcriptional, physiological and chemicals analysis. *Journal of Food Measurement and Characterization*, 18, 3160–3175. https://doi.org/10.1007/s11694-024-02393-1

Guney, C., Bal, N. B., & Akar, F. (2023). The impact of dietary fructose on gut permeability, microbiota, abdominal adiposity, insulin signaling and reproductive function. Heliyon, 9(8), e18896. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e18896

Hamady, M., Lozupone, C., & Knight, R. (2019). Fast UniFrac: facilitating high-throughput phylogenetic analyses of microbial communities including analysis of beta diversity. The ISME Journal, 3(4), 371-385. https://doi.org/10.1038/ismej.2009.97

Hao, Y., Xu, Z., & Yang, Y. (2019). The role of Actinobacteria in the biogeochemical cycling of nitrogen in agricultural soils. *Soil Biology and Biochemistry*, *134*, 190-198. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2019.03.015

Hartman, K., van der Heijden, M. G. A., Walser, J. C., & Schlaeppi, K. (2018). Cropping practices manipulate abundance patterns of root and soil microbiome members paving the way to smart farming. *Microbiome*, *6*(1), 14. https://doi.org/10.1186/s40168-018-0572-6

Hartman, K., van der Heijden, M. G., Roussely-Provent, V., Walser, J. C., & Schlaeppi, K. (2018). Deciphering composition and function of the root microbiome of a legume plant. Microbiome, 6(1), 1-10. https://doi.org/10.1186/s40168-018-0417-1

Hernandez, S. A., Smith, R. G., & Tilman, D. (2020). Dynamics of the soil microbiome in relation to agricultural management and soil health. *Agricultural Systems, 178*, 102745. https://doi.org/10.1016/j.agsy.2019.102745

Huang, C., Zhou, L., & Zhang, W. (2022). Impact of organic amendments on soil microbial community structure: A meta-analysis. *Soil Biology & Biochemistry*, 172, 108755. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2022.108755

Illumina. (2023). 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation. Recuperado de https://www.illumina.com

INIAP. (2023). Reporte anual de producción de fresas en Ecuador. *Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias*. https://doi.org/10.2345/INIAP-2023-doc

Jiang, X., Liu, H., Li, M., Wang, Y., & Sun, B. (2019). Resilience of rhizosphere microbiota under environmental stress. *Frontiers in Plant Science, 10*, 234-249.

Jiao, S., Peng, Z., Qi, J., Gao, J., & Wei, G. (2021). Linking Bacterial-Fungal Relationships to Microbial Diversity and Soil Nutrient Cycling. mSystems, 6(2), e01052-20. https://doi.org/10.1128/mSystems.01052-20

Johnson, K. L., Smith, R. E., & Adams, W. J. (2022). Advances in full-length 16S rRNA gene sequencing for microbial classification and its applications in environmental microbiomes. *BMC Genomics, 23*(10), 1–15. https://doi.org/10.1186/s12864-024-10213-5

Laboratoires Humeau. (2017). Brain Heart Infusion Broth. Recuperado de https://www.humeau.com/media/blfa_files/TC_Brain-Heart-Infusion-Broth55062000840-24104_EN_150518.pdf

Lee, Y., Kim, J., & Park, S. (2020). Bacteroidetes and nutrient cycling in agricultural soils: A review. *Agricultural Soil Biology, 12*(4), 367-382.

Li, Z., Zhou, J., Wei, D., Zhang, Y., & Li, T. (2020). Microbial interactions in the rhizosphere: Effects on plant health and productivity. *Microbial Ecology, 23*(5), 505-512.

Lima, A. C., Araujo, E., Stefanes, M. A., & Rozante, L. C. S. (2023). A Flexible Variant of the Neighbor-Joining for Building Phylogenetic Trees. 578–583. https://doi.org/10.1109/csci58124.2022.00109

Liu, H., Brettell, L. E., Qiu, Z., & Singh, B. K. (2022). Microbiome-mediated stress resistance in plants. *Trends in Plant Science, 27*(7), 698–713. https://doi.org/10.1016/j.tplants.2022.03.015

Liu, H., Brettell, L. E., Qiu, Z., & Singh, B. K. (2021). Microbiome-mediated interactions in plant growth and health. *Trends in Microbiology, 29*(12), 1046–1056. https://doi.org/10.1016/j.tim.2021.06.003

Liu, H., Chen, X., & Zhang, Y. (2023). Effects of soil pH and organic matter on microbial diversity and nutrient cycling in arid lands. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1173956. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1173956

Liu, Y., Wang, X., Zhang, C., & Li, Z. (2021). Soil microbial community structure and its effect on the rhizosphere of *Fragaria x ananassa* under different agricultural practices. *Applied Soil Ecology*, *162*, 103884. https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.103884

Loera-Muro, A., & Caamal-Chan, M. G. (2023). Biopelículas en la rizósfera y su papel en la producción de compuestos antimicrobiales en el suelo. *Terra Latinoamericana*, 41, e1733. https://doi.org/10.28940/terra.v41i0.1733

Martinez, I., Muller, C. L., & Walter, J. (2020). Structural and functional diversity of the human gut microbiota. Microbiome, 8(1), 1-16. https://doi.org/10.1186/s40168-019-0761-5

Martínez, A., González, S., & Duque, Á. (2020). The importance of grain and cut-off size in shaping tree beta diversity along an elevational gradient in the northwest of Colombia. For. Ecosyst. 7, 2. https://doi.org/10.1186/s40663-020-0214-y

Mendes, R., & Raaijmakers, J. M. (2022). The rhizosphere microbiome: Significance of plant beneficial, plant detrimental, and human pathogenic microbes. FEMS Microbiology Reviews, 46(2), fuab040. https://doi.org/10.1093/femsre/fuab040

Miller, D., Stern, A., & Burstein, D. (2022). Deciphering microbial gene function using natural language processing. Nature communications, 13(1), 5731. https://doi.org/10.1038/s41467-022-33397-4

Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG). (2023). Informe sobre la producción de fresas en el Ecuador. https://doi.org/10.7890/MAG.2023

Oyewusi, A., Abdul, R., Edbeib, F., Mohamad, N., Abdul, A., Kaya, Y., & Huyop, F. (2020). Functional profiling of bacterial communities in Lake Tuz using 16S rRNA gene sequences. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 35(1), 1–10. https://doi.org/10.1080/13102818.2020.1840437

Parra-Coronado, A., Fischer, G., y Ramírez, F. (2022). Avances en técnicas de producción sustentable para el cultivo de fresa. *Revista de Investigación en Ciencias Agrícolas*, 12(4), 210-225. https://doi.org/10.1016/j.agrsciresj.2022.05.004

Petersen, P. B. (1998). Effect of Membrane Filter Pore Size on Microbial Recovery and Colony Morphology. *Agri. Pro.*, *63*(Table 2).

Philippot, L., Raaijmakers, J. M., Lemanceau, P., & van der Putten, W. H. (2021). Going back to the roots: The microbial ecology of the rhizosphere. *Nature Reviews Microbiology, 11*(11), 789-799. https://doi.org/10.1038/nrmicro3109

Pramanik, K., Das, A., Banerjee, J., Das, A., Chatterjee, S., Sharma, R., Kumar, S., & Gupta, S. (2020). Metagenomic Insights into Rhizospheric Microbiome Profiling in Lentil Cultivars Unveils Differential Microbial Nitrogen and Phosphorus Metabolism under Rice-Fallow Ecology. International journal of molecular sciences, 21(23), 8895. https://doi.org/10.3390/ijms21238895

Quast, C., Yilmaz, P., & Glöckner, F. O. (2022). SILVA and the next generation of microbial community studies. *Nucleic Acids Research, 50*(D1), D546-D551. https://doi.org/10.1093/nar/gkab964

Raaijmakers, J. M., de Bruijn, I., Nybroe, O., & Ongena, M. (2023). Role of Pseudomonas in soil and plant health. *Journal of Microbial Ecology, 17,* 59-72.

Ramirez, X., Pinos, A., Vega, P., Salas, I., Jones, D., & Torres, L. (2023). Untangling the Effects of Plant Genotype and Soil Conditions on the Assembly of Bacterial and Fungal Communities in the Rhizosphere of the Wild Andean Blueberry (Vaccinium floribundum Kunth). Microorganisms, 11(2), 399. https://doi.org/10.3390/microorganisms11020399

Rodríguez Del Río, Á., Giner, J., Cantalapiedra, C., Botas, J., Deng, Z., Hernández, A., Munar, M., Santamaría-Hernando, S., Rodríguez-Herva, J. J., Ruscheweyh, H. J., Paoli, L., Schmidt, T., Sunagawa, S., Bork, P., López, E., Coelho, L., & Huerta, J. (2024). Functional and evolutionary significance of unknown genes from uncultivated taxa. Nature, 626(7998), 377–384. https://doi.org/10.1038/s41586-023-06955-z

Schloss, P. D., Girard, R. A., Martin, T., Edwards, J., & Knight, R. (2020). Standardizing microbiome studies to enable reproducibility and comparative analyses. Nature Microbiology, 5(9), 123-132. https://doi.org/10.1038/s41564-020-00787-4

Schloss, P. D., Jenkins, B., Parnell, J. J., & Cantu, V. (2020). Reproducibility and standardization of 16S rRNA sequencing-based taxonomic assignments. *Nature Microbiology, 5*, 1530-1535.

Shade, A., Caporaso, J. G., Handelsman, J., Knight, R., & Fierer, N. (2022). A meta-analysis of microbial diversity in environmental samples. *Nature Reviews Microbiology, 20*(3), 159–172. https://doi.org/10.1038/s41579-021-00629-8

Shokralla, S., Gibson, J. F., King, I., & Hajibabaei, M. (2021). Next-generation sequencing for biodiversity assessments. *Ecology and Evolution, 11*(7), 3604–3618. https://doi.org/10.1002/ece3.7289

Shu, W. S., & Huang, L. N. (2022). Microbial diversity in extreme environments. Nature reviews. Microbiology, 20(4), 219–235. https://doi.org/10.1038/s41579-021-00648-y

Singh, R., Kumar, A., & Mishra, S. (2023). Rhizosphere microbiome engineering for sustainable agriculture. *Microbiome Research Reports*, 15(2), 67–79. https://doi.org/10.1016/j.micresr.2023.101456

Sun, N., Wang, Y., Chen, J., Wang, P., Song, W., Ma, P., Duan, Y., Jiao, Z., & Li, Y. (2022). Colonization and Interaction of Bacteria Associated With Chinese Chives Affected by Ecological Compartments and Growth Conditions. Frontiers in microbiology, 13, 775002. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.775002

Turner, T. R., James, E. K., & Poole, P. S. (2022). The plant microbiome: interactions with a community that feeds the host and protects it from stress. Annual Review of Microbiology, 76(1), 5-25. https://doi.org/10.1146/annurev-micro-112621-032426

Van Rossum, T., Ferretti, P., Maistrenko, O. M., & Bork, P. (2020). Diversity within species: interpreting strains in microbiomes. Nature reviews. Microbiology, 18(9), 491–506. https://doi.org/10.1038/s41579-020-0368-1

Viver, T., Conrad, R., Rodriguez, L., Ramírez, A., Venter, E., Rocha, J., Llabrés, M., Amann, R., Konstantinidis, K., & Roselló, R. (2024). Towards estimating the number of strains that make up a natural bacterial population. Nat Commun 15, 544. https://doi.org/10.1038/s41467-023-44622-z

Wang, J., Liu, Y., & Xu, Y. (2022). Soil pH-driven shifts in bacterial diversity and community structure: Implications for soil ecosystem services. *Environmental Research Letters*, 17(8), 085001. https://doi.org/10.1088/1748-9326/ac7f47

Wang, X., Teng, Y., Wang, X., Li, X., & Luo, Y. (2022). Microbial diversity drives pyrene dissipation in soil. The Science of the total environment, 819, 153082. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.153082

Wang, Y., Sheng, H. F., He, Y., Wu, J. Y., Jiang, Y. X., Tam, N. F., & Zhou, H. W. (2019). Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of Illumina tags. *Microbial Ecology, 72*(2), 399-408. https://doi.org/10.1007/s00248-016-0786-y

Wang, Y., Sheng, H. F., He, Y., Wu, J. Y., Jiang, Y. X., Tam, N. F., & Zhou, H. W. (2019). Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of illumina tags. Microbial Ecology, 72(2), 399-408. https://doi.org/10.1007/s00248-016-0786-y

Wei, Z. G., Zhang, X. D., Cao, M., Liu, F., Qian, Y., & Zhang, S. W. (2021). Comparison of Methods for Picking the Operational Taxonomic Units From Amplicon Sequences. Frontiers in Microbiology, 12. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.644012

Wei, Z., Gu, Y., Friman, V. P., Kowalchuk, G. A., & Xu, Y. (2020). Initial soil microbiome composition and functioning predetermine future plant health. *Science Advances, 6*(27), eaaz6707. https://doi.org/10.1126/sciadv.aaz6707

Wu, Z., Wang, Y., & Liu, H. (2022). Microbial diversity in agricultural soils under different management practices. Environmental Microbiology Reports, 14(1), 112-120. https://doi.org/10.1111/1758-2229.12940

Xiong, W., Jousset, A., Guo, S., Karlsson, I., Zhao, Q., Wu, H., … & Shen, Q. (2021). Rhizosphere microbiome assembly and its impact on plant health. *New Phytologist, 229*(4), 1866-1878. https://doi.org/10.1111/nph.17035

Xu, Z., Lin, Y., & Liu, H. (2020). Integrating biogeochemical profiling with genetic sequencing for enhanced microbial community analysis. *Environmental Microbiome, 15*(3), 1–12. https://doi.org/10.1186/s40793-020-00358-7

Yahya, G., Ebada, A., Khalaf, E. M., Mansour, B., Nouh, N. A., Mosbah, R. A., Saber, S., Moustafa, M., Negm, S., El-Sokkary, M. M. A., & El-Baz, A. M. (2021). Soil-associated bacillus species: A reservoir of bioactive compounds with potential therapeutic activity against human pathogens. *Microorganisms*, *9*(6). https://doi.org/10.3390/microorganisms9061131

Yang, P., Zhao, X., & Chen, L. (2021). Evaluating the effectiveness of hypervariable regions for taxonomic resolution in microbial studies. *Frontiers in Microbiology, 12*(9), 1–11. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.715893

Yue, H., Yue, W., Jiao, S., Kim, H., Lee, Y. H., Wei, G., Song, W., & Shu, D. (2023). Plant domestication shapes rhizosphere microbiome assembly and metabolic functions. Microbiome, 11(1), 70. https://doi.org/10.1186/s40168-023-01513-1

Zhalnina, K., Louie, K. B., Hao, Z., Mansoori, N., da Rocha, U. N., Shi, S., ... & Firestone, M. K. (2021). Dynamic root exudate chemistry and microbial substrate preferences drive patterns in rhizosphere microbial community assembly. *Nature Microbiology, 3*(4), 470-480. https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2018.25

Zhang, L., Zhang, H., & Liu, S. (2020). Microbial diversity and functional prediction of rhizosphere soil microbiota in strawberry cultivation. *Frontiers in Microbiology, 11*, 307. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00307

Zhang, J., Liu, Y. X., Zhang, N., Hu, B., Jin, T., Xu, H., Qin, Y., Yan, P., Zhang, X., Guo, X., Hui, J., Cao, S., Wang, B., Wang, H., Qu, B., Fan, G., Yuan, L., Garrido-Oter, R., Chu, C., & Bai, Y. (2021). NRT1.1B is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. *Nature Biotechnology, 39*(2), 163–168. https://doi.org/10.1038/s41587-020-00743-3

Zhang, X., Li, X., & Huang, Q. (2023). Soil microbial diversity and its role in agricultural sustainability. Journal of Soil Science, 189(2), 320-335. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2023.103827

Zhang, X., Ling, C., Wu, X., Fan, S., Liang, Q., & Zhou, F. (2023). Bacterial diversity and function shift of strawberry root in different cultivation substrates. Rhizosphere, 26. https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2023.100696

Zhang, J., Wang, N., Li, S., Wang, J., Feng, Y., Wang, E., Li, Y., Yang, T., & Chen, W. (2023). The Effect of Different Rhizobial Symbionts on the Composition and Diversity of Rhizosphere Microorganisms of Chickpea in Different Soils. Plants (Basel, Switzerland), 12(19), 3421. https://doi.org/10.3390/plants12193421

Zhang, Y., Wang, T., & Li, J. (2023). Biogeochemical implications of microbial profiling in agricultural soils. *Microbial Ecology, 86*(7), 1–18. https://doi.org/10.1007/s00248-023-02094-w

Zhao, Y., Zhou, X., & Yang, J. (2022). Impact of soil bacteria on nutrient cycling and plant growth. *Frontiers in Microbiology, 11*, 112. https://doi.org/10.3389/fmicb

Zhou, J., Jiang, X., Zhou, B., Zhao, B., Ma, M., Guan, D., & Li, J. (2020). Thirty-four years of nitrogen fertilization decreases fungal diversity and alters fungal community composition

in black soil in northeast China. Soil Biology and Biochemistry, 143, 107741. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107741

Zhou, H., Liu, J., & Wang, X. (2023). Influence of soil physicochemical properties on microbial communities and agricultural productivity. *Agricultural Microbiology Advances*, 21(1), 45–59. https://doi.org/10.1016/j.agmicro.2023.110053

Zymo Research. (2022). ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit Instruction Manual. Recuperado de https://www.zymoresearch.comhttps://doi.org/10.1016/j.copbio.2021.07.003

ANEXOS

Anexo 1. Resultados fisicoquímicos.

Nro. Muestra	N (%)	pH	CE (µS)	MO (%)
F7	0,63	7,42	610	11,32
F8	0,32	6,44	309	4,77
F9	0,25	6,56	335	3,55
F10	0,39	5,45	881	5,86
F11	0,57	7,08	242	4,81
F12	0,86	5,72	924	6,67
F1	0,49	6,58	950	4,66
F2	1,06	6,86	562	7,27
F3	0,81	6,52	217	3,2
F4	0,57	5,73	190,5	5,77
F5	0,43	7,26	304	4,78
F6	0,99	5,9	2,38	6,33

Nota. Resultados fisicoquímicos de muestras de suelo analizadas mediante el método de combustión Dumas. La tabla incluye valores de contenido de nitrógeno (N %), pH, conductividad eléctrica (CE, µS) y materia orgánica (MO, %). El pH varía entre 5,45 y 7,42, indicando suelos ligeramente ácidos a neutros. Los valores de CE oscilan de 2,38 a 950 µS, mostrando diferentes niveles de salinidad, mientras que el contenido de materia orgánica varía entre 3,2 % y 11,32 %, reflejando diferencias significativas en la calidad orgánica de los suelos evaluados. Estos datos son relevantes para interpretar la fertilidad y manejo del suelo en las muestras estudiadas. Elaboración propia.

Anexo 2. Valores obtenidos del índice de CHAO.

LOCALIDAD	CODIFICACIÓN	CHAO	OTUS
Huachi La Libertad	F6	3821,55	2856,00
	F12	1982,55	1450,00
Chiquicha chico	F5	4333,18	3332,00
	F11	3293,98	2464,00

Yacupamba	F4	2026,29	1506,00
	F10	1232,93	1060,00
La Florida	F3	3155,95	2736,00
	F9	5163,43	4020,00
San Pablo y Angahuana	F2	2361,22	1715,00
	F8	1901,68	1400,00
Nitón	F1	2192,96	1651,00
	F7	2509,03	1877,00

Nota. Elaboración propia.

Anexo 3. Lecturas asignadas OTUs Filos más representativos.

	VALORES DE OTUS DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
Taxon Name	**F10**	**F4**	**F7**	**F1**	**F2**	**F3**	**F5**	**F6**	**F8**	**F9**	**F11**	**F12**
Acidobacteria	1661	706	2635	2859	1758	3006	3850	2287	1264	2792	2622	1637
Actinobacteria	3112	1948	2287	2486	3448	3836	3169	3209	2908	2908	3205	2892
AF234118_p	0	0	8	14	0	0	0	0	0	0	0	0
Armatimonadetes	47	8	15	24	18	31	28	35	24	0	10	19
Bacteroidetes	2067	1934	2603	1651	1311	628	684	1197	3521	908	1361	2132
Berkelbacteria	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0
BRC1	0	14	5	25	0	29	37	0	0	0	17	32
Chlamydiae	195	25	37	34	47	49	63	183	15	152	46	71
Chlorobi	3	7	24	21	9	49	43	55	21	65	26	27
Chloroflexi	464	298	524	650	447	1052	1027	983	390	1538	906	459
Cyanobacteria	27	14	0	10	14	33	9	28	10	51	0	24
Elusimicrobia	33	11	9	10	9	0	14	31	17	40	47	7
Fibrobacteres	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0

	VALORES DE OTUS DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
Taxon Name	**F10**	**F4**	**F7**	**F1**	**F2**	**F3**	**F5**	**F6**	**F8**	**F9**	**F11**	**F12**
Firmicutes	256	824	1432	620	1549	372	803	637	1632	514	1119	503
Gemmatimonadetes	141	86	136	182	137	389	157	400	112	372	143	107
Hydrogenedentes_NKB19	0	0	0	0	0	0	16	0	0	0	13	0
Kazan	5	0	0	0	0	0	0	0	0	44	0	0
Latescibacteria_WS3	0	17	17	36	13	62	39	43	10	38	25	18
Microgenomates_OP11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	56	0	0
Nitrospirae	40	85	117	158	89	142	203	231	85	332	108	15
Parcubacteria_OD1	14	55	0	0	21	36	0	80	0	146	8	18
Peregrinibacteria	0	0	0	0	11	19	0	0	0	0	0	0
Planctomycetes	940	574	1340	1319	1080	2131	2773	1675	1230	2551	2051	1450
Proteobacteria	10911	7261	8925	10101	10376	7747	7008	8834	9054	6723	8199	10744
Saccharibacteria_TM7	299	59	105	96	37	331	325	265	128	710	239	141
TM6	59	50	46	13	19	30	24	89	19	126	36	7
Verrucomicrobia	355	74	345	289	200	532	335	270	134	387	417	310

	VALORES DE OTUS DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
Taxon Name	**F10**	**F4**	**F7**	**F1**	**F2**	**F3**	**F5**	**F6**	**F8**	**F9**	**F11**	**F12**
WS6	0	0	0	0	0	0	0	0	21	0	0	0

Nota. Elaboración propia.

Anexo 4. Abundancia Relativa de los Filos Bacterianos Principales en Cada Muestra.

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	F10	F4	F7	F1	F2	F3	F5	F6	F8	F9	F11	F12
Acidobacteria	8,05	3,42	12,77	13,86	8,52	14,57	18,66	11,09	6,13	13,53	12,71	7,94
Actinobacteria	15,09	9,44	11,09	12,05	16,71	18,60	15,36	15,56	14,10	14,10	15,54	14,02
AF234118_p	0,00	0,00	0,04	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Armatimonadetes	0,23	0,04	0,07	0,12	0,09	0,15	0,14	0,17	0,12	0,00	0,05	0,09
Bacteroidetes	10,02	9,38	12,62	8,00	6,36	3,04	3,32	5,80	17,07	4,40	6,60	10,33
Berkelbacteria	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
BRC1	0,00	0,07	0,02	0,12	0,00	0,14	0,18	0,00	0,00	0,00	0,08	0,16
Chlamydiae	0,95	0,12	0,18	0,16	0,23	0,24	0,31	0,89	0,07	0,74	0,22	0,34
Chlorobi	0,01	0,03	0,12	0,10	0,04	0,24	0,21	0,27	0,10	0,32	0,13	0,13
Chloroflexi	2,25	1,44	2,54	3,15	2,17	5,10	4,98	4,77	1,89	7,46	4,39	2,23

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	F10	F4	F7	F1	F2	F3	F5	F6	F8	F9	F11	F12
Cyanobacteria	0,13	0,07	0,00	0,05	0,07	0,16	0,04	0,14	0,05	0,25	0,00	0,12
Elusimicrobia	0,16	0,05	0,04	0,05	0,04	0,00	0,07	0,15	0,08	0,19	0,23	0,03
Fibrobacteres	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Firmicutes	1,24	3,99	6,94	3,01	7,51	1,80	3,89	3,09	7,91	2,49	5,42	2,44
Gemmatimonadetes	0,68	0,42	0,66	0,88	0,66	1,89	0,76	1,94	0,54	1,80	0,69	0,52
Hydrogenedentes_NKB19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00	0,06	0,00
Kazan	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,21	0,00	0,00
Latescibacteria_WS3	0,00	0,08	0,08	0,17	0,06	0,30	0,19	0,21	0,05	0,18	0,12	0,09
Microgenomates_OP11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,27	0,00	0,00
Nitrospirae	0,19	0,41	0,57	0,77	0,43	0,69	0,98	1,12	0,41	1,61	0,52	0,07
Parcubacteria_OD1	0,07	0,27	0,00	0,00	0,10	0,17	0,00	0,39	0,00	0,71	0,04	0,09
Peregrinibacteria	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,09	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Planctomycetes	4,56	2,78	6,50	6,39	5,24	10,33	13,44	8,12	5,96	12,37	9,94	7,03
Proteobacteria	52,89	35,20	43,26	48,97	50,30	37,55	33,97	42,82	43,89	32,59	39,75	52,08
Saccharibacteria_TM7	1,45	0,29	0,51	0,47	0,18	1,60	1,58	1,28	0,62	3,44	1,16	0,68
TM6	0,29	0,24	0,22	0,06	0,09	0,15	0,12	0,43	0,09	0,61	0,17	0,03
Verrucomicrobia	1,72	0,36	1,67	1,40	0,97	2,58	1,62	1,31	0,65	1,88	2,02	1,50
WS6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	0,00	0,00	0,00

Nota. La tabla indica los porcentajes de abundancia relativa determinados a nivel de filo en base a las lecturas asignadas obtenidas de la plataforma EzBiocloud. Elaboración propia.

Anexo 5. Lecturas asignadas a las OTUs especies más representativos.

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Achromobacter xylosoxidans group	0,00	123,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Acidovorax radicis group	287,00	0,00	0,00	240,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
*Acinetobacter calcoaceticu*s group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	93,00	0,00	0,00	191,00	0,00	704,00	0,00
Acinetobacter	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	958,00	0,00	155,00	0,00
Aeromonas hydrophila group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	228,00	0,00
Genus of *Planctomycetaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	102,00	0,00	0,00	0,00	0,00	119,00	0,00	0,00
AF370880_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	97,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Arthrobacter globiformis group	207,00	277,00	1120,00	866,00	127,00	336,00	193,00	1066,00	490,00	136,00	490,00	180,00
Arthrobacter silviterrae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	149,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Genus of *Pyrinomonadaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	101,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Methyloceanibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	134,00	194,00	0,00	0,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Bacillus simplex group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	74,00	137,00	0,00	201,00	123,00
Bradyrhizobium japonicum group	162,00	224,00	245,00	248,00	277,00	404,00	443,00	89,00	304,00	318,00	172,00	393,00
Brevundimonas bullata group	0,00	0,00	252,00	230,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Chryseobacterium indoltheticum	210,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1084,00	609,00	0,00	0,00	526,00	191,00
Chryseobacterium jejuense group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	126,00
Species of *Pseudorhodoplanes*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	87,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	107,00
CP016294_s group	416,00	327,00	0,00	138,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	267,00	0,00
Devosia insulae group	0,00	0,00	0,00	0,00	115,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	189,00
Devosia limi group	0,00	0,00	122,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
DQ984612_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	112,00	0,00	0,00
EF632942_s	107,00	157,00	0,00	0,00	229,00	0,00	0,00	0,00	226,00	345,00	0,00	221,00
Eiseniicola composti	0,00	0,00	0,00	253,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Enterobacteriaceae group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	119,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Enterococcus moraviensis group	0,00	107,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Erwinia billingiae group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	331,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Pyrinomonadaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	82,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
EU223948_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	87,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Gaiella*	0,00	0,00	0,00	0,00	125,00	0,00	0,00	0,00	0,00	96,00	0,00	142,00
FJ152799_s	0,00	115,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
FJ543048_s	0,00	0,00	0,00	0,00	107,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Flavobacterium hydatis	0,00	0,00	393,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Flavobacterium saccharophilum group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	149,00	0,00
Brevundimonas bullata group	0,00	0,00	0,00	0,00	129,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	96,00
Genus of *Vicinamibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	100,00	0,00	0,00	85,00	158,00	0,00	0,00
GU359089_s	0,00	0,00	0,00	0,00	127,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Herbiconiux ginsengi group	579,00	0,00	483,00	297,00	0,00	0,00	176,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Flavobacterium*	0,00	0,00	686,00	313,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Species of *Steroidobacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	92,00	120,00	0,00	0,00
Species of *Tepidisphaera*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	143,00	0,00
Species of *Pseudolabrys*	0,00	0,00	0,00	0,00	138,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	176,00
HQ397104_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	101,00	0,00	0,00
Species of *Flavobacterium*	0,00	0,00	239,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Luteitalea pratensis	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	97,00	127,00	0,00	0,00
Lysobacter	0,00	0,00	0,00	303,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Microbacterium imperiale group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	156,00	58,00	0,00	99,00	0,00	157,00
Microlunatus phosphovorus group	0,00	0,00	0,00	0,00	108,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Nakamurella multipartita	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	85,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PAC000016_g_uc	0,00	0,00	0,00	0,00	142,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Genus of *Planctomycetaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	169,00	0,00	0,00	0,00	95,00	173,00	0,00	0,00
Species of *Gaiella*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	154,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Genus of *Vicinamibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	136,00	0,00	0,00	0,00	93,00	0,00	0,00
PAC001849_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	122,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Nitrospira*	0,00	0,00	0,00	0,00	105,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Species of *Pedomicrobium*	0,00	0,00	0,00	0,00	99,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Acidibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	125,00	0,00	0,00	0,00	117,00	136,00	0,00	0,00
Paenarthrobacter aurescens group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	135,00	0,00	122,00	0,00	0,00	647,00	143,00
Paenisporosarcina macmurdoensis	0,00	0,00	236,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Paenisporosarcina quisquiliarum group	131,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	189,00	230,00	0,00	0,00	0,00
PEJT_s group	0,00	135,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pirellula	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	94,00	0,00	0,00
Povalibacter uvarum	0,00	0,00	0,00	0,00	90,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas asplenii group	346,00	165,00	0,00	140,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas brassicacearum group	238,00	342,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	137,00	0,00
Pseudomonas corrugata group	501,00	1147,00	481,00	696,00	0,00	357,00	285,00	1090,00	663,00	111,00	975,00	290,00
Pseudomonas donghuensis group	0,00	161,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Pseudomonas fulva group	1406,00	2289,00	1356,00	1592,00	0,00	340,00	2780,00	1743,00	503,00	175,00	2315,00	331,00
Pseudomonas granadensis group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	98,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas mandelii group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	554,00	0,00
Pseudomonas putida group	0,00	0,00	711,00	344,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas synxantha group	0,00	0,00	0,00	144,00	0,00	0,00	206,00	150,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas tolaasii group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	215,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas veronii group	184,00	0,00	284,00	0,00	0,00	0,00	480,00	73,00	0,00	0,00	210,00	0,00
Pseudomonas	774,00	515,00	625,00	318,00	0,00	557,00	862,00	459,00	114,00	0,00	1102,00	0,00
Psychrobacillus psychrodurans	477,00	111,00	373,00	390,00	0,00	0,00	0,00	137,00	299,00	0,00	0,00	0,00
Psychrobacter vallis group	108,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	313,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Rahnella woolbedingensis group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	798,00	559,00	0,00	0,00	0,00	486,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Rhodococcus erythropolis group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	127,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Serratia plymuthica group	0,00	110,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Shewanella putrefaciens group	0,00	170,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	239,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Shewanella xiamenensis	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	60,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Sphingobacterium faecium group	2038,00	1195,00	1472,00	510,00	0,00	0,00	128,00	898,00	498,00	0,00	743,00	273,00
Sphingobium amiense group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	125,00
Sphingomonas lutea group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	136,00	0,00	0,00	0,00	0,00	139,00	0,00
Sporosarcina globispora group	0,00	0,00	249,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Sporosarcina	177,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Stenotrophomonas rhizophila	555,00	869,00	346,00	1479,00	0,00	0,00	194,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Stenotrophomonas	0,00	0,00	516,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Streptomyces scabiei group	0,00	0,00	0,00	0,00	97,00	134,00	154,00	0,00	0,00	0,00	0,00	158,00

	MUESTRAS CODIFICADAS											
Taxon Name	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Tepidisphaera	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	210,00	0,00	0,00	93,00	154,00	0,00	0,00
Tissierella	0,00	0,00	0,00	264,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Unclassified in higher taxonomic rank	823,00	679,00	577,00	610,00	1608,00	1403,00	1325,00	541,00	1119,00	1272,00	805,00	1330,00

Nota. Elaboración propia.

Anexo 6. Abundancia Relativa de las Especies Bacterianas Principales en Cada Muestra.

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
***Achromobacter xylosoxidans* group**	0,00	1,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
***Acidovorax radicis* group**	2,95	0,00	0,00	2,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
***Acinetobacter calcoaceticus* group**	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,85	0,00	0,00	2,96	0,00	6,60	0,00
Acinetobacter	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	14,86	0,00	1,45	0,00
***Aeromonas hydrophila* group**	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,14	0,00
Genus of *Planctomycetaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	2,48	0,00	0,00	0,00	0,00	2,88	0,00	0,00
AF370880_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,93	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
***Arthrobacter globiformis* group**	2,13	3,00	10,40	9,24	3,08	6,69	1,88	12,44	7,60	3,29	4,60	3,44
Arthrobacter silviterrae	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,46	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Genus of *Pyrinomonadaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	2,45	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Species of *Methyloceanibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,08	4,69	0,00	0,00
***Bacillus simplex* group**	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,86	2,13	0,00	1,89	2,35
***Bradyrhizobium japonicum* group**	1,67	2,43	2,28	2,65	6,72	8,05	4,33	1,04	4,72	7,69	1,61	7,50
Brevundimonas bullata group	0,00	0,00	2,34	2,45	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Chryseobacterium indoltheticum	2,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	10,59	7,11	0,00	0,00	4,93	3,65
Chryseobacterium jejuense group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,41
Species of *Pseudorhodoplanes*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,73	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,04
CP016294_s group	4,28	3,55	0,00	1,47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,50	0,00
Devosia insulae group	0,00	0,00	0,00	0,00	2,79	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,61
Devosia limi group	0,00	0,00	1,13	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
DQ984612_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,71	0,00	0,00
EF632942_s	1,10	1,70	0,00	0,00	5,56	0,00	0,00	0,00	3,51	8,35	0,00	4,22
Eiseniicola composti	0,00	0,00	0,00	2,70	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Enterobacteriaceae group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Enterococcus moraviensis group	0,00	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Erwinia billingiae group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,23	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Pyrinomonadaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,63	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
EU223948_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,73	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Gaiella*	0,00	0,00	0,00	0,00	3,03	0,00	0,00	0,00	0,00	2,32	0,00	2,71
FJ152799_s	0,00	1,25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
FJ543048_s	0,00	0,00	0,00	0,00	2,60	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Flavobacterium hydatis	0,00	0,00	3,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Flavobacterium saccharophilum group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,40	0,00
Brevundimonas bullata group	0,00	0,00	0,00	0,00	3,13	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,83
Genus of *Vicinamibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,99	0,00	0,00	1,32	3,82	0,00	0,00
GU359089_s	0,00	0,00	0,00	0,00	3,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Herbiconiux ginsengi group	5,95	0,00	4,49	3,17	0,00	0,00	1,72	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Flavobacterium*	0,00	0,00	6,37	3,34	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Steroidobacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,43	2,90	0,00	0,00
Species of *Tepidisphaera*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,34	0,00
Species of *Pseudolabrys*	0,00	0,00	0,00	0,00	3,35	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,36
HQ397104_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,44	0,00	0,00
Species of *Flavobacterium*	0,00	0,00	2,22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Luteitalea pratensis	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,51	3,07	0,00	0,00
Lysobacter	0,00	0,00	0,00	3,23	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Microbacterium imperiale group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,52	0,68	0,00	2,40	0,00	3,00
Microlunatus phosphovorus group	0,00	0,00	0,00	0,00	2,62	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Nakamurella multipartita	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,69	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PAC000016_g_uc	0,00	0,00	0,00	0,00	3,45	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Genus of *Planctomycetaceae*	0,00	0,00	0,00	0,00	4,10	0,00	0,00	0,00	1,47	4,19	0,00	0,00
Species of *Gaiella*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Genus of *Vicinamibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,71	0,00	0,00	0,00	2,25	0,00	0,00

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
PAC001849_s	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,43	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Nitrospira*	0,00	0,00	0,00	0,00	2,55	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Pedomicrobium*	0,00	0,00	0,00	0,00	2,40	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Species of *Acidibacter*	0,00	0,00	0,00	0,00	3,03	0,00	0,00	0,00	1,82	3,29	0,00	0,00
Paenarthrobacter aurescens group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,69	0,00	1,42	0,00	0,00	6,07	2,73
Paenisporosarcina macmurdoensis	0,00	0,00	2,19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Paenisporosarcina quisquiliarum group	1,35	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,21	3,57	0,00	0,00	0,00
PEJT_s group	0,00	1,46	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pirellula	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,27	0,00	0,00
Povalibacter uvarum	0,00	0,00	0,00	0,00	2,18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas asplenii group	3,56	1,79	0,00	1,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas brassicacearum group	2,45	3,71	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,28	0,00
Pseudomonas corrugata group	5,15	12,44	4,47	7,42	0,00	7,11	2,78	12,72	10,29	2,69	9,14	5,54
Pseudomonas donghuensis group	0,00	1,75	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas fulva group	14,46	24,83	12,60	16,98	0,00	6,77	27,15	20,35	7,80	4,23	21,71	6,32
Pseudomonas granadensis group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,14	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas mandelii group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	5,20	0,00
Pseudomonas putida group	0,00	0,00	6,60	3,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas synxantha group	0,00	0,00	0,00	1,54	0,00	0,00	2,01	1,75	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas tolaasii group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pseudomonas veronii group	1,89	0,00	2,64	0,00	0,00	0,00	4,69	0,85	0,00	0,00	1,97	0,00

	PORCENTAJE DE ABUNDANCIA RELATIVA DE LAS LOCALIDADES MUESTREADAS											
TAXON NAME	**F7**	**F1**	**F8**	**F2**	**F9**	**F3**	**F10**	**F4**	**F11**	**F5**	**F12**	**F6**
Pseudomonas	7,96	5,59	5,81	3,39	0,00	11,10	8,42	5,36	1,77	0,00	10,34	0,00
Psychrobacillus psychrodurans	4,90	1,20	3,46	4,16	0,00	0,00	0,00	1,60	4,64	0,00	0,00	0,00
Psychrobacter vallis group	1,11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,65	0,00	0,00	0,00	0,00
Rahnella woolbedingensis group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,79	6,53	0,00	0,00	0,00	9,28
Rhodococcus erythropolis group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,24	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Serratia plymuthica group	0,00	1,19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Shewanella putrefaciens group	0,00	1,84	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,79	0,00	0,00	0,00	0,00
Shewanella xiamenensis	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,70	0,00	0,00	0,00	0,00
Sphingobacterium faecium group	20,95	12,96	13,67	5,44	0,00	0,00	1,25	10,48	7,73	0,00	6,97	5,21
Sphingobium amiense group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,39
Sphingomonas lutea group	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,71	0,00	0,00	0,00	0,00	1,30	0,00
Sporosarcina globispora group	0,00	0,00	2,31	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Sporosarcina	1,82	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Stenotrophomonas rhizophila	5,71	9,43	3,21	15,78	0,00	0,00	1,89	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Stenotrophomonas	0,00	0,00	4,79	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Streptomyces scabiei group	0,00	0,00	0,00	0,00	2,35	2,67	1,50	0,00	0,00	0,00	0,00	3,02
Tepidisphaera	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	4,18	0,00	0,00	1,44	3,73	0,00	0,00
Tissierella	0,00	0,00	0,00	2,82	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Unclassified in higher taxonomic rank	8,46	7,37	5,36	6,51	39,03	27,95	12,94	6,31	17,36	30,78	7,55	25,40

Nota. La tabla indica los porcentajes de abundancia relativa determinados a nivel de especies en base a las lecturas asignadas obtenidas de la plataforma EzBiocloud. Elaboración propia.

Anexo 7. Perfiles metabólicos presentes en la rizósfera de cultivos de fresa.

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
aerobic respiration I (cytochrome c)	57526,79313	57798,747	36153,74664	47505,17258	41185,77744	53379,74534
pyruvate fermentation to isobutanol (engineered)	37271,88185	37259,36076	22886,05575	32951,61196	26267,40095	36282,86476
gondoate biosynthesis (anaerobic)	33596,57982	31367,84832	20476,83028	35193,25718	22788,0755	33180,62488
mycolate biosynthesis	32130,17371	30606,05578	16675,21002	31829,23543	21403,41674	31660,85809
L-isoleucine biosynthesis II	34530,01155	33717,17702	21306,64038	27218,31119	24671,21274	31946,07747
superpathway of fatty acid biosynthesis initiation (E. coli)	30227,9066	29711,98623	13821,17045	29225,3808	19049,35963	28916,72658
CDP-diacylglycerol biosynthesis I	31524,39893	31088,02026	17692,94552	28231,40569	21117,20543	28846,0041
CDP-diacylglycerol biosynthesis II	31524,39893	31088,02026	17692,94552	28231,40569	21117,20543	28846,0041
fatty acid elongation -- saturated	29872,48475	28839,62254	18545,8027	29366,86992	20955,89759	30215,60145
L-isoleucine biosynthesis I (from threonine)	33520,44734	32597,41873	20739,0437	26156,20595	23967,58417	31052,63491
L-valine biosynthesis	33520,44734	32597,41873	20739,0437	26156,20595	23967,58417	31052,63491
oleate biosynthesis IV (anaerobic)	28780,46887	27869,40293	15847,45912	27912,407	20133,8756	29121,3132
stearate biosynthesis II (bacteria and plants)	28228,88925	27665,99524	15531,64159	27322,92216	20078,47879	28881,96759
fatty acid β-oxidation I	30712,64604	28127,58893	14813,86187	27191,06689	18831,43633	27221,43521
palmitoleate biosynthesis I (from (5Z)-dodec-5-enoate)	27966,64562	27221,47248	15336,56905	27259,91366	19720,45851	28612,58063
cis-vaccenate biosynthesis	28570,64717	28553,79033	20969,14311	26526,23407	22666,54741	30279,37722
TCA cycle I (prokaryotic)	28587,44666	28710,66945	15738,21302	25682,00461	18779,35882	25712,50886
fatty acid salvage	27535,42983	27208,83395	15049,7346	25629,33749	18794,73868	25595,35717
(5Z)-dodec-5-enoate biosynthesis	27448,36204	26680,47421	14929,93443	26183,43367	19235,26829	27786,80866

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathway of L-serine and glycine biosynthesis I	25455,74327	25357,10025	15354,97829	23445,04353	18402,54862	24104,00191
L-ornithine biosynthesis	26611,66935	24861,41345	12858,15306	23941,25136	16150,13426	22747,82366
urate biosynthesis/inosine 5'-phosphate degradation	26606,20162	28024,7539	15237,6784	23848,90822	18256,86201	25118,61793
superpathway of phospholipid biosynthesis I (bacteria)	26604,41052	26085,02031	15554,65851	23370,28828	18149,77441	24577,46821
superpathway of branched amino acid biosynthesis	28686,24046	27804,10841	17852,28422	22776,53836	20480,73351	26363,39723
TCA cycle VIII (helicobacter)	25528,11329	26547,54997	13597,44353	23412,26793	16343,18972	22390,18498
TCA cycle VII (acetate-producers)	25538,04748	26023,65855	10286,75921	22922,66403	14840,39335	22024,42975
superpathway of pyrimidine nucleobases salvage	25534,98452	26198,82956	15272,27208	23478,75914	17688,41777	23947,85765
pentose phosphate pathway (non-oxidative branch)	24579,47237	24177,36475	15920,286	22183,15093	17909,54504	25159,16311
superpathway of aromatic amino acid biosynthesis	24256,40529	23964,97912	14629,06034	21716,14608	17065,87054	23074,96357
L-isoleucine biosynthesis III	25928,67671	25967,7333	16128,5452	21055,75267	18481,93981	24015,02468
phosphatidylglycerol biosynthesis I (plastidic)	23542,42956	23868,64536	14529,02353	21315,74494	16803,11707	22759,12031
phosphatidylglycerol biosynthesis II (non-plastidic)	23542,42956	23868,64536	14529,02353	21315,74494	16803,11707	22759,12031
superpathway of L-isoleucine biosynthesis I	25176,13572	24951,96419	15299,64135	20916,40438	17660,34159	23492,71817
adenosine nucleotides degradation II	20034,37783	20895,69244	12480,69533	19776,03046	14098,57271	21209,17618
superpathway of sulfate assimilation and cysteine biosynthesis	23470,53543	22924,10629	12975,59033	20895,58607	15755,46042	21891,84089
adenosine ribonucleotides de novo biosynthesis	22338,79887	22574,31832	15134,91043	19949,07647	17091,42633	22717,04803
superpathway of L-threonine biosynthesis	23860,45948	23408,59873	14145,84243	20197,18727	16487,36261	22491,85729
superpathway of adenosine nucleotides de novo biosynthesis I	22695,79828	22969,82648	15123,26617	20373,9398	16966,41471	22569,38284
superpathway of glyoxylate bypass and TCA	21489,56941	22311,15486	10590,59176	20990,84223	13540,44651	20379,55418
chorismate biosynthesis I	22733,97248	22508,41557	13818,35513	20375,56358	16058,8451	21722,0467

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
L-lysine biosynthesis III	22943,49037	22851,34667	14713,40511	20515,92527	16706,5873	22583,68343
L-lysine biosynthesis VI	22771,19252	22601,56652	14177,14945	20419,19196	16397,46784	22156,88698
superpathway of L-phenylalanine biosynthesis	22348,17449	22034,00173	11403,85225	20692,95019	14508,19211	20943,81635
GDP-mannose biosynthesis	21548,98813	23057,05664	14025,03356	20666,34783	15775,26959	21063,3941
L-lysine biosynthesis I	21905,20875	21898,72043	12383,98873	19633,925	14818,75262	20767,98142
sulfate reduction I (assimilatory)	22544,70227	21206,00088	11537,46259	19855,03262	14396,53636	20409,39562
6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis III (Chlamydia)	21803,61805	21805,22968	11917,78027	19171,83479	14418,92078	20212,00475
superpathway of adenosine nucleotides de novo biosynthesis II	21733,65712	22067,11285	14469,24588	19411,61117	16231,54961	21527,67645
N10-formyl-tetrahydrofolate biosynthesis	21592,07608	21124,49447	12341,49758	18672,82994	14551,04262	20397,20326
dTDP-L-rhamnose biosynthesis I	21945,99258	20894,51912	12331,98224	18988,16927	14662,92157	19826,15438
L-arginine biosynthesis II (acetyl cycle)	21135,30632	21978,4487	13007,05029	19319,84515	15110,20894	20264,74906
chorismate biosynthesis from 3-dehydroquinate	21360,10129	21347,91027	13259,02854	18970,73146	15227,62489	20461,87217
6-hydroxymethyl-dihydropterin diphosphate biosynthesis I	21651,99036	21613,8523	11505,82428	18835,7792	14058,72155	19635,88685
adenosine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis II	21329,96475	22033,3642	14019,75613	18998,89697	15744,69394	20891,12685
guanosine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis II	21329,96475	22033,3642	14019,75613	18998,89697	15744,69394	20891,12685
8-amino-7-oxononanoate biosynthesis I	21095,99421	20188,20624	9181,22836	19960,22738	12783,81746	19467,32365
superpathway of pyrimidine ribonucleotides de novo biosynthesis	21322,78134	21897,79674	14094,27398	18862,10773	15767,16975	20746,21455
peptidoglycan maturation (meso-diaminopimelate containing)	23286,51932	22667,65426	10214,61278	19120,85299	12911,89848	18640,17738
pentose phosphate pathway	20054,16881	20582,06288	13313,22464	18152,98074	14928,36641	20185,10468

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
Calvin-Benson-Bassham cycle	20043,03984	20310,39504	13732,25158	18044,47136	15213,20874	21037,81627
UMP biosynthesis	21005,92272	21573,60489	14027,4873	18358,15566	15643,11904	20431,97857
5-aminoimidazole ribonucleotide biosynthesis I	20455,28067	21652,11775	13943,74568	18112,27722	15475,05963	20488,14424
L-arginine biosynthesis I (via L-ornithine)	20165,08663	20834,26944	12081,43212	18233,95132	14133,95031	19220,63547
superpathway of L-methionine biosynthesis (by sulfhydrylation)	18871,04904	20299,20975	11809,10421	17767,0472	13792,47404	19079,89477
superpathway of purine nucleotides de novo biosynthesis I	20509,84972	21104,5929	13644,59828	18163,46689	15284,26746	20178,67571
superpathway of tetrahydrofolate biosynthesis and salvage	20418,57535	20534,43191	11806,60582	18209,52082	14065,9739	19398,64621
L-arginine biosynthesis IV (archaebacteria)	20073,2988	20735,53689	12038,47003	18134,99763	14074,4789	19136,88179
superpathway of guanosine nucleotides de novo biosynthesis I	20348,7832	21246,00689	13754,02911	18315,94459	15373,9536	20262,24293
superpathway of L-alanine biosynthesis	19135,42758	18687,70487	8856,222168	18498,46603	11806,96863	19631,92537
L-tryptophan biosynthesis	20616,20888	20823,00247	13181,95143	18232,52374	15088,02379	19723,42186
guanosine nucleotides degradation III	17405,06027	17157,91519	11292,4441	17073,23305	12232,63999	18730,9606
flavin biosynthesis I (bacteria and plants)	20261,53145	20207,94556	12439,55145	17571,32855	14349,8019	19031,40839
superpathway of glycolysis, pyruvate dehydrogenase, TCA, and glyoxylate bypass	20030,55446	20231,08211	11512,26174	17819,49124	13948,36001	19315,7387
glycolysis I (from glucose 6-phosphate)	19698,07096	20277,09497	12811,28692	17356,28617	14770,83614	19595,78237
superpathway of L-lysine, L-threonine and L-methionine biosynthesis I	18565,55646	19352,35027	11705,27796	17695,49396	13645,22448	18976,36927
superpathway of guanosine nucleotides de novo biosynthesis II	19854,10492	20684,69006	13377,17938	17780,1668	14960,78573	19694,34106
gluconeogenesis I	19397,73778	20092,0243	12307,86956	17595,23377	13980,17715	19339,72231

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
L-arginine biosynthesis III (via N-acetyl-L-citrulline)	19983,43779	20493,61116	11780,57813	17210,55618	14134,58916	18645,86712
superpathway of pyrimidine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis	19378,60904	20690,3247	12644,09557	17588,83489	14255,56579	19230,85564
mixed acid fermentation	21081,83445	19394,70987	8316,801577	17442,33922	11556,90345	18170,59469
superpathway of L-tyrosine biosynthesis	19380,08785	19480,08729	10932,79941	17593,00262	13577,75256	18966,58368
L-histidine degradation I	18971,09649	19900,89958	8718,230134	17613,50919	11067,00896	17372,83098
tetrapyrrole biosynthesis I (from glutamate)	18928,99092	19788,34543	12665,86131	17384,17366	14091,62288	18579,3808
biotin biosynthesis I	19835,25155	19233,97655	8757,952303	18680,35514	12022,07041	18100,76392
superpathway of tetrahydrofolate biosynthesis	19326,8044	19598,17831	11105,59159	17677,27727	13416,3566	18473,38442
superpathway of L-methionine biosynthesis (transsulfuration)	16794,74124	18146,31677	11535,01968	17208,94382	13358,60537	18628,81382
superpathway of S-adenosyl-L-methionine biosynthesis	17820,07219	19683,97364	10907,00451	18149,58465	12997,53325	18362,48665
glycolysis III (from glucose)	20226,09503	19849,70796	13364,05502	16874,01716	15249,53956	19809,93296
glycolysis II (from fructose 6-phosphate)	18898,78278	19458,68221	11942,9828	16380,48251	14148,43712	18728,92416
5-aminoimidazole ribonucleotide biosynthesis II	19156,56471	20384,51338	13737,60924	16925,46462	14922,75951	19495,28505
superpathway of 5-aminoimidazole ribonucleotide biosynthesis	19156,56471	20384,51338	13737,60924	16925,46462	14922,75951	19495,28505
protocatechuate degradation II (ortho-cleavage pathway)	17612,66047	18721,18887	7163,729466	17927,33398	9363,234421	14749,96651
heme biosynthesis II (anaerobic)	19720,75781	20852,22308	11990,96069	17261,23294	13842,70444	18596,53435
tetrapyrrole biosynthesis II (from glycine)	17234,83586	18987,51776	12201,0383	17360,74278	13737,61399	18166,95563
superpathway of glycolysis and Entner-Doudoroff	18697,61612	18866,30894	11525,3983	16673,7145	13107,35194	18296,15193
guanosine ribonucleotides de novo biosynthesis	18912,60084	19805,64777	13017,87344	16981,75386	14489,10369	18927,98439
thiamin salvage II	18841,40899	18648,34167	11436,40875	16710,93088	13186,66391	17881,061

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
tRNA charging	18820,03604	19127,55806	11606,17537	16769,50711	13350,94193	18126,32664
TCA cycle VI (obligate autotrophs)	17951,93439	17671,01507	10665,96261	15923,77989	12574,48817	17653,5174
pyrimidine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis I	17905,46262	19776,69164	12051,33161	16557,74095	13475,75702	18133,23775
L-histidine biosynthesis	18320,39393	19334,3958	11880,63986	16155,97572	13530,72636	17803,42649
4-aminobutanoate degradation V	16393,59351	17116,53616	7366,725516	15589,25274	9767,851261	14558,53753
phosphopantothenate biosynthesis I	18502,4993	19368,71993	11619,45922	16263,76598	13228,74898	17413,58444
TCA cycle V (2-oxoglutarate:ferredoxin oxidoreductase)	20365,18521	19215,53377	14615,07356	16431,43396	15656,85622	19981,46362
inosine-5'-phosphate biosynthesis I	18513,94253	18776,67939	11860,15456	16045,83927	13381,47275	17695,82072
coenzyme A biosynthesis I	18385,69537	18750,57135	12344,43538	16162,62044	13739,25154	17663,83848
pantothenate and coenzyme A biosynthesis I	18107,07494	18804,79029	11036,82698	16026,09321	12757,65975	17171,96333
TCA cycle IV (2-oxoglutarate decarboxylase)	19761,43377	18863,46257	13460,71614	16251,21883	14996,63624	19713,97426
inosine-5'-phosphate biosynthesis III	18271,99683	18416,68447	11371,10351	15745,96617	13001,60218	17360,1855
polyisoprenoid biosynthesis (E. coli)	18429,49286	19483,57014	11679,14059	16418,44414	13105,63436	17493,78576
peptidoglycan biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	17890,53001	18614,0052	11780,1293	15832,5643	13156,06921	17514,43255
UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	17827,91149	18617,1041	11809,89308	15767,15185	13168,45844	17511,57103
peptidoglycan biosynthesis III (mycobacteria)	17641,94225	18180,87809	11486,45348	15769,86566	12956,4553	17263,6816
UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis II (lysine-containing)	17497,08827	18042,60219	11445,1797	15650,50938	12901,25975	17254,9812
L-tyrosine degradation I	17885,49408	16506,55367	5943,592276	14376,74791	8836,712068	13949,91458

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathay of heme biosynthesis from glutamate	17348,04412	18301,6748	10385,50742	15645,40778	12133,18267	16639,47733
superpathway of pyrimidine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis (E. coli)	16702,43715	18513,98885	11193,41188	15441,05744	12533,06703	16905,24088
glyoxylate cycle	15284,09316	16509,89837	8967,037101	15705,56098	10607,17053	15832,10562
O-antigen building blocks biosynthesis (E. coli)	17249,25893	17279,64512	11271,22531	15500,48508	12712,22834	16798,14239
pyrimidine deoxyribonucleotide phosphorylation	17283,14916	18048,09885	11626,08148	15180,75345	12863,26606	16833,89757
L-leucine degradation I	16815,24247	16937,19571	7728,26172	14115,62753	9902,148899	13770,15741
aspartate superpathway	17254,17836	17585,17741	11119,85802	14917,72871	12746,77724	17136,54007
superpathway of purine nucleotides de novo biosynthesis II	15999,78753	14992,87911	8323,864628	15388,84919	10918,41631	16230,0243
L-methionine biosynthesis III	15704,01432	18754,07678	10029,89947	14982,6271	11038,75484	14945,10598
colanic acid building blocks biosynthesis	16755,06408	15780,97571	9234,680259	13856,23106	10216,80504	14626,55067
superpathway of GDP-mannose-derived O-antigen building blocks biosynthesis	17412,03252	16022,63677	10481,17021	12489,63747	12193,09021	14636,21066
superpathway of L-aspartate and L-asparagine biosynthesis	14558,20598	14591,02697	5842,427837	14083,19654	8612,463661	14590,55966
superpathway of geranylgeranyl diphosphate biosynthesis II (via MEP)	17505,90429	17543,10158	10702,94675	14322,16785	12122,38253	15501,10378
L-methionine biosynthesis I	13639,23624	16164,01248	9205,786979	16132,2481	10664,79875	14960,99277
superpathway of thiamin diphosphate biosynthesis I	16368,02611	14928,2184	8658,563708	15028,46474	10795,07963	15922,52507
starch degradation V	16307,31845	13632,37597	8195,67211	15974,23292	9609,608464	14919,885
NAD biosynthesis I (from aspartate)	15594,23948	15390,72301	10043,82395	14278,012	11351,49932	15111,36514
UDP-N-acetyl-D-glucosamine biosynthesis I	15760,49017	16507,22866	11650,89725	14814,14176	12491,80437	16289,08926

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
pyridoxal 5'-phosphate biosynthesis I	15945,18225	14668,27499	6140,906538	14199,6665	9243,79557	14382,46533
purine nucleotides degradation II (aerobic)	15155,29678	15842,04822	10155,76114	14251,22946	11908,4466	16644,44789
superpathway of UDP-glucose-derived O-antigen building blocks biosynthesis	15561,14977	14438,77058	6748,945617	14847,93512	8660,141218	14244,31349
glycogen degradation I (bacterial)	13420,80113	13300,78597	8637,405484	15616,46827	9835,774712	15201,76503
methylerythritol phosphate pathway I	16981,578	16350,13802	10758,84639	13392,06651	11895,40857	15377,68914
methylerythritol phosphate pathway II	16981,578	16350,13802	10758,84639	13392,06651	11895,40857	15377,68914
anhydromuropeptides recycling	17084,30706	17094,83265	10846,03305	14695,7942	12200,19831	17305,02018
lipid IVA biosynthesis	16279,32202	15443,14763	8563,771168	14448,90837	10228,07775	14466,39254
myo-, chiro- and scillo-inositol degradation	10608,535	8220,38	5074,85	12465,315	7261,97	11423,5
ubiquinol-7 biosynthesis (prokaryotic)	16147,9786	15569,76911	8437,505045	14032,57136	9954,376602	14900,89371
ubiquinol-9 biosynthesis (prokaryotic)	16147,9786	15569,76911	8437,505045	14032,57136	9954,376602	14900,89371
ubiquinol-10 biosynthesis (prokaryotic)	16147,9786	15569,76911	8437,505045	14032,57136	9954,376602	14900,89371
ubiquinol-8 biosynthesis (prokaryotic)	16147,9786	15569,76911	8437,505045	14032,57136	9954,376602	14900,89371
octane oxidation	15243,86188	13857,34033	3295,40233	14083,18389	6308,000803	10783,26462
heme biosynthesis I (aerobic)	16438,99736	16769,76494	8530,961132	13747,64218	10247,58139	14680,64835
preQ0 biosynthesis	15392,82149	14419,27354	9485,961222	13706,2677	10537,71502	14581,12127
queuosine biosynthesis	14684,2002	15123,26563	10214,64203	14041,47185	11052,37332	15123,43962
CMP-3-deoxy-D-manno-octulosonate biosynthesis I	16486,72916	15257,58593	8333,192791	13965,47636	9951,536058	14338,42241
superpathway of histidine, purine, and pyrimidine biosynthesis	14681,80955	13971,27951	8026,769044	14292,99525	9496,791793	14979,99786
glycogen biosynthesis I (from ADP-D-Glucose)	15233,14194	13223,23167	10142,188	13234,19239	10882,44736	15303,90912

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathway of ubiquinol-8 biosynthesis (prokaryotic)	15722,1021	15137,10557	8241,647495	13597,00561	9689,472658	14501,89821
Kdo transfer to lipid IVA III (Chlamydia)	15933,86	14739,59	8426,99	13458,48	10047,47	13776,505
NAD salvage pathway I	12937,92942	14101,12707	7707,910199	12612,90006	8902,433782	13380,13062
superpathway of pyridoxal 5'-phosphate biosynthesis and salvage	13847,5038	14217,42594	6006,774291	13824,03214	8136,811914	13002,39968
glucose and glucose-1-phosphate degradation	14809,93185	13512,54424	3956,813821	13273,76673	6723,804611	11977,50156
pyrimidine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis II	12972,60504	12758,20862	6836,759986	12617,8923	8835,025408	13241,69045
L-isoleucine biosynthesis IV	14610,96205	14978,85898	7575,273806	13351,27391	8537,589265	12589,7136
2-methylcitrate cycle II	15019,83328	13037,95262	4058,672103	10447,96066	6510,652101	10215,67699
sucrose degradation III (sucrose invertase)	12451,0148	12237,66226	5070,004031	12148,80402	7044,739662	12765,45557
taxadiene biosynthesis (engineered)	14296,01509	15992,38686	8062,388246	13016,75485	9514,012964	13298,28272
superpathway of glucose and xylose degradation	9174,670822	8358,900758	8853,826544	6946,65501	9818,604146	12671,63139
L-histidine degradation II	12679,8976	12144,8608	4050,585017	12866,4825	6140,348776	10735,2769
sucrose degradation IV (sucrose phosphorylase)	12506,03594	12237,66226	3700,587086	12148,80402	6238,040382	11087,3992
homolactic fermentation	11766,6546	14453,15038	11145,7539	11702,02172	11630,52781	14920,32277
aromatic biogenic amine degradation (bacteria)	12091,67067	11274,25742	5506,241807	10830,12572	6705,866015	9998,389248
2-methylcitrate cycle I	13577,24248	11306,83251	3813,503943	9343,015705	6144,885818	9375,358807
superpathway of pyrimidine deoxyribonucleoside salvage	9761,619925	12300,64884	9135,083453	11040,51767	9493,382574	13056,29315
superpathway of pyrimidine ribonucleosides salvage	11764,36315	14005,97226	7828,246862	12280,59665	9120,47458	12975,22202
superpathway of ornithine degradation	11105,40932	9189,368189	3569,420956	12292,35734	5521,380352	10821,01855
toluene degradation III (aerobic) (via p-cresol)	10684,14539	11140,68815	3855,077466	10136,65841	5547,592145	9151,01444

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
arginine, ornithine and proline interconversion	11375,22194	10172,66749	4055,684475	11065,99614	5631,152185	9614,65594
L-arginine degradation II (AST pathway)	10594,20645	8945,556969	2728,229927	10842,76987	4720,162058	8928,344176
Bifidobacterium shunt	10346,06742	10523,06686	5212,42684	9894,267233	6893,350548	8788,706249
adenosylcobalamin salvage from cobinamide I	10569,57297	10327,90008	5637,831414	9096,905616	6981,011497	9406,611305
adenine and adenosine salvage III	10140,61583	10856,23187	8870,466421	9631,194048	9142,58403	11834,21755
adenosylcobalamin salvage from cobinamide II	10484,07036	10182,58172	4752,45352	8952,813852	6328,775498	8900,960856
adenosylcobalamin biosynthesis from cobyrinate a,c-diamide I	10423,35426	10105,07258	4735,131444	8896,822501	6290,16389	8852,689058
ADP-L-glycero-β-D-manno-heptose biosynthesis	9702,494507	8485,921718	5259,83866	9712,446329	5968,922651	9398,470538
galactose degradation I (Leloir pathway)	10287,03027	9887,726608	7254,997463	8330,318318	8598,628519	11167,03089
glucose degradation (oxidative)	9959,632882	9243,253006	2271,790623	9573,931629	4189,227402	7240,44725
thiazole biosynthesis I (E. coli)	10144,88851	8233,53143	4210,786295	9855,587929	5938,545258	10259,44303
S-adenosyl-L-methionine cycle I	8827,684904	9039,087123	5722,112263	11587,76963	6137,824199	11014,40605
cob(II)yrinate a,c-diamide biosynthesis II (late cobalt incorporation)	9540,451322	8871,114381	4037,615312	8309,747131	5412,597509	7804,630759
ppGpp biosynthesis	10359,37682	11288,9526	4998,919944	9233,458588	5387,198141	10065,04039
superpathway of thiamin diphosphate biosynthesis II	7216,187441	3875,302389	4498,22855	10952,05013	5132,104393	11203,51227
D-fructuronate degradation	8830,089981	7214,932322	6386,623052	9302,965675	6581,247779	11616,73893
tRNA processing	6043,101847	5265,551826	5597,078167	8922,058035	5342,243564	10425,83406
myo-inositol degradation I	6198,212961	4904,331136	3248,886571	7537,414919	4429,751588	6797,427583
D-galacturonate degradation I	8462,445906	6654,293231	5268,916705	8012,856027	5855,166786	9573,57816
4-hydroxyphenylacetate degradation	7079,927566	5741,506473	2179,829094	9175,198087	3837,776283	7251,11676

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathway of (R,R)-butanediol biosynthesis	7697,884707	4974,164835	2169,36622	5779,850247	3844,376406	5718,285619
pyrimidine deoxyribonucleosides salvage	5514,26422	8128,488176	7371,849469	8227,392573	7076,830475	10130,25671
4-methylcatechol degradation (ortho cleavage)	7929,16805	7502,439749	1964,077107	6866,577202	3556,381652	5684,017345
catechol degradation III (ortho-cleavage pathway)	8282,643824	7828,546106	2108,074427	6843,10302	3604,470419	5652,731559
aromatic compounds degradation via β-ketoadipate	8282,643824	7828,546106	2108,074427	6843,10302	3604,470419	5652,731559
catechol degradation to β-ketoadipate	8274,443536	7764,739626	1896,374028	6514,548066	3473,536325	5277,822927
superpathway of salicylate degradation	7903,179701	7276,310022	2096,45086	6520,053498	3499,383528	5495,347463
superpathway of (Kdo)2-lipid A biosynthesis	5503,507618	2585,025158	3202,644767	8537,078876	3891,92246	8989,85802
phenylacetate degradation I (aerobic)	6505,015452	5434,235448	3673,839208	8245,994539	4392,807749	8175,437568
heterolactic fermentation	4734,070777	4328,661016	4726,819847	3513,75548	5685,035217	6774,504438
pyruvate fermentation to propanoate I	4933,594209	8031,200173	10249,78621	6661,885923	9244,211635	10433,2636
urea cycle	9698,233792	10137,13654	5080,209228	3918,579665	6019,249393	7462,247826
superpathway of menaquinol-8 biosynthesis I	4283,687117	5816,567544	4710,898835	7334,669503	5504,084141	8131,64739
superpathway of heme biosynthesis from glycine	5030,859576	7373,073727	6687,417921	6715,20238	7150,343139	8325,955851
superpathway of menaquinol-11 biosynthesis	4074,444808	5523,831932	4483,854824	7054,515968	5258,275795	7841,919987
superpathway of menaquinol-12 biosynthesis	4074,444808	5523,831932	4483,854824	7054,515968	5258,275795	7841,919987
superpathway of menaquinol-13 biosynthesis	4074,444808	5523,831932	4483,854824	7054,515968	5258,275795	7841,919987
superpathway of arginine and polyamine biosynthesis	7879,581426	8625,24347	5579,306296	7907,604674	5746,849132	8387,087976
superpathway of chorismate metabolism	4865,025688	4084,682701	4716,585981	7474,339963	5219,645306	8339,547739
4-deoxy-L-threo-hex-4-enopyranuronate degradation	8066,201774	6932,042179	3569,373418	6100,345924	4473,439714	7610,049282
superpathway of menaquinol-7 biosynthesis	3788,810466	5451,75439	4514,878981	6426,97812	5223,286494	7260,762019

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathway of heme biosynthesis from uroporphyrinogen-III	5474,543625	6268,079596	5993,505513	6718,810878	6356,668951	6533,842429
palmitate biosynthesis II (bacteria and plants)	8341,601382	8575,209198	10858,93705	25160,53132	5857,457813	16546,74027
superpathway of menaquinol-9 biosynthesis	3521,121014	3117,584749	4027,728485	6399,754671	4440,17064	6969,237269
superpathway of menaquinol-6 biosynthesis I	3521,121014	3117,584749	4027,728485	6399,754671	4440,17064	6969,237269
superpathway of menaquinol-10 biosynthesis	3521,121014	3117,584749	4027,728485	6399,754671	4440,17064	6969,237269
superpathway of β-D-glucuronide and D-glucuronate degradation	4202,228053	3870,602011	4201,732371	6446,090642	3920,597036	8030,354818
superpathway of demethylmenaquinol-8 biosynthesis	3089,163228	4333,905146	3590,839528	5652,40427	4225,777538	6345,1827
reductive TCA cycle I	5645,59831	5484,254371	9130,75903	4841,190457	7748,02687	9809,149707
incomplete reductive TCA cycle	7729,234619	10594,82249	10708,75938	6106,489529	11029,24901	10028,3466
superpathway of phylloquinol biosynthesis	3190,018557	3894,416856	3007,733595	5366,210992	3682,214412	6062,617874
acetylene degradation	6332,508438	6244,913317	3335,947534	7807,350784	4061,04891	7489,58911
nitrate reduction I (denitrification)	4534,024404	3498,889325	1360,099095	4366,282644	2619,312856	3383,737529
methyl ketone biosynthesis	1810,311685	4241,028745	2221,054429	2836,040607	3128,115587	3471,824503
superpathway of purine deoxyribonucleosides degradation	5627,98079	5753,25917	4624,053523	7123,683262	4602,466935	6819,485354
methanol oxidation to carbon dioxide	2240,007385	5008,301918	2406,551086	2886,261744	2919,379266	3615,956106
1,4-dihydroxy-2-naphthoate biosynthesis I	2857,679795	3493,209348	2748,130098	4905,714865	3361,284837	5642,653658
hexitol fermentation to lactate, formate, ethanol and acetate	2112,886064	1623,305367	2759,623625	3167,420706	2869,663962	4911,196689
superpathway of hexuronide and hexuronate degradation	2505,75853	2574,505922	3234,560518	5295,542012	3334,850283	5867,738412
superpathway of phenylethylamine degradation	2563,755475	4622,612942	2443,937526	5616,951413	2853,944049	5428,386838
superpathway of menaquinol-8 biosynthesis II	5050,002457	4986,93879	4430,419684	2816,78455	4649,486731	4725,700228

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
purine ribonucleosides degradation	3946,334508	2975,149569	4999,19885	5130,975001	4621,704303	6838,874516
L-glutamate and L-glutamine biosynthesis	3396,68881	4341,302584	6768,223499	5239,9204	7033,792067	5920,306571
superpathway of demethylmenaquinol-6 biosynthesis I	2502,908475	2200,149085	3007,904266	4835,655825	3317,135913	5331,713379
superpathway of demethylmenaquinol-9 biosynthesis	2502,908475	2200,149085	3007,904266	4835,655825	3317,135913	5331,713379
superpathway of polyamine biosynthesis I	4927,627987	5562,575683	3653,631575	5097,289206	3631,079796	5501,622374
superpathway of polyamine biosynthesis II	4404,504475	5522,385593	3614,477546	4266,51326	3602,554955	5036,973413
allantoin degradation to glyoxylate III	2185,436051	4408,760923	2587,083337	5112,830976	2601,871953	4327,895482
superpathway of pyrimidine deoxyribonucleosides degradation	3460,004733	4240,635254	3900,30003	5413,400025	3648,369217	5643,276171
ketogluconate metabolism	1331,596473	1420,324422	2316,672739	3646,31997	2091,089142	4578,19248
toluene degradation I (aerobic) (via o-cresol)	3785,975916	4414,254952	2227,002378	4276,519546	2798,889295	4023,956342
toluene degradation II (aerobic) (via 4-methylcatechol)	3785,975916	4414,254952	2227,002378	4276,519546	2798,889295	4023,956342
photorespiration	6695,410682	9685,28134	6511,879378	6228,68245	7953,254389	5911,727005
pyruvate fermentation to acetate and lactate II	2289,041427	2014,536022	3831,758202	3357,511017	3423,85848	5264,364449
mono-trans, poly-cis decaprenyl phosphate biosynthesis	1583,823622	3846,331406	1934,762595	2146,496839	2350,09779	2598,371357
L-rhamnose degradation I	1609,439256	1315,353876	2582,478527	1966,717656	2530,197282	3906,924189
superpathway of methylglyoxal degradation	2831,182132	2557,679024	814,856785	2925,534643	1268,304603	2329,527874
dTDP-N-acetylthomosamine biosynthesis	2852,013605	2679,195008	1770,026169	5494,572332	1935,068182	4481,782838
thiazole biosynthesis II (Bacillus)	2060,337759	931,3499512	1339,960475	4447,439246	1513,088152	4663,146031
superpathway of sulfur oxidation (Acidianus ambivalens)	1067,915	558,8	1316,785	3756,25	1262,795	2945,92
polymyxin resistance	1980,072544	1929,269427	877,516666	4298,381385	1092,306453	3306,3604
toluene degradation IV (aerobic) (via catechol)	3754,621017	2891,065433	1060,787131	2929,151773	1583,051738	2483,122493

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
creatinine degradation I	2853,910753	4250,870815	2672,53501	2295,989925	2931,930132	2803,091817
methylphosphonate degradation I	1833,637954	4012,722852	3400,04624	4319,168919	2290,442213	4919,833764
NAD biosynthesis II (from tryptophan)	2768,006202	5641,32826	1647,892006	1658,792152	2214,942916	2201,928924
enterobactin biosynthesis	1749,583003	1692,320333	2180,026903	2885,867836	2198,95916	3577,814072
mycothiol biosynthesis	1070,838115	2502,640382	1653,260419	1373,490519	1840,869977	1809,237198
catechol degradation I (meta-cleavage pathway)	3280,873164	3605,704242	1357,042777	3154,170348	1774,704467	2431,658872
1,4-dihydroxy-6-naphthoate biosynthesis II	4207,482737	2544,896111	2298,806971	1249,320841	2312,421603	2245,344869
sulfoglycolysis	636,798136	549,7626251	980,1266726	572,7980428	1053,356939	1594,839539
1,4-dihydroxy-6-naphthoate biosynthesis I	3991,405921	2432,575485	1427,562338	1113,427045	1618,162436	1940,987534
superpathway of L-arginine, putrescine, and 4-aminobutanoate degradation	1300,563213	903,4095504	1301,848004	6250,309638	1136,669762	3931,755017
superpathway of L-arginine and L-ornithine degradation	1300,563213	903,4095504	1301,848004	6250,309638	1136,669762	3931,755017
3-phenylpropanoate degradation	825,8529152	936,4604615	1515,306998	555,3188975	1457,818299	1732,92065
L-tryptophan degradation to 2-amino-3-carboxymuconate semialdehyde	1904,508378	4399,858332	1109,238823	1151,962661	1527,909304	1497,809579
glycine betaine degradation I	927,8741494	738,069767	2405,175535	372,8697333	1808,872598	2342,522445
mannan degradation	476,8373061	551,7350959	322,3800192	968,4196911	1032,82694	1803,65479
superpathway of N-acetylneuraminate degradation	2348,417636	2421,159116	3180,187121	3444,181508	2774,712689	5030,934607
superpathway of hexitol degradation (bacteria)	1772,700603	2114,337597	2070,597538	4410,483917	2124,243316	3082,353955
pyrimidine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis III	1260,67098	2584,386857	4231,903923	993,0031627	3544,87006	2758,070801
syringate degradation	2201,146822	2365,144469	993,600917	495,8960316	791,5141015	1441,228479

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
glycerol degradation to butanol	885,4517535	1910,367606	1919,955972	1186,121591	1362,935304	3312,344691
norspermidine biosynthesis	1361,183763	3563,808906	1112,502095	4829,171244	1260,959269	2647,159536
chlorosalicylate degradation	697,3528306	1708,669657	995,969573	822,3896021	929,5507077	848,68427
nitrate reduction VI (assimilatory)	227,7656366	1199,24648	1071,064869	587,3446209	1071,8195	824,6379774
superpathway of 2,3-butanediol biosynthesis	526,4414003	1470,771631	1363,34952	2567,346815	1085,926876	2284,823018
methylgallate degradation	1542,084229	1638,156236	702,5712839	360,6995768	566,4548768	1010,399689
formaldehyde assimilation II (RuMP Cycle)	563,1553704	477,8407502	1557,335596	336,8613647	1293,444536	1283,802433
acetyl-CoA fermentation to butanoate II	764,8231883	1697,993551	2150,338866	724,5247473	1740,859607	1902,961929
gallate degradation II	1263,169397	1349,192337	577,1022782	290,4706807	458,3945377	821,4927139
gallate degradation I	1208,892901	1319,95382	570,3151174	290,4706807	412,285772	821,4927139
sucrose biosynthesis I (from photosynthesis)	840,0926893	591,2713471	2252,102336	375,3613429	2366,204518	1226,115136
adenosylcobalamin biosynthesis II (late cobalt incorporation)	1055,218329	491,9618862	1271,332284	826,072629	1713,65315	2164,977662
D-glucarate degradation I	655,75924	383,3498129	1437,796365	1305,500154	1462,353195	1784,432658
D-galactarate degradation I	651,9177089	381,6164015	1314,448916	1285,320005	1379,869941	1673,779066
superpathway of D-glucarate and D-galactarate degradation	651,9177089	381,6164015	1314,448916	1285,320005	1379,869941	1673,779066
GDP-D-glycero-α-D-manno-heptose biosynthesis	949,498364	2747,458504	2030,70839	417,0221633	1641,042276	1214,529655
purine nucleobases degradation I (anaerobic)	2069,740166	13625,43376	3993,801919	918,3589844	3157,87732	2492,40474
NAD salvage pathway II	1037,055351	900,442687	1282,823708	3967,552696	1226,242954	3164,460965
formaldehyde assimilation I (serine pathway)	1074,682267	686,7263959	2756,373287	546,3191124	2625,664473	1811,639503
formaldehyde oxidation I	423,4444678	359,8523164	1183,225599	253,6369195	979,7755916	967,8430405
nicotinate degradation I	103,5217319	117,0636725	228,5289496	1447,476353	67,41688206	825,6507764

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathway of N-acetylglucosamine, N-acetylmannosamine and N-acetylneuraminate degradation	915,2131492	981,6510951	1554,728587	1411,964605	1200,000174	2482,195587
glycogen degradation II (eukaryotic)	461,5528456	890,5218346	1067,661338	606,3307642	1020,668903	838,2574875
protocatechuate degradation I (meta-cleavage pathway)	357,0664711	686,053552	627,72841	229,2090499	479,7422087	832,2617668
catechol degradation II (meta-cleavage pathway)	510,7943146	961,6391856	1062,537391	302,7319915	1298,809505	837,3566768
superpathway of L-tryptophan biosynthesis	782,5523214	77,43462603	1032,847875	814,2362607	1559,285452	824,8016737
methylaspartate cycle	504,56711	176,9534448	1154,745824	584,7725404	1613,747005	1822,456395
cob(II)yrinate a,c-diamide biosynthesis I (early cobalt insertion)	589,4092369	1985,001804	829,5603882	689,7916897	1088,481518	1270,127362
pyruvate fermentation to acetone	468,5648688	1316,330268	1012,448321	586,8497311	582,3402499	1600,755837
enterobacterial common antigen biosynthesis	402,9762281	269,4270826	572,3396325	2835,114216	466,976681	2152,012852
starch biosynthesis	107,166812	71,59011059	452,9092287	234,7909637	283,7284254	497,8996331
superpathway of aerobic toluene degradation	817,8780145	563,7263383	452,5423026	133,7287835	867,569019	508,8424573
adenosylcobalamin biosynthesis I (early cobalt insertion)	562,1167845	468,272185	755,3927637	527,7561749	1039,90056	1291,768893
isopropanol biosynthesis	362,0098917	348,9734811	945,0985518	324,7561159	540,5415249	871,2557039
L-1,2-propanediol degradation	351,2033346	38,94876102	673,3309721	409,2211469	870,6756648	363,4116697
superpathway of Clostridium acetobutylicum acidogenic fermentation	402,8313205	1980,808841	896,683867	234,3913788	761,2277258	834,3520195
3-phenylpropanoate and 3-(3-hydroxyphenyl)propanoate degradation	383,4771392	51,9752356	518,5775366	435,0668806	689,4498099	476,9255942
L-lysine biosynthesis II	689,6315681	423,8718957	1201,255753	272,8364003	1090,123899	902,8224997
catechol degradation to 2-oxopent-4-enoate II	308,6112423	650,6968399	934,9638332	180,1685903	1091,692425	563,3512813

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
ethylmalonyl-CoA pathway	465,074987	270,909035	1540,582455	270,9748372	1367,160461	1003,670568
superpathway of glycerol degradation to 1,3-propanediol	283,1817128	39,61191631	460,599664	309,4308158	666,4066562	248,3711407
pyruvate fermentation to butanoate	318,653534	1671,401841	727,2204002	183,799366	611,5176373	665,6230596
peptidoglycan biosynthesis IV (Enterococcus faecium)	2275,514069	8870,30527	1732,906098	4268,373175	2051,87975	895,9007764
superpathway of C1 compounds oxidation to CO2	393,1165032	211,6788218	836,5519492	144,9863461	848,3773219	738,1458125
1,5-anhydrofructose degradation	185,4993962	254,1255847	573,1639199	97,5973467	389,9917111	510,2103894
L-methionine salvage cycle III	276,5587122	150,205984	629,6777705	215,7137066	542,2593271	639,0032359
superpathway of L-threonine metabolism	346,3755784	71,62944696	505,6729204	470,2281449	716,2269682	962,8158758
L-tryptophan degradation IX	278,9327258	718,4424884	690,8680013	193,0547661	791,5223827	491,0627162
sucrose biosynthesis III	260,304676	181,8508653	893,6263506	114,4460276	855,8252904	390,9987286
superpathway of UDP-N-acetylglucosamine-derived O-antigen building blocks biosynthesis	423,8741402	269,0637667	1122,554576	189,9640586	1079,669905	782,599901
meta cleavage pathway of aromatic compounds	357,0384946	415,4059581	639,3385029	120,7205533	662,2992998	467,6012703
superpathway of fucose and rhamnose degradation	309,151348	61,73280077	455,6104203	410,5910969	656,4784463	774,3106095
ectoine biosynthesis	235,8589969	228,8483617	632,5364325	172,1444312	526,7820987	727,9728293
aerobactin biosynthesis	136,1461079	95,87254651	144,9861404	1433,820817	106,3590204	596,7836368
vanillin and vanillate degradation II	221,5109144	384,7172036	583,6898854	116,3802965	439,1949399	663,1709885
superpathway of vanillin and vanillate degradation	197,6336256	343,373144	535,6710407	103,5355247	393,0252787	597,888593
vanillin and vanillate degradation I	197,6336256	343,373144	535,6710407	103,5355247	393,0252787	597,888593
S-methyl-5-thio-α-D-ribose 1-phosphate degradation	172,8354073	93,59926484	401,8375412	136,6426675	345,128812	409,9853897
L-tryptophan degradation XII (Geobacillus)	193,853732	327,3266518	576,2145462	83,9782436	502,0134761	374,1212238

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
chlorophyllide a biosynthesis II (anaerobic)	81,40926503	44,34391801	476,2046193	159,3780694	200,8357712	392,6592205
chlorophyllide a biosynthesis III (aerobic, light independent)	81,40926503	44,34391801	476,2046193	159,3780694	200,8357712	392,6592205
ergothioneine biosynthesis I (bacteria)	242,1283041	232,7976604	473,352018	227,4137163	739,058557	329,3808198
2-nitrobenzoate degradation I	124,7054527	363,6656071	409,67092	85,36465484	449,6516333	247,8077474
nitrifier denitrification	24,66119074	20,75417806	139,6906625	46,05991706	66,55732685	157,5597538
3-phenylpropanoate and 3-(3-hydroxyphenyl)propanoate degradation to 2-oxopent-4-enoate	107,5806209	13,21569107	183,4367445	120,6503716	251,4945921	139,1957313
cinnamate and 3-hydroxycinnamate degradation to 2-oxopent-4-enoate	107,5806209	13,21569107	183,4367445	120,6503716	251,4945921	139,1957313
fucose degradation	208,3326687	66,34758615	378,8588765	216,1420429	520,7323999	433,1945222
heparin degradation	35,5375613	23,14845595	86,03768595	12,00508868	83,08911855	99,43926013
L-arabinose degradation IV	169,1149801	299,5806396	238,6031712	87,08981623	82,17363989	192,1250701
superpathway of glycol metabolism and degradation	137,6037289	23,09467198	180,8739744	242,4241817	281,7298055	484,5328555
2-amino-3-carboxymuconate semialdehyde degradation to 2-oxopentenoate	101,6054875	302,4539713	384,9398918	70,43425863	398,8590772	218,8697033
coenzyme M biosynthesis I	36,92745292	25,73991679	172,3810499	13,40510156	96,61688829	89,4469579
allantoin degradation IV (anaerobic)	292,9695855	69,49475085	485,9169193	164,877004	265,4266404	375,8948293
superpathway of bacteriochlorophyll a biosynthesis	61,74304658	33,83580071	159,9474533	105,7783534	108,1099202	295,9666338
benzoyl-CoA degradation I (aerobic)	225,494409	276,8479383	161,8928998	0	117,6834047	90,40156808
CMP-legionaminate biosynthesis I	66,85442625	95,98232868	369,1406917	41,26732681	468,5995557	128,3946518
teichoic acid (poly-glycerol) biosynthesis	478,9401128	2456,055805	644,1890877	1165,212672	596,0423897	519,6182961

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
superpathway of geranylgeranyldiphosphate biosynthesis I (via mevalonate)	207,4587218	127,6258683	430,0813997	72,79341443	321,4976421	367,5788847
reductive acetyl coenzyme A pathway	243,5176058	200,0807647	897,9084569	128,2812377	667,4886306	453,4740969
phospholipases	45,26771843	7,482853486	122,1250879	11,83770962	135,0928056	85,90586433
factor 420 biosynthesis	9,899592749	7,704384569	70,06667405	28,86696026	75,96380666	48,75170002
peptidoglycan biosynthesis V (β-lactam resistance)	671,6492487	193,856322	568,332217	684,7266843	418,6557162	461,6956774
L-lysine fermentation to acetate and butanoate	82,68419854	827,2928416	332,9665689	47,22866988	319,2254691	215,4589112
2-aminophenol degradation	73,77862667	131,1085347	280,9760341	31,16756518	221,6829752	159,0021365
UDP-2,3-diacetamido-2,3-dideoxy-α-D-mannuronate biosynthesis	82,1703222	137,8133203	317,2329328	42,70164199	279,1213288	176,1984668
L-glutamate degradation V (via hydroxyglutarate)	5,972873077	0	35,40571064	0	60,82139205	94,0856727
mevalonate pathway I	145,9646506	89,4940123	304,6628858	51,03797676	227,2460137	260,1417717
chlorophyllide a biosynthesis I (aerobic, light-dependent)	38,72064104	21,3231106	92,36243642	65,53159718	67,32849021	185,794913
vitamin B6 degradation	0	0	15,13009324	10,79314721	7,177007299	24,00813347
sucrose degradation II (sucrose synthase)	148,5894982	234,7254211	864,7598293	29,9365136	1009,524697	454,2140098
reductive TCA cycle II	105,4406555	52,23073152	156,0840929	41,71244587	162,8236613	169,4416048
glutaryl-CoA degradation	2,999806865	0	17,98539067	0	30,9774274	47,95574698
creatinine degradation II	14,98070722	0	61,17227965	0	125,743313	40,4065905
4-coumarate degradation (anaerobic)	1,941153822	0	55,89395634	22,8531952	20,0239592	28,68657944
superpathway of sulfolactate degradation	57,16670191	151,144337	143,110852	11,50094533	178,276031	70,29417109
superpathway of taurine degradation	33,22402648	3,861727808	47,06955933	3,8658892	133,8487463	36,2891241

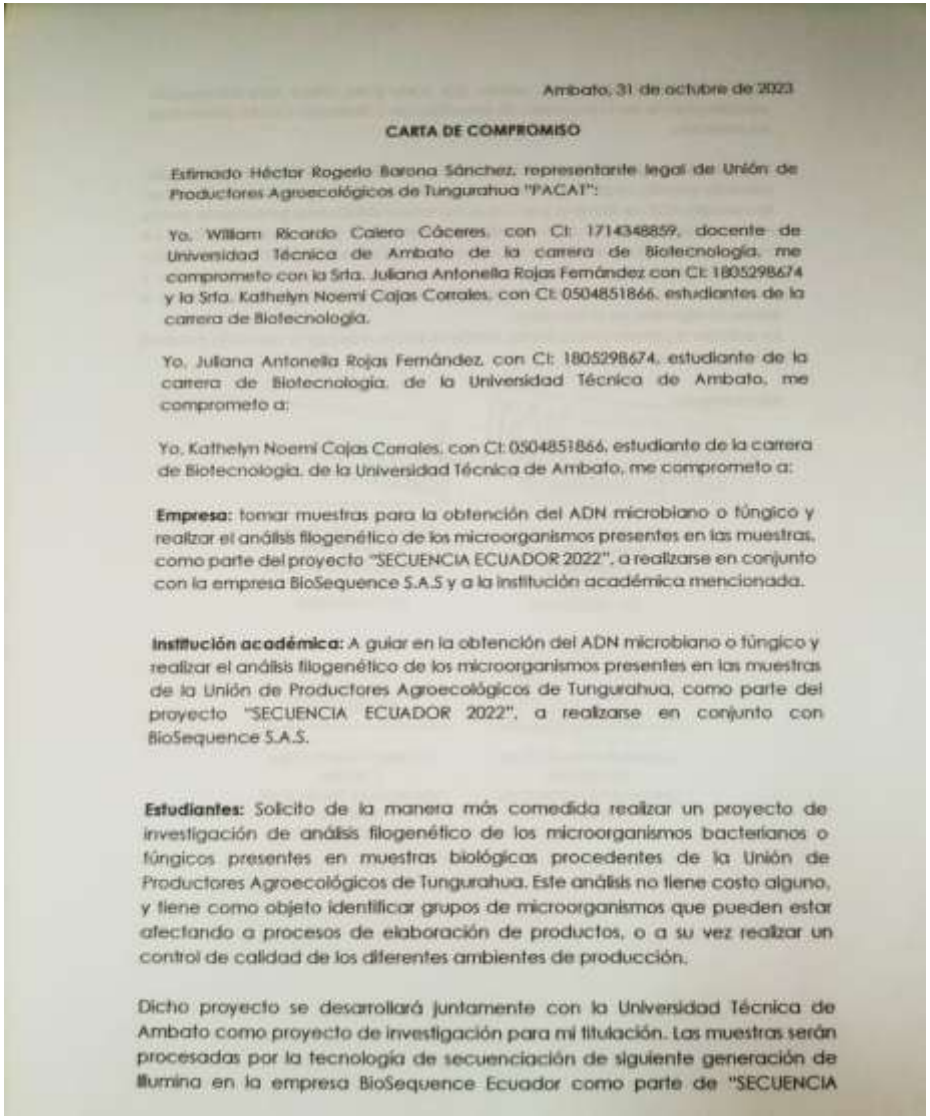
Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
1,3-propanediol biosynthesis (engineered)	33,4004181	0	224,7437948	35,61766999	22,56166855	137,8737209
mannosylglycerate biosynthesis I	1,985873807	0	12,83887728	0	0	7,41670577
methanogenesis from acetate	97,27439622	99,42050001	211,4493317	59,8966023	88,53055515	33,83625933
succinate fermentation to butanoate	33,86818754	42,11199631	124,1548197	28,72738855	107,5030517	66,08585899
biotin biosynthesis II	80,76643184	60,17477158	87,39467325	49,70286971	31,1358763	4,199251222
starch degradation III	4,996397066	6,247022342	50,18931612	48,58821357	14,97588656	17,47469807
vitamin E biosynthesis (tocopherols)	0	0	7,356108697	0	8,880334341	6,189643188
superpathway of the 3-hydroxypropanoate cycle	42,5966493	19,75303778	56,62326503	56,93334571	34,66569551	131,3222912
peptidoglycan biosynthesis II (staphylococci)	74,52973672	0	38,87365903	33,49272983	29,47866016	0
L-valine degradation I	14,99245406	5,998614254	46,40591472	14,98964888	74,76231751	8,99614345
nylon-6 oligomer degradation	9,988502879	0	51,08068175	19,95527893	53,4323833	107,8315246
3-hydroxypropanoate cycle	35,81476053	17,07702729	43,35791074	47,87970462	24,79347963	102,2227298
glyoxylate assimilation	29,79609803	14,09921529	41,69580095	40,74815319	24,33536099	107,9708974
L-methionine salvage cycle I (bacteria and plants)	0	7,4081781	0	0	20,22590307	0
pyrimidine deoxyribonucleotides biosynthesis from CTP	173,0446801	19,963853	4,99616138	0	44,88679298	22,46214172
β-alanine biosynthesis II	10,30017463	1,111021949	27,27681049	10,88758619	27,63311431	7,302749537
pyrimidine deoxyribonucleotides de novo biosynthesis IV	121,6257274	13,9842704	3,498212903	0	31,4471546	15,73269844
isoprene biosynthesis II (engineered)	27,27146711	11,2953635	85,52731621	0	24,60211433	35,28849063
mycolyl-arabinogalactan-peptidoglycan complex biosynthesis	0	0	12,77559796	7,724840079	23,31677337	0
mevalonate pathway II (archaea)	10,45335243	2,552623094	69,28332534	0	19,59274307	19,30994392
coenzyme B biosynthesis	3,948638926	1,295519234	37,85633571	1,740932642	7,169473689	7,586174536

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
mandelate degradation to acetyl-CoA	0	0	204,9110856	27,06136907	70,39880459	105,576693
androstenedione degradation	161,201603	10,26271055	75,21662696	29,00553721	27,39257852	52,67162374
L-glutamate degradation VIII (to propanoate)	5,067341285	6,462895067	27,14753764	22,10601718	2,242681598	19,26478282
mandelate degradation I	0	0	67,5225248	17,86179569	20,54835436	30,35032143
lactose and galactose degradation I	26,21041987	0,399814841	9,473122639	7,851830852	21,88922753	3,583521119
chondroitin sulfate degradation I (bacterial)	12,94835542	15,93345648	39,37259248	4,994138603	14,19493972	24,76005042
chitin derivatives degradation	24,80185493	0	2,497464437	2,498764037	0	0
coumarins biosynthesis (engineered)	0	0	26,68495781	0	0	0
superpathway of pyrimidine ribonucleosides degradation	2,498653039	0	19,92004609	0	0	0
D-cycloserine biosynthesis	0	0	7,617379635	0	0	0
chorismate biosynthesis II (archaea)	0	0	6,437481365	0	0	0
L-lysine biosynthesis V	0	0	4,45708325	0	0	0
benzoyl-CoA degradation II (anaerobic)	0	0	2,4	0	0	0
L-rhamnose degradation II	0	0	3,686109271	0	0	0
superpathway of lipopolysaccharide biosynthesis	0	0	0	0	0	138,8441723
glycolysis V (Pyrococcus)	0	0	3,123829808	2,499455501	0	7,497011596
4-hydroxyacetophenone degradation	0	0	0	0	0	7,333617164
Entner-Doudoroff pathway III (semi-phosphorylative)	0	0	12,34721754	0	13,47408702	0
superpathway of mycolyl-arabinogalactan-peptidoglycan complex biosynthesis	0	0	0	7,985322051	0	0
sitosterol degradation to androstenedione	0	0	0	2,39984432	0	0

Pathway	Nitón	San Pablo y Angahuana	La Florida	Yacupamba	Chiquicha Chico	Huachi La Libertad
p-cymene degradation	0	0	454,0395823	0	0	0
p-cumate degradation	0	0	454,0395823	0	0	0
toluene degradation V (aerobic) (via toluene-cis-diol)	0	0	8,182223345	0	0	0
superpathway of polyamine biosynthesis III	16,41865465	0	0	0	0	0

Nota. La tabla de las rutas metabólicas fue obtenida a través del software PICRUSt2, la misma que indica las rutas metabólicas identificadas y en base a los valores, indica las más abundantes en las diferentes localidades de la provincia de Tungurahua.

Anexo 8. Carta Compromiso PACAT.



Ambato, 31 de octubre de 2023

CARTA DE COMPROMISO

Estimado Héctor Rogerio Barona Sánchez, representante legal de Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua "PACAT":

Yo, William Ricardo Calero Cáceres, con CI: 1714348859, docente de Universidad Técnica de Ambato de la carrera de Biotecnología, me comprometo con la Srta. Juliana Antonella Rojas Fernández con CI: 1805298674 y la Srta. Kathelyn Noemí Cajas Corrales, con CI: 0504851866, estudiantes de la carrera de Biotecnología.

Yo, Juliana Antonella Rojas Fernández, con CI: 1805298674, estudiante de la carrera de Biotecnología, de la Universidad Técnica de Ambato, me comprometo a:

Yo, Kathelyn Noemí Cajas Corrales, con CI: 0504851866, estudiante de la carrera de Biotecnología, de la Universidad Técnica de Ambato, me comprometo a:

Empresa: tomar muestras para la obtención del ADN microbiano o fúngico y realizar el análisis filogenético de los microorganismos presentes en las muestras, como parte del proyecto "SECUENCIA ECUADOR 2022", a realizarse en conjunto con la empresa BioSequence S.A.S y a la institución académica mencionada.

Institución académica: A guiar en la obtención del ADN microbiano o fúngico y realizar el análisis filogenético de los microorganismos presentes en las muestras de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua, como parte del proyecto "SECUENCIA ECUADOR 2022", a realizarse en conjunto con BioSequence S.A.S.

Estudiantes: Solicito de la manera más comedida realizar un proyecto de investigación de análisis filogenético de los microorganismos bacterianos o fúngicos presentes en muestras biológicas procedentes de la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua. Este análisis no tiene costo alguno, y tiene como objeto identificar grupos de microorganismos que pueden estar afectando a procesos de elaboración de productos, o a su vez realizar un control de calidad de los diferentes ambientes de producción.

Dicho proyecto se desarrollará juntamente con la Universidad Técnica de Ambato como proyecto de investigación para mi titulación. Las muestras serán procesadas por la tecnología de secuenciación de siguiente generación de Illumina en la empresa BioSequence Ecuador como parte de "SECUENCIA ECUADOR 2022". Siendo así, solicito dar parte para utilizar esta información exclusivamente en el proyecto de investigación y titulación con la universidad en mención.

Información Legal: Toda la información genética y análisis obtenidos del presente estudio serán desarrollados en base a una investigación científica con tecnología NGS de Illumina, por lo que nos responsabilizamos juntamente con la empresa BioSequence de su contenido, veracidad y alcance científico. Así mismo toda la información recolectada pertenecerá exclusivamente a la Unión de Productores Agroecológicos de Tungurahua que usted representa y cualquier mal uso de esta será penada acorde a las leyes de comercio e intelecto vigentes en el Ecuador.
En adición al párrafo precedente, el interesado puede hacer uso de la presente como crea conveniente.

Atentamente,

Unión de Organizaciones de Agricultores Agroecológicos de PACAT

Sr. Héctor Rogerio Barona Sánchez
Presidente
PACAT
CI: 1802256444

William Ricardo Calero Cáceres, PhD
Universidad Técnica de Ambato
CI: 1714348859

Juliana Antonella Rojas Fernández
Universidad Técnica de Ambato
CI: 1805298674

Kathelyn Noemí Cajas Corrales
Universidad Técnica de Ambato
CI: 0504851866

Anexo 9. Solicitud al MAATE de no tener impedimentos investigativos.

0944. 22.07.2024

Ambato, 22 de julio de 2024

Ingeniero
Pablo Pazmiño Freire
RESPONSABLE DE LA OFICINA TÉCNICA DE AMBATO
MINISTERIO DEL AMBIENTE, AGUA Y TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Presente.-

De nuestra consideración:

Kathelyn Noemi Cajas Corrales, con cédula de ciudadanía No. 0504851866 y Juliana Antonella Rojas Fernández, con cédula de ciudadanía No. 1805298674, estudiantes de la Universidad Técnica de Ambato de la carrera de Biotecnología, solicitamos comedidamente se nos emita un documento en el cual conste que no requerimos ningún permiso especial para la realización de nuestro proyecto de titulación "**APLICACIÓN DE TÉCNICAS DE META-TAXONOMÍA 16S RRNA PARA EL ANÁLISIS DE LA RIZÓSFERA DE CULTIVOS DE FRESA (*FRAGARIA X ANANASSA* 'ALBIÓN CALIFORNIANA') DE CULTIVOS DE LA UNIÓN DE PRODUCTORES AGROECOLÓGICOS DE TUNGURAHUA (PACAT)**". Este proyecto será realizado únicamente con fines investigativos.

Por la favorable atención que se dé al presente, muchas gracias.

MINISTERIO DEL AMBIENTE Y AGUA
DIRECCIÓN ZONAL 3 CHIMBORAZO
RECIBIDO
OFICINA TECNICA AMBATO
Hora: 12:47
Fecha: 22-07-202
Firma:

Atentamente

Kathelyn Noemi Cajas Corrales
0504851866
0987520496
kathycajas16@gmail.com

Juliana Antonella Rojas Fernández
1805298674
0979193236
yulianrf@hotmail.com