



**PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL
ECUADOR**

**FACULTAD DE HABITAT, INFRAESTRUCTURA Y
CREATIVIDAD**

MAESTRÍA EN BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

**Composición de las comunidades de hongos micorrízicos
arbusculares asociados a banano (*Musa* sp.) de cuatro
fincas del cantón Macará**

Tesis previa a la obtención del título de:

Magíster en Biología Computacional

Autor: Cevallos Solórzano, Stefania

Directora: Salguero Salas, Yadira Estefanía

Quito

Septiembre, 2025

DERECHOS DE AUTOR

Expreso que soy autora del presente trabajo de titulación y consulté las referencias indicadas en el mismo. Este trabajo no fue presentado de forma previa para la obtención de ningún grado académico.

La Pontificia universidad Católica del Ecuador puede utilizar los derechos del trabajo de titulación de acuerdo con la Ley de Propiedad intelectual y su normativa institucional.

Stefania Cevallos Solórzano

APROBACIÓN DEL DIRECTOR DE TRABAJO DE TITULACIÓN

Certifico que el trabajo realizado por Stefania Cevallos Solórzano se desarrolló conforme a la normativa y reglamentación institucional vigentes, y que puede ser presentado para su evaluación, con el fin de optar por el título de Magíster en Biología Computacional.

MSc. Yadira Salguero Salas

DEDICATORIA

A la memoria de mi Amadita.

A mi amada familia, Sasha y Pablo, que son mi soporte e inspiración.

También a mi papi, por apoyarme en todo y sin dudarlo.

Finalmente, a mis hermanas, que son siempre mi gran apoyo en la vida.

AGRADECIMIENTOS

Un profundo agradecimiento a los amigos que me ha dejado la maestría, ya que han sido apoyo y motivación a lo largo de esta formación.

Así también a mi tutora MSc. Yadira Salguero, por el tiempo invertido para pulir este trabajo.

Un especial agradecimiento a la Universidad Técnica Particular de Loja, ya que a través del financiamiento del proyecto de investigación PROY_INV_CCBIO_2021_2785 se colectaron las raíces de banano y posteriormente se obtuvieron los amplicones. Adicionalmente, han autorizado el uso de los datos, para el desarrollo de la presente tesis.

Adicionalmente, un agradecimiento a Ashlee Jaramillo por el pipeline de QIIME2, ya que esa versión ha servido de base y ha sido ajustada para los análisis iniciales de esta tesis.

Finalmente, un especial agradecimiento a la empresa BioSequence EC, quienes auspiciaron la secuenciación de las muestras como parte del concurso “Secuencia Ecuador.”

ÍNDICE DE CONTENIDOS

RESUMEN	9
ABSTRACT	10
1. INTRODUCCIÓN.....	11
1.1 FORMULACIÓN DEL PROBLEMA.....	11
1.2 JUSTIFICACIÓN	13
1.3 OBJETIVOS.....	15
1.3.1 OBJETIVO GENERAL	15
1.3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	15
2. REVISIÓN DE LITERATURA.....	16
2.1 ORIGEN DEL BANANO	16
2.2 ECOLOGÍA DEL GÉNERO MUSA	17
2.2.1 Temperatura	17
2.2.2 Precipitación y Humedad.....	17
2.2.3 Suelo	18
2.2.4 Nutrientes y fertilización.....	19
2.2.5 Altitud	19
2.3 DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LAS PLANTACIONES DE BANANO	19
2.4 COMERCIO DE BANANO Y PRODUCCIÓN EN ECUADOR	20
2.5 HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES.....	21
2.6 ESTUDIO DE HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES	22
2.6.1 Técnicas de Tinción y Microscopia	22
2.6.2 Secuenciación de ADN.....	23
2.6.3 Metagenómica de barcoding	24
2.6.4 Unidades taxonómicas operacionales (OTUs) y variantes de secuencias de amplicones (ASV).....	26
3. METODOLOGÍA.....	26
3.1 MUESTREO Y PROCESAMIENTO DE RAÍCES	26

3.2 ANÁLISIS MOLECULARES	27
3.3 ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO Y ESTADÍSTICO	28
3.3.1 USEARCH V8	29
3.3.2 QIIME2	29
3.4 ANÁLISIS ESTADÍSTICOS.....	31
4. RESULTADOS Y ANÁLISIS DE RESULTADOS	32
4.1 APROXIMACIÓN USEARCH	33
4.1.2 Diversidad de hongos micorrízicos arbusculares (HMA)	33
4.1.3 Riqueza y abundancia de especies fúngicas	33
4.1.4 Comparación de la composición de las comunidades fúngicas entre las diferentes fincas muestreadas.....	36
4.2 APROXIMACIÓN QIIME2	39
4.2.1 Procesamiento de secuencias, generación de ASVs y composición taxonómica de los HMA	39
4.2.2 Diversidad alfa y beta de las comunidades de HMA asociadas a las raíces de banano	41
4.3 PRECISIÓN DE LAS INFERENCIAS USEARCH V8 VS QIIME2	44
5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	46
6. REFERENCIAS	48
7. ANEXOS.....	61

RESUMEN

Las plantaciones de banano (*Musa spp.*) representan en muchos países tropicales un porcentaje importante de su PIB; sin embargo, estos cultivos enfrentan desafíos de sostenibilidad por las prácticas agrícolas intensivas que impactan la microbiota del suelo, incluyendo los hongos micorrízicos arbusculares (AMF). Los AMF establecen relaciones simbióticas cruciales con la mayoría de las plantas, mejorando la absorción de nutrientes y la resiliencia al estrés, pero su diversidad y composición en sistemas de producción de banano, especialmente en Ecuador, permanecen poco caracterizadas. Este estudio tuvo como objetivo principal determinar la estructura y diversidad de las comunidades de AMF asociadas a las raíces de banano en cuatro fincas distintas del cantón Macará, Loja, utilizando análisis de metabarcoding basados en secuenciación Illumina MiSeq® del marcador LSU 28S ADNr. Un objetivo secundario crucial fue comparar la precisión y eficacia de dos pipelines bioinformáticos ampliamente utilizados: USEARCH y QIIME2 con DADA2, para evaluar la robustez de las inferencias ecológicas. Se colectaron 12 muestras de raíces (3 por finca) y se extrajo el ADN genómico. Tras la amplificación mediante PCR anidada y secuenciación, los datos crudos fueron procesados independientemente por ambos pipelines. USEARCH/UPARSE generó 305 OTUs, mientras que QIIME2/DADA2 infirió 494 ASVs. La determinación taxonómica, utilizando como referencia la base de datos MaarjAM, reveló una composición consistente en ambos métodos: el orden Glomerales domina las comunidades de HMA, pero los géneros más representativos fueron *Glomus* y *Acaulospora* dentro del orden Diversisporales. La presencia y dominancia de *Acaulospora* en muestras específicas (M1 y M7), se detectaron por ambos métodos bioinformáticos. Adicionalmente, los análisis de diversidad alfa, estadísticamente no evidenciaron variabilidad entre muestras individuales, sugiriendo niveles similares de riqueza y equitatividad a escala de finca. Además, se evidenció que la intensidad de muestreo no alcanzó para capturar un porcentaje representativo de los HMA. Sin embargo, el factor sitio (finca) explica aproximadamente el 36,16 % con el enfoque de OTUs y el 11,23 % desde la perspectiva de las ASVs, de la variabilidad observada. Es así que es necesario examinar otros factores bióticos o abióticos que contribuyan a entender el ensamblaje de las comunidades de HMA.

Palabras clave: HMA, Illumina, metagenómica de barcoding.

ABSTRACT

Banana plantations (*Musa* spp.) represent, in many tropical countries, a significant percentage of their GDP; however, these crops face sustainability challenges due to intensive land use for agriculture which impacts soil microbiota, including arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). Crucial symbiotic relationships are established between AMF and most plants which improves their nutrient uptake and stress resilience, but their diversity and composition in banana production systems, especially in Ecuador, remain poorly characterized. The main aim of this study was to determine the structure and diversity of AMF communities associated with banana roots from four distinct plantations in the Macará canton, in the province of Loja, using metabarcoding analyses based on Illumina MiSeq® sequencing of the LSU 28S rDNA marker. A crucial secondary objective was to evaluate and compare the precision and efficacy of two widely used bioinformatics pipelines: USEARCH and QIIME2 with DADA2, in order to assess the robustness of ecological inferences. Twelve root samples (3 per farm) were collected and genomic DNA was extracted. After nested PCR amplification and sequencing, the raw data were independently processed by both pipelines. USEARCH/UPARSE generated 305 OTUs, while QIIME2/DADA2 inferred 494 ASVs. Taxonomic assignment, using the MaarjAM database, revealed a consistent composition across both methods: the AMF communities were predominantly composed of the order Glomerales, with *Glomus* being the most abundant genus. However, in two samples, *Acaulospora* (order Diversisporales) was the dominant genus. The presence and dominance of *Acaulospora* in these specific samples (M1 and M7) were detected by both bioinformatics methods. Additionally, alpha diversity analyses did not statistically show variability among individual samples, suggesting similar levels of richness and evenness at the farm scale. Moreover, it was evident that the sampling effort was insufficient to identify a representative percentage of AMF. However, the site (farm) factor explained approximately 36.16% with the OTU approach and 11.23% from the ASV perspective of the observed variability. Therefore, it is necessary to examine other biotic or abiotic factors that contribute to understanding the assembly of AMF communities.

Keywords: AMF, Illumina, barcoding metagenomics.

1. INTRODUCCIÓN

1.1 FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

Las plantaciones de banano son un cultivo importante a nivel social y económico en diversos países tropicales del mundo (Ploetz & Evans, 2015). La alta demanda de la fruta a nivel mundial ha generado una presión importante en los cultivos, siendo habitual el uso intensivo de agroquímicos (fertilizantes sintéticos, pesticidas, entre otros agroquímicos). Múltiples estudios evidencian los impactos negativos que acarrea el uso de agroquímicos en la estabilidad de los ecosistemas, pero sobre todo comprometen la microbiota del suelo y, en consecuencia, la sostenibilidad de los cultivos (García et al., 2024; Rodríguez et al., 2025). En el caso específico del banano, la agricultura intensiva afecta la micorbiota de tal manera que se produce una disbiosis en las comunidades de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) (Okon & Antia, 2023). Los HMA corresponde a hongos capaces de formar simbiosis el 80 % de las plantas y su importancia radica en que contribuyen a la absorción de nutrientes y agua (Smith & Read, 2010). Los HMA son vitales en la vida de muchas plantas, ya que favorecen la resiliencia frente a factores de estrés bióticos y abióticos (Chourasiya et al., 2021). Sin embargo, no obstante, su relevancia ecológica y agronómica de este grupo de hongos, en los sistemas de producción de banano existe poca información con respecto a composición de las comunidades de HMA, así como sobre su diversidad (Tedersoo et al., 2018).

La investigación sobre HMA ha resultado históricamente complejo debido a la que solo pueden vivir en asociación a una raíz, lo que representa una problemática para el cultivo *in vitro*. Consecuentemente, la determinación taxonómica de especies de HMA se ha enmarcado principalmente en las estructuras disponibles al momento de colectas (esporas y arbusculos), derivando en una baja resolución a nivel jerárquico (Goswami et al., 2018). Así, con el advenimiento de técnicas moleculares como la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y la secuenciación masiva se ha marcado un hito para el abordaje de las HMA, ya que es posible llegar a conclusiones ecológicas más

precisas (Noreen et al., 2023). En este contexto, Illumina es una de la plataforma de secuenciación masiva, que se ha consolidado como necesaria para evaluar organismos y/o sistemas cuyo estudio presenta alguna problemática en cuando al aislamiento (Dubey et al., 2022; Hu et al., 2021).

El abordaje de los HMA asociados a plantas de banano con la plataforma de Illumina, presenta retos bioinformáticos al momento de procesar la gran cantidad de datos obtenidos (Birt et al., 2023). Es por ello que, la selección de herramientas computacionales para el análisis de comunidades microbianas es crucial, ya que los algoritmos detrás de cada programa marcan las interpretaciones ecológicas de los estudios (Hu et al., 2022).

Actualmente, el sistema HMA-banano ha sido poco estudiado, por lo que la información sobre la composición de los hongos que intervienen en la simbiosis es casi inexistente, afectando directamente al manejo sostenible de estas plantaciones (Furrazola et al., 2020). En esta investigación, la diversidad y estructura de las comunidades de HMA asociados al banano se evaluó a través de un enfoque de metabarcoding, aplicando dos herramientas bioinformáticas: USEARCH V8 (Edgar, 2010) y QIIME2 (Bolyen et al., 2019), con el fin de lograr una aproximación más real de la composición de las comunidades micorrízicas. Por una parte, USEARCH V8 es conocido por ser más rápido, demandar pocos recursos computacionales, obtener consensos de secuencias que se agrupan por similitud y generar unidades taxonómicas operacionales (OTUs), mientras que, QIIME2 es una plataforma que se caracteriza por su reproducibilidad y exhaustividad, se obtiene secuencias representativas que no se modifican por la inclusión o eliminación de secuencias adicionales, permitiendo aproximaciones a nivel de *amplicon sequences variants* (ASVs) (Prodan et al., 2020).

Conocer la composición de HMA asociados al banano, en el sur del Ecuador, permitirá entender el efecto que tienen las prácticas agrícolas sobre esta diversidad. Desde este punto de vista, el comparar herramientas bioinformáticas para el análisis de los datos de la metabarcoding pretende contribuir a mejorar los protocolos de investigación y conseguir datos representativos y reproducibles sobre la ecología de los HMA en cultivos de

importancia como el banano, cerrando la brecha de conocimiento en el sistema HMA-banano, desde una perspectiva de metabarcoding basados en la región 28S del ADNr, específicamente la región LSU-D2.

1.2 JUSTIFICACIÓN

En varios países tropicales, el banano (*Musa spp.*) representa un pilar vital para la estabilidad económica y seguridad alimentaria (FAO, 2020). Justamente, la demanda del cultivo y fruto, ha ejercido tal presión que el modelo generalizado de manejo incluye prácticas agrícolas intensivas. Sin embargo, las prácticas agrícolas intensivas están siendo cuestionadas porque desencadenan impactos negativos en la salud del suelo, pero también, tiene repercusiones adversas en la vida de los organismos involucrados (Shen et al., 2019).

Frente a las prácticas agrícolas intensivas en plantaciones de interés comercial, el uso de microorganismos benéficos se está considerando como alternativa sostenible para disminuir el uso de agroquímicos (Chandel et al., 2019). Específicamente, los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) son reconocidos como agentes claves para fomentar sistemas agrícolas sostenibles. Los HMA establecen simbiosis con las raíces de la mayoría de las plantas terrestres, lo que les permite la absorción de nutrientes, especialmente fósforo, y mejorando la captación de agua (Smith & Read, 2010). Esta simbiosis no solo impulsa el crecimiento y desarrollo vegetal, sino que también contribuye a su capacidad para resistir condiciones adversas de tipo bióticos y abióticos (Begum et al., 2019). La actividad de los HMA también promueve la agregación del suelo, mejorando la estructura, así como también la fertilidad (Rillig et al., 2016).

La diversidad y funcionalidad de las comunidades de HMA pueden variar de acuerdo a los factores físicos, biológicos o químicos. Los factores químicos derivados de las prácticas agrícolas intensivas modifican abruptamente la dinámica de las comunidades fúngicas en los suelos agrícolas (Verbruggen et al., 2012). En las plantaciones de banano, se ha reportado una reducción y alteración de las comunidades fúngicas, lo que limita los beneficios simbióticos para los cultivos de banano (Lekberg et al., 2015). Sin embargo, sigue siendo

limitada la información referente a la diversidad y dinámica de los HMA asociados a las plantaciones de banano, aunque estos serían datos claves para diseñar prácticas agronómicas que optimicen la actividad simbiótica de HMA y mejoren la resiliencia del cultivo ante condiciones adversas (Van Der Heijden et al., 2015a). Tradicionalmente, la identificación de especies de HMA ha sido un desafío, fundamentalmente por la limitada resolución de las técnicas clásicas basadas en la morfología de las esporas o los arbusculos. Frente a este obstáculo, en las últimas décadas, las técnicas moleculares han tenido un desarrollo acelerado y especialmente las plataformas de secuenciación masiva. Particularmente, la secuenciación Illumina, ha marcado un hito para los estudios de las comunidades fúngicas, permitiendo una caracterización más real de la diversidad y dinámica en los agroecosistemas (Tedersoo et al., 2018).

El advenimiento de tecnologías de secuenciación masiva ha ido de la mano con el desarrollo de herramientas bioinformáticas direccionadas al análisis de los abundantes datos que se producen (Van Dijk, et al., 2014). Así como los procesos en el laboratorio son cruciales para obtener resultados ecológicos fiables, los análisis bioinformáticos, deben seleccionarse y ajustarse conforme cada estudio. En este contexto, para un abordaje de metabarcoding de comunidades fúngicas, herramientas bioinformáticas como el software USEARCH V8 y la plataforma QIIME2 ofrecen algoritmos y funcionalidades específicas para el manejo e interpretación de datos de secuenciación de alto rendimiento (Edgar, 2013; Caporaso et al., 2010). El rendimiento de estas herramientas bioinformáticas debe evaluarse para cada sistema de estudio, tomando en cuenta varios factores como el barcoding empleado, la cantidad de muestras, profundidad de la secuenciación, entre otros. En el caso de los HMA se usa indistintamente las dos herramientas bioinformáticas, por lo que es relevante evaluar las inferencias ecológicas a las que podemos llegar con cada aproximación, para garantizar la pertinencia y reproducibilidad de los estudios en esta área.

Este trabajo amplía el conocimiento acerca de la composición de las comunidades de HMA asociados a las raíces del banano, y también proporciona información comparativa de las herramientas bioinformáticas para el abordaje del sistema HMA – banano. Por una parte, la información de las comunidades

de HMA permitirá aportar en el entendimiento integral de las plantaciones de banano, así como para futuros estudios donde las estrategias de manejo de cultivos puedan ser sostenibles. El conocer la diversidad de HMA asociados al banano es información valiosa al momento de diseñar intervenciones para mejorar la salud de suelos en plantaciones de monocultivos, reduciendo la dependencia de insumos químicos. La integración del conocimiento sobre la diversidad y funcionalidad de los HMA, mediante técnicas moleculares avanzadas y análisis bioinformáticos, comprenden los primeros pasos para transformar los sistemas de producción de banana en modelos agrícolas sostenibles y resilientes. Este enfoque holístico podría mejorar la productividad y calidad del cultivo, manteniendo la salud del suelo y la biodiversidad funcional e indirectamente garantizando el bienestar ecológico y socioeconómico de los productores de banana.

1.3 OBJETIVOS

1.3.1 OBJETIVO GENERAL

Determinar la estructura de las comunidades de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) asociadas a las raíces de banano de cuatro fincas del cantón Macará, Loja, mediante análisis metataxonómicos.

1.3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Preprocesar los datos de secuenciación obtenidos por la plataforma Illumina a partir de las muestras de raíces de banano, incluyendo análisis de calidad y corrección de artefactos.
- Comparar las herramientas USEARCH V8 y QIIME2 en términos de precisión y eficiencia para el estudio de comunidades de HMA.
- Determinar la composición de las comunidades de HMA en las raíces de banano.
- Evaluar la diversidad de las comunidades de HMA entre cuatro fincas muestreadas del cantón Macará, Loja.

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 ORIGEN DEL BANANO

El banano es una especie del género *Musa*, que comprende plantas herbáceas monocotiledóneas de la familia Musaceae. Estas plantas se caracterizan por su gran tamaño, con una distribución en regiones tropicales y subtropicales. La distribución actual se ocasionó por la dispersión del banano desde su centro de origen en el sudeste asiático se produjo a través de rutas marítimas y terrestres, llegando a África, Oceanía y América (Li et al., 2021; Sardos et al., 2022).

Estudios filogenéticos indican que las bananas comestibles actuales son el producto de hibridaciones entre especies silvestres diploides y triploides, principalmente *Musa acuminata* y *Musa balbisiana* (Manzo-Sánchez et al., 2015; Perrier et al., 2011). A través de la domesticación y la dispersión geográfica del banano, se ha generado una amplia diversidad de cultivares sin semillas, adaptados a múltiples condiciones ambientales y usos culinarios (Pillay et al., 2024). El proceso de domesticación involucró la selección antrópica de mutaciones naturales que resultan en frutos sin semillas y además con mayor contenido de almidón (Li & Ge, 2017).

La taxonomía de todo el género *Musa* es compleja y aunque no están definida completamente se ha establecido la siguiente jerarquía taxonómica para el género: “Reino: Plantae, Filo: Tracheophyta, Clase: Liliopsida, Orden: Zingiberales, Familia: Musaceae, Género: *Musa* L” (Catalogue of Life, 2025). Sin embargo, hay clasificaciones no taxonómicas, dentro de *Musa*, que se conocen como secciones y estas toman en cuenta características morfológicas o de uso. Es importante destacar que dentro del género *Musa*, existen diversas secciones que agrupan a las especies según sus características morfológicas y genéticas (Šimoníková et al., 2020). Las secciones más importantes son:

- *Musa* sección *Musa*: Incluye a los bananos comestibles diploides y triploides, derivados de *Musa acuminata* y *Musa balbisiana*.

- *Musa* sección *Australimusa*: Incluye a especies silvestres y cultivadas, como *Musa textilis* (abacá), utilizada para la producción de fibras.
- *Musa* sección *Callimusa*: Incluye a especies silvestres con frutos pequeños y semillas.

El conocimiento del origen y la diversidad genética del banano resulta indispensable para la planificación de estrategias de conservación y mejoramiento genético, dirigidos a garantizar la producción sostenible y la seguridad alimentaria (Heslop-Harrison, 2011).

2.2 ECOLOGÍA DEL GÉNERO *MUSA*

Las especies dentro del género *Musa* demandan de condiciones ecológicas específicas para su establecimiento, crecimiento y producción. Los factores abióticos cruciales para el desarrollo del banano son la temperatura, la humedad, la textura y fertilidad del suelo, y el manejo del agua.

2.2.1 Temperatura

El crecimiento del banano es óptimo entre los 26 °C y 30 °C, donde los procesos fisiológicos como la fotosíntesis y la respiración se potencian, lo que se refleja en un crecimiento vigoroso de la planta y en una óptima formación del fruto (Campos et al., 2017). Cuando se tienen temperaturas menores a 16 °C el crecimiento del banano se ralentiza, pudiendo incluso frenarse las reacciones metabólicas y la reducción en la absorción de nutrientes, si las temperaturas son menores a 10 °C, lo que compromete la supervivencia del cultivo (Abdoussalami et al., 2013). Por el contrario, si la temperatura excede los 35 °C la tasa fotosintética disminuye y hay menor producción de biomoléculas (Varma & Bebbber, 2019).

2.2.2 Precipitación y Humedad

Para el desarrollo óptimo del banano, los niveles de precipitación deben ser uniformes a lo largo del año, en al menos 2.000 mm (Campos et al., 2021).

La demanda hídrica se debe a que las plantas de banano tienen una tasa alta de transpiración, entonces la disponibilidad de agua permite mantener el transporte de nutrientes y la fotosíntesis, lo que se refleja en un buen crecimiento de los frutos (FAO, 2025; Helaly et al., 2022).

En cuanto a la humedad relativa, se ha reportado que niveles mayores a 75 % favorecen el desarrollo adecuado del cultivo (Turner et al., 2007), lo que minimiza el estrés hídrico al reducir la tasa de transpiración, haciendo más eficiente el uso del agua. Sin embargo, se debe mantener un equilibrio, ya que la humedad excesivamente alta, puede favorecer microclimas idóneos para hongos patógenos, como “Sigatoka negra” (*Mycosphaerella fijiensis*) o “antracnosis” (*Colletotrichum musae*) (Ajay-Kumar, 2014).

2.2.3 Suelo

El cultivo del banano tiene un desarrollo óptimo en suelos profundos, donde el sistema radicular puede extenderse, contribuyendo a un mayor acceso al volumen edáfico (Cigales et al., 2011). Las musáceas requieren suelo con drenaje para evitar encharcamientos que limiten la cantidad de oxígeno en la zona radicular, que podrían causar proliferación de patógenos anaeróbicos como *Fusarium oxysporum*, agente causal de marchitez, y oomicetos como *Pythium* spp., responsables de la pudrición de la raíz (Belay, 2022; Ploetz, 2015; Olivares, 2022). Adicionalmente, el pH del suelo debe estar entre 5,5 a 6,5 para la óptima disponibilidad de nutrientes (Hartemink & Barrow, 2023) y dinámica funcional de los microorganismos del suelo (Crawford, 2021; de Faria et al., 2021; Delgado-Bejarano et al., 2023; Wahab et al., 2023). Finalmente, un suelo de calidad para la producción de banano, también está estrechamente asociado a la riqueza de materia orgánica, pues con la cantidad adecuada se incrementa la porosidad, así como también se mantiene una reserva de humedad y de nutrientes que se liberan gradualmente por la descomposición (Farnham et al., 2016; Katiyar, 2022).

2.2.4 Nutrientes y fertilización

El banano tiene altos requerimientos de nutrientes, como el nitrógeno y potasio, que tienen que ver en el desarrollo vegetativo y de los frutos (Li et al., 2021; Villaseñor-Ortiz et al., 2022). Se recomienda realizar análisis periódicos del suelo y de tejido foliar para ajustar las prácticas de fertilización y optimizar la producción (Mihai et al., 2023; Miraj, 2024; Sadimantara et al., 2023; Sutton et al., 2013). De hecho, la producción de banano se mantiene a través de los años si los nutrientes estén en formas disponibles, sin embargo, esto no es algo que pasa de manera natural en monocultivos. En este sentido, la aplicación de fertilizantes es una práctica frecuente y es clave para mantener el rendimiento, aunque conlleva un impacto ambiental significativo (Lemaire et al., 2021). El exceso en el uso de fertilizantes provoca contaminación hídrica, emisión de gases de efecto invernadero (ejemplo: N₂O), así como también altera la microbiota del suelo (Villaseñor-Ortiz et al., 2022).

2.2.5 Altitud

Por debajo de los 500 m s.n.m. el crecimiento óptimo de la planta y la formación del fruto se favorece pues se genera una serie de microclimas con temperaturas altas y humedad relativa propicia para mantener tasas de metabolismo y fotosíntesis idóneas para un crecimiento vigoroso (Fischer et al., 2022; Robinson & Galán, 2012; Turner et al., 2007). Aunque el banano se cultiva en un rango altitudinal amplio, que va desde el nivel del mar hasta alrededor de 1200 m s.n.m. (Daniells et al., 2014; Fahad et al., 2017; Robinson & Galán, 2012).

2.3 DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LAS PLANTACIONES DE BANANO

Las plantaciones de banano están mayormente distribuidas en zonas tropicales y subtropicales del planeta, donde convergen las condiciones climáticas y edáficas, creando un nicho ecológico insuperable para su establecimiento, crecimiento y desarrollo (Galán et al., 2018). Estas zonas tienen a lo largo del año periodos de temperatura cálidos y relativamente estables, con

niveles elevados de humedad atmosférica (70 % - 90 %) y suelos ricos en materia orgánica (Moína-Quimí, 2010).

El cultivo de banano se extiende sobre extensas áreas geográficas, pero las naciones que sobresalen en la producción son: Brasil, China, Ecuador India y Filipinas (ScienceAgri, 2024). Ecuador, en particular, se ha posicionado como uno de los mayores exportadores globales de banano de alta calidad, pues las condiciones agroecológicas del país, especialmente las áreas costeras, proporcionan un ambiente excepcionalmente favorable para el cultivo de banano de alta calidad. Aunque la mayor producción bananera se da en “Los Ríos, Guayas, El Oro y Santo Domingo de los Tsáchilas” (Ajila, 2023). Según el Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca, los sembríos de banano en condiciones naturales se extiende a todo el territorio nacional (MAGAP, 2020).

La provincia de Loja, aunque no representa una zona de producción de banano a gran escala, sí contribuye a esta industria, pues según el “Instituto Nacional de Estadísticas y Censos” (INEC) (2012), existe una superficie plantada de 15.670 hectáreas que corresponden a cultivos permanentes. Específicamente, el cantón Macará, no tiene datos del volumen exacto de producción, pero consta como uno de los cultivos representativos de la zona, pues las condiciones ambientales y climáticas ofrecen un entorno ideal para el crecimiento de las plantas de la familia musáceas. Este cantón se corresponde a una superficie de 578 km², con una variación altitudinal considerable, desde los 222 m s.n.m. hasta los 2.591 m s.n.m. El clima tiene temperaturas promedio entre 17 y 31 °C, con precipitaciones anuales de alrededor de 500 a 750 mm (Valladolid & Vidal, 1990; SENPLADES, 2011).

2.4 COMERCIO DE BANANO Y PRODUCCIÓN EN ECUADOR

El banano (*Musa* spp.) figura entre los cultivos más comercializados y valiosos en el mercado internacional, de hecho, su consumo supera a frutas como manzanas y cítricos. En las últimas décadas se ha visto a nivel mundial un crecimiento en el cultivo y exportación, que responde a factores como la

creciente demanda, la tecnificación de los cultivos y la globalización de los mercados (FAO, 2020). El Ecuador se destaca internacionalmente como líder en la producción y exportación de banano, por la convergencia de factores geográficos y climáticos que proporcionan un entorno ideal para el cultivo de esta fruta.

La mayor parte de la producción ecuatoriana se distribuye predominantemente en las provincias de la costa, Los Ríos (41,4 %), Guayas (26 %), El Oro (24,6 %) y Santo Domingo de los Tsáchilas (1,7 %), donde hay extensas plantaciones dirigidas para el abastecimiento de banana con estándares internacionales, sin embargo, provincias como Cotopaxi (2,9 %), y Cañar (1,4 %) también hay una producción importante (Coral, 2023). La provincia de Loja aporta aproximadamente 0,40 %, pues la producción anual es de 28.146 toneladas (INEC, 2012).

La demanda y producción del banano ecuatoriano se está incrementando en los últimos años, por su calidad y diversidad. Las prácticas de cultivo sostenibles y los controles de calidad implementados a lo largo de toda la cadena de producción hacen del banano ecuatoriano uno de los preferidos en el mercado internacional (Ramírez-Orellana et al., 2021). Las exportaciones exclusivamente a Estados Unidos se han incrementado en un 5,2% en el 2023, con respecto al año anterior, lo que representa 273 millones de dólares (Vargas et al., 2025).

2.5 HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES

Los hongos micorrízicos corresponden a un tipo de hongo que se caracterizan por formar asociaciones mutualistas con raíces de plantas vasculares, esta relación simbiótica se ha identificado en aproximadamente el 80 % de las plantas (Smith & Read, 2010). El descubrimiento de los hongos micorrízicos se dio en el siglo XIX, aunque las evidencias fósiles y genéticas, señalan que, esta relación simbiótica ya se establecía con plantas primitivas terrestres. Se estima que a lo largo de aproximadamente 400 millones de años ha existido un proceso de coevolución (Brundrett & Tedersoo, 2018).

En la simbiosis, el hongo mejora la absorción de nutrientes minerales y agua a la planta, por otra parte, la planta brinda al hongo carbohidratos y productos fotosintéticos (Bonfante & Genre, 2010). Esta asociación favorece el establecimiento y supervivencia de las plantas, porque amplía el tipo y cantidad de nutrientes que puede absorber, así como la resiliencia ante circunstancias de estrés causado por factores biológicos y ambientales (Van Der Heijden et al., 2015a). El grupo más abundante y ampliamente distribuido de micorrizas son los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), asociándose con gran parte de las plantas cultivadas, incluido el banano. Los HMA pertenecen exclusivamente al filo Glomeromycota y forman estructuras intracelulares llamadas arbusculos (Schüßler et al., 2001). Las comunidades de HMA son dinámicas, pues su diversidad y funcionalidad se ajustan en función del suelo, de las prácticas agrícolas y el genotipo de la planta (Verbruggen et al., 2012).

En el banano, los HMA favorecen la nutrición y bienestar vegetal, pues mejoran la absorción de elementos, la resiliencia frente a enfermedades y la tolerancia al estrés abiótico (Jeffries et al., 2012). Ahora mismo, las estrategias de manejo sostenible incluyen el estudio de los HMA del banano, como eje clave para optimizar la productividad del cultivo (Tedersoo et al., 2014).

2.6 ESTUDIO DE HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES

La importancia ecológica y agrícola de las HMA ha impulsado, a lo largo de las décadas, el desarrollo de técnicas para su estudio, a continuación, se menciona las principales.

2.6.1 Técnicas de Tinción y Microscopia

El uso de microscopios y tinciones son técnicas pioneras y aún vigentes, para el estudio de los HMA, puntualmente estructuras fúngicas asociadas a las células de las raíces. Las tinciones usadas frecuentemente son: azul de tripano y azul de metileno (Phillips & Hayman, 1970), que permiten la visualización directa de la colonización que ocurre en las raíces, con lo que se puede lograr datos morfológicos y anatómicos (Van Der Heijden et al., 2015b).

En los laboratorios que se dispone de microscopios confocales y microscopios electrónicos de barrido, se logra imágenes de alta resolución de las estructuras micorrízicas, como los arbusculos y las hifas. Estas técnicas han sido bastante eficientes para evaluar la interfaz planta-hongo y los mecanismos de intercambio de nutrientes en la simbiosis micorrízica, en tiempo real (Fiorilli et al., 2018; Harrison, 1998).

2.6.2 Secuenciación de ADN

El desarrollo de las técnicas moleculares ha marcado un hito en el estudio de los sistemas planta-hongo, ya que es posible tener un acercamiento más preciso a la realidad biológica de los ecosistemas. De hecho, con plataformas de secuenciación de alto rendimiento se logran obtener volúmenes importantes de datos por muestra que contribuyen a la identificación de diversidad y composición de las comunidades fúngicas (Tedersoo et al., 2018). Esta capacidad de resolución es crucial para lograr entender el papel ecológico de cada uno de los HMA en diversos sistemas. En agroecosistemas como las plantaciones de banano, el entendimiento de la estructura y dinámica de las comunidades de HMA es crucial para potencial los cultivos y procurar la sostenibilidad (Schoch et al., 2012).

La secuenciación de Illumina corresponde a una tecnología que se basa en el método de secuenciación masiva por síntesis (SBS), donde se incorporan nucleótidos marcados con fluorescencia a medida que se sintetiza la cadena complementaria del ADN. En esta secuenciación la identificación de cada base se lleva a cabo mediante la detección de la longitud de onda emitida, así como de intensidad de la fluorescencia, lo que permite el ensamblaje preciso de las secuencias generadas (Vázquez, 2016). Específicamente, el procedimiento de secuenciación en la plataforma MiSeq® de Illumina se estructura en cuatro etapas fundamentales (Figura 1), cada una de ellas optimizada para garantizar la fidelidad de la información genética obtenida y la posterior interpretación bioinformática de los datos (Illumina, 2023).

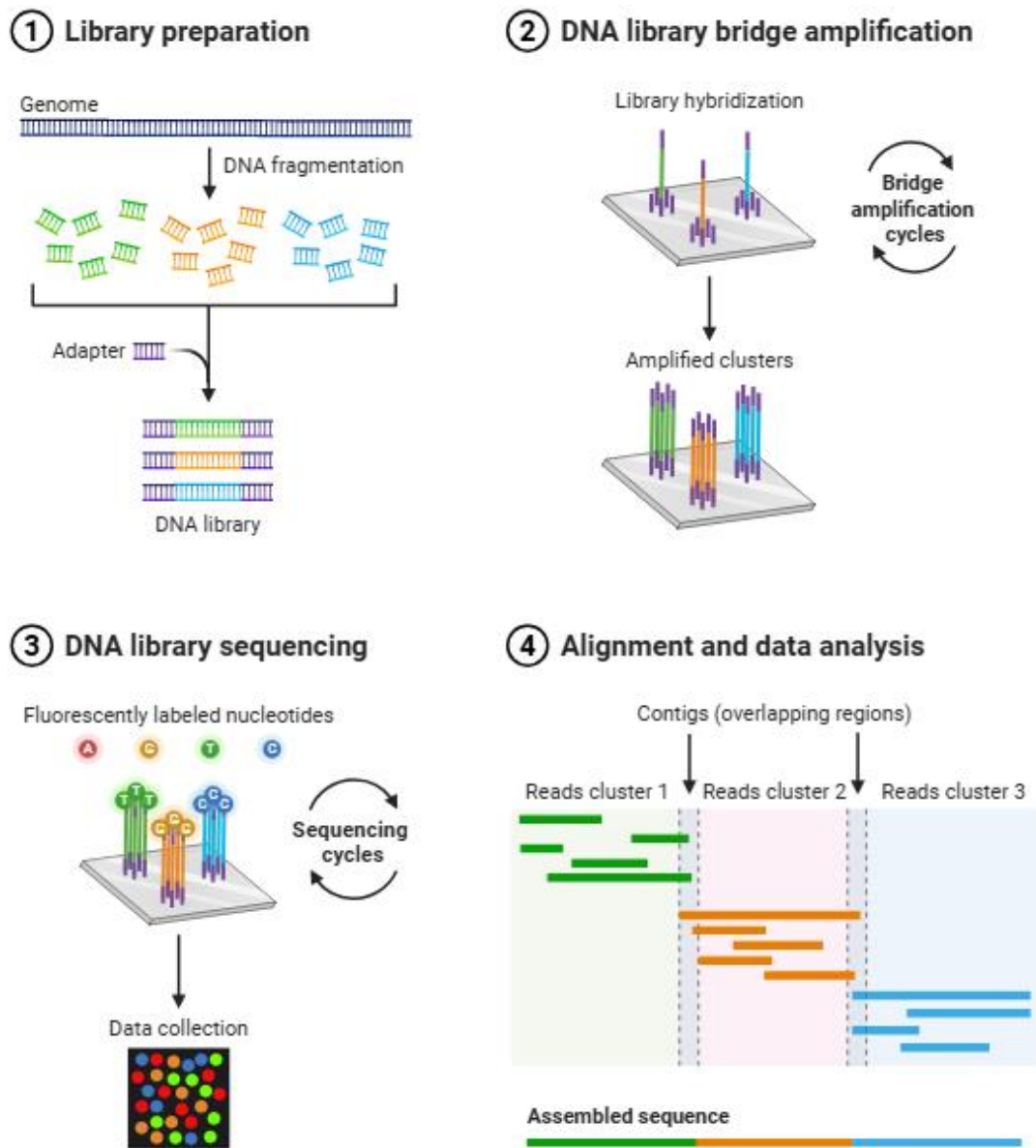


Figura 1. Pasos principales de la secuenciación de amplicones con la tecnología Illumina. Tomado de Biorender (2025).

2.6.3 Metagenómica de barcoding

Uno de los enfoques o técnicas moleculares que se están usando ampliamente para abordar la microbiota, es la metagenómica de barcoding. Esta técnica se enfoca en regiones específicas del ADN (códigos de barras) para identificar y cuantificar la diversidad de organismos en una muestra ambiental, a continuación, se muestra el flujo de trabajo desde el muestreo hasta las interpretaciones biológicas (Figura 2).

Muestra ambiental
Suelo o raíz

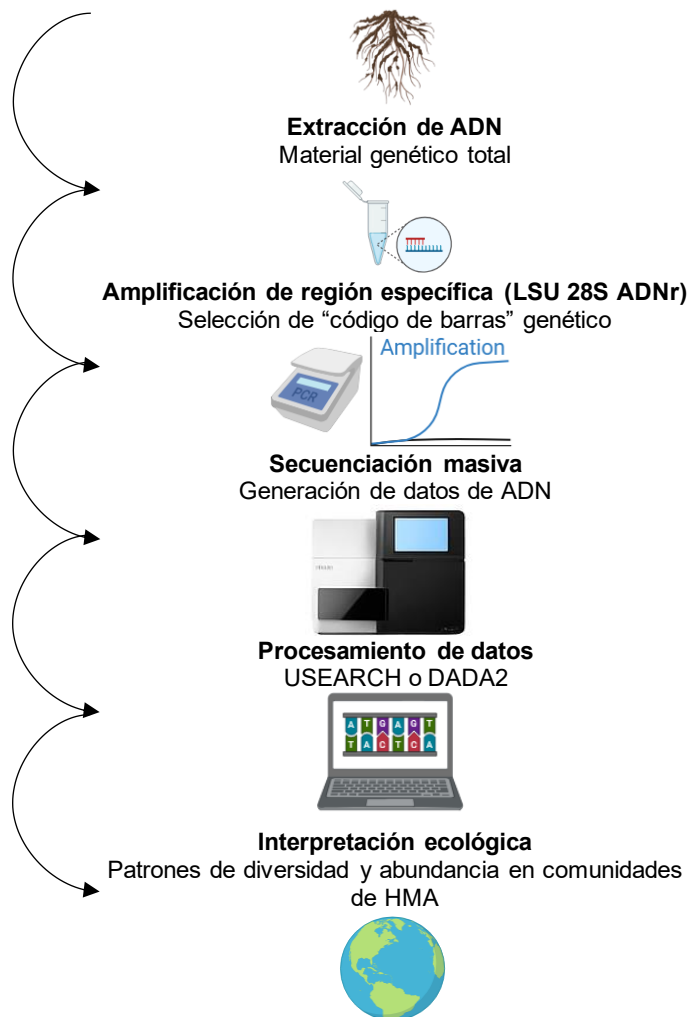


Figura 2. Metagenómica de barcoding aplicada al estudio de la estructura y dinámica de las comunidades de hongos micorrízicos arbusculares.

En este marco, el estudio de comunidades de HMA se enfoca en la región del ADNnr, específicamente la fracción LSU 28S (Schoch et al., 2012). Este enfoque logra buena resolución para caracterizar las comunidades de HMA, así como para establecer patrones de diversidad y abundancia en diferentes muestras o tratamientos experimentales (Bellemain et al., 2010).

La metagenómica de barcoding o metabarcoding genera una cantidad significativa de datos, que, dependiendo de los requerimientos, pueden lograr entre 10.000 y 100.000 lecturas por muestra. Esta cantidad de datos precisa el uso de herramientas bioinformáticas especializadas para reconstruir "unidades taxonómicas operacionales" (OTUs) o "variantes de secuenciación de amplicones" (ASV), para análisis bioestadísticos multivariados e interpretaciones ecológicas (Caporaso et al., 2010).

2.6.4 Unidades taxonómicas operacionales (OTUs) y variantes de secuencias de amplicones (ASV)

Las OTUs son agrupaciones de secuencias de ADN, establecidas para hacer aproximaciones de la diversidad de especies en estudios metagenómicos de barcoding. Las OTUs se estiman en función del porcentaje de similitud de las secuencias y cada OTU representa un grupo de organismos que se presume son similares a nivel taxonómico (Edgar, 2013). El establecimiento del umbral de similitud de secuencia para la definición de OTUs influye en los resultados del análisis, por lo que es importante considerar el grupo taxonómico y la región del genoma que se está evaluando. Mientras que, las ASVs son secuencias de ADN únicas obtenidas de la secuenciación de amplicones, resolviéndose a nivel de nucleótido único. Las ASVs se generan mediante la aplicación de un control de calidad y eliminación de errores de secuenciación, de lo que se obtiene una lista de secuencias distintas y sus abundancias. En teoría, las ASV, pueden lograr una mayor resolución taxonómica y una inferencia ecológica más precisa al evitar la pérdida de información del agrupamiento por similitud, permitiendo detectar cambios sutiles en las comunidades microbianas. Sin embargo, para esto se requieren bases de datos depuradas y a nivel de especie (Callahan et al., 2017).

3. METODOLOGÍA

3.1 MUESTREO Y PROCESAMIENTO DE RAÍCES

Las raíces de banano se obtuvieron en el cantón Macará, ubicado en los Andes Bajos de la provincia de Loja (Ecuador). La colecta de las raíces de banano se realizó en 4 fincas: Portachuelo que corresponde al Sitio 1 (muestras M1-M3), La Victoria es Sitio 2 (muestras M4-M6), Larama es Sitio 3 (muestras M7-M9) y Flor Anita es Sitio 4 (muestras M10-M12). De cada finca/sitio se muestrearon 3 plantas y de cada una se tomaron al menos 5 raíces. Las 12 muestras se transportaron al laboratorio para el proceso de desinfección, siguiendo las indicaciones del protocolo sugerido por Pocasangre et al. (2000). Dicho protocolo de desinfección consistió en un lavado con agua destilada

estéril, que eliminó el exceso de tierra, seguido de un enjuague en etanol al 70 % durante 30 segundos, posteriormente un enjuague en hipoclorito de sodio al 3 % durante 3 minutos y finalmente tres lavados consecutivos con agua destilada estéril.

3.2 ANÁLISIS MOLECULARES

De cada muestra, se usó entre 3 y 5 segmentos de raíz de aproximadamente 1 cm para obtener el ADN genómico, para ello se usó el “DNeasy Plant Mini Kit” (Qiagen, Hilden, Alemania), siguiendo las instrucciones propuestas por el fabricante (Anexo 1). El kit emplea tecnología de columnas de sílice, que permite la purificación del ADN mediante la adsorción selectiva del ADN a la matriz de sílice en presencia de sales caotrópicas, a continuación, una elución del ADN purificado con un buffer de baja salinidad. El ADN total extraído se cuantificó utilizando espectrofotometría. Las muestras cumplieron con los criterios de concentración y pureza ($> 5 \text{ ng} / \mu\text{l}$), por lo que almacenaron a $-20 \text{ }^\circ\text{C}$ hasta la posterior preparación de las bibliotecas de secuenciación.

La amplificación y evaluación de la región parcial del LSU 28S ADN_r se logró realizando dos PCR consecutivas siguiendo los protocolos para la amplificación de HMA propuestos por Senés-Guerrero et al. (2020). La primera PCR incluyó la amplificación de un segmento de aproximadamente 1,8 Kb que abarca las zonas del gen: SSU (18S) ADN_r, ITS (ITS-5.8S-ITS2) y LSU (28S) ADN_r; para ello se utilizaron los primers SSUmAf y LSUmAr (Krüger et al., 2009). La primera PCR se desarrolló en un volumen final de 15 μl , que incluía 0,5 μl de ADN genómico, 0,75 pmol de cada primer o cebador y 7,5 μl de Master Mix 2x Phusion High-Fidelity (Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA). Los ajustes en el termociclador fueron: desnaturalización inicial $99 \text{ }^\circ\text{C}$ por 5 min; 35 ciclos de desnaturalización a $99 \text{ }^\circ\text{C}$ por 10 s, anillamiento a $60 \text{ }^\circ\text{C}$ por 30 s, extensión a $72 \text{ }^\circ\text{C}$ por 1 min y una extensión final a $72 \text{ }^\circ\text{C}$ por 10 min.

Los amplicones obtenidos en esta primera PCR fueron integrados y utilizados como molde para la PCR anidada dirigida a la región LSU 28S ADN_r (aproximadamente 450 pb). La segunda PCR se hizo en un volumen final de 20

µl, que incluía 0,5 µl del amplicon 1, 10 µl de la master mix 2x Phusion High-Fidelity, 1 pmol de cada primer (Tabla 1) y 0,4 µl de BSA. Se utilizó el primer forward LSUD2Af y el reverse que corresponde al mix de LSUmBr, estos primers tuvieron modificaciones que incluyeron adaptadores específicos para la plataforma MiSeq®. La amplificación se llevó bajo los siguientes parámetros: desnaturalización inicial 99 °C (5 min), seguido de 35 ciclo de desnaturalización a 99 °C (10 s), anillamiento a 60 °C (30 s), una extensión a 72 °C (1 min) y extensión final a 72 °C (10 min) (Krüger et al., 2009; Senés-Guerrero et al., 2014).

Tabla 1. Combinación de primers utilizados en la nested PCR, para amplificar aproximadamente 450 pb de la región LSU 28S ADNr (tomado de Krüger et al., 2009)

Primers	Secuencias de primers
<i>Forward</i> LSUD2Af	LSUD2Af 5'-GTGAAATTGTTRAWARGGAAACG-3'
<i>Reverse</i> LSUmBr mix	LSUmBr1 5'-DAACACTCGCATATATGTTAGA-3'
	LSUmBr2 5'-AACACTCGCACACATGTTAGA-3'
	LSUmBr3 5'-AACACTCGCATACATGTTTAGA-3'
	LSUmBr4 5'-AACACTCGCACATATGTTAGA-3'
	LSUmBr5 5'-AACACTCGCATATATGCTAGA-3'

Posterior a la PCR y PCR anidada, se desarrolló una electroforesis en gel de agarosa al 1 % para la evaluación de los amplicones, seguida de una purificación utilizando el kit “Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System” (Promega, Estados Unidos). Seguidamente, la cuantificación de los amplicones se realizó con un espectrofotómetro NanoDrop 2000c (Thermo Scientific, Wilmington, Delaware, Estados Unidos), garantizando la precisión en la concentración y pureza. Finalmente, se desarrolló una secuenciación de extremos emparejados (paired-end sequencing) a través de la plataforma MiSeq® de Illumina (BioSequence, Ecuador).

3.3 ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO

Los datos crudos o *raw data* se usaron como insumo para aplicar los flujos de trabajo de las herramientas computacionales USEARCH V8 y QIIME2 (Edgar, 2013; Caporaso et al., 2010) y abordar las comunidades de HMA asociados al banano. La ejecución individual y evaluación de las herramientas computacionales se desarrolló conforme los siguientes detalles:

3.3.1 USEARCH V8

Los *raw data* derivados de la secuenciación Illumina MiSeq® de las 12 muestras de raíces de banano, constituyen los datos primarios para la inferencia de las OTUs usando el software USEARCH. Siguiendo el pipeline propuesto por Edgar (2013), se inició con el comando `fastq_mergepairs` que concatena las lecturas pareadas a partir de solapados, logrando secuencias simples. Para minimizar errores durante la fase de ensamblaje de los extremos pareados, se usó la opción `-fastq_nostagger`. Seguidamente, se implementó un filtrado de calidad con el comando `fastq_filter`, para lo que se determinó un umbral máximo de error esperado de 0,3 por secuencia. Las secuencias de longitud inferior a 240 pb fueron descartadas para asegurar uniformidad y calidad en el análisis. Posteriormente, las secuencias únicas o *singletons* fueron descartadas utilizando el comando `derep_fulllength`, con el fin de evitar la inclusión de posibles artefactos de PCR o secuenciación. El cálculo de las secuencias en OTUs se realizó con el comando `cluster_otus`, considerando un umbral de similitud del 97 %, valor comúnmente aceptado para delimitar la misma unidad taxonómica en hongos micorrízicos (Bálint et al., 2016). Finalmente, la asignación de la identidad taxonómica de las OTUs se realizó usando el comando `-usearch_global` con la base de datos que se ha desarrollado para micorrizas arbusculares MaarjAM (Öpik et al., 2010).

3.3.2 QIIME2

El procesamiento en QIIME2 de los *raw data* de las 12 muestras colectadas desde las raíces de banano, que corresponden al gen parcial LSU 28S ADNr (Figura 3), inició con un control de calidad y eliminación de ruido o denoising. El control de calidad aplicado en las secuencias se basó en los valores de Phred Score, siendo eliminadas las lecturas que presentaron una calidad inferior a $\text{Phred} < 20$, conforme lo sugiere la bibliografía (Ewels et al., 2016). Seguidamente, todo el sesgo que se incluye por los procesos de amplificación y secuenciación se gestionó con la herramienta DADA2 usando la función `dada2_actions.denoise_paired()`, con parámetros especificados para el recorte de las lecturas *forward* (`trunc_len_f`) y *reverse* (`trunc_len_r`), así

como para eliminar las secuencias de los primers y adaptadores (`trim_left_f`, `trim_left_r`) (Callahan et al., 2016).

Así también, fue necesario considerar el tamaño esperado del amplicón (aproximadamente 450 pb), estableciéndose la superposición de 27 pb. Estas primeras etapas generan artefactos digitales con la extensión `.qza` con información esencial para las siguientes etapas.

Seguidamente, se logró tener la abundancia de las ASVs. Las tablas de características o *feature table*, se obtuvieron para cada una de las muestras estudiadas. Para esto se usó de insumo el artefacto `'feature_table_0.qza'`, que permite la visualización y edición de los datos. En la edición se eliminó el sufijo `-28S` localizado en los `SampleID`. Adicionalmente, se usó el comando `'summarize'` y se obtuvo de salida el archivo visualización llamado `'feature_table_0_summ.qzv'`. Así mismo, se generó un archivo con la información detallada de las características de las ASVs, a partir del artefacto `'asv_sequences_0.qza'`.

La clasificación taxonómica de las ASVs se ejecutó con el complemento `'q2-feature-classifier'`, con técnicas de aprendizaje automático para entrenar al clasificador específico para la región de interés, LSU 28S ADNr. El clasificador se construyó utilizando secuencias de referencia extraídas de la base de datos de MaarjAM, específica para HMA (Öpik et al., 2010). Para esto, los artefactos adicionales `'ref-sequences.qza'` y `'ref-taxonomy.qza'` sirvieron para pre-entrenar el clasificador Naive Bayes utilizando el comando `'qiime feature-classifier fit-classifier-naive-bayes'`. Esta etapa culminó con la creación del archivo `'taxonomy.qza'`, que indica la clasificación taxonómica asignada a las ASVs.

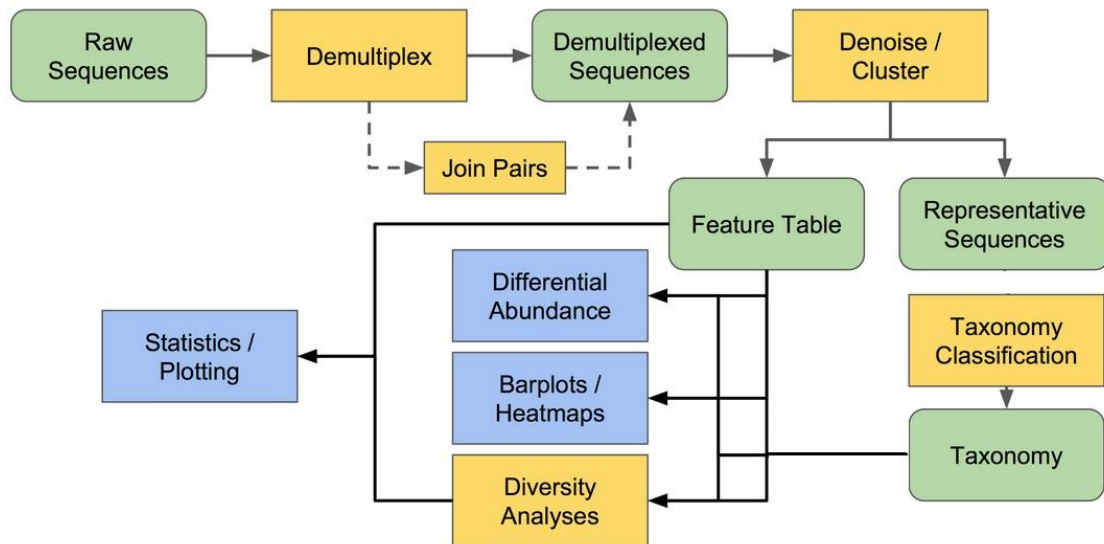


Figura 3. Pasos de análisis usando QIIME2. Imagen adaptada de QIIME2 Development team (2024).

3.4 ANÁLISIS ESTADÍSTICOS

Los archivos obtenidos con USEARCH V8 se usaron como insumos para evaluar la estructura de las comunidades de HMA asociados al banano en relación con el sitio de colecta. La “otu.table” se organizó en una matriz que se implementó en R v4.4.1 (R Core Team, 2020) empleando los paquetes vegan, iNEXT, ggplot2, dplyr y tidyr (Hsieh et al., 2016; Oksanen et al., 2016; Wickham, 2015; Wickham 2016; Wickhama & Wickham, 2017), para estimar la curva de acumulación de especies y las diversidades alfa y beta. Por una parte, la riqueza fúngica se evaluó con los índices Shannon y Simpson, seguido de una prueba de Shapiro-Wilk y un análisis de varianza (ANOVA) para determinar la significancia. Por otra parte, se determinó las diferencias en las comunidades de HMA entre sitios mediante el cálculo del índice de Bray-Curtis de manera pareada. Seguido de un análisis de varianza permutacional (PERMANOVA). La detección de diferencias significativas entre grupos se realizó aplicando la prueba post hoc de Tukey (Tukey’s HSD).

Por otra parte, los productos obtenidos en QIIME2 sirvieron de insumo para los análisis estadísticos que se desarrollaron en R v4.4.2. Inicialmente, se cargaron tablas de ASVs, taxonomía y metadatos. Estas tablas se integraron en objetos phyloseq (versión 1.40.0) para la manipulación y análisis siguientes.

Inmediatamente, se obtuvieron curvas de rarefacción usando el paquete vegan (versión 2.6-4). Adicionalmente, para evaluar la diversidad alfa, se estimaron los índices de Shanon, Simpson, Chao 1 y ACE (McMurdie & Holmes, 2013). Mientras que la diversidad beta entre comunidades de HMA asociados al banano se realizó usando un análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) con distancias de Bray-Curtis empleando el paquete vegan (versión 2.6-4) (Xu et al., 2023). También, la exploración de la diversidad beta, se ejecutó un análisis de varianza permutacional (PERMANOVA) (Dijksterhuis & Heiser, 1995). Además, la rarefacción de los datos se usó con una profundidad de 1.000 lecturas, con la idea de mitigar el sesgo de la variabilidad en la profundidad de secuenciación. Finalmente, se utilizó ggplot2 (versión 3.4.4) para la visualización de los resultados.

4. RESULTADOS Y ANÁLISIS DE RESULTADOS

A continuación, se muestra por cada muestra la cantidad de lecturas, calidad, el total de bases y calidad (Tabla 2).

Tabla 2. Reporte por muestra de estudio. lpf= Input passed filter, lm= Input merged, Inc=Input non-chimeric.

Muestra	# lecturas	# Total de bases	Calidad (Q30 bases)	lpf (%)	lm (%)	Inc (%)
M1	138.186	34'673.084	29'685.798	60,76	50,29	20,91
M2	94.176	23'607.637	19'882.483	58,30	48,97	22,03
M3	113.042	28'354.484	20'442.144	24,50	20,69	15,15
M4	119.634	30'025.495	26'896.753	71,67	62,56	9,38
M5	122.480	30'727.914	28'168.813	79,43	72,41	27,14
M6	113.006	28'352.879	22'271.225	41,78	36,92	5,83
M7	114.992	28'843.467	24'472.986	58,81	53,84	15,68
M8	133.926	33'609.082	28'389.595	58,25	49,70	8,38
M9	126.622	31'779.974	21'973.738	14,81	12,37	3,10
M10	101.748	25'474.721	23'576.969	78,39	78,37	37,41
M11	103.248	25'863.841	23'725.372	77,24	77,21	72,03
M12	106.270	26'663.077	23'422.084	69,65	57,27	15,75

Así mismo, el contraste entre ambas herramientas bioinformáticas mostró lo siguiente:

4.1 APROXIMACIÓN USEARCH

4.1.2 Diversidad de hongos micorrízicos arbusculares (HMA)

La evaluación de la composición de HMA asociados al banano, usando USEARCH, resultó en la identificación de 305 unidades taxonómicas operacionales (OTUs). Donde cada OTU corresponde a un grupo de secuencias con similitud genética considerable (establecido $> 97\%$), que se asume pertenecen a distintas "especies moleculares" o linajes taxonómicos teóricos a nivel molecular. Además, al contrastar el total de OTUs con la base de datos de MaarjAM, se logró identificar a todas dentro del filo Glomeromycota, de estas 29 OTUs fueron asignadas a nivel de género, donde 3 corresponden a *Acaulospora* y 26 a *Glomus*.

Tomando en cuenta que, los análisis moleculares se dirigieron a la identificación de especies que correspondan al filo Glomeromycota, los resultados fueron consistentes con lo esperado. Esto indica que los protocolos moleculares para el estudio de HMA propuesto por Senés et al. (2020) permiten tener un análisis focalizado en este tipo de micorrizas.

4.1.3 Riqueza y abundancia de especies fúngicas

Los resultados de este análisis permitieron evidenciar la tendencia ascendente continua hasta el número máximo de muestras analizadas por sitio ($n=3$) (Figura 4). La pendiente de la curva perteneciente a cada una de las fincas no alcanzó una asíntota, lo que confirma que el esfuerzo de muestreo fue insuficiente, siendo necesario aumentar el tamaño muestral. Por lo tanto, se estima que la totalidad de la riqueza de OTUs de HMA asociadas a raíces de banana aún no está representada completamente.

Aunque, el muestreo no evidenció la riqueza real de los sitios, las curvas de los Sitios 1 y 3 alcanzaron valores de riqueza acumulada superiores a los de los Sitios 2 y 4 con el mismo número de muestras. Particularmente, el Sitio 4, presenta una curva ligeramente más aplanada, tiene una riqueza de especies

menor y con una clara tendencia al alza. El área sombreada en torno a de las curvas nos muestra el intervalo de confianza (IC) de la riqueza que se ha estimado. Los IC más anchos evidencian que la precisión en la estimación de la riqueza es menor y también una mayor variabilidad, por el contrario, si esta área es más estrecha, la estimación es más precisa. En este estudio, la variabilidad es evidente en los Sitios 1, 3 y 4, ya que presentan un área de confianza ancha, sugiriendo que las muestras de cada sitio pudieron haber presentado una variabilidad considerable en su riqueza. Particularmente, para las muestras del Sitio 2, el IC es más estrecho que los otros sitios, lo que señala una menor variabilidad intraespecífica.

La ausencia de asíntota en las curvas de acumulación de especies, especialmente para los sitios con mayor diversidad aparente (Sitios 1 y 3), sugiere que la riqueza real de HMA podría ser aún mayor que la detectada con tres muestras por sitio. Debido a la variabilidad y baja precisión en la estimación de la riqueza, es necesario incluir un mayor número de réplicas por sitio para asegurar una caracterización más completa de la riqueza taxonómica (Chao et al., 2014; Colwell et al., 2012).

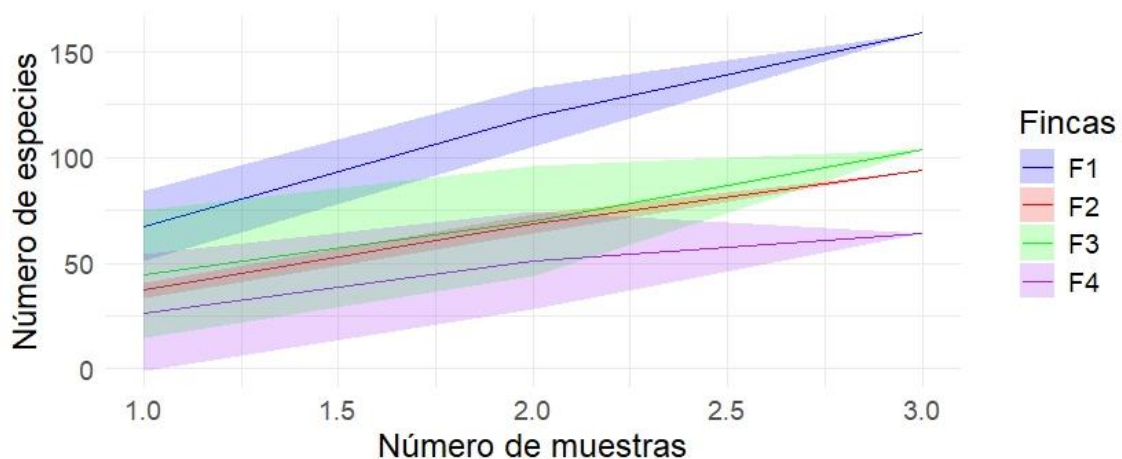


Figura 4. Curva de acumulación de especies estimada por finca (sitio) de estudio, donde F1, F2, F3 y F4 corresponden a las Fincas Portachuelo (Sitio 1), La Victoria (Sitio 2), Larama (Sitio 3) y Flor Anita (Sitio 4), respectivamente.

Dado que el valor de significancia fue mayor a 0.05, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas en la diversidad alfa entre los sitios. Esto se reafirmó con la prueba post-hoc de TukeyHSD, cuyos resultados no

permiten rechazar la hipótesis nula, lo que indica que las comunidades de HMA muestran una diversidad similar entre sitios (Anexo 2).

Al analizar la cantidad de OTUs de HMA identificados para cada sitio, el Sitio 4 (F4) (Figura 5), tiene una menor riqueza. Tomando en cuenta que el Sitio 4 se encuentra más cercano a la ciudad, probablemente las actividades antrópicas aledañas o estructuras como carreteras, tengan una influencia negativa sobre la diversidad de HMA (Gupta et al., 2018). Con respecto a los Sitios 1 y 3 (F1 y F3, respectivamente), donde se reportó mayor número de OTUs, es probable que empleen prácticas más sostenibles o posean condiciones edáficas más favorables que propicien una amplia gama de taxones de HMA (Ciccolini et al., 2015). También, por el hecho de que estos sitios se encuentran más alejados de la ciudad, es probable que experimenten menos condiciones de estrés o presiones como lo menciona Gupta et al. (2018).

Dado que los índices de Shannon y Simpson, ponderan riqueza y equitatividad. Estos análisis muestran valores ligeramente más altos en los Sitios 1 y 3 (F1 y F3) respecto a los Sitios 2 y 4 (F2 y F4) (Figura 5). En particular, el índice de Simpson, sugiere una mayor dominancia de especies en el Sitio 1 (F1), al reflejar mayor probabilidad de que dos individuos seleccionados al azar pertenezcan a la misma especie.

Aunque las diferencias no son estadísticamente significativas, es probable que esto se deba a la similitud entre sitios de los múltiples factores abióticos y bióticos. Por ejemplo, las propiedades edáficas, como pH, textura, materia orgánica y la disponibilidad de nutrientes (especialmente fósforo y nitrógeno), son conocidos moduladores de las comunidades de HMA (Gosling et al., 2016). Asimismo, las prácticas de manejo agrícola, incluyendo el tipo e intensidad de la fertilización, el uso de pesticidas o fungicidas, y las prácticas de labranza, pueden influir drásticamente en la diversidad y composición de los HMA (Kalamulla et al., 2022). Es importante destacar que, respecto a las prácticas de manejo, en todas las fincas los dueños reportaron que no han usado agroquímicos en los últimos 6 meses.

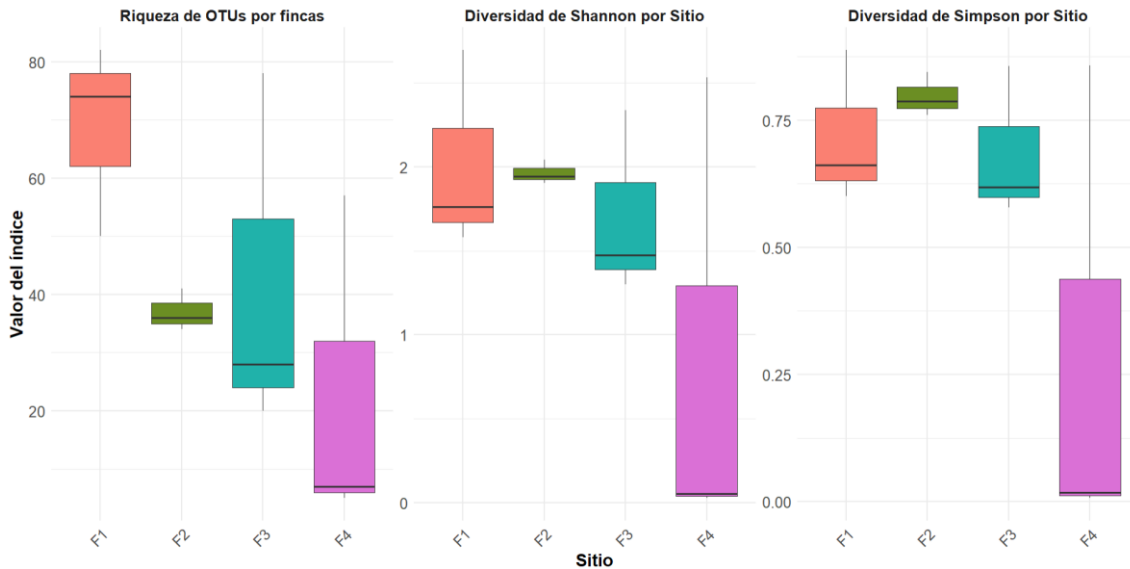


Figura 5. Riqueza y diversidad alfa por sitio de estudio donde F1, F2, F3 y F4 corresponden a las Fincas Portachuelo (Sitio 1), La Victoria (Sitio 2), Larama (Sitio 3) y Flor Anita (Sitio 4), respectivamente.

4.1.4 Comparación de la composición de las comunidades fúngicas entre las diferentes fincas muestreadas.

La ordenación mediante Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS), utilizando la métrica de disimilitud de Bray-Curtis (Figura 6), mostró una separación de las poblaciones de HMA según el sitio de origen de la planta de banano. El estrés del NMDS fue de 0.172388 (> a 0.10) que se considera una aproximación razonable, aunque las interpretaciones se deben manejar con cautela. Las muestras pertenecientes a cada sitio formaron agrupaciones distintas en el espacio de ordenación, indicando que la estructura general de las comunidades fúngicas difiere notablemente entre las cuatro fincas estudiadas.

La diferencia se comprobó con un PERMANOVA, mostrando que la variable sitio explica el 36,16 % de la variación total ($P < 0.025$) (Anexo 3), con lo que se puede aseverar que, la composición de las comunidades de HMA entre sitios presentan diferencias estadísticamente significativas. Cabe mencionar que los Sitios 1 y 2, son los que exhiben una cercanía mayor en el espacio de ordenación, lo que implica que las comunidades de HMA son similares entre ellas. Aunque es evidente una superposición de los puntos del Sitio 2 y Sitio 3, es posible que, al aumentar el número de muestras, los patrones en el espacio ordenado se definan más claramente por sitio. El Sitio 4, localizado distante del

resto de sitios, muestra una alta diferenciación en la comunidad de HMA. Como se mencionó previamente, es probable que la comunidad particular de HMA esté determinada por la influencia de factores específicos, que podrían estar relacionados a la cercanía a la carretera.

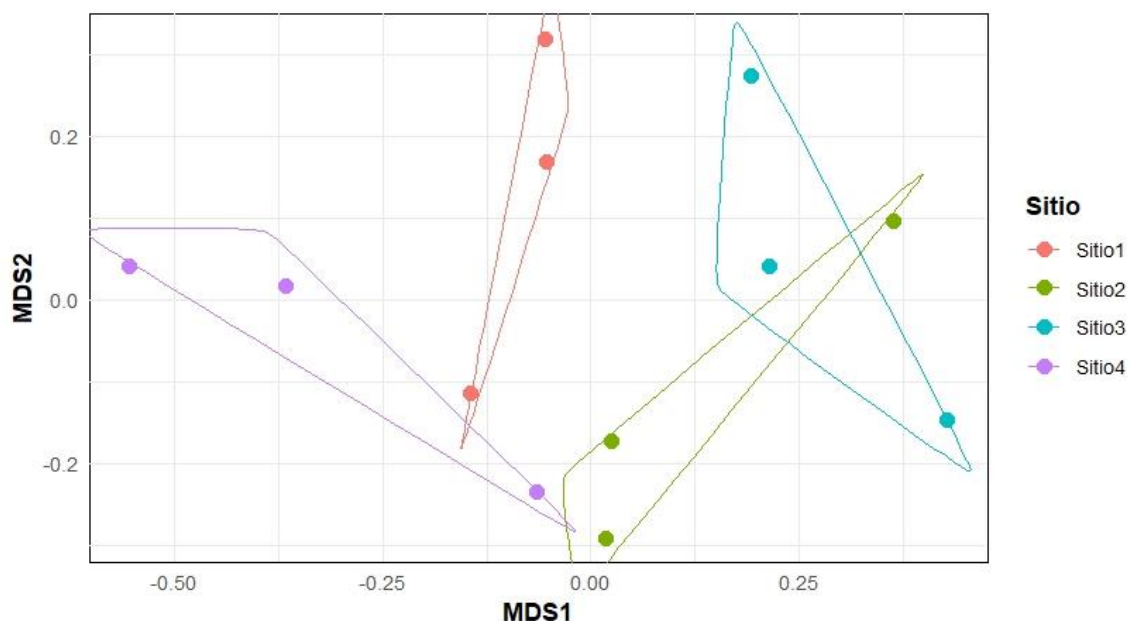


Figura 6. Escalamiento Multidimensional No Métrico (NMDS) basado en Bray-Curtis entre sitios (fincas) donde Sitio 1, Sitio 2, Sitio 3 y Sitio 4 corresponden a las Fincas Portachuelo (F1), La Victoria (F2), Larama (F3) y Flor Anita (F4), respectivamente.

Para soportar las observaciones previas, el cálculo del heatmap basado en la abundancia de OTUs corroboró visualmente los cambios en la estructura de las comunidades de HMA entre sitios (Figura 7). En la gráfica se usaron las 50 OTUs más abundantes y en estas se observaron patrones de abundancia específicos para cada sitio, con ciertos grupos de OTUs mostrando alta abundancia preferencial en uno o dos sitios, mientras que otros OTUs estaban presentes en baja abundancia o ausentes en otros. El dendrograma en la parte superior muestra la agrupación de muestras.

También, es importante mencionar que no hubo una OTU cosmopolita, es decir que se hay presentado en todos los sitios y muestras. En el caso de la OTU 1, que es la más abundante, se la localiza exclusivamente en el Sitio 4 y el resto de los OTUs aparecen en hasta máximo 3 muestras. Y aunque no sean diferentes estadísticamente, podemos considerar que las comunidades de HMA están ajustadas localmente, es decir que las plantas de banano se asocian a

varios hongos conforme la disponibilidad aledaña, pudiendo ser una estrategia para aumentar la supervivencia de la planta, como se ha evidenciado en otros sistemas plata-micorrizas (Xing et al., 2020).

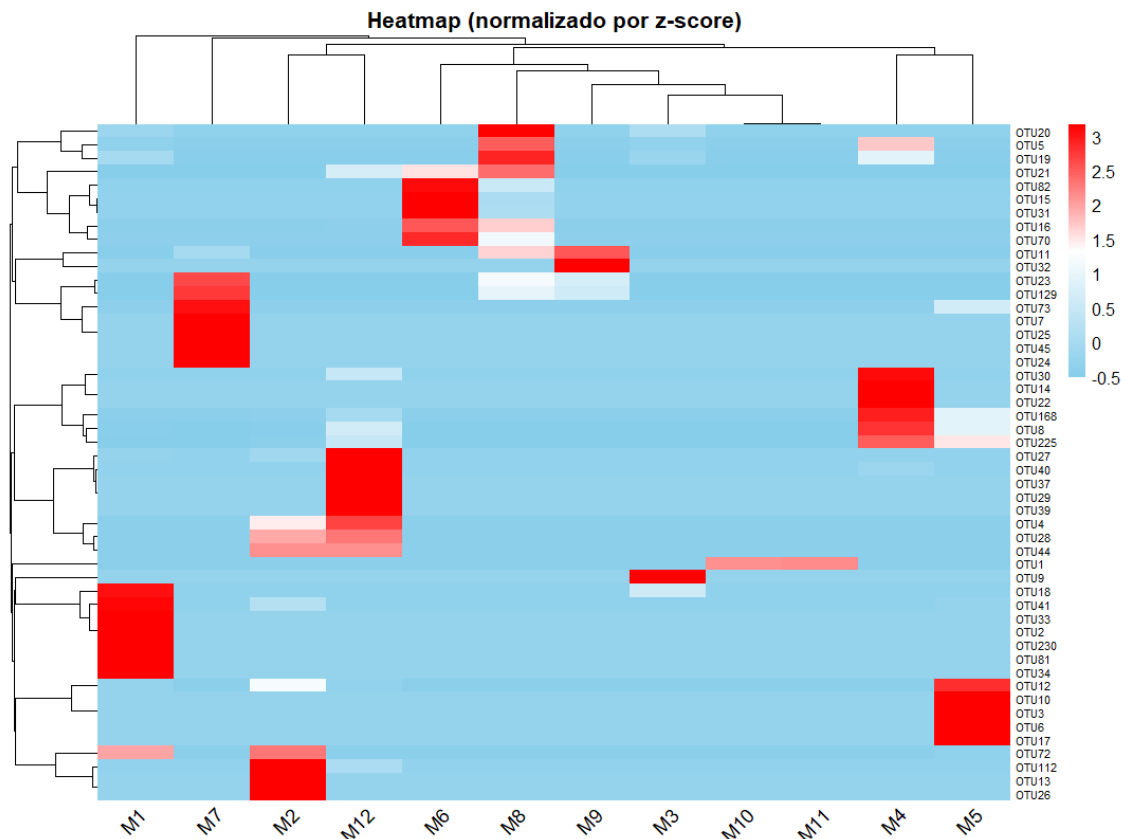


Figura 7. Heatmap de la abundancia de OTUs (especies moleculares) de cada muestra por sitio de estudio donde M1-M3 son del Sitio 1=Finca Portachuelo, M4-M6 son del Sitio 2= Finca La Victoria, muestras M7-M9 son del sitio Sitio 3= Finca Larama y muestras M10-M12 son del Sitio 4= Finca Flor Anita. Los dendogramas agrupan muestras con una composición similar de OTUs.

Las comunidades de HMA presentes en las raíces de banano evaluadas en este estudio, aunque carecen de diferencias estadísticas, es necesario resaltar que se evidencia que el sitio/finca de muestreo debe considerarse como un factor determinante en la conformación de estas comunidades fúngicas (especies dominantes, especies compartidas), muy alineado a lo que se ha encontrado previamente en otros sistemas planta-HMA (Brito & Goss, 2021). La visualización de la separación de las comunidades en el NMDS (Figura 6) y los patrones en el heatmap (Figura 7) resaltan que no solo la riqueza, sino también la identidad y abundancia relativa de las OTUs de HMA pueden modificarse localmente en cada finca. Esto tiene implicaciones funcionales y ecológicas importantes, ya que diferentes especies o linajes de HMA pueden variar en cuan

eficiente son al momento de adquirir nutrientes, de mejorar la estructura del suelo, de proteger contra patógenos o la resiliencia al estrés abiótico (Smith et al., 2018; Thirkell et al., 2017).

Es así como, las plantas de banano en cada sitio/finca podrían estar interactuando con consorcios micorrízicos funcionalmente distintos, lo que definitivamente influye en su crecimiento, salud y productividad. La identificación de los OTUs específicos que caracterizan cada sitio (ver Figura 7) abre la puerta a investigar su identidad taxonómica precisa y su posible papel ecológico. Tomando en cuenta la resolución de la tecnología de secuenciación, así como la limitación en cuanto a las bases de datos en estos grupos fúngicos específicos, es posible que sea necesario incluir marcadores moleculares adicionales con el fin de alcanzar una resolución a nivel de especie.

4.2 APROXIMACIÓN QIIME2

4.2.1 Procesamiento de secuencias, generación de ASVs y composición taxonómica de los HMA

El análisis de las 12 muestras de raíces de banano mediante la plataforma Illumina MiSeq® generó lecturas de calidad en general aceptables (Phred >20) (Anexo 4), que resultaron en 494 ASV con resolución de un solo nucleótido. La longitud promedio de las ASV fueron 424 nt. Este resultado corresponde al 60 % de las lecturas iniciales, ya que estas fueron las que pasaron los filtros de calidad y fusión. La eficiencia del filtrado varió entre muestras, pues la retención de lecturas post-filtrado difiere, pero esto es esperable y puede reflejar diferencias en la calidad inicial del ADN o la complejidad de la comunidad (Cortés-López et al., 2021). La asignación taxonómica de las 494 ASVs mostró que la gran mayoría (92,30 %) pertenecen al orden Glomerales, seguido por Diversisporales (5,06 %), mientras que un pequeño porcentaje (2,63 %) solo pudo ser asignado a nivel de filo (Glomeromycota), probablemente por la limitada información disponible en las bases de datos de referencia para HMA (Öpik et al., 2010).

En el caso del orden Glomerales, se identificaron géneros como: *Glomus*, *Orientoglomus*, *Claroideoglomus*, *Septoglomus* y *Rhizophagus*. El orden Diversisporales estuvo representado únicamente por el género *Acaulospora*. La dominancia general de *Glomus* spp. es coherente con lo reportado en la bibliografía para sistemas agrícolas, debido a su carácter generalista (Ma et al., 2021; Wang et al., 2023). Sin embargo, la presencia y abundancia variable de *Acaulospora* y *Claroideoglomus* sugiere nichos específicos o respuestas diferenciales al manejo y a las condiciones del suelo en cada finca (Gosling et al., 2016; Nejati Sini et al., 2024). El análisis de la abundancia relativa (Figura 8) mostró en la mayoría de las muestras, el género *Glomus* fue el más dominante, lo cual concuerda con su conocida plasticidad ecológica y amplia distribución en agroecosistemas (Monroy-Ata & Ramírez-Saldívar, 2018; Shi et al., 2023). Sin embargo, se observaron patrones específicos, como una alta abundancia del género *Acaulospora* en las muestras M1 (Sitio1) y M7 (Sitio3), sugiriendo condiciones locales que podrían favorecer a este género, a menudo considerado más especialista (Carballar-Hernández et al., 2017). Lo que podemos inferir es que la alta abundancia de *Acaulospora* puede deberse a que es un grupo mucho más resiliente y puede estar presente en un rango más amplio de condiciones ambientales (Nopphakat et al., 2021). Es claro que, aunque se tenga secuencias de varias HMA, aún las bases están incompletas pues muchas ASVs no se pudieron asignar taxonómicamente a nivel de especie, como se puede evidenciar en las muestras M10 y M11, donde la mayoría de ASVs no se asignan a ningún género.

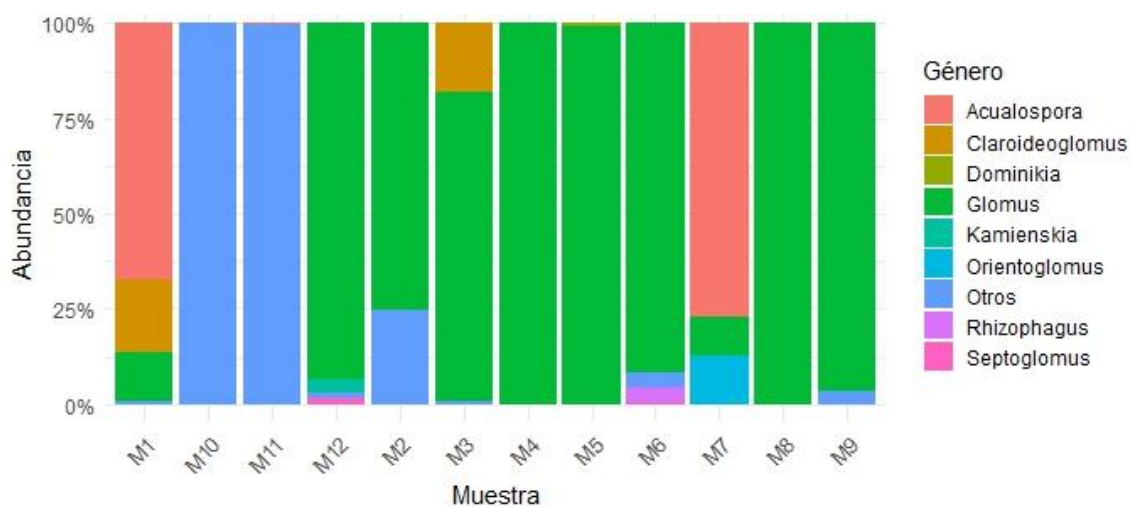


Figura 8. Abundancia relativa de las ASV identificadas a nivel de género, en cada muestra por sitio de estudio donde M1-M3 son del Sitio 1=Finca Portachuelo, M4-M6 son del Sitio 2= Finca La Victoria, muestras M7-M9 son del Sitio 3= Finca Larama y muestras M10-M12 son del Sitio 4= Finca Flor Anita.

4.2.2 Diversidad alfa y beta de las comunidades de HMA asociadas a las raíces de banano

La diversidad alfa, medida utilizando los índices de riqueza Chao1 y ACE, muestran que la M2 posee una mayor riqueza, mientras que M1, M9 y M10, tienen una menor riqueza. En el caso de ACE, las barras de error nos permiten conocer el rango de confianza de la estimación, por lo tanto, las muestras con una barra mayor tienen mayor incertidumbre. Por otra parte, Shannon y Simpson, nos muestran la riqueza y equidad en la abundancia de las especies. Se evidencia que las muestras M2 (Sitio1) y M4 (Sitio2) poseen una mayor diversidad y una distribución equitativa de las especies. Sin embargo, al comparar la diversidad alfa entre las cuatro fincas, no se puede establecer una diferencia estadísticamente significativa basándose en los índices de Shannon ($p= 0,699$), Simpson ($p= 0,693$), ACE ($p= 0,3169$) y Chao1 ($p= 0,2669$) (Figura 9). Estos resultados sugieren que, la riqueza y equitatividad de las comunidades de HMA no presentan diferencias significativas entre los sitios de cultivo de banano. Adicionalmente, se infiere que las muestras M10 y M11 (Sitio4) tienen dominancia por una o pocas especies, que este caso han sido clasificadas como “Otros”, pues no se ha logrado una asignación taxonómica.

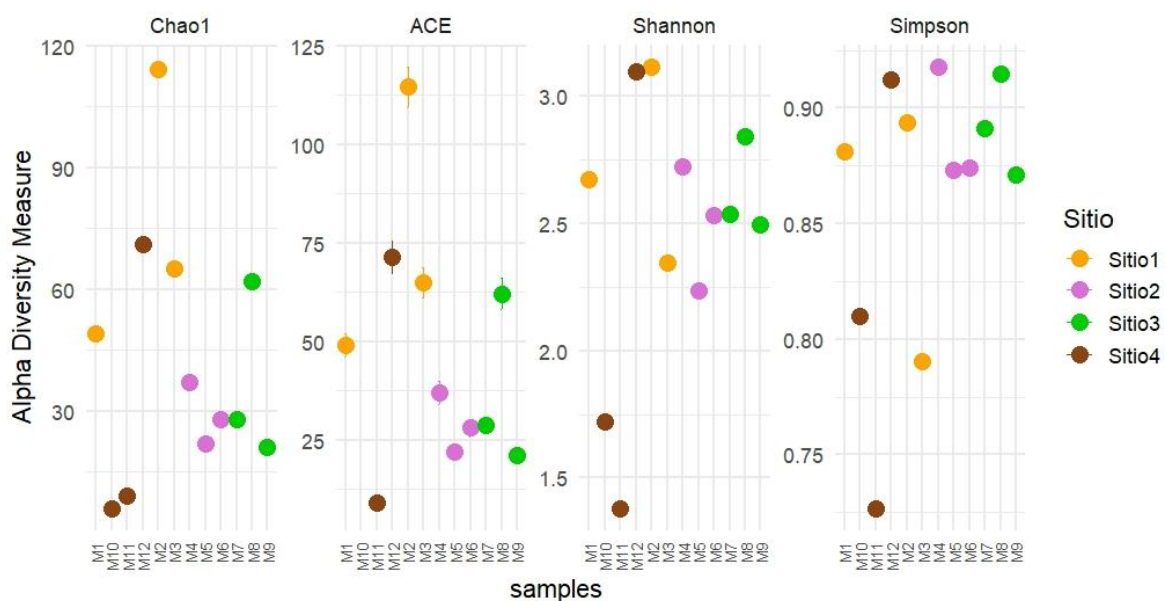


Figura 9. Índices de diversidad alfa estimados por muestra donde M1-M3 son del Sitio 1=Finca Portachuelo, M4-M6 son del Sitio 2= Finca La Victoria, muestras M7-M9 son del Sitio 3= Finca Larama y muestras M10-M12 son del Sitio 4= Finca Flor Anita.

Como se ha mencionado previamente, la inclusión de una mayor cantidad de muestras por finca podría solventar estos resultados. Esto se evidencia al momento de evaluar las curvas de rarefacción por sitio (Figura 10), donde ninguna de las curvas llegó a una asíntota completa, indicando que un mayor esfuerzo de muestreo podría revelar ASVs adicionales en todas las fincas (Hsieh et al., 2016). En este trabajo, es muy posible que la diversidad real de HMA en estos sitios/fincas está subestimada, y que ASVs raras, pero potencialmente importantes podrían no haber sido detectadas con el esfuerzo de muestreo actual (Tedersoo et al., 2022).

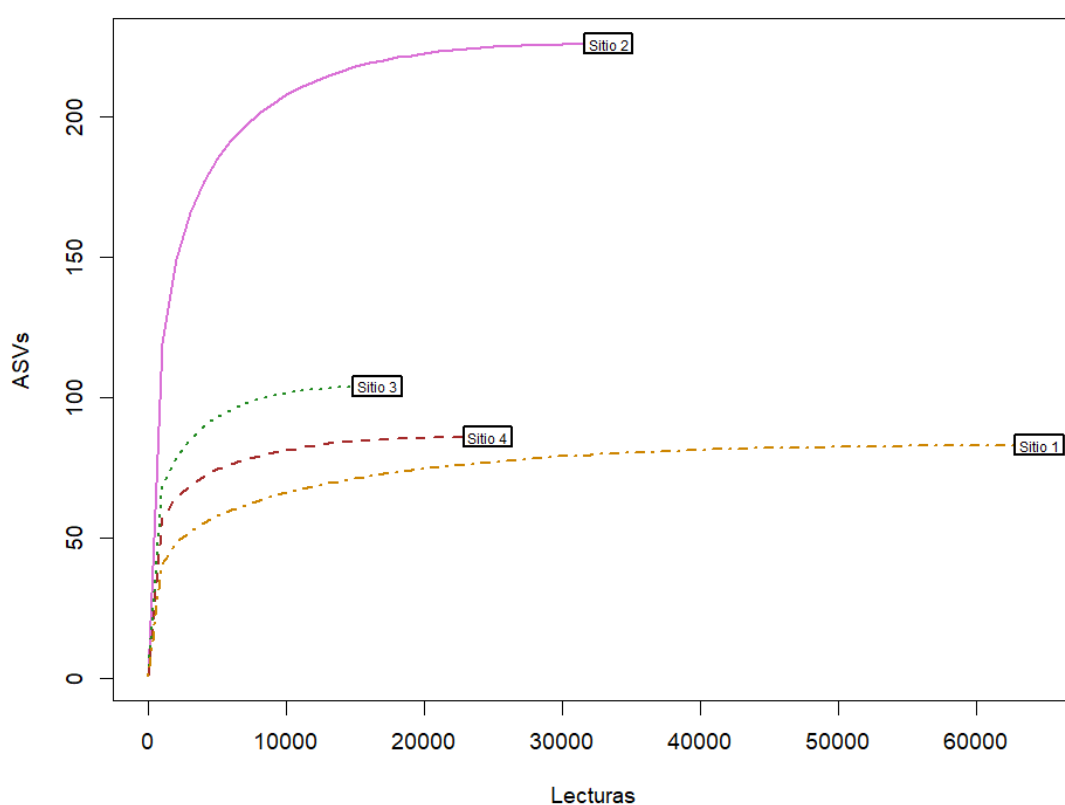


Figura 10. Curva de acumulación de ASV estimada por cada sitio (Sitio 1=Finca Portachuelo; Sitio 2= Finca La Victoria; Sitio 3= Finca Larama; Sitio 4= Finca Flor Anita).

Aunque los índices de diversidad alfa reflejan homogeneidad entre fincas, el análisis de la diversidad beta, basada en la composición específica de las comunidades, muestra patrones un tanto diferentes. Cabe mencionar que, aunque se observa que hay diferencia significativa debida al sitio (por condiciones edáficas, microclima, manejo, entre otras), este factor explica el 11,23 % de la variación total observada. Esto es clave para entender la dinámica entre los HMA y las plantas de banano, pues aún hay gran parte de la variación de las comunidades que se debe a otros factores no evaluados en este estudio.

Esto es de crucial importancia para la gestión de plantaciones de banano, pues el garantizar un cultivo sostenible y ecológico demanda del ajuste de múltiples factores bióticos y abióticos (Oliveira et al., 2024).

En ese sentido, en el análisis multidimensional no métrico (NMDS) (Figura 11) se observó la agrupación de los HMA en función de los sitios. Los contrastes entre las comunidades de HMA por sitio, se muestran por la distancia entre los puntos. Los solapamientos o puntos cercanos evidencian una composición similar de ASV, mientras los que están distantes son diferentes. Específicamente, los Sitios 1 y Sitio 2, tienen comunidades de HMA son muy similares en la composición de especies. El Sitio 4, se ratifica con una comunidad de HMA marcadamente diferente, pudiendo ser esta distancia debido a la cercanía del sitio a la carretera, lo que probablemente cambio las características bióticas y abióticas.

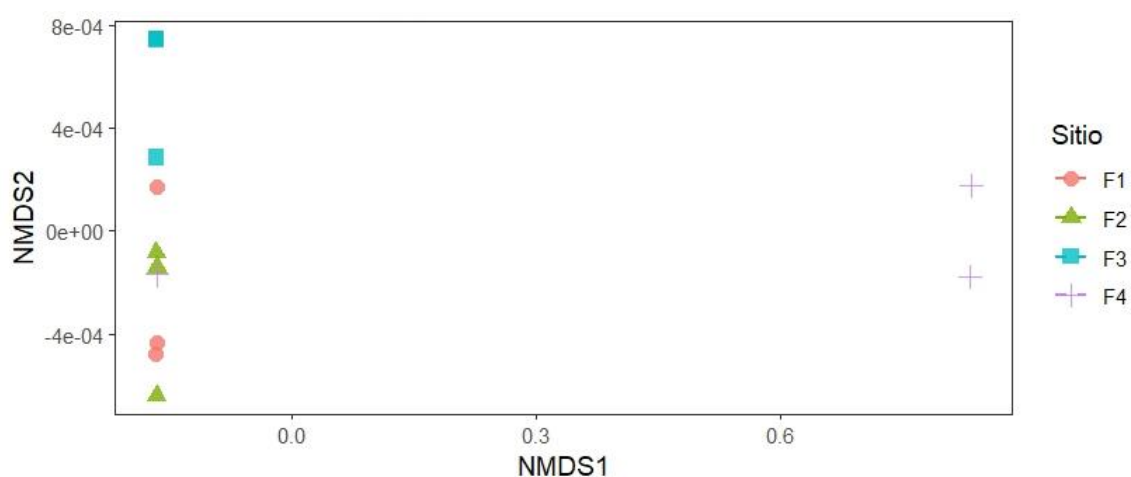


Figura 11. NMDS de las ASVs identificadas en cada sitio(finca), donde Sitio 1=Finca Portachuelo (F1), Sitio 2= Finca La Victoria (F2), Sitio 3= Finca Larama (F3) y Sitio 4= Finca Flor Anita (F4).

Para interpretaciones ecológicas más robustas, es necesario considerar múltiples métricas de diversidad para aclarar los patrones identificados (Morris et al., 2014). Pues los resultados en la diversidad alfa y beta indican que las fincas mantienen un nivel similar de riqueza y equitatividad general, pero que las ASVs que contribuyen a esa diversidad son diferentes entre ellas.

4.3 PRECISIÓN DE LAS INFERENCIAS USEARCH V8 VS QIIME2

A pesar de las diferencias propias de los algoritmos de cada software, ambos análisis presentaron resultados ecológicos importantes. En cuanto a la diversidad alfa, se puede inferir que no existe diferencias significativas en los índices de diversidad alfa entre las muestras. Esto sugiere que, aunque los sitios/fincas difieren, las especies de HMA presentes, mantienen niveles similares de riqueza y equitatividad. Con respecto al grupo dominante, la composición taxonómica general reportada fue estable, el género *Glomus* fue el más abundante en la mayor parte de las muestras, mientras que *Acaulospora* es notable en muestras específicas (M1, M7), independientemente del método. También, en ambos análisis, a través de curvas de acumulación o rarefacción, se observa que el muestreo no fue suficiente y de hecho debe ser más exhaustivo para detectar toda la diversidad de HMA, especialmente en los sitios más ricos. Además, los dos enfoques detectaron variaciones significativas en la estructura de la comunidad de HMA entre las cuatro fincas muestreadas. Estos resultados obtenidos en paralelo, de los patrones ecológicos que exhiben los HMA favorece la confianza en la robustez de las conclusiones biológicas del estudio, indicando que la tendencia no es producto de los artefactos de un pipeline bioinformático específico.

El enfoque de QIIME2/DADA2 generó 494 ASVs, mientras que el análisis USEARCH V8 reportó 305 OTUs. Aunque esta diferencia era esperable conforme lo reportado por De Wolge & Wright (2023), la mayor resolución de las ASVs tiene el potencial de detectar patrones más finos debido a su resolución de un solo nucleótido. Esto puede ser muy relevante si existe interés en describir a detalle la identidad o especificidad de cada uno de los HMA (Callahan et al., 2016). Sin embargo, tomando en cuenta que las conclusiones ecológicas principales a nivel de sitio/finca fueron similares, sugiere que el factor analizado en este trabajo, es lo suficientemente determinante como para ser identificado por ambos métodos. Por ello, aunque con las ASVs se tiene una resolución extra no se cambia drásticamente la interpretación a este nivel.

Al evaluar la precisión y ruido que cada metodología ofrece, está claro que los algoritmos para el procesamiento con QIIME2/DADA son más rigurosos por lo que ofrecen datos finales más precisos, mientras que en el caso de USEARCH, es probable que se mantenga más ruido e incluso que las variantes o secuencias raras hayan sido descartadas. Sin embargo, hay que analizar con cautela ambos resultados, por una parte, aunque QIIME2 puede ofrecer resultados más precisos a nivel taxonómico, esto puede responder a ruido residual, artefactos, variantes biológicas reales, pero poco abundantes, mientras que en el caso de USEARCH V8 pueden representar agrupaciones ecológicamente cohesivas, disminuyendo el ruido de variantes intraespecíficas menores.

Desde una perspectiva agroecológica y bioinformática, el enfoque DADA2/ASV (implementado en QIIME2) es sugerido como una herramienta eficaz para analizar datos de metabarcoding de comunidades microbianas, incluidas las HMA, puesto que proporciona una resolución a nivel de nucleótido único, mejorando la precisión, la reproducibilidad y la comparabilidad entre estudios, pudiendo estos datos ser empleados en inferencias ecológicas detalladas (Callahan et al., 2016). Sin embargo, es fundamental destacar que, en este trabajo específico sobre las HMA en banano, se lograron de manera consistente los objetivos específicos planteados sobre la determinación de la estructura de las comunidades fúngicas y analizar la diversidad entre fincas, tanto por el enfoque ASV como por métodos de clustering de OTUs. Por lo tanto, la ejecución rutinaria de ambos pipelines en paralelo no aportaría un valor añadido significativo que justifique el esfuerzo computacional adicional, pero puede ser útil si se busca optimizar los pipelines (Prodan et al., 2017). Finalmente, aparte de la selección entre ASV y OTUs, obtener inferencias ecológicas sólidas, también dependen del diseño experimental, profundidad y esfuerzo de muestreo para capturar adecuadamente la diversidad relevante y el barcoding (Hsieh et al., 2016; Knight et al., 2018).

5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

Se caracterizaron las comunidades de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) en asociación a las raíces de banano en cuatro fincas ubicadas en el cantón Macará. Existe una diferencia estadísticamente significativa en la composición taxonómica (diversidad beta), concluyendo que cada finca tiene una composición particular. Aunque la diversidad alfa (riqueza y equitatividad), se mantuvo similar entre las fincas.

La composición diferencial observada, está marcada por la dominancia general del género *Glomus*, aunque la presencia de *Acaulospora* y *Claroideoglomus* es notable en sitios específicos, con lo que se sugiere que hay una fuerte influencia del ambiente local en el ensamblaje de estas comunidades simbióticas. La contradicción entre la homogeneidad en la diversidad alfa promedio y la heterogeneidad en la beta puede interpretarse como un indicio de que, si bien el número total de nichos ecológicos disponibles o la estructura general de dominancia podrían ser similares entre las fincas, estos nichos son compartidos con diferentes linajes de HMA, posiblemente debido a procesos de segregación ambiental particular para cada sitio.

Es probable que en el cultivar de banano, las condiciones edáficas particulares (pH, textura, materia orgánica, disponibilidad de nutrientes) y, de manera fundamental, las prácticas de manejo agrícola implementadas en cada finca (tipo de fertilización, historial de uso de plaguicidas, labranza) sean los principales factores selectivos que modulan las estructuras de las comunidades HMA. Tomando en cuenta que en este estudio no se identificaron diferencias composicionales, la determinación precisa de los factores requiere investigaciones futuras que integren datos detallados del manejo integral de las fincas.

Las distintas composiciones de las comunidades HMA observadas entre fincas son muy relevantes desde la perspectiva agroecológica. Tomando en cuenta la diversidad funcional dentro del filo Glomeromycota, los diferentes linajes pueden variar en la eficiencia para la obtención de nutrientes específicos

(ejemplo fósforo vs. nitrógeno), lo que cada especie puede aportar de manera distinta a la tolerancia a estreses bióticos (patógenos del suelo) o abióticos (sequía, salinidad). La composición de comunidades micorrízicas identificada en cada cultivo de banano podría manifestarse en diferencias observables en el crecimiento, estado nutricional, sanidad y resiliencia general de las plantas.

Desde una perspectiva metodológico, la adopción del pipeline DADA2 para la inferencia de ASVs permitió obtener una caracterización de alta resolución y precisión, disminuyendo el impacto de errores de secuenciación y artefactos quiméricos. Así mismo, la consistencia de las principales conclusiones ecológicas con enfoques alternativos basados en OTUs refuerza la robustez de los hallazgos biológicos centrales. No obstante, una limitación clara identificada a través de las curvas de rarefacción se refiere a que el esfuerzo de muestreo fue insuficiente para capturar la totalidad de la riqueza de HMA, especialmente los taxones raros, lo que lleva a una subestimación de la riqueza.

Es importante que futuras investigaciones en este sistema HMA-banano se incremente la intensidad del muestreo, aumentando el número de réplicas biológicas por finca para lograr una caracterización más exhaustiva de la comunidad HMA. Así también, es clave acoplar estudios de secuenciación con la recolección de datos abióticos (análisis fisicoquímicos del suelo) y bióticos (otros microorganismos, nematodos, historial de enfermedades), así como información sobre las prácticas específicas de manejo agrícola (tipo y dosis de fertilizantes y plaguicidas, métodos de labranza, manejo de residuos de cosecha, variedad de banano).

6. REFERENCIAS

- Abdoussalami, A., Hu, Z., Islam, A. R. M. T., & Wu, Z. (2023). Climate change and its impacts on banana production: a systematic analysis. *Environment, Development and Sustainability*, 25(11), 12217-12246.
- Ajay-Kumar, G. (2014). *Colletotrichum gloeosporioides*: biology, pathogenicity and management in India. *J. Plant Physiol. Pathol*, 2(2), 2-11.
- Ajila, J. P. L., Aguilar, M. A. E., Romero, H. R. C., & Campoverde, J. Q. (2023). Análisis de la producción y comercialización de banano en la provincia de El Oro en el periodo 2018-2022. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 7(1), 7494-7507.
- Bálint, M., Bahram, M., Eren, A. M., Faust, K., Fuhrman, J. A., Lindahl, B., ... & Tedersoo, L. (2016). Millions of reads, thousands of taxa: microbial community structure and associations analyzed via marker genes. *FEMS microbiology reviews*, 40(5), 686-700.
- Bánki, O., Roskov, Y., Döring, M., Ower, G., Hernández Robles, D. R., Plata Corredor, C. A., Stjernegaard Jeppesen, T., Örn, A., Pape, T., Hobern, D., Garnett, S., Little, H., DeWalt, R. E., Miller, J., Orrell, T., Aalbu, R., Abbott, J., Aedo, C., Aesch, E., et al. (2025). *Catalogue of Life* (Version 2025-07-10). Catalogue of Life Foundation, Amsterdam, Netherlands. <https://doi.org/10.48580/dgrrq>
- Begum, N., Qin, C., Ahanger, M. A., Raza, S., Khan, M. I., Ashraf, M., ... & Zhang, L. (2019). Role of arbuscular mycorrhizal fungi in plant growth regulation: implications in abiotic stress tolerance. *Frontiers in plant science*, 10, 1068.
- Belay, A. F. (2022). Review on factors of harvested banana fruits safety and quality and its effects. *Journal of Biology, Agriculture and Healthcare*, 12(23), 18-27.
- Birt, H. W., Pattison, A. B., Skarszewski, A., Daniells, J., Raghavendra, A., & Dennis, P. G. (2023). The core fungal microbiome of banana (*Musa* spp.). *Frontiers in Microbiology*, 14, 1127779.
- Biorender. (2025). Next Generation Sequencing (Illumina). [Ilustración]. Recuperado de <https://app.biorender.com/illustrations/68801674ac55b1c8cc7d5453?slideId=a196ba47-8573-4d1b-be67-f0db6d541a14>
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., Alexander, H., Alm, E. J., Arumugam, M., Asnicar, F., Bai, Y., Bisanz, J. E., Bittinger, K., Brejnrod, A., Brislawn, C. J., Brown, C. T., Callahan, B. J., Caraballo-Rodríguez, A. M., Chase, J., ... Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME2. *Nature Biotechnology*, 37(8), 852–857.

- Bonfante, P., & Genre, A. (2010). Mechanisms of symbiotic interaction and nutrient exchange in mycorrhizal symbiosis. *Nature communications*, 1(1), 1-11.
- Brito, I., Carvalho, M., & Goss, M. J. (2021). Managing the functional diversity of arbuscular mycorrhizal fungi for the sustainable intensification of crop production. *Plants, People, Planet*, 3(5), 491-505.
- Brundrett, M. C., & Tedersoo, L. (2018). Evolutionary history of mycorrhizal symbioses and global host plant diversity. *New Phytologist*, 220(4), 1108-1115.
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature methods*, 13(7), 581–583.
- Campos, H., Caligari, P. D., Brown, A., Tumuhimbise, R., Amah, D., Uwimana, B., ... & Swennen, R. (2017). Bananas and plantains (*Musa* spp.). *Genetic improvement of tropical crops*, 219-240.
- Campos, B. O. O., Paredes, F., Rey, J. C., Lobo, D., & Galvis-Causil, S. (2021). The relationship between the normalized difference vegetation index, rainfall, and potential evapotranspiration in a banana plantation of Venezuela. *SAINS TANAH-Journal of Soil Science and Agroclimatology*, 18(1), 58-64.
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., ... & Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 7(5), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>
- Carballar-Hernández, S., Hernández-Cuevas, L. V., Montaña, N. M., Larsen, J., Ferrera-Cerrato, R., Taboada-Gaytán, O. R., Montiel-González, A. M., & Alarcón, A. (2017). Native communities of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Capsicum annuum* L. respond to soil properties and agronomic management under field conditions. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 245, 43–51.
- Chandel, A. K., Chen, H., Sharma, H. C., Adhikari, K., & Gao, B. (2019). Beneficial microbes for sustainable agriculture. In *Microbes for Sustainable Development and Bioremediation* (pp. 257-265). CRC Press.
- Chao, A., Gotelli, N. J., Hsieh, T. C., Sander, E. L., Ma, K. H., Colwell, R. K., & Ellison, A. M. (2014). Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. *Ecological monographs*, 84(1), 45-67.
- Chourasiya, D., Gupta, M. M., Sahni, S., Oehl, F., Agnihotri, R., Buade, R., ... & Sharma, M. P. (2021). Unraveling the AM fungal community for understanding its ecosystem resilience to changed climate in agroecosystems. *Symbiosis*, 85(1-3), 1-16.

- Ciccolini, V., Bonari, E., & Pellegrino, E. (2015). Land-use intensity and soil properties shape the composition of fungal communities in Mediterranean peaty soils drained for agricultural purposes. *Biology and Fertility of Soils*, 51(6), 719-731.
- Cigales, M., & Pérez, O. (2011). Variabilidad de suelos y requerimiento hídrico del cultivo de banano en una localidad del Pacífico de México | Enhanced Reader. *Avances En Investigación Agropecuaria*, 15(3), 21–31.
- Colwell, R. K., Chao, A., Gotelli, N. J., Lin, S. Y., Mao, C. X., Chazdon, R. L., & Longino, J. T. (2012). Models and estimators linking individual-based and sample-based rarefaction, extrapolation and comparison of assemblages. *Journal of plant ecology*, 5(1), 3-21.
- Coral, C., & Mithöfer, D. (2023). Contemporary narratives about asymmetries in responsibility in global agri-food value chains: the case of the Ecuadorian stakeholders in the banana value chain. *Agriculture and human values*, 40(3), 1019-1038.
- Cortés-López, N. G., Ordóñez-Baquera, P. L., & Domínguez-Viveros, J. (2021). Molecular tools used for metagenomic analysis. Review. *Revista Mexicana De Ciencias Pecuarias*, 11(4), 1150–1173. <https://doi.org/10.22319/RMCP.V11I4.5202>
- Crawford, T. W. (2021). Plant nutrition: Interactions of mineral and organic substances. In *Handbook of Plant and Crop Physiology* (pp. 296-320). CRC Press.
- Catalogue of Life. (2025). *Musa* L. <https://www.catalogueoflife.org/data/taxon/8VZJC>
- Daniells, J. W., Sachter-Smith, G., & Taylor, M. (2014). Bananas adrift in time-a case study in the Solomons. In *XXIX International Horticultural Congress on Horticulture: Sustaining Lives, Livelihoods and Landscapes (IHC2014): IX 1114* (pp. 27-32).
- de Faria, M. R., Costa, L. S. A. S., Chiaramonte, J. B., Bettiol, W., & Mendes, R. (2021). The rhizosphere microbiome: functions, dynamics, and role in plant protection. *Tropical Plant Pathology*, 46(1), 13-25.
- Delgado-Bejarano, L., Calle, D. A., Cardona, S. P., Castañeda-Sánchez, D., Bernal, M. Á., & Henao, S. Z. (2023). Relationship between soil acidity and productivity of banana (*Musa* spp.) in Urabá, Colombia. *Chilean journal of agricultural & animal sciences*, 39(2), 228-238.
- Dijksterhuis, G. B., & Heiser, W. J. (1995). The role of permutation tests in exploratory multivariate data analysis. *Food Quality and Preference*, 6(4), 263–270. [https://doi.org/10.1016/0950-3293\(95\)00025-9](https://doi.org/10.1016/0950-3293(95)00025-9).
- Dubey, A., Malla, M. A., & Kumar, A. (2022). Role of next-generation sequencing (NGS) in understanding the microbial diversity. In *Molecular Genetics and*

- genomics tools in biodiversity conservation* (pp. 307-328). Singapore: Springer Nature Singapore.
- Edgar, R. (2010). *Usearch*. Lawrence Berkeley National Lab. (LBNL), Berkeley, CA (United States).
- Edgar, R. C. (2013). UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature methods*, 10(10), 996-998.
- Ewels, P., Magnusson, M., Lundin, S., & Källér, M. (2016). MultiQC: summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. *Bioinformatics*, 32(19), 3047-3048.
- Fahad, S., Hussain, S., Bano, A., Saud, S., Khan, F. A., Chen, H., Wu, C., Hassan, S., Eid, E. M., & Alharby, H. F. (2017). Plant drought stress: Impacts, mechanisms and management. *Sustainable Agriculture Reviews*, 22, 1-36.
- FAO. (2020). *El estado de la seguridad alimentaria y la nutrición en el mundo 2020. Transformación de los sistemas alimentarios para que promuevan dietas asequibles y saludables*. Roma.
- FAO. (2025). *Huella hídrica en la producción de banano*. Recuperado de <https://www.fao.org/world-banana-forum/projects/good-practices/water-footprint/es/>
- Farnham, M. W., Wilson, P. E., & Stephenson, K. K. Brady, NC, & Weil, RR (2016). *The nature and properties of soils*. Pearson.
- Fiorilli, V., Vannini, C., Ortolani, F., Garcia-Seco, D., Chiapello, M., Novero, M., ... & Bonfante, P. (2018). Omics approaches revealed how arbuscular mycorrhizal symbiosis enhances yield and resistance to leaf pathogen in wheat. *Scientific Reports*, 8(1), 9625.
- Fischer, G., Parra-Coronado, A., & Balaguera-López, H. E. (2022). Altitude as a determinant of fruit quality with emphasis on the Andean tropics of Colombia. A review. *Agronomía Colombiana*, 40(2), 212-227.
- Furrazola, E., Torres-Arias, Y., Herrera-Peraza, R. A., Fors, R. O., González-González, S., Goto, B. T., & Berbara, R. L. L. (2020). Arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of *Musa* spp. in western Cuba. *Current Research in Environmental & Applied Mycology*, 10(1), 176-185.
- Galán, V., Rangel, A., Lopez, J., Hernandez, J. B. P., Sandoval, J., & Rocha, H. S. (2018). Propagación del banano: técnicas tradicionales, nuevas tecnologías e innovaciones. *Revista Brasileira de fruticultura*, 40, e-574.
- García-Guzmán, S. D., Romero, S. C. M., Bazurto, J. T., & Sánchez, J. D. (2021). Relationships between mineral nutrients in banana (*Musa* AAA Simmonds cv. Williams) bunches fertilized with nitrogen in two production cycles. *Agronomía Colombiana*, 39(2), 234–242. <https://doi.org/10.15446/AGRON.COLOMB.V39N2.89886>

- García, B. A. C., Rangel, C. C. R., & Suárez, D. M. T. (2024). Efecto de los agroquímicos en la actividad enzimática del suelo agrícola: Una revisión bibliográfica. *Revista Sistemas de Producción Agroecológicos*, 15(2).
- George, N. P., & Ray, J. G. (2023). The inevitability of arbuscular mycorrhiza for sustainability in organic agriculture—A critical review. *Frontiers in sustainable food systems*, 7, 1124688.
- Gosling, P., Mead, A., Proctor, M., Hammond, J. P., & Bending, G. D. (2016). Contrasting arbuscular mycorrhizal communities colonizing different host plants show a similar response to long-term N-addition. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 231, 143–151. doi:10.1016/j.agee.2016.06.033
- Goswami, B. R., Parakhia, M. V., Golakiya, B. A., & Kothari, C. R. (2018). Morphological and molecular identification of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(1), 2336-2347.
- Gupta, M. M., Gupta, A., & Kumar, P. (2018). Urbanization and biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi: The case study of Delhi, India. *Revista de Biología Tropical*, 66(4), 1547-1558.
- Harrison, M. J. (1998). Development of the arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Current opinion in plant biology*, 1(4), 360-365.
- Hartemink, A. E., & Barrow, N. J. (2023). Soil pH-nutrient relationships: the diagram. *Plant and Soil*, 486(1), 209-215.
- Helaly, M. N., El-Hoseiny, H. M., Elsheery, N. I., Kalaji, H. M., de Los Santos-Villalobos, S., Wróbel, J., ... & Alam-Eldein, S. M. (2022). 5-Aminolevulinic acid and 24-epibrassinolide improve the drought stress resilience and productivity of banana plants. *Plants*, 11(6), 743.
- Heslop-Harrison, J. S. (2011). Origin, evolution, and diversity of bananas and plantains. *Plant diversity and evolution: genotypic and phenotypic variation in higher plants*, 255-271.
- Hsieh, T. C., Ma, K. H., & Chao, A. (2016). iNEXT: an R package for rarefaction and extrapolation of species diversity (Hill numbers). *Methods in Ecology and Evolution*, 7(12), 1451–1456. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12613>
- Hu, B., Canon, S., Eloë-Fadrosch, E. A., Anubhav, Babinski, M., Corilo, Y., ... & Chain, P. S. (2022). Challenges in bioinformatics workflows for processing microbiome omics data at scale. *Frontiers in Bioinformatics*, 1, 826370.
- Hu, T., Chitnis, N., Monos, D., & Dinh, A. (2021). Next-generation sequencing technologies: An overview. *Human immunology*, 82(11), 801-811.
- Illumina. (2023). *Illumina sequencing technology*. Retrieved from <https://www.illumina.com>

- Instituto Nacional de Estadística y Censos. (2012). *Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua (ESPAC) 2012* [Presentación en PDF]. <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/wp-content/descargas/Presentaciones/PRESENTACION-Espac.pdf>
- Jeffries, P., & Barea, J. M. (2012). 4 Arbuscular Mycorrhiza: a key component of sustainable plant–soil ecosystems. *Fungal associations*, 51-75.
- Kalamulla, R., Karunarathna, S. C., Tibpromma, S., Galappaththi, M. C., Suwannarach, N., Stephenson, S. L., ... & Yapa, N. (2022). Arbuscular mycorrhizal fungi in sustainable agriculture. *Sustainability*, 14(19), 12250.
- Katiyar, D. (2022). Rhizosphere: Hotspot of soil- microbes- plant interaction. *Just Agriculture*, 2(12), 17.
- Knight, R., Vrbanac, A., Taylor, B. C., Aksenov, A., Callewaert, C., Debelius, J., ... & Dorrestein, P. C. (2018). Best practices for analysing microbiomes. *Nature Reviews Microbiology*, 16(7), 410–422. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0029-9>
- Krüger, M., Krüger, C., Walker, C., Stockinger, H., & Schüßler, A. (2009). Phylogenetic reference data for systematics and phylogeny of arbuscular mycorrhizal fungi from phylum Glomeromycota. *New Phytologist*, 184(4), 986-998.
- Kumar, A., Kumar, A., Singh, H. K., Kumari, N., & Kumar, P. (2009). Effect of fertigation on banana biometric characteristics and fertilizer use efficiency. *Journal of Agricultural Engineering*, 46(1), 27-31.
- Lekberg, Y., Koide, R. T., & Prior, K. M. (2015). Meta-analysis of effects of arbuscular mycorrhizal fungi on nutrient uptake and growth in nonmycorrhizal-responsive host plants. *Mycorrhiza*, 25(1), 69-77.
- Lemaire, G., Tang, L., Bélanger, G., Zhu, Y., & Jeuffroy, M. H. (2021). Forward new paradigms for crop mineral nutrition and fertilization towards sustainable agriculture. *European Journal of Agronomy*, 125, 126248.
- Li, L. F., & Ge, X. J. (2017). Origin and domestication of cultivated banana. *Ecological Genetics and Genomics*, 2, 1-2.
- Li, Z., Jiao, Y., Yin, J., Li, D., Wang, B., Zhang, K., ... & Liu, Y. (2021). Productivity and quality of banana in response to chemical fertilizer reduction with bio-organic fertilizer: Insight into soil properties and microbial ecology. *Agriculture, ecosystems & environment*, 322, 107659.
- Ma, Y., Zhang, H., Wang, D., Guo, X., Yang, T., Xiang, X., ... & Chu, H. (2021). Differential responses of arbuscular mycorrhizal fungal communities to long-term fertilization in the wheat rhizosphere and root endosphere. *Applied and environmental microbiology*, 87(17), e00349-21.

- MAGAP. (octubre de 2020). Mapa de zonificación agroecológica de cultivo de banano en condiciones naturales 2020. Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca. Recuperado el 21 de julio de 2025 de <https://online.fliphtml5.com/ijia/jcyy/#p=1>
- Manzo-Sánchez, G., Buenrostro-Nava, M. T., Guzmán-González, S., Orozco-Santos, M., Youssef, M., & Medrano, R. M. E. G. (2015). Genetic diversity in bananas and plantains (*Musa* spp.). *Molecular approaches to genetic diversity*, 93-121.
- McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). Phyloseq: An R Package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data. *PLoS ONE*, 8(4), e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217> .
- Mihai, R. A., Melo Heras, E. J., Terán Maza, V. A., Espinoza Caiza, I. A., Pinto Valdiviezo, E. A., & Catana, R. D. (2023). The panoramic view of Ecuadorian soil nutrients (deficit/toxicity) from different climatic regions and their possible influence on the metabolism of important crops. *Toxics*, 11(2), 123.
- Miraj, S. (2024). Enhancing precision agriculture with wireless sensor networks: A context-based approach with respect to banana plants. *International Journal of Electrical and Electronics Engineering*, 11(4), 127.
- Moína-Quimí, E., Oviedo-Anchundia, R., Nieto-Barcelona, S., Herrera-Samaniego, P., & Barcos-Arias, M. (2018). Evaluación de los Hongos Micorrízicos Arbusculares de zonas del trópico húmedo del Ecuador. *Revista en línea http://www. revista biometría. com*, 3(1), 532-537.
- Monroy-Ata, A., & Ramírez-Saldívar, K. Y. (2018). Relación entre sucesión ecológica vegetal y hongos micorrizógenos arbusculares en un matorral xerófilo en el centro de México. *TIP. Revista especializada en ciencias químico-biológicas*, 21(Supl. 1), 13-23. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2018.0.157>
- Morris, E. K., Caruso, T., Buscot, F., Fischer, M., Hancock, C., Maier, T. S., ... & Rillig, M. C. (2014). Choosing and using diversity indices: insights for ecological applications from the German Biodiversity Exploratories. *Ecology and evolution*, 4(18), 3514-3524. <https://doi.org/10.1002/ece3.1155> .
- Mousa, H. A., Al-Hamad, A. A., & Al-Zahrani, A. A. (2016). Nutritional composition of some banana cultivars grown in Saudi Arabia. *Journal of Food Science and Technology*, 53(1), 181-188.
- Nejati Sini, H., Barzegar, R., Soodaee Mashae, S., Ghasemi Ghahsare, M., Mousavi-Fard, S., & Mozafarian, M. (2024). Effects of biofertilizer on the production of bell pepper (*Capsicum annuum* L.) in greenhouse. *Journal of Agriculture and Food Research*, 16, 101060. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2024.101060>

- Noppakat, K., Runsaeng, P., & Klinnawee, L. (2021). *Acaulospora* as the dominant arbuscular mycorrhizal fungi in organic lowland rice paddies improves phosphorus availability in soils. *Sustainability*, *14*(1), 31.
- Noreen, S., Yaseen, T., Iqbal, J., Abbasi, B. A., Farouk Elsadek, M., Eldin, S. M., ... & Ali, I. (2023). Morphological and molecular characterizations of arbuscular mycorrhizal fungi and their influence on soil physicochemical properties and plant nutrition. *ACS omega*, *8*(36), 32468-32482.
- Oehl, F., Laczko, E., Bogenrieder, A., Stahr, K., Bösch, R., van der Heijden, M., & Sieverding, E. (2010). Soil type and land use intensity determine the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities. *Soil Biology and Biochemistry*, *42*(5), 724–738. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2010.01.006>.
- Okon, O. G., & Antia, U. E. (2023). Plants and soil microbiota health implications of agrochemicals: potential alternatives for the safe propagation of food crops. In *One Health Implications of Agrochemicals and their Sustainable Alternatives* (pp. 441-460). Singapore: Springer Nature Singapore.
- Olivares, B. O., Vega, A., Calderón, M. A. R., Rey, J. C., Lobo, D., Gómez, J. A., & Landa, B. B. (2022). Identification of soil properties associated with the incidence of banana wilt using supervised methods. *Plants*, *11*(15), 2070.
- Olivares, B. O., Araya-Alman, M., Acevedo-Opazo, C., Rey, J. C., Cañete-Salinas, P., Kurina, F. G., Balzarini, M., Lobo, D., Navas-Cortés, J. A., Landa, B. B., & Gómez, J. A. (2020). Relationship Between Soil Properties and Banana Productivity in the Two Main Cultivation Areas in Venezuela. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, *20*(4), 2512–2524. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00317-8>
- Oliveira, M. C. O., Alves, A., Ragonezi, C., de Freitas, J. G., & Pinheiro De Carvalho, M. A. (2024). Organic Farming Enhances Diversity and Recruits Beneficial Soil Fungal Groups in Traditional Banana Plantations. *Microorganisms*, *12*(11), 2372.
- Oksanen, A.J., Blanchet, F.G., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P.R., Hara, R.B.O., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, M.H.H., Wagner, H. (2016) Vegan: community ecology package. R Package Version 2:3–5
- Öpik, M., Vanatoa, A., Vanatoa, E., Moora, M., Davison, J., Kalwij, J. M., Reier, Ü., & Zobel, M. (2010). The online database MaarjAM reveals global and ecosystemic distribution patterns in arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota). *New Phytologist*, *188*(1), 223–241. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03334.x>.
- Paradis, E., & Schliep, K. (2019). Ape 5.0: An environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. *Bioinformatics*, *35*(3), 526-528. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty633>

- Perrier, X., Bakry, F., Carreel, F., Jenny, C., Horry, J. P., Furtek, D., & Hippolyte, I. (2011). Combining biological approaches and bayesian modelling to unravel the domestication of banana. *Evolutionary Biology*, 38(2), 224-237.
- Phillips, J. M., & Hayman, D. S. (1970). Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. *Transactions of the British mycological Society*, 55(1), 158-IN18.
- Pillay, M., Tenkouano, A., & Hartman, J. (2024). Bananas and plantains: future challenges in *Musa* breeding. In *Crop Improvement* (pp. 223-252). CRC Press.
- Ploetz, R. C. (2015). *Fusarium* wilt of banana. *Phytopathology*, 105(12), 1512-1521.
- Ploetz, R. C., & Evans, E. A. (2015). The future of global banana production. *Horticultural Reviews: Volume 43*, 311-352.
- Pocasangre, L., Sikora, R., Vilich, V., & Schuster, R. (2000). Encuesta sobre los hongos endofíticos del banano de América Central y el cribado para el control biológico del nemátodo barrenador (*Radopholus similis*). *La Revista Internacional Sobre Banano y Plátano*, 9, 3-5.
- Prodan, A., Tremaroli, V., Brolin, H., Zwinderman, A. H., Nieuwdorp, M., & Levin, E. (2020). Comparing bioinformatic pipelines for microbial 16S rRNA amplicon sequencing. *PloS one*, 15(1), e0227434.
- QIAGEN. (2013). *DNeasy Plant Kits*. QIAGEN. <https://www.qiagen.com/us/products/discovery-and-translational-research/dna-rna-purification/dna-purification/genomic-dna/dneasy-plant-kits>
- QIIME 2 Development Team. (2024). *Overview of QIIME 2*. QIIME 2. <https://docs.qiime2.org/2024.10/tutorials/overview/>
- R Core Team. (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Ramírez-Orellana, A., Ruiz-Palomo, D., Rojo-Ramírez, A., & Burgos-Burgos, J. E. (2021). The Ecuadorian banana farms managers' perceptions: Innovation as a driver of environmental sustainability practices. *Agriculture*, 11(3), 213.
- Rashad, Y. M., Fekry, W. M., Sleem, M. M., & Elazab, N. T. (2021). Effects of mycorrhizal colonization on transcriptional expression of the responsive factor JERF3 and stress-responsive genes in banana plantlets in response to combined biotic and abiotic stresses. *Frontiers in Plant Science*, 12, 742628.

- Rillig, M. C., Mardhiah, U., & Kim, M. (2016). Glomalin as a soil quality indicator and ecological glue. *Jeobotanik*, 13(1), 1-10.
- Robinson, J. C., & Galán, V. (2012). *Plátanos y bananas*. Ediciones Mundi-Prensa.
- Rodríguez, J. H. V., Sarango, Y., Aveiga, M. D. R. V., Mata, J. D. O., Sevilla-Carrasco, J. D., Cuesta, J. M. D., & Vidal, L. R. L. (2025). Effect of herbicides on the growth of beneficial microorganisms in rhizospheric soil. *Revista De La Facultad De Agronomía De La Universidad Del Zulia*, 42(2).
- Sadimantara, G. R., Hyudi, L. O. M., Eviyani, M., Yusuf, D. N., & Leomo, S. (2023, September). The effect of fertilizer on the growth of dwarf banana cavendish (*Musa acuminata* L.) seedling under the natural shade. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* (Vol. 1241, No. 1, p. 012037). IOP Publishing.
- Sardos, J., Breton, C., Perrier, X., Van den Houwe, I., Carpentier, S., Paofa, J., ... & Roux, N. (2022). Hybridization, missing wild ancestors and the domestication of cultivated diploid bananas. *Frontiers in Plant Science*, 13, 969220.
- Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., ... & White, M. M. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the national academy of Sciences*, 109(16), 6241-6246.
- Schüßler, A., Schwarzott, D., & Walker, C. (2001). A new fungal phylum, the Glomeromycota: phylogeny and evolution. *Mycological research*, 105(12), 1413-1421.
- ScienceAgri. (2024). *10 World's Biggest Banana-Producing Countries*. Recuperado de <https://www.scienceagri.com/2024/03/10-worlds-biggest-banana-producing.html>
- Senés-Guerrero, C., & Schüßler, A. (2016). A conserved arbuscular mycorrhizal fungal core-species community colonizes potato roots in the Andes. *Fungal Diversity*, 77(1), 317–333. <https://doi.org/10.1007/s13225-015-0328-7>
- Senés-Guerrero, C., Giménez, S., Pacheco, A., Gradilla-Hernández, M. S., & Schüßler, A. (2020). New MiSeq based strategy exposed plant-preferential arbuscular mycorrhizal fungal communities in arid soils of Mexico. *Symbiosis*, 81(3), 235–246. <https://doi.org/10.1007/s13199-020-00698-5>
- Senés-Guerrero, C., Torres-Cortés, G., Pfeiffer, S., Rojas, M., & Schüßler, A. (2014). Potato-associated arbuscular mycorrhizal fungal communities in the Peruvian Andes. *Mycorrhiza*, 24(6), 405–417. <https://doi.org/10.1007/s00572-013-0549-0>
- SENPLADES. (2011). *Guía para la formulación de Políticas Públicas Sectoriales*. Imprenta Mariscal.

- Shen, J., Yuan, L., Zhang, J., Li, H., Bai, Z., Chen, X., ... & Zhang, W. (2019). Achieving sustainable agricultural systems in China. *Nature Reviews Earth & Environment*, 1(1), 221-229.
- Shi, J., Wang, X., & Wang, E. (2023). Mycorrhizal Symbiosis in Plant Growth and Stress Adaptation: From Genes to Ecosystems. *Annual Review of Plant Biology*, 74, 569–607. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-061722-090342>
- Šimoníková, D., Němečková, A., Čížková, J., Brown, A., Swennen, R., Doležel, J., & Hřibová, E. (2020). Chromosome painting in cultivated bananas and their wild relatives (*Musa* spp.) reveals differences in chromosome structure. *International journal of molecular sciences*, 21(21), 7915.
- Smith, S. E., & Read, D. J. (2010). *Mycorrhizal symbiosis*. Academic press.
- Smith, M. E., Facelli, J. M., & Cavagnaro, T. R. (2018). Interactions between soil properties, soil microbes and plants in remnant-grassland and old-field areas: a reciprocal transplant approach. *Plant and Soil*, 433, 127-145.
- Soeliono, I., Puspitasari, I., Gani, A. P., & Hadisoewignyo, L. (2025). Exploring the Mood-Boosting Potential of Bananas: A Comprehensive Review. *Indonesian Journal of Pharmacy*.
- Sutton, M. A., Bleeker, A., Howard, C. M., Bekunda, M., Grizzetti, B., de Vries, W., ... & Zhang, F. S. (2013). *Our nutrient world: the challenge to produce more food and energy with less pollution*. NERC/Centre for Ecology & Hydrology.
- Tedersoo, L., Bahram, M., Põlme, S., Kõljalg, U., Yorou, N. S., Wijesundera, R., ... & Abarenkov, K. (2014). Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, 346(6213), 1256688.
- Tedersoo, L., Mikryukov, V., Zizka, A., Bahram, M., Hagh-Doust, N., Anslan, S., ... & Abarenkov, K. (2022). Global patterns in endemism and vulnerability of soil fungi. *Global change biology*, 28(22), 6696-6710.
- Tedersoo, L., Sánchez-Ramírez, S., Kõljalg, U., Bahram, M., Döring, M., Schigel, D., ... & Abarenkov, K. (2018). High-level classification of the Fungi and a tool for evolutionary ecological analyses. *Fungal diversity*, 90, 135-159.
- Thirkell, T. J., Charters, M. D., Elliott, A. J., Sait, S. M., & Field, K. J. (2017). Are mycorrhizal fungi our sustainable saviours? Considerations for achieving food security. *Journal of Ecology*, 105(4), 921-929. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12788>
- Turner, D. W., Fortescue, J. A., & Thomas, D. S. (2007). Environmental physiology of the bananas (*Musa* spp.). *Crop and Pasture Science*, 58(7), 662-678.

- USDA (U.S. Department of Agriculture). (2024). *FoodData Central: Food details for Whole bananas (1105073)*. <https://fdc.nal.usda.gov/food-details/1105073/nutrients>
- Valladolid, J., & Vidal, Z. (1990). *Identificación y descripción de los subsistemas agroforestales en la provincia de Loja* [Universidad Nacional De Loja]. <http://dspace.unl.edu.ec/jspui/bitstream/123456789/17025/1/TESIS>
- Van Der Heijden, M. G., Bender, S. F., & Wagg, C. (2015a). Arbuscular mycorrhizal fungi in agricultural soils: drivers, functions and consequences. *New Phytologist*, 205(4), 1475-1493.
- Van Der Heijden, M. G., Martin, F. M., Selosse, M. A., & Sanders, I. R. (2015b). Mycorrhizal ecology and evolution: the past, the present, and the future. *New phytologist*, 205(4), 1406-1423.
- Van Dijk, E. L., Auger, H., Jaszczyszyn, Y., & Thermes, C. (2014). Ten years of next-generation sequencing technology. *Trends in genetics*, 30(9), 418-426.
- Vargas, J. N. J., Vargas, D. N. V., & Campoverde, M. A. Z. (2025). Barreras arancelarias y no arancelarias y su impacto en las empresas ecuatorianas exportadoras de banano hacia EEUU en el 2023. *Revista InveCom/ISSN en línea: 2739-0063*, 5(2), 1-14.
- Varma, V., & Bebbler, D. P. (2019). Climate change impacts on banana yields around the world. *Nature Climate Change*, 9(10), 752-757.
- Vázquez, A. (2016). *Técnicas de secuenciación de nueva generación para el estudio del microbioma humano*. In Universidad Complutense (Vol. 2). http://147.96.70.122/Web/TFG/TFG/Memoria/ANDREA_VAZQUEZ_ESCRIBANO.pdf
- Verbruggen, E., Rillig, M. C., Wehner, J., Hegglin, D., Wittwer, R., & van der Heijden, M. G. (2014). Sebacinales, but not total root associated fungal communities, are affected by land-use intensity. *New Phytologist*, 203(4), 1036-1040.
- Villaseñor-Ortiz, D., Prado, R. D. M., Luna-Romero, E., Jaramillo-Aguilar, E., & Agurto-Rodríguez, L. (2022). Critical nitrogen and potassium levels and sufficiency ranges for banana cultivation in Ecuador. *Fruits*, 77(1), 1-8.
- Wahab, A., Muhammad, M., Munir, A., Abdi, G., Zaman, W., Ayaz, A., ... & Reddy, S. P. P. (2023). Role of arbuscular mycorrhizal fungi in regulating growth, enhancing productivity, and potentially influencing ecosystems under abiotic and biotic stresses. *Plants*, 12(17), 3102.
- Wang, G., Jin, Z., George, T. S., Feng, G., & Zhang, L. (2023). Arbuscular mycorrhizal fungi enhance plant phosphorus uptake through stimulating hyphosphere soil microbiome functional profiles for phosphorus turnover. *New Phytologist*, 238(6), 2578-2593.

- Wickham, H. (2015). dplyr: A grammar of data manipulation. R package version 04., 3, p156.
- Wickham, H. (2016). Programming with ggplot2. In *Ggplot2: elegant graphics for data analysis* (pp. 241-253). Cham: Springer International Publishing.
- Wickham, H., & Wickham, M. H. (2017). Package 'tidyr'. Easily Tidy Data with 'spread' and 'gather ()' Functions.
- Williams, A. L. (2019). Preeclampsia and vitamin B6: a review. *Pregnancy Hypertension, 17*, 182-187.
- Xing, X., Liu, Q., Gao, Y., Shao, S., Guo, L., Jacquemyn, H., ... & Guo, S. (2020). The architecture of the network of orchid–fungus interactions in nine co-occurring *Dendrobium* species. *Frontiers in Ecology and Evolution, 8*, 130.
- Xu, S., Zhan, L., Tang, W., Wang, Q., Dai, Z., Zhou, L., Feng, T., Chen, M., Wu, T., Hu, E., & Yu, G. (2023). MicrobiotaProcess: A comprehensive R package for deep mining microbiome. *Innovation, 4*(2), 100388. <https://doi.org/10.1016/j.xinn.2023.100388>
- Zubelzu, S., Panigrahi, N., Thompson, A. J., & Knox, J. W. (2023). Modelling water fluxes to improve banana irrigation scheduling and management in Magdalena, Colombia. *Irrigation Science, 41*(1), 69-79.

7. ANEXOS

Anexo 1. Protocolo de extracción de ADN total del DNeasy Plant Mini Kit, usado para hongos micorrízicos arbusculares

Quick-Start Protocol DNeasy® Plant Mini Kit

March 2016

The DNeasy Plant Mini Kit (cat. nos. 69104 and 69106) can be stored at room temperature (15–25°C) for up to 1 year if not otherwise stated on label.

Further information

- *DNeasy Plant Handbook*: www.qiagen.com/HB-1166
- Safety Data Sheets: www.qiagen.com/safety
- Technical assistance: support.qiagen.com

Notes before starting

- Perform all centrifugation steps at room temperature (15–25°C).
- If necessary, redissolve any precipitates in Buffer AP1 and Buffer AW1 concentrates.
- Add ethanol to Buffer AW1 and Buffer AW2 concentrates.
- Preheat a water bath or heating block to 65°C.

1. Disrupt samples (≤ 100 mg wet weight or ≤ 20 mg lyophilized tissue) using the TissueRuptor®, the TissueLyser II or a mortar and pestle.
2. Add 400 μ l Buffer AP1 and 4 μ l RNase A. Vortex and incubate for 10 min at 65°C. Invert the tube 2–3 times during incubation.
Note: Do not mix Buffer AP1 and RNase A before use.
3. Add 130 μ l Buffer P3. Mix and incubate for 5 min on ice.
4. **Recommended:** Centrifuge the lysate for 5 min at 20,000 $\times g$ (14,000 rpm).
5. Pipet the lysate into a QIAshredder spin column placed in a 2 ml collection tube. Centrifuge for 2 min at 20,000 $\times g$.

Sample to Insight



6. Transfer the flow-through into a new tube without disturbing the pellet if present. Add 1.5 volumes of Buffer AW1, and mix by pipetting.
7. Transfer 650 μ l of the mixture into a DNeasy Mini spin column placed in a 2 ml collection tube. Centrifuge for 1 min at $\geq 6000 \times g$ (≥ 8000 rpm). Discard the flow-through. Repeat this step with the remaining sample.
8. Place the spin column into a new 2 ml collection tube. Add 500 μ l Buffer AW2, and centrifuge for 1 min at $\geq 6000 \times g$. Discard the flow-through.
9. Add another 500 μ l Buffer AW2. Centrifuge for 2 min at 20,000 $\times g$.
Note: Remove the spin column from the collection tube carefully so that the column does not come into contact with the flow-through.
10. Transfer the spin column to a new 1.5 ml or 2 ml microcentrifuge tube.
11. Add 100 μ l Buffer AE for elution. Incubate for 5 min at room temperature (15–25°C). Centrifuge for 1 min at $\geq 6000 \times g$.
12. Repeat step 11.

Anexo 2. Prueba Shapiro-Wilk y ANOVA Shannon y Simpson

```
> by(diversity_df$Shannon, diversity_df$Sitio, shapiro.test)
diversity_df$Sitio: F1
```

```
Shapiro-wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.86926, p-value = 0.2934
```

```
-----
diversity_df$Sitio: F2
```

```
Shapiro-wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.94435, p-value = 0.5452
```

```
-----
diversity_df$Sitio: F3
```

```
Shapiro-wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.87235, p-value = 0.3022
```

```
-----
diversity_df$Sitio: F4
```

```
Shapiro-wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.75766, p-value = 0.01699
```

```
> by(diversity_df$Simpson, diversity_df$Sitio, shapiro.test)
diversity_df$Sitio: F1
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.89951, p-value = 0.3839
```

```
-----
diversity_df$Sitio: F2
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.95761, p-value = 0.6039
```

```
-----
diversity_df$Sitio: F3
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.8546, p-value = 0.2528
```

```
-----
diversity_df$Sitio: F4
```

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data: dd[x, ]
W = 0.75918, p-value = 0.02038
```

```
> anova_shannon <- aov(Shannon ~ Sitio, data = diversidad_alfa)
> summary(anova_shannon)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Sitio	3	2.521	0.8404	1.223	0.363
Residuals	8	5.496	0.6871		

```
> TukeyHSD(anova_shannon)
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = Shannon ~ Sitio, data = diversidad_alfa)
```

```
$Sitio
```

	diff	lwr	upr	p adj
Sitio 2-Sitio 1	-0.04941269	-2.216721	2.117895	0.9998480
Sitio 3-Sitio 1	-0.30899145	-2.476300	1.858317	0.9664424
Sitio 4-Sitio 1	-1.14270770	-3.310016	1.024600	0.3882886
Sitio 3-Sitio 2	-0.25957876	-2.426887	1.907729	0.9794900
Sitio 4-Sitio 2	-1.09329501	-3.260603	1.074013	0.4224814
Sitio 4-Sitio 3	-0.83371624	-3.001024	1.333592	0.6257681

```
> anova_simpson <- aov(Simpson ~ Sitio, data = diversidad_alfa)
> summary(anova_simpson)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Sitio	3	0.4525	0.15084	2.113	0.177
Residuals	8	0.5710	0.07137		

```
> TukeyHSD(anova_simpson)
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = Simpson ~ Sitio, data = diversidad_alfa)
```

```
$Sitio
```

	diff	lwr	upr	p adj
Sitio 2-Sitio 1	0.08026685	-0.6182538	0.7787875	0.9817808
Sitio 3-Sitio 1	-0.03205797	-0.7305786	0.6664626	0.9987704
Sitio 4-Sitio 1	-0.42232082	-1.1208414	0.2761998	0.2866044
Sitio 3-Sitio 2	-0.11232483	-0.8108454	0.5861958	0.9531678
Sitio 4-Sitio 2	-0.50258767	-1.2011083	0.1959329	0.1761084
Sitio 4-Sitio 3	-0.39026285	-1.0887835	0.3082578	0.3442137

Anexo 3. Análisis PERMANOVA

```

> permanova_resultado <- adonis2(t(data) ~ Sitio, data = sitios, permutations = 999, method = "bray")
> print(permanova_resultado)
Permutation test for adonis under reduced model
Permutation: free
Number of permutations: 999

adonis2(formula = t(data) ~ Sitio, data = sitios, permutations = 999, method = "bray")
      Df SumOfSqs      R2      F Pr(>F)
Model   3   1.8360 0.36156 1.5102 0.025 *
Residual 8   3.2420 0.63844
Total  11   5.0779 1.00000
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Anexo 4. MultiQC report muestra M1 Sitio 1

MultiQC Report

file:///C:/Users/scevallos/Downloads/multiqc_report.html#fastqc_pos_q...

MultiQC



(http://
multiqc.info)

A modular tool to aggregate results from bioinformatics analyses across many samples into a single report.

Report generated on 2024-06-25, 17:14 based on data in: /data/output/appresuits/422417578

General Statistics

Showing 24/24 rows and 6/16 columns.

2405011-001-16S
2405011-002-16S
2405011-003-16S
2405011-004-16S
2405011-005-16S
2405011-006-16S
2405011-007-16S
2405011-008-16S
2405011-009-16S
2405011-010-16S
2405011-011-16S
2405011-012-16S
2405011-013-16S
2405011-014-16S

Sample Name	M Input reads	Unmap	Dup	Prop pair	Med IS	Contam'n
2405011-012-16S						
2405011-013-16S						
2405011-014-16S						

DRAGEN-FastQc

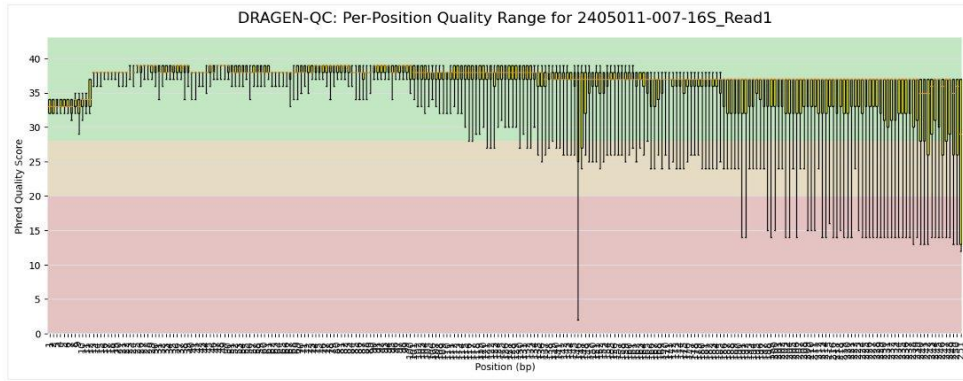
DRAGEN-FastQc (<https://www.illumina.com/products/by-type/informatics-products/dragen-bio-it-platform.html>) is a Bio-IT Platform that provides ultra-rapid secondary analysis of sequencing data using field-programmable gate array technology (FPGA).

Per-Position Quality Score Ranges

The range of quality value across each base position in each sample or read

Flat image plot. Toolbox functions such as highlighting / hiding samples will not work (see the docs (<http://multiqc.info/docs/#flat-interactive-plots>)).

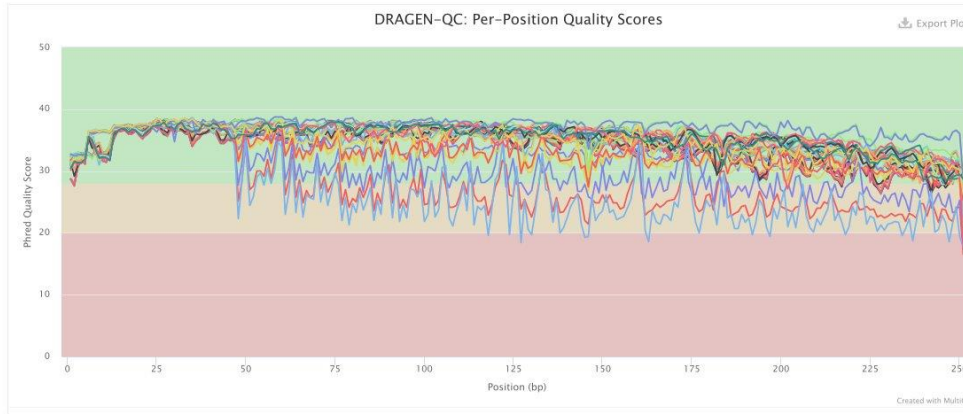
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37			
38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48																													



Per-Position Mean Quality Scores

The mean quality value across each base position in the read.

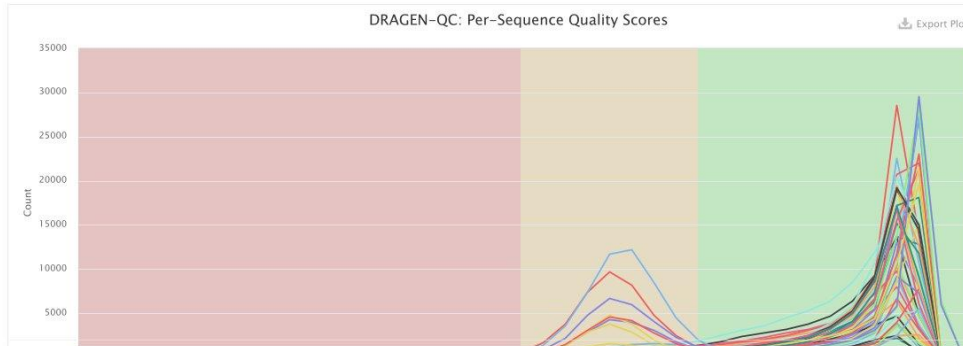
[Help](#)



Per-Sequence Quality Scores

The number of reads with average quality scores. Shows if a subset of reads has poor quality.

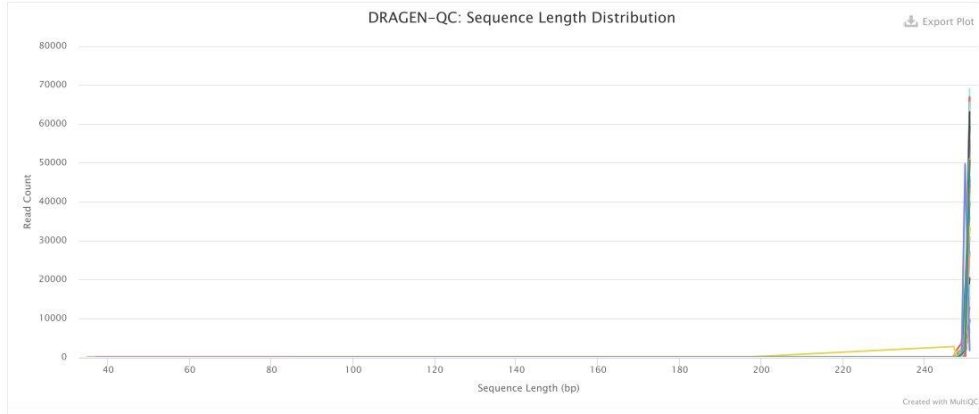
[Help](#)





Sequence Length Distribution

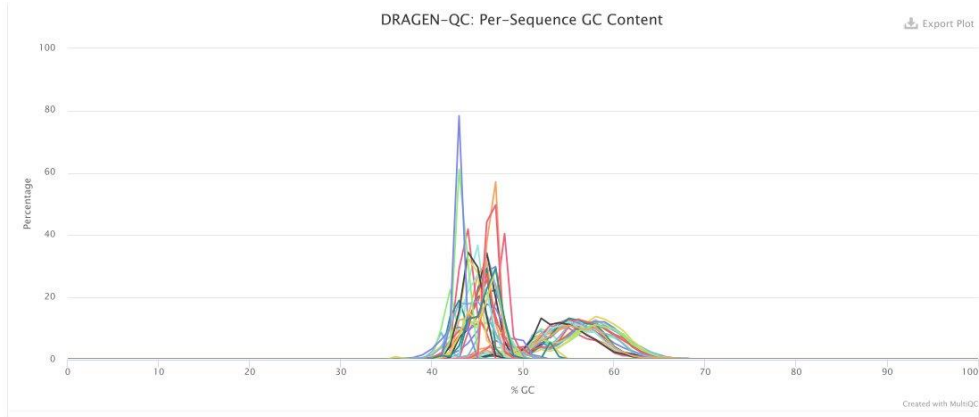
The distribution of fragment sizes (read lengths) found. See the FastQC help (<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/Help/3%20Analysis%20Modules/7%20Sequence%20Length%20Distribution.html>)



Per-Sequence GC Content

The average GC content of reads. Normal random library typically have a roughly normal distribution of GC content.

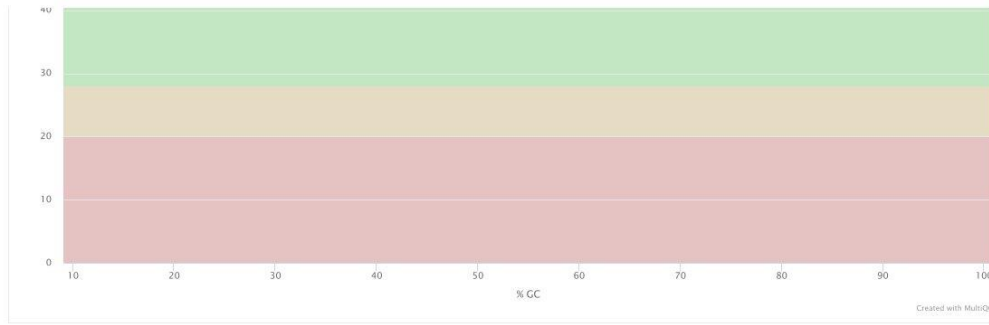
Percentages Counts



GC Content Mean Quality Scores

The mean quality value across each base position in the read.

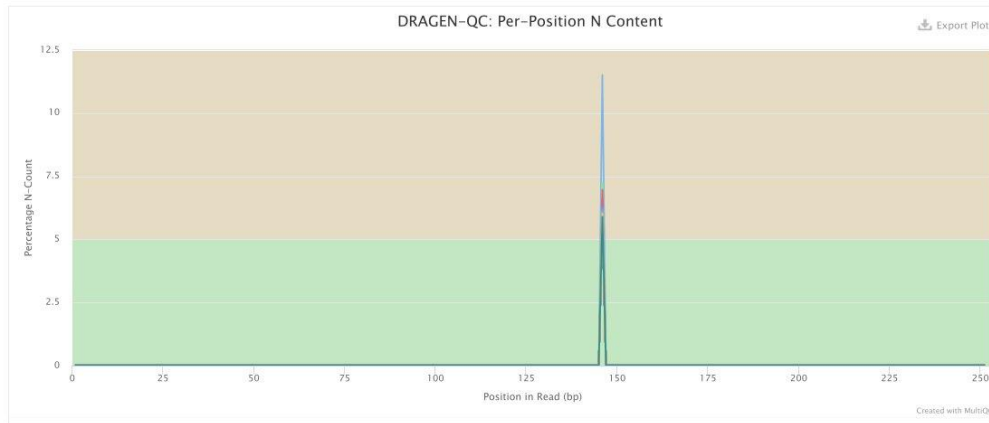




Per-Position N Content

The percentage of base calls at each position for which an N was called.

Help



Per-Position Sequence Content

The proportion of each base position for which each of the four normal DNA bases has been called.

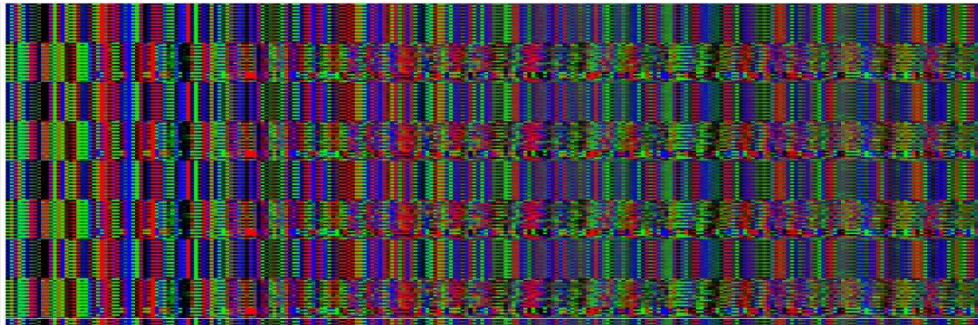
Help

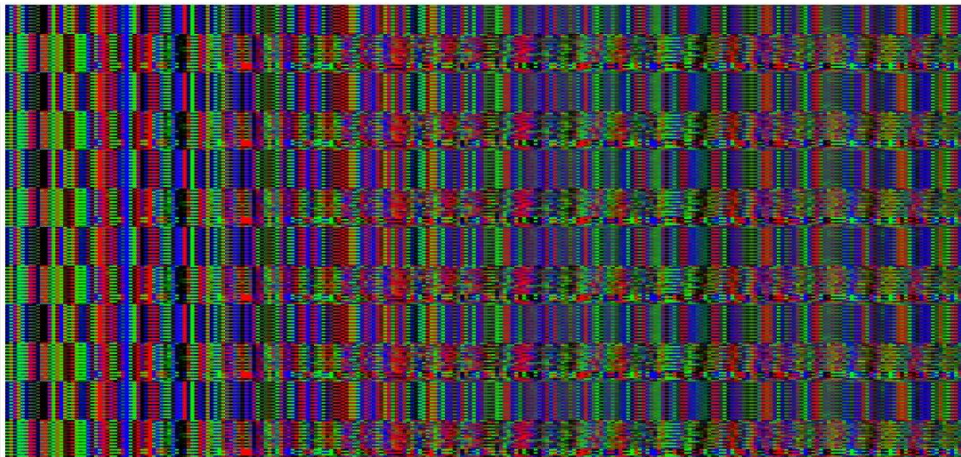
Click a sample row to see a line plot for that dataset.

Rollover for sample name

Position: - %T: - %C: - %A: - %G: -

Export Plot

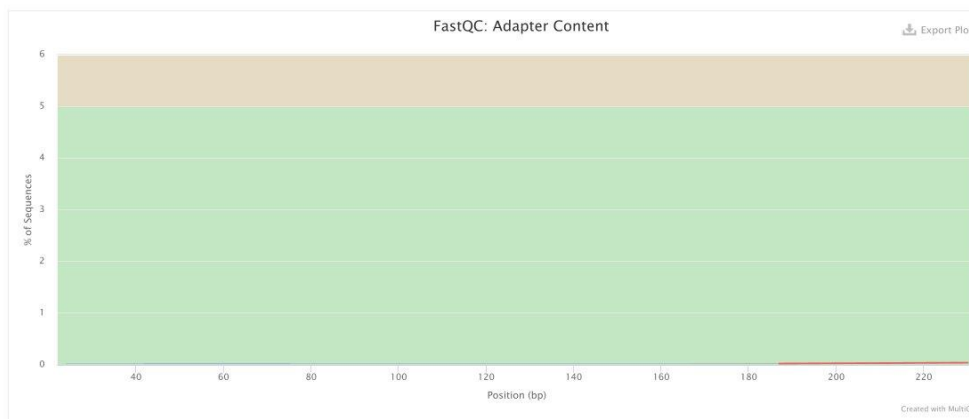





Adapter Content

Help

The cumulative percentage count of the proportion of your library which has seen each of the adapter sequences at each position.



MultiQC v1.12 dev0 (<http://multiqc.info>) - Written by Phil Ewels (<http://phil.ewels.co.uk>), available on GitHub (<https://github.com/ewels/MultiQC>). This report uses HighCharts (<http://www.highcharts.com/>), jQuery (<https://jquery.com/>), jQuery UI (<https://jqueryui.com/>), Bootstrap (<http://getbootstrap.com/>), FileSaver.js (<https://github.com/ellegrey/FileSaver.js>) and clipboard.js (<https://clipboardjs.com/>).

 SciLifeLab (<http://www.scilifelab.se/>)