



**UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO
CAMPUS IRAPUATO - SALAMANCA
DIVISIÓN CIENCIAS DE LA VIDA**

**COMPARACIÓN DE UN PROCESO DE BIOESTIMULACIÓN Y LA
COMBINACIÓN DE BIOESTIMULACIÓN-BIOAUMENTACIÓN PARA LA
DEGRADACIÓN DE BOSCALID, BIFENTRINA Y FENVALERATO EN SUELO**

TESIS

Que como requisito parcial para obtener el grado de
MAESTRO EN BIOCENCIAS

Presenta

IAS. MARIA ALEXANDRA ZAMBRANO VARGAS

Director de Tesis:

DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR

Irapuato, Gto.

Noviembre, 2018.

EL PRESENTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN SE REALIZÓ BAJO LA DIRECCIÓN DE LA DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR EN EL LABORATORIO DE TECNOLOGÍAS PARA LA SUSTENTABILIDAD DE LA DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA, DEL CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA, DE LA UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO.

UNIVERSIDAD DE
GUANAJUATO



DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

**"COMPARACIÓN DE UN PROCESO DE
BIOESTIMULACIÓN Y LA COMBINACIÓN DE
BIOESTIMULACIÓN-BIOAUMENTACIÓN
PARA LA DEGRADACIÓN DE BOSCALID,
BIFENTRINA Y FENVALERATO EN SUELO"**

TESIS

QUE PRESENTA

MARIA ALEXANDRA ZAMBRANO VARGAS

PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRO EN BIOCENCIAS

DIRECTOR DE TESIS

DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR

Irapuato, Gto., Noviembre de 2018.

**CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA
DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA**

Ex Hacienda El Copal, Km. 9 Carretera Irapuato-Silao,
C.P. 36824 A.P. 311, Irapuato, Gto., México.
Tel. y Fax: 01 (462) 624 18 89.

www.irapuatosalamanca.ugto.mx

UNIVERSIDAD DE
GUANAJUATO



DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

DIRECCIÓN

Oficio: DICIVA/0437/2018.

Asunto: TEMA DE TRABAJO.

C.

DR. JOSÉ MARIO MENDOZA CARRILLO,
DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA
CAMPUS IRAPUATO - SALAMANCA,
P R E S E N T E.

En relación al trabajo de titulación de la C. **Maria Alexandra Zambrano Vargas**, me permito comunicar a Usted que el tema señalado fue:

**"COMPARACIÓN DE UN PROCESO DE BIOESTIMULACIÓN Y
LA COMBINACIÓN DE BIOESTIMULACIÓN-
BIOAUMENTACIÓN PARA LA DEGRADACIÓN DE BOSCALID,
BIFENTRINA Y FENVALERATO EN SUELO"**

Y que dicho trabajo ha sido totalmente elaborado y cuenta con mi aprobación.

Asimismo, me permito proponer a:

DR. ROGELIO COSTILLA SALAZAR
DR. MANUEL DARIO SALAS ARAIZA

Para que junto conmigo integren el Jurado.

A T E N T A M E N T E
"LA VERDAD OS HARA LIBRES"
Irapuato, Gto., 1º de Noviembre de 2018.
DIRECTOR DE TESIS

DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR

CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA
DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

Ex Hacienda El Copal, Km. 9 Carretera Irapuato-Silao,
C.P. 36824 A.P. 311, Irapuato, Gto., México.
Tel. y Fax: 01 (482) 624 18 89.

www.iraputosalamanca.ugto.mx

UNIVERSIDAD DE
GUANAJUATO



DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

DIRECCIÓN

Oficio: DICIVA/0438/2018.

Asunto: REVISIÓN DE TESIS.

Irapuato, Gto., 5 de Noviembre de 2018.

C.

DR. JOSÉ MARIO MENDOZA CARRILLO,
DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA
CAMPUS IRAPUATO - SALALAMANCA,
P R E S E N T E.

Habiendo revisado la Tesis de la Pasante C. **María Alexandra Zambrano Vargas**

Titulada:

**"COMPARACIÓN DE UN PROCESO DE BIOESTIMULACIÓN Y LA
COMBINACIÓN DE BIOESTIMULACIÓN-BIOAUMENTACIÓN PARA
LA DEGRADACIÓN DE BOSCALID, BIFENTRINA Y FENVALERATO
EN SUELO"**

Damos nuestra aprobación para la impresión de la misma.

DIRECTOR

DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR

SINODAL

DR. ROGELIO COSTILLA SALAZAR

SINODAL

DR. MANUEL DARIO SALAS ARAIZA

**CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA
DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA**

Ex Hacienda El Copal. Km. 9 Carretera Irapuato-Silao.
CP 36824 A.P. 311, Irapuato, Gto., México.
Tel. y Fax: 01 (462) 624 18 89

www.irapuatosalamanca.ugto.mx



DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

C.
DR. JOSÉ MARIO MENDOZA CARRILLO,
DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA
CAMPUS IRAPUATO – SALAMANCA,
P R E S E N T E.

En relación al trabajo de titulación de la C. **Maria Alexandra Zambrano Vargas**, nos permitimos comunicar a Usted que el trabajo de Tesis: **"COMPARACIÓN DE UN PROCESO DE BIOESTIMULACIÓN Y LA COMBINACIÓN DE BIOESTIMULACIÓN-BIOAUMENTACIÓN PARA LA DEGRADACIÓN DE BOSCALID, BIFENTRINA Y FENVALERATO EN SUELO"**, que fue desarrollado bajo la dirección de la Dra. Graciela Ma. De La Luz Ruiz Aguilar, profesora-investigadora de la División de Ciencias de la Vida, ha sido terminado. El escrito fue revisado por el Dr. Rogelio Costilla Salazar y el Dr. Manuel Dario Salas Araiza, se autorizó la impresión del mismo.

Asimismo, nos permitimos proponer para la integración del Jurado a los Señores:

DR. ROGELIO COSTILLA SALAZAR	PRESIDENTE
DR. MANUEL DARIO SALAS ARAIZA	SECRETARIO
DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR	VOCAL

ATENTAMENTE
"LA VERDAD OS HARA LIBRES"
Irapuato, Gto., 5 de Noviembre del 2018.

DRA. GRACIELA MA. DE LA LUZ RUIZ AGUILAR
DIRECTOR

REVISOR

REVISOR

DR. ROGELIO COSTILLA SALAZAR **DR. MANUEL DARIO SALAS ARAIZA**
CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA
DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

Ex Hacienda El Copal, Km. 9 Carretera Irapuato-Silao.
C.P. 36824 A.P. 311, Irapuato, Gto., México.
Tel. y Fax: 01 (462) 624 18 89.

www.irapuatosalamanca.ugto.mx

Dedicatorias

*A Dios por ser mi camino de luz en mis momentos de oscuridad,
mi familia por apoyarme en mis decisiones y siempre acompañarme,
a mi amado hijo THOMAS y mi esposo LEIDER,
por ser el motor de mis ganas a seguir siendo una mejor persona.*

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad de Guanajuato, en particular a la División de Ciencias de la Vida, por haberme dado la oportunidad de superarme académicamente al cursar la Maestría en Biociencias.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por haberme otorgado la beca para mis estudios de Maestría.

Mi directora de tesis, Dra. Graciela Ma. De La Luz Ruiz Aguilar, por ser un apoyo incondicional y siempre estar dispuesta a escucharme, mostrándome el camino correcto.

Abuelos Lacides y Eva, mi madre Soraya, mis tías Cielito y Sandrita, mi hermana Andrea, por su amor y apoyo incondicional, por apoyarme en todas mis decisiones.

A mi esposo Leider Osorio Mantilla y mi hijo Thomas A. Osorio Zambrano por arriesgarse a recorrer este camino a mi lado, por su paciencia y amor. Saben lo importante que son para mí y lo mucho que agradezco el apoyo en todo momento.

Mi hermana Karly y mi cuñado Luis Ramón por que fueron pieza fundamental para que este sueño fuera posible.

Gracias a mis grandes amigas que se formaron en este camino Esmé, Moni, Mica, Chio y Liz, las quiero mucho.

A mis sinodales Dr. Manuel Darío Salas Araiza y Dr. Rogelio Costilla Salazar, muchas gracias por su apoyo y paciencia a lo largo de la maestría.

Al Dr. César Díaz Pérez de la Universidad de Guanajuato, Campus Celaya-Salvatierra, por hacer parte de esta investigación.

RESUMEN

La degradación del suelo es uno de los mayores problemas en la agricultura debido a sus malas prácticas, sobreexplotación y el uso constante de productos agroquímicos para acelerar la producción y eliminar las plagas que los atacan. Existen técnicas de biorremediación (bioestimulación y bioaumentación) las cuales se han aplicado para la reducción de diferentes compuestos orgánicos tóxicos. Esta investigación se enfoca en la biorremediación de un suelo contaminado aplicando los procesos de bioestimulación y de la combinación de los procesos de bioestimulación-bioaumentación. Los experimentos se llevaron a cabo en charolas de 2 Kg con suelo arcilloso, el cual se contaminó con boscalid, bifentrina y fenvalerato. Para la bioaumentación se utilizó un consorcio microbiano aislado de la presa El Bote, en el estado de Zacatecas, el cual se encuentra contaminado con metales pesados. Para el proceso de bioestimulación los factores se eligieron basándose en las funciones de los macronutrientes y la relación óptima carbono, nitrógeno y fósforo (C/N/P) para suelo. Se determinó el porcentaje de remoción de estos plaguicidas a partir del diseño experimental factorial fraccionado 2^{3-1} y un anova simple. El proceso de biorremediación duró 30 días y se ajustó la humedad entre el 20 al 25% durante todo este tiempo. Los resultados indican que la combinación de los procesos de bioestimulación-bioaumentación generan una remoción del 7% para bifentrina, 16% para boscalid y 11% para fenvalerato, en el tratamiento con la concentración baja de contaminantes y con la adición de microorganismos. Para conocer los microorganismos que estuvieron presente durante esta investigación se realizó extracción del DNA del suelo tanto en suelo sin la aplicación de ningún tratamiento (suelo sin contaminar), como al suelo con el tratamiento en el tiempo inicial y final, se secuenció obteniendo en sus datos bacterias y hongos capaces de degradar plaguicidas, para bacterias los géneros presentes *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Novosphingobium*, *Paracoccus*, *Sphingobium*, *Pseudomonas* y *Burkholderia*, para hongos las especies *Fusarium* y *Trichoderma*.

Palabras claves: bioestimulación, bioaumentación, plaguicidas.

ABSTRACT

Soil degradation is one of the biggest problems in agriculture due to bad practices, overexploitation, constant use of agrochemicals to accelerate production and to eliminate the pests that attack them. Bio-stimulation and bioaugmentation bioremediation techniques have been applied for the reduction of different toxic organic compounds. This research focuses on the bioremediation of contaminated soil by testing two processes: the biostimulation and the combination of biostimulation-bioaugmentation processes. The experiments were carried out in 2 kg trays with clayey soil, which was contaminated with boscalid, bifenthrin and fenvalerate. For bioaugmentation, a microbial consortium isolated from the El Bote dam (Zacatecas State, Mexico) was used. This dam is contaminated with heavy metals. For the biostimulation process factors were chosen based on the functions of the macronutrients and the optimal carbon, nitrogen and phosphorus (C / N / P) ratio for soil. The percentage of pesticides removal was determined by the experimental 2^{3-1} fractional factorial design established. The bioremediation process lasted 30 days and humidity was adjusted between 20 and 25% during all this time. The results indicate that the combination of biostimulation-bioaugmentation processes generate a 7% removal for bifenthrin, 16% for boscalid and 11% for fenvalerate, which correspond to the treatment with low concentration of contaminants and with the addition of microorganisms. In order to know the microorganisms that were present during this investigation, DNA extractions were carried out in the uncontaminated soil, soil with the treatments at the beginning and the end of the experiment. It was sequenced bacteria and fungi capable to degrade pesticides. For bacteria the genera present were *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Novosphingobium*, *Paracoccus*, *Sphingobium*, *Pseudomonas* and *Burkholderia*. For fungi the species were *Fusarium* and *Trichoderma*.

Keywords: biostimulation, bioaugmentation, pesticides.

TABLA DE CONTENIDO

Dedicatorias.....	vii
AGRADECIMIENTOS.....	viii
RESUMEN	ix
ABSTRACT.....	x
ÍNDICE DE FIGURA	15
ÍNDICE DE TABLA	16
I. INTRODUCCIÓN	17
II. REVISIÓN DE LITERATURA	19
2.1. Que es el suelo	19
2.1.1. Contaminación del suelo.....	19
2.1.2. Definición de plaguicidas	20
2.1.2.1. Clasificación de plaguicidas.....	20
2.1.3. Legislación de compuestos agroquímicos.....	22
2.1.4. Importancia de la aplicación de plaguicidas	24
2.1.5. Tipos de plaguicidas comerciales utilizados.....	24
2.1.6. Evolución de los plaguicidas en el suelo.....	25
2.1.7. Factores que regulan la evolución de los plaguicidas en el suelo	25
2.1.7.1. Influencia del medio.....	25
2.1.7.2. Propiedades del plaguicida.....	26
2.1.7.3. Características del suelo.....	27
2.1.8. Plaguicidas organoclorados	28
2.1.8.1. Boscalid.....	28

2.1.8.2.	Bifentrina	29
2.1.8.3.	Fenvalerato	29
2.2.	Definición degradación	30
2.2.1.	Degradación de plaguicidas.....	30
2.2.2.	Procesos de degradación.....	31
2.3.	Biorremediación	32
2.3.1.	Atenuación natural.....	32
2.3.2.	Bioestimulación.....	32
2.3.2.1.	Macronutrientes	33
2.3.2.2.	Otros factores por considerar para la bioestimulación.....	34
2.3.3.	Bioaumentación	35
III.	JUSTIFICACIÓN.....	37
IV.	HIPÓTESIS	38
V.	OBJETIVOS.....	39
5.1.	OBJETIVO GENERAL.....	39
5.2.	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	39
VI.	METODOLOGÍA	40
6.1.	Diseño del experimento, establecimiento de tratamientos y monitoreo 40	
6.1.1.	Suelo	40
6.1.2.	Preparación del suelo contaminado.....	40
6.1.3.	Preparación de los microorganismos	41
6.1.4.	Diseño del experimento	42
6.2.	Análisis físico y químico del suelo contaminado.....	44
6.2.1.	Nitrógeno (N)	44

6.2.2.	Potencial hidrógeno (pH).....	46
6.2.3.	Fósforo total	46
6.2.4.	Conductividad eléctrica (CE)	46
6.2.5.	Porcentaje de humedad.....	47
6.2.6.	Contenido de carbono orgánico (CO) y materia orgánica (MO).....	47
6.2.7.	Textura del suelo.....	48
6.3.	Extracción de plaguicidas	49
6.4.	Extracción ácido desoxirribonucleico (DNA) del suelo	49
6.4.1.	Cuantificación del DNA.....	50
6.4.2.	Integridad DNA	50
6.4.3.	Secuenciación del DNA	50
6.4.3.1.	Composición taxonómica.....	51
VII.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	52
7.1.	Caracterización fisicoquímica y determinación de textura antes de la contaminación	52
7.2.	Caracterización fisicoquímica de tratamientos y control	53
7.2.1.	Conductividad en tratamientos y controles.....	53
7.2.2.	pH en tratamientos y controles.....	54
7.2.3.	Nitrógeno y fósforo en tratamientos y controles	55
7.2.4.	Carbono orgánico y materia orgánica en tratamientos y controles ..	57
7.3.	Degradación de los contaminantes	58
7.4.	Extracción de DNA de las muestras de suelo.	60
7.4.1.	Datos de la secuenciación	62
7.4.2.	Composición taxonómica.....	63
VIII.	CONCLUSIONES	68

LITERATURA CITADA..... 69

ANEXO 78

ÍNDICE DE FIGURA

Figura 2.1 Estructura química del boscalid.....	28
Figura 2.2 Estructura química de bifentrina	29
Figura 2.3 Estructura química del fenvalerato	30
Figura 7.1 Variación de la conductividad en los diferentes tratamientos y controles. 54	
Figura 7.2 Variación de pH en los diferentes tratamientos y controles.....	55
Figura 7.3 Variación de nitrógeno en los diferentes tratamientos y controles.	56
Figura 7.4 Variación de fósforo en los diferentes tratamientos y controles	56
Figura 7.5 Variación de carbono orgánico en los diferentes tratamientos y controles.	57
Figura 7.6 Variación de materia orgánica en los diferentes tratamientos y controles.	58
Figura 7.7 Degradación de los plaguicidas en tratamientos y control.....	60

ÍNDICE DE TABLA

Tabla 6.1 Número de células de cepas de los microorganismos	41
Tabla 6.2 Volumen de dilución de cepas de microorganismo	42
Tabla 6.3 Tratamientos para evaluar el porcentaje degradación de la mezcla compuesta por bifentrina, boscalid y fenvalerato en suelo.	42
Tabla 6.4 Cantidad de nitrógeno total en el suelo	45
Tabla 6.5 Interpretación de resultados para clasificación de suelo respecto a su pH (NOM-021-SEMARNAT-2000).	46
Tabla 6.6 Interpretación de resultados para clasificación de suelo respecto a su M.O (NOM-021-SEMARNAT-2000).	48
Tabla 6. 7 Diseño de los amplicones por el LANGEBIO.	51
Tabla 7.1 Cuantificación del DNA extraído del suelo sin contaminar y tratamientos en etapa inicial y final.	61
Tabla 7.2 Numero de lecturas obtenidas en la secuenciación del DNA para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o.	62
Tabla 7.3 Hongos encontrados en la secuenciación con porcentaje de identificación mayor o igual al 1%, para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 (Tiempo inicial y final).....	64
Tabla 7.4 Bacterias encontrados en la secuenciación con porcentaje de identificación mayor o igual al 1%, para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 (Tiempo inicial y final).....	66

I. INTRODUCCIÓN

El suelo, a través de su poder de amortiguación o desactivación natural de la contaminación, filtra, almacena, degrada, neutraliza e inmoviliza sustancias orgánicas e inorgánicas tóxicas, impidiendo que alcancen las aguas subterráneas, el aire o que entren en la cadena alimenticia, sin embargo, los procesos que contribuyen a su degradación, deterioro y destrucción son más rápidos puesto que su velocidad de formación y regeneración es muy lenta (Comerford, 2003). El uso de plaguicidas permite controlar la proliferación de plagas y enfermedades de los cultivos y del ganado, pero es necesario destacar que su aplicación indiscriminada y sin control puede ocasionar daños al ambiente; por ejemplo, deterioro de la flora y fauna silvestres, contaminación de suelo, mantos freáticos, aguas continentales y costeras (Eden Wynter *et al.*, 2016). El empleo en la agricultura de fungicidas como el boscalid y de insecticidas/acaricidas como la bifentrina y el fenvalerato, se ha incrementado notablemente debido a la resistencia que generan algunas plagas (Álvarez-Medina *et al.*, 2017; Landeros *et al.*, 2010). Para equilibrar el daño que estos ocasionan al suelo existen diferentes técnicas de biorremediación (bioestimulación y bioaumentación) los cuales han demostrado un alto porcentaje de reducción de diferentes compuestos orgánicos tóxicos (Betancur Corredor *et al.*, 2015; Pimmata *et al.*, 2013; Wang *et al.*, 2013).

Por esta razón se tiene la necesidad de buscar alternativas amigables con el medio ambiente que nos permita la recuperación de este recurso y una de estas alternativas es la biorremediación mediante el proceso de bioestimulación que consiste en la estimulación de la actividad microbiana natural, se realiza mediante el control de parámetros como el potencial redox, las condiciones de humedad y la adición de oxígeno u otros aceptores de electrones (como nitrato o sulfato) y nutrientes (nitrógeno y el fósforo) y el proceso de bioaumentación que consiste en la introducción de microorganismos específicos con potencial degradadores (indígenas o no indígenas) permitiendo que su selección se realice en base a los compuestos que deseamos degradar.

En consecuencia, este estudio investigó los efectos de dos técnicas de biorremediación, es decir, bioestimulación y bioaumentación combinada con bioestimulación en la degradación de bifentrina, boscalid y fenvalerato en suelos contaminados.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Que es el suelo

Se define como el medio natural para el crecimiento de las plantas. También se ha definido como un cuerpo natural que consiste en capas (horizontes del suelo) compuestas de materiales de minerales meteorizados, materia orgánica, aire y agua. El suelo es el producto final de la influencia del tiempo, combinado con el clima, topografía, organismos (flora, fauna y ser humano), de materiales parentales (rocas y minerales originarios). Como resultado el suelo difiere de su material parental en su textura, estructura, consistencia, color y propiedades químicas, biológicas y físicas (FAO, 2017).

2.1.1. Contaminación del suelo

La Ley General del Equilibrio Ecológico y la Protección al Ambiente (LGEEPA) en su última Reforma DOF 24-01-2017 define la contaminación como:

«la presencia en el ambiente de uno o más contaminantes o de cualquier combinación de ellos que cause desequilibrio ecológico; en dicha ley se establecen los principios y criterios ambientales que deben aplicarse en las actividades que mayor impacto están teniendo en ellos, y en la regulación y control de los procesos específicos que provocan su contaminación y que involucran el manejo de materiales (plaguicidas, fertilizantes y sustancias tóxicas) y residuos peligrosos».

Existe una amplia gama de compuestos xenobióticos (son estructuras químicas inexistentes en la naturaleza debido a que son compuestos sintetizados por el hombre en el laboratorio) que se introducen deliberadamente en el suelo que puede ocasionar una contaminación a largo plazo, el cual es un impacto significativo en los procesos de descomposición, recuperación natural del suelo y en el ciclo de nutrientes (Magan *et al.*, 2010).

La contaminación del suelo consiste en una degradación química que provoca la pérdida parcial o total de la productividad del suelo como consecuencia de la acumulación de sustancias tóxicas persistentes, productos químicos, sales, materiales radiactivos o agentes patógenos, que tienen efectos adversos en el desarrollo de las plantas y la salud de los animales. El suelo es un medio receptivo por excelencia, que actúa como un reactor y sirve como elemento protector de otros medios más sensibles a la contaminación como son el agua y el aire (Volke *et al.*, 2005).

2.1.2. Definición de plaguicidas

El artículo 2° del Código Internacional de Conducta para la Distribución y Utilización de Plaguicidas, define los plaguicidas como:

«cualquier sustancia o mezcla de sustancias destinadas a prevenir, destruir o controlar cualquier plaga, incluyendo los vectores de enfermedades humanas o de los animales, las especies no deseadas de plantas o animales que causan perjuicio o que interfieren de cualquier otra forma en la producción, elaboración, almacenamiento, transporte o comercialización de alimentos, productos agrícolas, madera y productos de madera o alimentos para animales, o que pueden administrarse a los animales para combatir insectos, arácnidos u otras plagas en o sobre sus cuerpos. El término incluye las sustancias destinadas a utilizarse como reguladoras del crecimiento de las plantas, defoliantes, desecantes, agentes para reducir la densidad de fruta o agentes para evitar la caída prematura de la fruta, y las sustancias aplicadas a los cultivos antes o después de la cosecha para proteger el producto contra la deterioración durante el almacenamiento y transporte» (FAO, 2006).

2.1.2.1. Clasificación de plaguicidas

Existen dos tipos de agroquímicos y cada uno cumple un rol específico en su aplicación (CESAVED, 2014).

- Mejoradores de suelo (fertilizantes y fitorreguladores).
- Plaguicidas: se denomina a cualquier insumo fitosanitario agrícola destinado a combatir, eliminar o controlar a cualquier tipo de organismo biológico nocivo, sus productos o subproductos (insecticidas, herbicidas, fungicidas, acaricidas, bactericidas y nematocidas).

En la actualidad los principales agroquímicos utilizados son:

- Fertilizantes: es un estimulante utilizado para el enriquecimiento del suelo, favoreciendo así el crecimiento y desarrollo del cultivo más rápidamente.
- Fitorreguladores: son aquellos productos a base de hormonas que permitirán incrementar o estimular el crecimiento de la planta o incluso paralizar el desarrollo de las raíces.
- Insecticidas: aquellos utilizados para evitar plagas de insectos, funcionan inhibiendo enzimas vitales en los cultivos.
- Herbicidas: son los que generalmente se utilizan para desechar y evitar el crecimiento de plantas no deseadas en los cultivos. De acuerdo al tipo de planta que no se quiera dejar crecer, se aplica un herbicida específico.
- Fungicidas: funcionan al igual que los herbicidas e insecticidas, pero repelen todo tipo de hongos en plantas o cultivos.
- Acaricidas: funcionan al igual que los herbicidas, insecticidas y fungicidas, pero repelen todo tipo de ácaros (como garrapatas) en cultivos.

Otra definición para los plaguicidas según Comisión Intersecretarial para el Control del Proceso y Uso de Plaguicidas, Fertilizantes y Sustancias Tóxicas (Eden Wynter *et al.*, 2016), son el nombre genérico que recibe cualquier sustancia o mezcla de sustancias que se utiliza para controlar plagas que atacan los cultivos o insectos que son vectores de enfermedades. Según su composición química se clasifican en: insecticidas (organoclorados, organofosforados, piretroides y carbamatos), herbicidas (dinitrofenoles y triazinas) y fungicidas (fenoles y compuestos de cobre y azufre).

2.1.3. Legislación de compuestos agroquímicos

En el marco legal de México estos se encuentran regulados por:

- Ley General de Salud 7 de febrero de 1984 – La Secretaria de Salud ejercerá las atribuciones de regulación, control y fomento sanitario, a través de la Comisión Federal para la Protección contra Riesgos Sanitarios-COFEPRIS-.
- Ley Federal de Sanidad Vegetal y Animal 5 de enero de 1994 - secretaria de agricultura, ganadería, desarrollo rural, pesca y alimentación -SAGARPA-.
- Ley General del Equilibrio Ecológico y Protección al Ambiente 28 de enero de 1988. Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales -SEMARNAT-.
- Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria-SENASICA-, protege los recursos agrícolas, acuícolas y pecuarios de plagas y enfermedades de importancia cuarentenaria y económica. Además, regula y promueve la aplicación y certificación de los sistemas de reducción de riesgos de contaminación de los alimentos y la calidad agroalimentaria de estos, para facilitar el comercio nacional e internacional de bienes de origen vegetal y animal.
- El Comité Estatal de Sanidad Vegetal de Guanajuato, A. C. -CESAVEG-, es una organización de productores agrícolas que opera como organismo auxiliar de SAGARPA. Lo anterior de acuerdo con la Ley Federal de Sanidad Vegetal y su reglamento con la finalidad de implementar medidas para fomentar la Sanidad Vegetal y la Inocuidad Agroalimentaria en el estado de Guanajuato.

En el marco de las actividades que desarrolla COFEPRIS, se publicó el 23 de diciembre de 2004 el Reglamento en Materia de Registros, Autorizaciones de Importación y Exportación y Certificados de Exportación de Plaguicidas, Nutrientes Vegetales y Sustancias y Materiales Tóxicos o Peligrosos, instrumento a través del cual se regula el ingreso al comercio de estos productos.

Asimismo, se publica y actualiza regularmente el Catálogo Oficial de Plaguicidas, que contiene información relevante al manejo seguro y ambientalmente adecuado de los productos que cuentan con registro. Cabe mencionar en este contexto, la publicación el 3 de enero de 1991 en el Diario Oficial de la Federación (DOF), del Decreto que prohíbe la importación, fabricación, formulación,

comercialización y uso de plaguicidas como los que son COPs: aldrina, dieldrina, endrina y mirex, para el toxafeno, hexaclorobenceno y heptaclor no existe registro, mientras que la producción o importación y uso del clordano y del DDT han sido suspendidas.

La regulación ambiental de plaguicidas y de sus desechos considerados como residuos peligrosos, Desde 1988, la Ley General del Equilibrio Ecológico y la Protección al Ambiente (LGEEPA), en su artículo 134 establece que, para la prevención y control de la contaminación del suelo, se considerarán los siguientes criterios:

« IV. La utilización de plaguicidas, fertilizantes y sustancias tóxicas, debe ser compatible con el equilibrio de los ecosistemas»

A su vez, en LGEEPA artículo 135 prevé que los criterios para prevenir y controlar la contaminación del suelo se considerarán en los siguientes casos:

« IV. El otorgamiento de todo tipo de autorizaciones para la fabricación, importación, utilización y en general la realización de actividades relacionadas con plaguicidas, fertilizantes y sustancias tóxicas».

En el artículo 143 de LGEEPA, dispone los plaguicidas, fertilizantes y demás materiales peligrosos, quedarán sujetos a las normas oficiales mexicanas que expidan en el ámbito de sus respectivas competencias, la secretaría y las secretarías de agricultura, ganadería, desarrollo rural, pesca y alimentación, de salud y de economía. El reglamento de esta ley establecerá la regulación, que dentro del mismo marco de coordinación deba observarse en actividades relacionadas con dichos materiales, incluyendo la disposición final de sus residuos, empaques y envases vacíos, medidas para evitar efectos adversos en los ecosistemas y los procedimientos para el otorgamiento de las autorizaciones correspondientes

A su vez, la LGEEPA, su Reglamento en Materia de Residuos Peligrosos y la norma técnica ecológica relativa a la clasificación de estos residuos NOM-052-

ECOL-1993 que establece las características de los residuos peligrosos, el listado de los mismos y los límites que hacen a un residuo peligroso por su toxicidad al ambiente (norma reformada y publicada en mayo 2006), publicados en el mismo año, establecen que los plaguicidas obsoletos y sus desechos se deben manejar como residuos peligrosos y sus generadores o poseedores deben darse de alta ante la autoridad ambiental federal hoy Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales: -SEMARNAT- e informar periódicamente acerca de la forma de manejo a la que los someten.

Más recientemente (el 8 de octubre de 2003), se publicó la Ley para la Prevención y Gestión Integral de los Residuos, que constituye el nuevo marco regulatorio al que deberá sujetarse el manejo de los desechos de plaguicidas o los plaguicidas caducados, así como la prevención de la contaminación de sitios con estos productos o residuos y la remediación de estos.

2.1.4. Importancia de la aplicación de plaguicidas

El uso de plaguicidas y fertilizantes ha aumentado de forma preocupante. Por un lado, la promoción de este modelo ha fomentado el control corporativo de todo el sistema alimentario, comenzando por la concentración del mercado de los insumos y por el otro ha conducido casi al exterminio de prácticas milenarias de producción de alimentos sanos para las personas y el medio ambiente (Arellano-Aguilar *et al.*, 2016).

Tan solo en México, se usaron en promedio 4.55 toneladas de plaguicidas (fungicidas, herbicidas e insecticidas) por cada 1000 hectáreas entre el año 2009 y 2010, y solo en 2013 se emplearon 37,455 toneladas de insecticidas; 31,195 toneladas de herbicidas y 42,223 toneladas de fungicida (FAO, 2016).

2.1.5. Tipos de plaguicidas comerciales utilizados

Según el documento Catalogo de plaguicidas 2016 de la Comisión Intersecretarial para el Control del Proceso y uso de Plaguicidas, Fertilizantes y Sustancias Tóxicas – COFEPRIS-, muestra todos los plaguicidas utilizados en los

diferentes tipos de cultivos por lo cual se realizó un filtro de los plaguicidas más utilizados y aquellos que se encuentren en la información proporcionada por CESAVEG en el 2013 al laboratorio de Tecnologías para la Sustentabilidad de la Universidad de Guanajuato, División Ciencias de la Vida, donde se evidencia los plaguicidas que utilizaremos en este proyecto.

2.1.6. Evolución de los plaguicidas en el suelo

Cuando un plaguicida se aplica en el campo, bien sea en forma de pulverización o líquido se distribuye en distintas fases del ambiente: suelo, agua, aire, animales y plantas. La distribución tendrá lugar de forma que la concentración en cada una de las fases sea en función tanto de las propiedades químicas del compuesto y en la forma en que se aplique (Eguizábal *et al.*, 2013).

2.1.7. Factores que regulan la evolución de los plaguicidas en el suelo

Para estos factores se consideran tres de mayor importancia: la influencia del medio, las propiedades del plaguicida y las características del suelo donde se van a depositar.

2.1.7.1. Influencia del medio

Dentro de la evolución de los plaguicidas en el suelo, la influencia del medio es un factor importante en cuanto a la adsorción de estos (Eguizábal *et al.*, 2013). Algunas de estas características se detallan a continuación:

- Temperatura

La volatilización de los plaguicidas se incrementa con la temperatura, así como su metabolización, la adsorción del plaguicida es un proceso exotérmico debido a que cuando los enlaces de hidrógeno o iónicos son formados, el calor se libera.

- Humedad

La humedad del suelo favorece la degradación de los plaguicidas, en general la humedad del suelo influye en la absorción y solubilidad de los plaguicidas (Aparicio et al., 2015).

2.1.7.2. Propiedades del plaguicida

a) Estructura química: Los compuestos cuya estructura sea estable son más persistentes, como es el caso de los organoclorados. Las características del plaguicida que están asociadas generalmente con la mayor adsorción son:

- Alta masa molecular.
- Tendencia a formar iones.
- Presencia de grupos químicos que incrementen la afinidad de la molécula por la superficie del suelo (Eguizábal et al., 2013; Aparicio *et al.*, 2015).

b) Volatilidad: representa la tendencia de un plaguicida a pasar al estado gaseoso. Esta característica se mide a través de la Constante de Henry (H). Un valor alto de H, indica que un plaguicida tiene un potencial elevado para volatilizarse desde el suelo a la atmósfera (Aparicio *et al.*, 2015).

c) Coeficiente de reparto: Se define como la relación de concentraciones de cualquier especie molecular entre dos fases en equilibrio. Esta relación se expresa mediante la ecuación:

$$K=C \text{ (fase)}/C \text{ (fase 2)}.$$

En el caso de plaguicidas se emplea el coeficiente de reparto octanol: agua (K_{ow}), que mide la hidrofobicidad de un compuesto, K_{ow} , proporciona una estimación de la posible distribución del contaminante entre el suelo (materia orgánica) y el agua, un valor bajo de K_{ow} indica la probable movilidad y transporte de ese material por su buena solubilidad y fácil metabolismo (Connell, 1997).

d) Solubilidad: Es un factor trascendente por dos razones fundamentales

- La fase líquida del suelo es una fase acuosa, lo que condiciona la dinámica del plaguicida asociado a dicha fase.

- Los plaguicidas con mayor carácter contaminante son poco solubles en agua.

Está relacionada con la adsorción y la persistencia. Si el coeficiente de adsorción del plaguicida es pequeño, indica una alta movilidad de un plaguicida soluble (Aparicio *et al.*, 2015).

e) Retención: Regula la tendencia del plaguicida a quedar retenido en el suelo, puede quedar en el interior de las partículas de suelo o en el interior de estas. Si el coeficiente de adsorción es pequeño, indica que tiene una alta movilidad.

f) Constantes de disociación (pKa) y basicidad (pKb): Son parámetros significativos para los plaguicidas que se comportan como ácidos y como bases débiles, ya que determinan el rango de pH en el que se comportan como especies neutras o ionizadas (Eguizábal *et al.*, 2013).

2.1.7.3. Características del suelo

a) Coloides del suelo: los suelos ricos en coloides adsorben más fuertemente a los plaguicidas y dentro de estos a los orgánicos con más intensidad que a los minerales, (Eguizábal *et al.*, 2013).

b) Arcillas: Los factores que influyen en la adsorción de los plaguicidas por los minerales de la arcilla son los siguientes:

- Naturaleza del silicato. Fundamentalmente la fuerza del enlace interlaminar. Así en la montmorillonita esta fuerza es débil, las láminas permanecen débilmente retenidas, lo que permite la entrada de moléculas orgánicas en el espacio interlaminar. Sin embargo, en la caolinita es fuerte, debido a los puentes de hidrógeno, entre oxígenos de superficie y grupos OH, la expansión se encuentra impedida, por lo que la adsorción es prácticamente imposible (Aparicio *et al.*, 2015).

c) Materia orgánica: es otro componente que actúa decisivamente en los fenómenos de adsorción de plaguicidas, la capacidad de cambio de las sustancias húmicas es más elevada que la de los minerales de la arcilla y tienen además una superficie específica mayor, por tanto, son más activas. A mayor contenido en materia orgánica más capacidad tendrá el suelo de fijar plaguicidas (Eguizábal *et al.*, 2013).

d) pH: La adsorción de ciertos compuestos químicos aumenta al bajar el pH. Los productos organofosforados son más persistentes en medios ácidos. Su efecto está directamente asociado al pKa del plaguicida y a las propiedades de carga variable del suelo y el potencial redox del mismo, que es la causa de ciertos procesos de degradación de plaguicidas (Aparicio *et al.*, 2015).

e) Estructura y textura: Las estructuras granulares presentan una elevada porosidad y favorecen la volatilización, oxidación y transporte del plaguicida; similares resultados dan los suelos de textura gruesa (Eguizábal *et al.*, 2013).

2.1.8. Plaguicidas organoclorados

Compuestos orgánicos que en su molécula contienen uno o más átomos de cloro y poseen una alta toxicidad, (Leal *et al.*, 2014).

2.1.8.1. Boscalid

El boscalid con nombre químico de acuerdo con la IUPAC: 2-cloro-N-(4'clorobifenil-2-il) nicotinamida o 3-piridincarboxamida, No. CAS: 188425-85-6; su fórmula química es C₁₈H₁₂Cl₂N₂O. Es un fungicida perteneciente al grupo de las anilidas (Figura 2.1). Es un sólido cristalino de color blanco, sin olor, solubilidad en agua 4.6 mg/L, soluble en diferentes solventes: acetona, acetonitrilo, metanol, etilacetano, y diclorometano y posee una persistencia alta (National Center for Biotechnology Information, 2018).

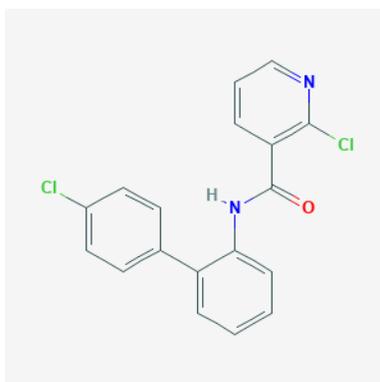


Figura 2.1 Estructura química del boscalid

2.1.8.2. Bifentrina

La bifentrina con nombre químico de acuerdo con la IUPAC (2-methyl-3-phenylphenyl) methyl (1S, 3S) -3 - [(Z) -2-cloro-3,3,3-trifluoroprop-1-enyl] -2,2-dimethylcyclopropane-1-carboxylat, N° CAS 82657-04-3 y fórmula molecular $C_{23}H_{22}ClF_3O_2$. Es un insecticida y acaricida piretroide (Figura 2.2). Aceite viscoso, color café, solubilidad en agua 0.1 mg/L, soluble en cloruro de metileno, cloroformo, acetona, éter y tolueno, poco soluble en heptano y metanol, no corrosivo y moderadamente persistente hasta 32 semanas (National Center for Biotechnology Information, 2018).

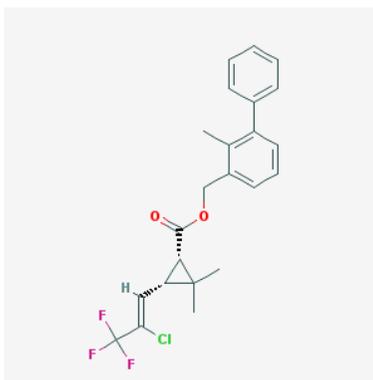


Figura 2.2 Estructura química de bifentrina

2.1.8.3. Fenvalerato

El fenvalerato con nombre químico de acuerdo con la IUPAC [Ciano- (3-fenoxifenil) metil] 2- (4-clorofenil) -3-metilbutanoato, N° CAS 51630-58-1 y fórmula molecular $C_{25}H_{22}ClNO_3$. Es un insecticida de amplio espectro piretroide (Figura 2.3). Es un líquido amarillo claro y viscoso con un olor suave, posee una solubilidad en agua , 2.4×10^{-2} mg / L a 22 grados C (agua de mar), acetona, cloroformo, metanol y hexano (National Center for Biotechnology Information, 2018).

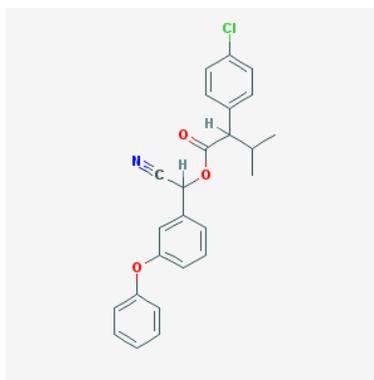


Figura 2.3 Estructura química del fenvalerato

2.2. Definición degradación

La degradación del suelo es la consecuencia directa de la utilización por el hombre. Bien como resultado de actuaciones directas como agrícola, forestal, ganadera, agroquímicos y riego, o por acciones indirectas, como son las actividades industriales, eliminación de residuos, transporte, etc (Dorronsoro, 2004).

2.2.1. Degradación de plaguicidas

Cuando un plaguicida es liberado en el medio ambiente interacciona con los componentes bióticos y abióticos de éste, sufriendo transformaciones en su estructura, capaces de modificar profundamente sus características fisicoquímicas y su acción biológica. Una degradación del plaguicida dará lugar a nuevos compuestos que no necesariamente han de ser menos tóxicos que la sustancia original; así cuando el producto de degradación resulta menos tóxico que la sustancia original se trata de una inactivación o detoxificación, si, por el contrario, el producto de degradación resulta con mayor toxicidad que el original, se trata de una activación (Walther *et al.*, 1981).

La degradación puede ser parcial o total, llegando en casos extremos a la obtención de compuestos inorgánicos como H₂O, CO₂, haluros, amonio, fosfatos, etc. Las reacciones de degradación son muy variadas (oxidación, reducción, hidrólisis, sustitución, eliminación de grupos funcionales, etc.) pudiendo estar mediadas tanto por agentes orgánicos (principalmente bacterias del suelo), como

inorgánicos. También son significativos otros procesos, como la fotólisis, no obstante, en la degradación de un plaguicida en campo, al producirse varios de estos fenómenos de forma simultánea y existir interacciones entre los diversos agentes degradantes, la cinética aparente de degradación del plaguicida puede ser muy diferente a la obtenida en ensayos de laboratorio, bajo condiciones rigurosamente controladas y donde normalmente se estudia un único proceso (Walther *et al.*, 1981).

2.2.2. Procesos de degradación

Cuando se pone en producción un suelo, podemos mantener el estado de vínculo que tiene naturalmente con los otros componentes del ambiente o bien podemos alterarlo. Esto va a depender de la calidad e intensidad de uso y manejo que ejecutemos en el mismo para obtener beneficios productivos (Dorronsoro, 2004).

Si cambiamos las interrelaciones de un ambiente, generamos otras, que pueden conducir a que se favorezcan procesos a “ritmos” o “velocidades” que el suelo no está en condiciones de soportar y conducimos al mismo a su degradación.

Estos procesos que llevan al suelo a disminuir su capacidad productiva inicial se conocen como “Procesos de degradación” y son (Dorronsoro, 2004):

- 1- Erosión
- 2- Degradación física
- 3- Degradación biológica
- 4- Degradación química
- 5- Desertificación.

Ortiz *et al.*, (2007) señalan que en la actualidad los métodos de recuperación biológicos de suelos contaminados son los mayormente investigados ya que prometen tecnologías más sencillas, económicas y respetuosas con el ambiente que otros tratamientos en los que los contaminantes simplemente son extraídos y transportados a otros lugares. Estos métodos pueden ser In situ o Ex situ.

2.3. Biorremediación

La biorremediación constituye una de las alternativas más económicas y sostenible para el tratamiento de suelos contaminados, donde los microorganismos son capaces de degradar estos compuestos o convertirlos a otros menos tóxicos para el medio ambiente (Adams *et al.*, 2015).

2.3.1. Atenuación natural

Es un método de remediación pasiva que depende de los procesos naturales para degradar y disminuir los contaminantes en el suelo y el agua subterránea (Kao *et al.*, 2001). Los resultados de la atenuación natural dependen de la presencia o ausencia de los microorganismos degradadores adecuados, oxígeno disuelto y el nivel de nutrientes y de la biodisponibilidad de los contaminantes (Menendez-Vega *et al.*, 2007).

Los contaminantes durante el proceso de atenuación natural se transforman en compuestos menos tóxicos mediante una serie de procesos que incluyen degradación debida al metabolismo microbiano, dispersión, dilución, sorción y volatilización (Brown *et al.*, 2007).

Es más frecuente, utilizar la atenuación natural como una segunda etapa de recuperación, tras una primera fase en la que se aplica alguna otra tecnología y se elimina con ella la mayor parte de la contaminación. En general, funciona mejor en los casos en que es posible eliminar la fuente de contaminación y, por tanto, dejan de incorporarse contaminantes al terreno.

2.3.2. Bioestimulación

La bioestimulación consiste en la introducción de modificaciones en el medio, mediante el aporte de nutrientes, aireación y otros procesos. En ocasiones será suficiente añadir oxígeno mediante aireación, aunque en otros se podría requerir la adición de nutrientes o ajustes de pH. En todo caso, estas aproximaciones son válidas siempre y cuando los microorganismos autóctonos

sean capaces de degradar el contaminante tras un proceso de aclimatación previa. En lo que se refiere a la adición de nutrientes, la biorremediación requiere que estos entren en contacto con el área impregnada por el contaminante y que su concentración sea suficiente para soportar el crecimiento máximo previsto de la población degradadora en el transcurso de las operaciones de remediación (Sánchez *et al.*, 2003).

La estrategia de descontaminación utiliza los agentes biológicos propios del suelo, en la idea de que los microorganismos indígenas, una vez adaptados y aclimatados, desarrollarán la capacidad de degradar los contaminantes, acelerando el proceso (Adams *et al.*, 2015).

Para este proceso de biorremediación los factores se eligieron basándose en las funciones de los macronutrientes y la relación óptima C: N: P.

2.3.2.1. Macronutrientes

1. Nitrógeno: es útil porque es el encargado de la producción de varios constituyentes celulares como aminoácidos, proteínas, enzimas, ácidos nucleicos entre otros. Una de las fuentes que se puede utilizar para obtener el nitrógeno es la urea generalmente con un contenido del 46% de nitrógeno, también es usado el sulfato de amonio y el estiércol como fuente orgánica.

2. Fósforo participa principalmente en la formación de compuestos energéticos y también permite la síntesis de fosfolípidos y ácidos nucleicos en los procesos de reproducción y degradación (Gómez Romero *et al.*, 2008).

El carbono es el elemento que estará constantemente en degradación y proporciona la energía que necesitan los microorganismos para generar productos metabólicos y llevar a cabo el proceso de degradación (Robles-González *et al.*, 2006).

La relación de nutrientes de carbono: nitrógeno: fósforo 100:10:1, es la más usada, pero puede variar de acuerdo con los factores que se presente en la investigación, dependiendo del caso de contaminación, los tipos de microorganismos, las características del ecosistema y las épocas del año; por ello previo a establecer la relación, se debe conocer el equilibrio nutricional adecuado a

ese medio. Numerosos estudios han propuesto otras relaciones de C/N/P como son: 100:15:1, 100:10:1, 100:20:1, 120:10:1, 100:5:1, 100:10:0,1, 20:5:1, etc. Se puede observar que lo que más varía es la proporción de nitrógeno manteniéndose constante la proporción C/P (Vallejo *et al.*2005; Gómez *et al.*2009; García *et al.* 2011; Acuña *et al.*2012; Betancur *et al.*2014).

En este estudio se adicionó el nitrógeno y fósforo, para poder mantener la relación de los nutrientes, partiendo que los suelos ya tienen el carbono con la proporción de molalidad (m), ya que la falta de estos podría limitar el crecimiento de microorganismos. Por lo anterior se adicionará al suelo el elemento faltante hasta generar la relación C: N: P ($m / m / m$) baja (100:10:1) y alta (100:20:1).

2.3.2.2. Otros factores por considerar para la bioestimulación

Los principales factores que se considera en el proceso de bioestimulación son la relación de los nutrientes, condiciones óptimas de temperatura, humedad y pH (Adams *et al.*,2015).

1. Temperatura: Los rangos de temperatura adecuada para el proceso de bioestimulación para la degradación de plaguicidas generalmente varían desde 18 a 30°C. Hay que tomar en cuenta que el rango de temperaturas depende de las características del lugar, la temperatura también influye en el comportamiento del contaminante, ya que puede alterar su volatilidad, solubilidad, movilidad entre otros. Es importante tener un control de la temperatura porque influye en el metabolismo de los microorganismos y en la tasa de biodegradación, las tasas de degradación generalmente aumentan cuando la temperatura incrementa (Ñustez, 2012; Adams *et al.*,2015).

2. Humedad: debe alcanzar un rango óptimo de 20 al 60 %, si la humedad está fuera de estos rangos, la actividad de los microorganismos puede verse afectada. La humedad interviene en el transporte de nutrientes y oxígeno. Un exceso de humedad puede reducir la presencia de oxígeno, la escasez de humedad afecta a la movilidad de nutrientes y gases (Ñustez, 2012).

3. pH: Presentan una influencia directa con la actividad metabólica de los microorganismos, así tenemos que para hongos el pH óptimo es de 5-8, mientras que las bacterias toleran un pH de 6 a 7.5.

2.3.3. Bioaumentación

Consiste en la introducción de especies de microorganismos que ayuden a la degradación de los contaminantes presentes en el suelo. La unión de estos sistemas de múltiples microorganismos conforma lo que se conoce como consorcio microbiano y representa un acercamiento a los modelos naturales (Muskus *et al.*, 2013). En los ecosistemas en donde las poblaciones microbiológicas degradadoras no son significativas, se han utilizado la bioaumentación con el propósito de incrementar la tasa de biodegradación de los contaminantes. Se prefiere la bioaumentación empleando microorganismos nativos, ya que otros microorganismos pueden presentar problemas de adaptación. Recientemente se ha considerado el uso de microorganismos genéticamente manipulados para la biorremediación de sitios contaminados (Muskus *et al.*, 2013; Adams *et al.*, 2015). Pero los factores bióticos y abióticos influyen en la adaptación de la microbiota introducida y por lo tanto afectan significativamente en el proceso de biorremediación (Gentry *et al.*, 2004).

Aunque la bioaumentación ha demostrado ser una técnica de desintoxicación efectiva para la rápida limpieza de plaguicidas, hay informes de su fracaso para la remediación de campo a gran escala. Aparte de esto, los costos y las inciertas consecuencias ecológicas a largo plazo aumentan la preocupación. Este hecho identifica la estimulación de consorcios naturales de microorganismos degradantes de plaguicidas como una solución más amigable para la remediación de suelos contaminados. Sin embargo, la elección correcta de estos dos métodos varía con la percepción de los diferentes profesionales en el área (Ramdas y Gerald, 2011).

Para la aplicación de esta técnica se utilizó un consorcio microbiano proporcionado por el Dr. César Díaz Pérez de la Universidad de Guanajuato, Campus Celaya-Salvatierra. Aislado de la presa El Bote, en el estado de Zacatecas, el cual se encuentra contaminado con metales pesados, son cuatro cepas

bacterianas las cuales se han comprobado que tienen la capacidad de resistir a los metales pesados y se encuentran identificadas por tinción y morfología de la siguiente manera, Gram positivas: Cocobacilos (S114-1A y S114-2) y Bacilos (S103), Gram negativas: Estreptobacilos (S404). Se quiere saber si estos microorganismos ayudan para la degradación de estos contaminantes en el suelo.

Existen gran diversidad de microorganismos capaces de degradar plaguicidas como el N-metilcarbamatos Entre ellos están bacterias como *Rhizobium* sp. *Sphingomonas* sp., *Novosphingobium* sp, *Paracoccus* sp., *Sphingobium* sp., *Bosea* sp, *Pseudomonas* sp. *Burkholderia* sp. y bacterias que pertenecen al grupo heterogéneo de los metilótrofos facultativos como *Aminobacter ciceronei* nov. ER2 (Castellanos & Rache, 2013).

Se ha reportado que diversas especies de hongos como *Trichoderma* que es capaz de degradar los plaguicidas organoclorados como el DDT, el dieldrin y el endosulfán, como también las especies *Fusarium* degradadores de los hidrocarburos policíclicos aromáticos (Argumedo-Delira *et al.*, 2009).

III.JUSTIFICACIÓN

La degradación del suelo es uno de los mayores problemas en la agricultura debido a sus malas prácticas, sobrexplotación y el uso constante de productos agroquímicos para acelerar la producción y eliminar las plagas que los atacan, ha generado un foco latente de contaminación que no solo afecta a éste, sino a los recursos aire y agua. En la actualidad existen normas que regulan el uso de estos productos y las cuales el agricultor está en la obligación de cumplir. Para equilibrar el daño que estos ocasionan al suelo existen diferentes técnicas de biorremediación (bioestimulación y bioaumentación) los cuales han demostrado un alto porcentaje de reducción del contaminante.

En base a lo anterior se pretende determinar si al utilizar estas técnicas individuales y combinadas disminuye la concentración de los plaguicidas en un suelo que ha sido contaminado.

IV.HIPÓTESIS

Al aplicar un proceso combinado de bioestimulación y bioaumentación se mejora la calidad de los suelos contaminados con boscalid, bifentrina y fenvalerato al reducir su concentración.

V.OBJETIVOS

5.1.OBJETIVO GENERAL

Evaluar el efecto de la bioestimulación y la combinación de bioestimulación-bioaumentación para la degradación del boscalid, bifentrina y fenvalerato en suelo.

5.2.OBJETIVOS ESPECÍFICOS

✓ Caracterizar fisicoquímicamente el suelo antes y después del tratamiento de biorremediación.

✓ Determinar el proceso de biorremediación que reduce la mayor cantidad de una mezcla de contaminantes en presencia y ausencia de nutrientes, y de un consorcio microbiano.

✓ Identificar los grupos bacterianos presentes en el suelo antes y después del tratamiento de biorremediación.

VI.METODOLOGÍA

6.1. Diseño del experimento, establecimiento de tratamientos y monitoreo

Todos los análisis fisicoquímicos se realizaron en el Laboratorio de Tecnologías para la Sustentabilidad, de la División Ciencias de la Vida (DICIVA), Campus Irapuato-Salamanca, de la Universidad de Guanajuato.

6.1.1. Suelo

Para la degradación de estos plaguicidas, se utilizó el suelo del Centro de Riego de la DICIVA. Se tomó suelo suficiente para efectuar una mezcla cuarteada para el experimento. Para cada tratamiento se necesitó una muestra de suelo de 2 Kg las cuales se depositó en charolas de plástico y se ubicaron en el Área Experimental para la Sustentabilidad en la DICIVA, al aire libre, bajo un techo para evitar posibles afectaciones en caso de lluvia.

6.1.2. Preparación del suelo contaminado

Para contaminar el suelo se disolvió el contaminante previamente en agua según las mezclas descritas abajo, para luego aplicarlo al suelo mediante un atomizador, moviendo manualmente el suelo para asegurar que la mezcla de los plaguicidas penetre homogéneamente a toda la muestra. Se trabajó con dos tipos de mezcla de contaminantes que son:

1. *Mezcla 1.* Concentración de plaguicidas será el límite máximo de residuo permitido LMR, (boscalid 1,2 ppm, bifentrina 3 ppm y fenvalerato 2ppm).
2. *Mezcla 2.* Concentración de plaguicida será el 20% más de lo permitido en LMR, (boscalid 1,44 ppm, bifentrina 3,6 ppm y fenvalerato 2,4 ppm).

Los productos comerciales utilizados cuyo ingrediente activo es el boscalid: Cantus®, bifentrina: Starion® 20 ME y fenvalerato: Fenvalerato □ 300 CE.

6.1.3. Preparación de los microorganismos.

Se hicieron dos cultivos de 120 ml de cada cepa. Se crecieron por 20 h, y se contaron el número de células/ml, obteniendo los valores mostrados en la Tabla 6.1.

Tabla 6.1 Número de células de cepas de los microorganismos

Cepa	Matraz	cel/ml	120 ml
S114 – 1A	1	1.60E+07	1.92E+09
	2	1.76E+07	2.11E+09
S103	1	1.28E+07	1.54E+09
	2	1.60E+07	1.92E+09
S404 – 2	1	2.56E+07	3.07E+09
	2	1.92E+07	2.30E+09
S114 – 2	1	3.52E+07	4.22E+09
	2	2.88E+07	3.46E+09

Se unieron los dos cultivos para asegurar un número suficiente de células para el experimento. Se centrifugaron y la pastilla se re-suspendió en 10 ml de glicerol al 10%, manteniendo una temperatura de 4°C para su conservación (Vázquez Banda *et al.*, 2017).

Antes de adicionar las cepas se desarrolló el proceso de centrifugado a 4000 rpm, para la eliminación del glicerol, lavando 2 veces con la solución salina 0.9% estéril. Se adicionó 1×10^8 células de cada cepa por tratamiento, por lo que se diluye las muestras en solución salina 0.9% estéril hasta el volumen indicado (Tabla 6.2) y se agrega 1 ml de cada solución celular a cada muestra (Vázquez Banda *et al.*, 2017).

Tabla 6.2 Volumen de dilución de cepas de microorganismo

Cepa	MI
S114 – 1 ^a	40.32
S103	34.56
S404 – 2	53.76
S114 – 2	76.8

6.1.4. Diseño del experimento

Para saber el porcentaje de degradación de los procesos de bioestimulación y de bioestimulación combinada con bioaumentación, se trabajó con diferentes mezclas de plaguicidas (M1 y M2), relaciones de nutrientes baja (100:10:1) y alta (100:20:1) y con la aplicación de microorganismos (sin m.o = sin microorganismos; y m.o = con microorganismos). Se utilizó un porcentaje de humedad constante para los diferentes tratamientos del 20 al 25%. La humedad se ajustó agregando agua estéril y corroborando su contenido con ayuda de una balanza por diferencia de peso todos los días durante el tratamiento. Se colocaron 2 Kg de suelo en cada charola y se efectuaron cuatro tratamientos en base al diseño experimental factorial fraccionado 2^{3-1} (Tabla 6.3).

Tabla 6.3 Tratamientos para evaluar el porcentaje degradación de la mezcla compuesta por bifentrina, boscalid y fenvalerato en suelo.

Tratamientos	Relación C-N-P	Microorganismos	Mezcla de plaguicidas
C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1	(100:10:1)	Adición de microorganismos	M1: Boscalid 1,2 ppm, bifentrina 3 ppm y fenvalerato 2 ppm.
C:N:P (100:20:1)+ Sin m.o + M1	100:20:1	Sin adición de microorganismos.	M1: Boscalid 1,2 ppm, bifentrina 3

			ppm y fenvalerato 2 ppm
C:N:P (100:20:1)+ m.o + M2	100:20:1	Adición de microorganismos	M2: Boscalid 1,44 ppm, bifentrina 3,6 ppm y fenvalerato 2,4 ppm.
C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2	100:10:1.	Sin adición de microorganismos	M2: Boscalid 1,44 ppm, bifentrina 3,6 ppm y fenvalerato 2,4 ppm.

A continuación, se describe las especificaciones de cada control.

- C1: Este control se define para simular las condiciones de un proceso de atenuación natural. Se contaminó el suelo con la mezcla 2, se mantuvo bajo las mismas condiciones ambientales y no se adicionó ninguna fuente de nutrientes. La humedad se mantuvo igual a los demás tratamientos.
- C2: Control abiótico. Se esterilizó 14Kg de suelo en autoclave operando a una temperatura de 125°C durante una hora por tres días alternados, para eliminar cualquier microorganismo vivo. Adicionalmente se agregó una dosis de quinoline como inhibidor microbiano, se tomó como referencia la máxima concentración efectiva (CE 50: 29 mg/kg).
- C3: Para este control, se contaminó el suelo con la mezcla 2 y se adicionó 1ml de cada solución celular de las cuatro cepas bacterianas, se mantuvo bajo las mismas condiciones ambientales y no se adicionó ninguna fuente de nutrientes. La humedad se mantuvo igual a los tratamientos.

Se evaluó en 2 tiempos (t): inicial (0 día) y final (30 días). Cada tratamiento se hizo por triplicado para obtener datos estadísticos confiables. Los resultados se analizaron de forma estadística con ayuda del software Statgraphics Centurion XV, considerando un valor de $p=95\%$.

La dosificación de nutrientes fue calculada mediante relaciones de molalidad de C:N:P, partiendo que el suelo ya posee la cantidad de carbono orgánico necesario, adicionando la cantidad de nitrógeno (urea) y fósforo (KH_2PO_4) requeridos para cada relación. Los análisis fisicoquímicos se evaluaron para cada tratamiento al inicio y final del periodo de incubación.

6.2. Análisis físico y químico del suelo contaminado

Se realizó análisis fisicoquímicos del suelo antes de ser contaminado y después de cada tratamiento establecido para la degradación de los plaguicidas en el tiempo inicial y tiempo final, se miden nitrógeno (N), fósforo (P), potencial de hidrógeno (pH), conductividad eléctrica (CE), porcentaje de humedad (%humedad), contenido carbono orgánico (CO), materia orgánica (MO), y textura del suelo; siguiendo lo propuesto por la norma NOM-021-SEMARNAT-2000, *“que establece las especificaciones de fertilidad, salinidad y clasificación de suelos. Estudios, muestreo y análisis”*.

6.2.1. Nitrógeno (N)

Se digirió 1.0 g de la muestra seca en un tubo de destilación con 25 ml de H_2SO_4 y dos pastillas para Kjeldhal libres de selenio, en seguida se realizó la digestión durante 1.5 h en un digestor (Büchi K-424). Después de que la mezcla se torna verde claro, se deja enfriar y se agregaron 60 ml de agua, 70 ml de NaOH al 32 %. La nueva mezcla se destiló por 3.0 min, recuperando el destilado en 60 ml de ácido bórico al 4 % y titulando con H_2SO_4 0.5 N (destilador Büchi B-324). Adicionalmente se prepararon de la misma forma blancos, empleando agua destilada en lugar de la muestra con el resto de los reactivos. Este método está basado en la hidrólisis de nitrógeno ligado orgánicamente a sales de amonio (NH_4^+) a través de digestión con ebullición, H_2SO_4 concentrado. La adición de un catalizador apropiado incrementa el punto de ebullición en la mezcla de digestión, el cual provoca que la reacción se complete (cualitativamente). Se agrega en exceso

sosa a la muestra digerida y el amoniaco es liberado de las sales de amonio. Se introduce vapor a la mezcla de digestión y el amoniaco es expulsado. El gas de amoniaco es colectado en un ácido y es determinado por titulación.

Para determinar la cantidad de nitrógeno en las muestras, se empleó la siguiente ecuación:

$$w(N) = \frac{(V_1 - V_{B1}) * F * c * f * M(N)}{m * 1000}$$

$$\%N = w(N) * 100\%$$

De donde

w(N): peso de la fracción de nitrógeno

V₁: cantidad de titulante de la muestra, mL

V_{B1}: cantidad promedio de titulante del blanco, mL

F: factor de reacción molar, 2 para H₂SO₄

c: concentración del titulante, mol/L

f: factor del titulante

M(N): peso molecular del nitrógeno, g/mol

m: peso de la muestra, g

1000: factor de conversión

%N: porcentaje del peso de nitrógeno

Interpretación de resultados de nitrógeno total

Los resultados de los análisis de nitrógeno total se pueden interpretar conforme a la siguiente clasificación, para determinar la cantidad de nitrógeno total en el suelo (Tabla 6.4).

Tabla 6.4 Cantidad de nitrógeno total en el suelo

Clase	N Total %
Muy bajo	< 0,05
Bajo	0,05 – 0,10
Medio	0,10 – 0,15

Alto	0,15 – 0,25
Muy alto	> 0,25

6.2.2. Potencial de hidrógeno (pH)

Se pesaron 2.0 g de muestra previamente secada a temperatura ambiente, se colocó la muestra en un tubo de vidrio y se agregó agua en relación 1:10. Posteriormente se agitó por 30 minutos y se dejó reposar 15 min, para después homogenizarlo de manera manual y se realizó la medición con un potenciómetro Accumet AB15. Para la interpretación de los resultados ver Tabla 6.5.

Tabla 6.5 Interpretación de resultados para clasificación de suelo respecto a su pH (NOM-021-SEMARNAT-2000).

Categoría	Valor De pH
Fuertemente ácido	< 5.0
Moderadamente ácido	5.1 - 6.5
Neutro	6.6 - 7.3
Medianamente alcalino	7.4 - 8.5
Fuertemente alcalino	8.5

6.2.3. Fósforo total

La determinación de fósforo se realizó mediante un equipo Hanna HI 83099 multiparamétrico. Para poder determinar fósforo en el suelo, se adaptó la metodología de análisis de agua. Se realizó una mezcla de suelo y agua en una relación de 0,1:10 (p/V), se agitó por 30 min y se dejó reposar la mezcla por 15min, antes de leerlo en el multiparamétrico. El instrumento muestra los resultados en mg/L de fósforo.

6.2.4. Conductividad eléctrica (CE)

Este parámetro se determinó con la misma mezcla que se utilizó para medir pH, solo que se agrega más agua destilada 30 mL y se deja reposar por 30 min. Luego se lee la muestra en un conductímetro Conductronic PC45.

6.2.5. Porcentaje de humedad

La humedad en el suelo se determinó con ayuda de una balanza de humedad (MB35 Halogen®), la cual por diferencia de pesos establece el contenido de humedad en las muestras.

6.2.6. Contenido de carbono orgánico (CO) y materia orgánica (MO)

Este procedimiento se realizó a través del método Walkley y Black, donde se pesó 0.5 g de suelo seco y tamizado, se le adiciono 10 ml de dicromato de potasio 1 N y 20 ml de H₂SO₄ concentrado, se dejó reposar durante 30 minutos, una vez transcurrido el tiempo de adición 200 ml de agua destilada, 5 ml de H₃PO₄ concentrado y 10 gotas del indicador de difenilamina. La muestra se tituló con la disolución de sulfato ferroso gota a gota hasta un punto final verde claro.

Para determinar el porcentaje de carbono orgánico en las muestras, se empleó la siguiente ecuación:

$$\%CO = \left(\frac{B - T}{g} \right) \cdot N \cdot (0,39) \cdot mcf$$

Donde:

B = Volumen de sulfato ferroso gastado para valorar el blanco de reactivos (ml).

T = Volumen de sulfato ferroso gastado para valorar la muestra (ml).

N = Normalidad exacta del sulfato ferroso (valorar por separado al momento de analizar las muestras).

g = Peso de la muestra empleada (g).

mcf = factor de corrección de humedad.

$$\% MO = \% C.O \times 1,724$$

Interpretación de Resultados de Materia Orgánica

Los valores de referencia para clasificar la concentración de la materia orgánica en los suelos minerales y volcánicos se presentan en la Tabla 6.6.

Tabla 6.6 Interpretación de resultados para clasificación de suelo respecto a su MO (NOM-021-SEMARNAT-2000).

Clase	Materia orgánica (%)	
	Suelos volcánicos	Suelos no volcánicos
Muy bajo	< 4.0	< 0.5
Bajo	4.1 - 6.0	0.6 - 1.5
Medio	6.1 - 10.9	1.6 - 3.5
Alto	11.0 - 16.0	3.6 - 6.0
Muy Alto	> 16.1	> 6.0

6.2.7. Textura del suelo

Se determinó por el método de Bouyoucos. Se pesó 60 g de suelo en un vaso de precipitado, se agregó 40 ml de agua oxigenada y se repite hasta que no haya efervescencia. Esto se hace para eliminar la materia orgánica de la muestra, se seca la muestra en la estufa. Una vez seca la muestra se pesó 50 g de suelo y se puso en un vaso de precipitado de 250 ml. Se adicionó agua hasta cubrir la superficie con una lámina de 2 cm. Se agregó 5 ml de oxalato de sodio y 5 ml de metasilicato de sodio y se dejó reposar durante 15 minutos, se agitó la muestra en agitador mecánico durante cinco minutos. Al finalizar el tiempo de agitación se pasó el contenido a una probeta de 1000 ml, se agregó agua destilada hasta completar un litro con el hidrómetro dentro de la suspensión. Se saca el hidrómetro y se

suspende el suelo con un agitador de mano operando durante un minuto. Tomar las lecturas del hidrómetro a los 40 segundos y después de 2 horas de terminada la dispersión con el agitador de mano.

Para el cálculo se deben corregir las lecturas del hidrómetro agregando 0.36 por cada grado centígrado arriba de 19.5°C restando la misma cantidad por cada grado abajo de dicha temperatura. La lectura a los 40 segundos multiplicada por 2 es igual al porcentaje de arcilla más limo. Restando de 100 se obtiene el porcentaje de arena. La lectura obtenida a 2 horas multiplicadas por 2 es igual al porcentaje de arcilla. El porcentaje de limo se obtiene por diferencia. Con los porcentajes de limo, arena y arcilla se determina la textura correspondiente con el triángulo de texturas.

6.3. Extracción de plaguicidas

Para la extracción de los plaguicidas, se envió 1Kg de muestra de suelo en tiempo inicial y final del tratamiento (C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1) y el control (C2) al Laboratorio de plaguicidas y sus residuos (LAPyR) del CESAVEG. Para el tratamiento (C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2.) se envió la muestra al Laboratorio de Análisis de Pesticidas del Bajío S.A. de C.V. del Centro de Control (CENCO).

6.4. Extracción ácido desoxirribonucleico (DNA) del suelo

Para la extracción de DNA, se utilizó el DNAeasy PowerSoil Kit de Qiagen. Se agregó 0,25 g de muestra de suelo al tubo PowerBead, el cual es una solución amortiguadora que contiene perlas de carga positiva donde se adhiere el DNA que es de carga negativa, se agregó 60 µl de solución C1 que contiene dodecilsulfato sódico (SDS) que desnaturaliza las proteínas. Se agitó por vortex a velocidad máxima durante 5 min, se centrifugó a 10,000 x g por 30 segundos. Se tomó el sobrenadante y se recolectó a un tubo limpio de 2 ml, posteriormente se agregó 250 µl de solución *inhibitors removal technology* (IRT- Solución C2) y se agitó en vortex durante 5 segundos se incubó a 4 °C - 5 min. En seguida se centrifugó 1 minuto a

10,000 x g, lo que ayuda a precipitar los restos celulares, proteínas y otros materiales orgánicos e inorgánicos que no son DNA. Luego, se tomaron 600 µl de sobrenadante a un tubo de recolección limpio de 2 ml y se agregó 200 µl de solución (IRT- C3). Enseguida se incubó a 4°C durante 5 min y se centrifugó durante 1 minuto a 10.000 x g. Se recuperó el sobrenadante hasta 750 µl a un tubo de recolección limpio de 2 ml y se adicionó 1200 µl de la solución C4, que es una solución de sal concentrada. Posteriormente, se cargó 675 µl en una columna MB Spin y se centrifugó a 10.000 xg durante 1 min, permitiendo que solo el DNA se adhiriera a la membrana. El DNA se lavó con 500 µl de una solución a base de etanol (solución C5), se centrifugó dos veces durante 30 s a 10,000 x g, para descartar cualquier residuo de esta solución a 10,000 x g. Finalmente el DNA se retiró de la membrana con 100 µl agua tridestilada estéril, la solución de DNA fue almacenado a -80°C.

6.4.1. Cuantificación del DNA

La cantidad y calidad del DNA obtenido se determinó con el equipo de NanoDrop Lite Spectrophotometer marca Thermo Scientific con una absorbancia (A) de 260/280 nm.

6.4.2. Integridad DNA

La integridad del DNA se verificó por electroforesis utilizando un gel de agarosa 1% con bromuro de etidio, 80 V por 40 min, en tampón 1x TAE (tris, acetato y EDTA, pH 8). Las muestras de DNA se cargaron con buffer de carga (azul de bromofenol y glicerol al 30%) y se usó marcador 1kb plus DNA Ladder. Las imágenes fueron capturadas en un foto-documentador Gel Doc de BIO-RAD.

6.4.3. Secuenciación del DNA

Una vez obtenido la cantidad y concentración adecuada del DNA total de las muestras de suelo, según lo solicitado por el Laboratorio de Servicios Genómicos del LANGEBIO, se enviaron para su secuenciación. Los procesos

incluyen Secuenciación por Síntesis (SBS), con el sistema de Illumina MiSeq, cuenta con un juego de primers para la amplificación de una región del 16S del ARNr bacteriano y de una región del ITS de hongos (Tabla 6.7).

Tabla 6. 7 Diseño de los amplicones por el LANGEBIO.

PRIMERS 16S	Secuencia	Base inicial	Región
357 F	5'CTCCTACGGGAGGCAGCA G 3'	339	V3
CD (R)	5'CTTGTGCGGGCCCCCGTC AATTC 3'	939	V6

0 100 200 300 400 500 600 700 800 900 1000 1100 1200 1300 1400 1500 bp

V1 V2 V3 V4 V5 V6 V7 V8 V9

PRIMERS ITS	Secuencia	Base inicial	Región
ITS 1	5'TCCGTAGGTGAACCTGCG G 3'	769-787	18s rRNA
ITS 4	5'TCCTCCGCTTATTGATATG C 3'	41-60	28s rRNA

ITS1 primer →

18s rRNA ITS1 region 5.8s ITS2 region 28s rRNA

← ITS4 primer

6.4.3.1. Composición taxonómica

Se utilizó el clasificador “RDP” y la base de datos de los dominios 16S, para generar las tablas de clasificación jerárquicas: “*phylum*”, “*class*”, “*order*”, “*family*” y “*genus*” y para los dominios ITS, para generar las tablas de clasificación jerárquicas: “*phylum*”, “*class*”, “*order*”, “*family*”, “*genus*” y “*specie*” (ver Anexo 1), estadísticos de clasificación jerárquica, el cual indica el porcentaje de identificación.

VII. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

7.1. Caracterización fisicoquímica y determinación de textura antes de la contaminación

Se realizó la caracterización fisicoquímica antes de contaminar el suelo y se clasificó de acuerdo con la norma NOM-021-SEMARNAT-2000, como un suelo con características agrícola. Los valores de los parámetros fueron los siguientes: pH 7,18, C.E. 0,19 mS (no significativa), %N 0,05 (muy bajo), contenido de fósforo 7,63 ppm (medio), contenido de CO 2,37 % (alto), MO 4,08% (alto), humedad 15%. Además, la textura del suelo fue 25,62 % de arena, 57,8% de arcilla y 16,58% de limo, clasificando el suelo de tipo arcilloso de acuerdo con el triángulo de textura.

La textura del suelo determina la capacidad de almacenamiento de agua del suelo, afectando el oxígeno disponible, el potencial redox y la actividad microbiana. La composición de especies microbianas en un suelo depende de la disponibilidad de agua, la textura del suelo determina la naturaleza de la población que degrada los contaminantes (Friedrich *et al.*, 2000). Por lo tanto, la adsorción de un plaguicida por el suelo puede extenderse desde poco o nada, hasta una inactivación total, dependiendo de la naturaleza de la fracción coloidal y de la estructura química del compuesto. Así, estudios experimentales han demostrado que los plaguicidas de uso más frecuente (clorados, fosforados, carbamatos), han permitido establecer el mecanismo de interacción entre estos compuestos y los minerales de la arcilla que tiene una gran capacidad de adsorción (Eguizábal *et al.*, 2013). Al tener un suelo donde su textura es arcillosa las moléculas de los plaguicidas serán adsorbidas por los minerales de la arcilla, siendo estas moléculas menos biodisponibles para los microorganismos que aquellas que están disueltas en la solución del suelo (Hang *et al.*, 2003; 2011).

7.2. Caracterización fisicoquímica de tratamientos y control

Durante el tratamiento de biorremediación se midió la temperatura atmosférica (máxima y mínima) diaria durante los 30 días, obteniendo como temperatura máxima un rango de 21-28 °C y mínima 2-15 °C. Adams *et al.*, 2015 determinaron que los rangos de temperatura adecuados para el crecimiento de microorganismos generalmente varían desde 18 a 30°C, siendo favorable la temperatura atmosférica reportada en esta investigación para la actividad microbiana.

Para la degradación de los plaguicidas influye manejar altas temperatura de 20 a 40 °C y en este experimento la máxima temperatura reportada es de 28°C a una mayor temperatura se rompen los enlaces y provocan la desorción de las moléculas del plaguicida, considerando más moléculas de plaguicidas disponibles en la disolución del suelo, por lo tanto, en la tasa de degradación a mayor temperatura aumenta la degradación (Hang *et al.*, 2005; Aparicio *et al.*, 2015). En un estudio realizado por Bidlan *et al.*, 2002, se demostró que a medida que se aumenta la temperatura, se incrementa también la tasa de degradación de DDT.

7.2.1. Conductividad en tratamientos y controles

En la Figura 7.1, se puede observar que la conductividad aumento tanto en los tratamientos como controles. Se considera que al aumentar la conductividad se podría estar evidenciando un proceso de salinización, por lo tanto, un aumento en la conductividad puede sugerir una interacción importante entre las partículas del suelo con la adsorción de sustancias orgánicas (Agudelo *et al.*, 2013). Sin embargo y de acuerdo con la norma NOM-021-SEMARNAT-2000, presentaron niveles aceptables de conductividad eléctrica, registrándose dentro de la denominación *No Salinos*.

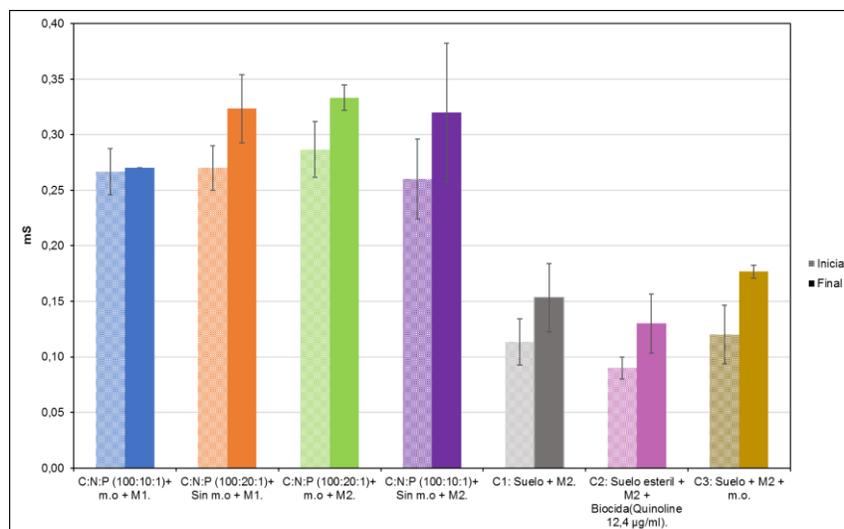


Figura 7.1 Variación de la conductividad en los diferentes tratamientos y controles.

7.2.2. pH en tratamientos y controles

El pH por lo general al aplicar un proceso de remediación disminuye por la formación de ácidos, los cuales pueden ser por la degradación de la materia orgánica (Figura 7.2), al disminuir éstos posteriormente aumenta los compuestos nitrogenados cuando se liberan como metano (Martínez *et al.*, 2008). En previas investigaciones se ha demostrado que la degradación de plaguicidas como el DDT y sus metabolitos es más favorable a pH cercano a 7, que a valores de pH básicos cercanos a 9 (Fang *et al.*, 2010). El DDT es uno de los plaguicidas más difícil de degradar en el suelo y tomándolo como referencia debido a que no se han reportado estudios de degradación de los contaminantes utilizados en esta investigación. Podemos observar que la degradación pudo verse afectada en los tratamientos y controles, porque el pH durante los 30 días de tratamiento estuvo en el rango de 8 -9.5. Se ha demostrado en experimentos de degradación bacteriana que en pH extremos la biodegradación se hace lenta. Afectado también al contaminante en su solubilidad, movilidad, disponibilidad y sus formas (Ñustez, 2012). Según la NOM-021-SEMARNAT-2000, el pH paso de fuertemente alcalino a mediana mente alcalino.

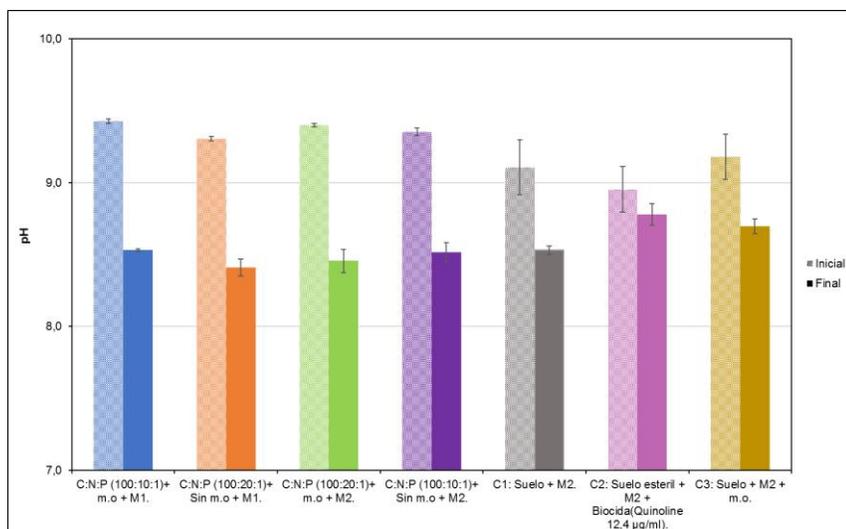


Figura 7.2 Variación de pH en los diferentes tratamientos y controles.

7.2.3. Nitrógeno y fósforo en tratamientos y controles

En la figura 7.3, podemos observar que el nitrógeno aumenta para el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 y el control C3: Suelo + M2 + m.o. El nitrógeno es un elemento fundamental en el metabolismo de los microorganismos, este es incorporado en las células bacterianas con el fin de producir aminoácidos, proteínas y ácidos nucleicos, al aumentar el nitrógeno se le atribuye que tiene una alta actividad microbiana; sin embargo, en los demás tratamientos y controles, se evidencia una disminución de éste, la concentración de nitrógeno puede disminuir en mayor proporción que la del fósforo durante la aplicación de tratamientos, debido a que los microorganismos necesitan una proporción de nitrógeno y fósforo de 10:1 para la asimilación y la síntesis del nuevo material celular (Metcalf *et al.*, 1996). Según la NOM-021-SEMARNAT-2000, el nitrógeno en el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 paso medio a muy alto y el control C3: Suelo + M2 + m.o paso de bajo a alto.

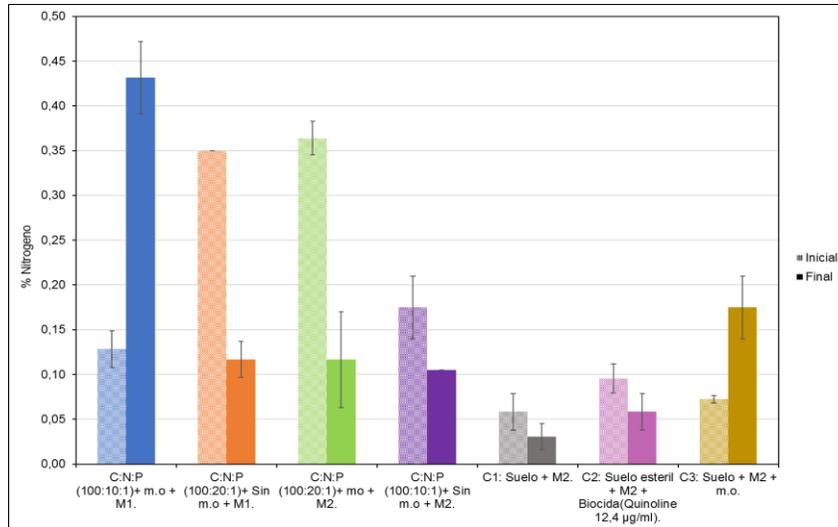


Figura 7.3 Variación de nitrógeno en los diferentes tratamientos y controles.

El fósforo aumento en los cuatro tratamientos y en el control C2 (Figura 7.4), este aumento se puede atribuir a la liberación de fosfatos por medio del proceso de actividad microbiana y la muerte inicial de la población de microorganismos durante la adaptación (Yaohui *et al.*, 2010). Según la NOM-021-SEMARNAT-2000, se considera un suelo alto en nivel de fósforo, mayor a 11 ppm.

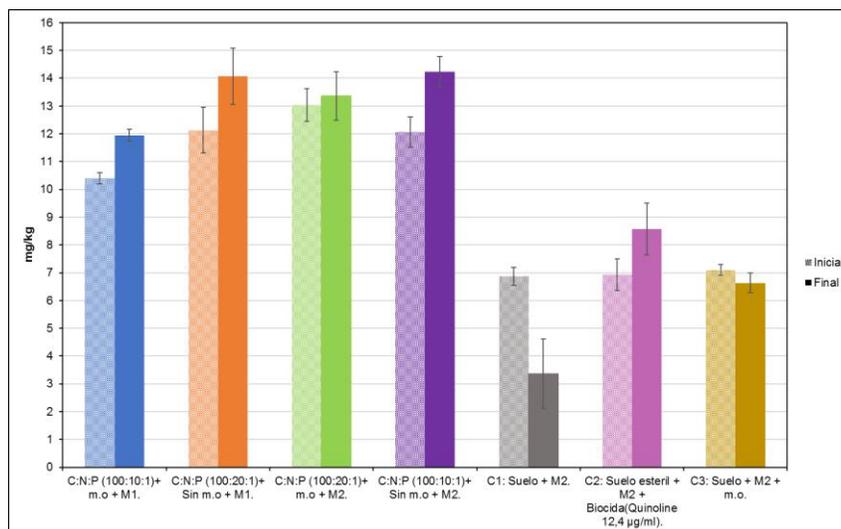


Figura 7.4 Variación de fosforo en los diferentes tratamientos y controles

7.2.4. Carbono orgánico y materia orgánica en tratamientos y controles

En la Figura 7.5 y 7.6, se observa que se obtuvo un aumento significativo del contenido de carbono y materia orgánica igual a lo reportado por Betancur *et al.*, 2015, lo cual evidencia que la adición de nitrógeno y fósforo a suelos contaminados con compuestos orgánicos estimula la biodegradación y aumenta la diversidad de especies microbianas. Se debe mantener una relación adecuada de la cantidad de nitrógeno y fósforo de suelo para que los microorganismos incorporen el contaminante como fuente de carbono para el crecimiento (Atagana *et al.*, 2003).

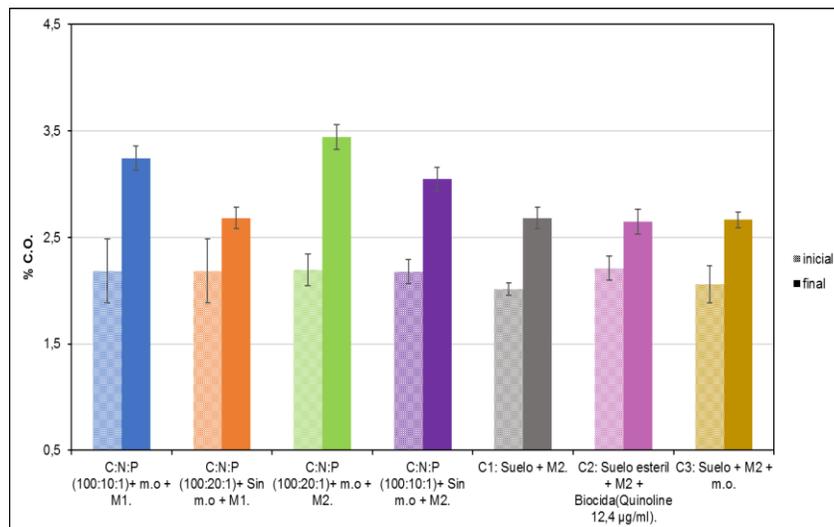


Figura 7.5 Variación de carbono orgánico en los diferentes tratamientos y controles.

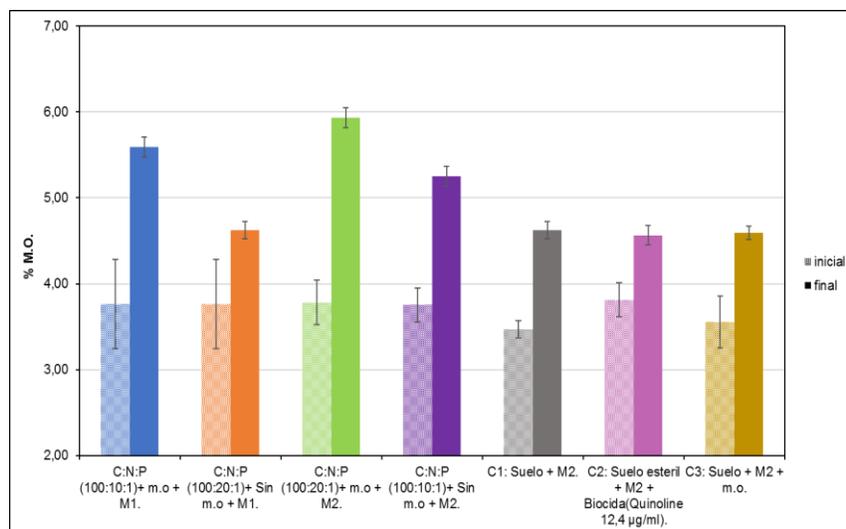


Figura 7.6 Variación de materia orgánica en los diferentes tratamientos y controles.

7.3. Degradación de los contaminantes

Al comparar el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 y C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2, se evidencia diferencias significativas en el porcentaje de remoción de los tres plaguicidas, en el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1, se generó una remoción del 7% bifentrina, 16% boscalid y 11% fenvalerato, en comparación para el tratamiento donde solo se aplicó bioestimulación C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2, no se tuvo ninguna remoción para la bifentrina pero si se obtuvo una remoción del boscalid de 23% y fenvalerato 8%.

Al comparar el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 con el control C2, se tiene que para este control se obtuvo una remoción 7% bifentrina, 13% boscalid y 5% fenvalerato, se presentó una diferencia significativa en la concentración del fenvalerato y una remoción menor en el boscalid, aunque la remoción de la bifentrina del tratamiento no tienen diferencia significativa con el control.

La relación C:N:P de 100:10:1 utilizado en esta investigación es comparable con lo reportado en la literatura para estudios de biorremediación donde se logró una remoción de plaguicidas (Pfaender *et al.*, 1973; Atagana *et al.*, 2003;

Betancur Corredor *et al.*,2015). Además, afirma que la humedad, temperatura, materia orgánica, tipo de arcilla, pH, intercambio iónico del suelo influyen en la persistencia y evolución de los productos químicos en el suelo.

La biorremediación por microorganismos es el principal mecanismo de degradación de plaguicidas y de desintoxicación en suelos, no se han reportado investigaciones previas donde se utilice este proceso de biorremediación para la degradación de una mezcla de este tipo de contaminantes en suelo, sin embargo, si se ha utilizado en previas investigaciones para la degradación del DDT (Mitra *et al.*, 1973; Pfaender *et al.*, 1973), y estudios para degradar los plaguicidas organofosforados, los reportados en la literatura científica son clorpirifós, malatión, fenamifos, diazinón, diclorvos, paratión, metil paratión, etoprofos, dimetoato, fosfato de tributilo, fenitrotión, profenofos, forato, metamidofos, triazofos, cadusafos y tetraclorvinfos (Hernández-Ruiz *et al.*, 2017).

En la Figura 7.7, se puede observar que la combinación de procesos de bioestimulación-bioaumentación para el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1, el tratamiento donde solo se aplicó bioestimulación C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2 y el control C2, letras diferentes indican diferencias significativas entre barras.

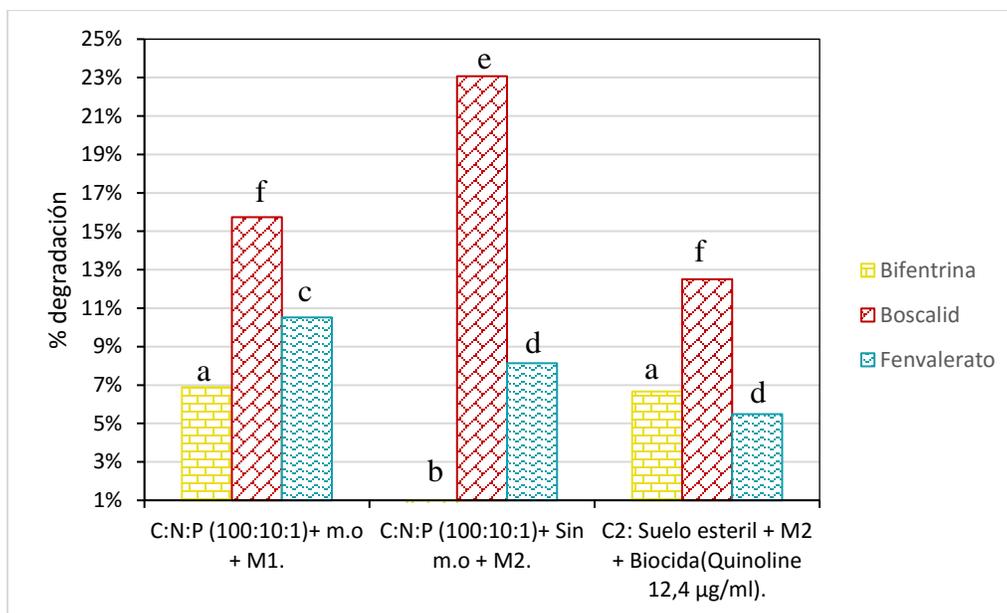


Figura 7.7 Degradación de los plaguicidas en tratamientos y control.

7.4. Extracción de DNA de las muestras de suelo.

Se cuantificó en el NanoDrop Lite la concentración del DNA del suelo sin contaminar y en los tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1, C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2 y el control C2 en la etapa inicial y final. La pureza del DNA se puede medir en base a la relación de absorbancias A260/280 y se considera que un DNA de pureza óptima tiene un valor entre 1.8-2.0. Un DNA de pureza aceptable debe tener al menos una relación A260/280 > 1.6. Un valor A260/280 < 1.6 indica una posible contaminación por compuestos aromáticos como fenoles y proteínas (Somma, 2007). En Tabla 7.1, se puede observar la concentración del DNA, cantidad DNA genómico y el A260/A280, cumpliendo con los requerimientos solicitados por el Laboratorio de Servicios Genómicos del Langebio (concentración del DNA no menor de 5 ng/µl, cantidad 200 ng de DNA genómico, integro y limpio y el cociente A260/A280 es de por lo menos 1,8). Se verificó por electroforesis la integridad del DNA (Figura 7.8), considerando que una muestra es íntegra cuando su perfil en una electroforesis en gel de agarosa corresponde a una banda de

acuerdo a su marcador molecular (1kb plus DNA Ladder), en este caso mayor a 10,000 pb es DNA genómico.

Tabla 7.1 Cuantificación del DNA extraído del suelo sin contaminar y tratamientos en etapa inicial y final.

Tratamientos	Tiempo días	Repetición	Concentración ng/ul	Cantidad DNA genómico ng	A260/A280
Suelo sin contaminantes			7,8	1560	1,94
C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1.	0	1	43,3	4330	1,55
		2	14	1400	1,82
		3	33,6	1680	1,79
C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2.		1	24,7	1235	1,76
		2	36,9	1845	1,65
		3	34,9	1745	1,79
C2: Suelo esteril + M2 + Biocida(Quinoline 12,4 µg/ml).		1	10,8	540	0,56
		2	6,2	310	1,21
		3	2,7	135	1,19
C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1.	30	1	23,5	1175	1,81
		2	32,3	1615	1,79
		3	24,2	1210	1,72
C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2.		1	34,6	1730	1,73
		2	35	1750	1,74
		3	33,3	1665	1,79
C2: Suelo esteril + M2 + Biocida(Quinoline 12,4 µg/ml).		1	10,3	515	1,46
		2	7	350	1,52
		3	7,2	360	1,54

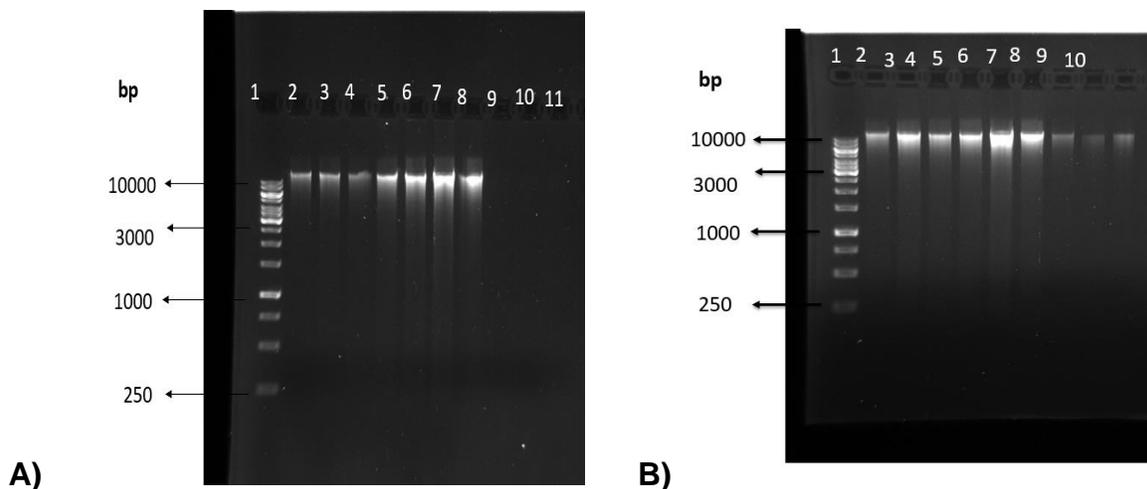


Figura 7.8. Extracción del DNA total del suelo **A) Tiempo Inicial:** Carril 1, marcador molecular. Carril 2, suelo sin contaminantes. Carril 3,4,5, C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1. Carril 6,7,8: C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2. Carril 9,10,11: C2: Suelo estéril + M2 + Biocida(Quinoline 12,4 µg/ml). **B) Tiempo Final:** Carril 1, marcador molecular. Carril 2,3,4: C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1. Carril 5,6,7: C:N:P (100:10:1)+ Sin m.o + M2. Carril 8,9,10: C2: Suelo estéril + M2 + Biocida (Quinoline 12,4 µg/ml).

7.4.1. Datos de la secuenciación

El número total de lecturas obtenidos en la secuenciación del DNA para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 tanto en la etapa inicial como final para bacterias 16S y hongos ITS. La Tabla 7.2, indica los nombres de cada muestra, así como el número de lecturas analizadas en la base de datos 16S y ITS.

Tabla 7.2 Numero de lecturas obtenidas en la secuenciación del DNA para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o.

Dominio	Nombre de la Muestra	Total, de lectura	Total, lecturas Filtrados por Calidad	Total, de archivos fasta para analizar	Total, de Hit al Dominio
16S	Suelo sin contaminar	99,178	65,136	63,511	62,986

16S	Tiempo inicial C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1.	102,596	73,908	71,913	71,399
16S	Tiempo final C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1	101,712	74,430	72,556	72,107
Total, 16S		303,486	213,474	207,980	206,492
ITS	Suelo sin contaminar	181,276	150,958	141,360	141,360
ITS	Tiempo inicial C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1.	119,756	95,528	87,734	87,734
ITS	Tiempo final C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1	117,980	91,622	84,233	84,233
Total, ITS		419,012	338,108	313,327	313,327

7.4.2. Composición taxonómica

Se analizaron los datos obtenidos en la secuenciación donde se evidenciaron microorganismos con un porcentaje de identificación menor a 1% (Anexo 1), tanto en hongos como en bacterias, en hongos se identificó la especie *Trichoderma* la cual es capaz de degradar plaguicidas, debido a su actividad enzimática, esta capacidad bioquímica permite vislumbrar el potencial de aplicación de *Trichoderma* en la biorremediación de sitios contaminados teniendo con ello una relevancia ecológica (Argumedo-Delira *et al.*, 2009).

En la Tabla 7.3 y 7.4, se reportaron solo aquellos microorganismos (hongos y bacterias) que tuvieran un porcentaje de identificación mayor o igual al 1%. Se encontró que una vez el suelo fue contaminado y se aplicó el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1, se evidencia nuevos microorganismos los cuales son los microorganismos que adicionamos o una especie que se generó por la adaptación a las nuevas condiciones del suelo. En la secuenciación se encontraron bacterias (géneros) y hongos (especie), únicos de cada muestra que no se evidenciaron en las demás tanto para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 (Tiempo inicial y final). También se identificaron microorganismos que estuvieron presentes en las tres muestras analizadas con un porcentaje de

identificación menor a 1% como *Paracoccus*, y *Pseudomonas*, que son bacterias capaces de degradar plaguicidas (Castellanos y Rache, 2013). Se identificaron géneros de bacterias las cuales tienen especies que son perjudiciales para el ser humano como el género *Enterococcus*, *Acinetobacter*, *Staphylococcus* y *Pseudomonas*, este último, comprende alrededor de 100 especies, siendo *Pseudomonas aeruginosa* la más conocida, debido a su capacidad infectiva y a sus cualidades como bioremediador, *Enterococcus faecium* (causa meningitis), *Staphylococcus aureus* (ocasiona infecciones en varias partes del cuerpo) *Acinetobacter baumannii* (causa neumonía severa) (Fariñas *et al.*, 2013). Para un porcentaje de identificación mayor al 1% se evidenciaron, para bacterias, los géneros *Rhizobium*, y *Sphingobium*, para hongos las especies *Fusarium*, los cuales tienen propiedades de biorremediadores de suelo (Castellanos y Rache, 2013; Argumedo-Delira *et al.*, 2009).

Tabla 7.3 Hongos encontrados en la secuenciación con porcentaje de identificación mayor o igual al 1%, para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 (Tiempo inicial y final).

Hongo (especie)	Suelo sin contaminar	Tiempo inicial C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1	Tiempo final C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1
<i>Alternaria alternata</i> / <i>Alternaria longipes</i>	X	X	X
<i>Aspergillus awamori</i>	X	-	-
<i>Aspergillus bridgeri</i> / <i>Aspergillus persii</i>	X	-	X
<i>Aspergillus dimorphicus</i> / <i>Aspergillus wentii</i>	-	-	X
<i>Aspergillus iizukae</i>	-	-	X
<i>Aspergillus insuetus</i>	-	-	X
<i>Aspergillus reptans</i> / <i>Eurotium niveoglaucum</i>	X	-	-
<i>Aspergillus versicolor</i>	-	-	X
<i>Bipolaris spicifera</i> / <i>Bipolaris tetramera</i>	X	X	-
<i>Capnodium coffeae</i>	-	-	X
<i>Chrysosporium lobatum</i>	-	-	X
<i>Cladosporium perangustum</i> / <i>Cladosporium tenuissimum</i>	X	-	-

<i>Cochliobolus pallescens</i>	X	X	X
<i>Coprinellus marculentus</i>	-	X	-
<i>Coprinopsis cinerea</i>	-	-	X
<i>Coprinopsis phlyctidospora / Coprinopsis rugosobispora</i>	-	-	X
<i>Dokmaia monthadangii</i>	-	X	-
<i>Edenia gomezpompae</i>	X	X	-
<i>Epicoccum sorghi</i>	-	-	X
<i>Eupenicillium rubidurum / Penicillium pimiteouiense</i>	-	-	X
<i>Exophiala pisciphila</i>	-	X	X
<i>Exserohilum rostratum</i>	-	X	
<i>Fusarium oxysporum</i>	X	X	X
<i>Gaertneriomyces semiglobifer</i>	X	-	-
<i>Gibellulopsis nigrescens / Verticillium nigrescens</i>	-	-	X
<i>Gymnostellatospora japonica</i>	-	-	X
<i>Hannaella zeae</i>	X	-	-
<i>Humicola fuscoatra</i>		X	X
<i>Leptosphaerulina chartarum</i>	-	X	X
<i>Mortierella alpina</i>	X	X	X
<i>Mortierella elongata</i>	X	X	X
<i>Mortierella exigua</i>	X	-	X
<i>Mortierella wolfii</i>	-	X	X
<i>Neopetromyces muricatus</i>	-	-	X
<i>Penicillium brevicompactum</i>	X	-	-
<i>Penicillium brocae</i>	X	-	-
<i>Penicillium canescens</i>	-	-	X
<i>Penicillium meleagrinum / Penicillium sumatrense</i>	X	-	X
<i>Penicillium sizovae</i>	-	-	X
<i>Periconia macrospinosa</i>	X	X	X
<i>Phoma glomerata</i>	X	-	
<i>Phoma paspali</i>	-	-	X
<i>Pithoascus langeronii</i>	-	-	X
<i>Podospora tetraspora</i>	-	-	X
<i>Preussia pilosella</i>	X	X	X
<i>Preussia terricola</i>	X	X	X
<i>Psathyrella pygmaea</i>	-	X	-
<i>Pseudozyma flocculosa</i>	-	-	X
<i>Rhizopus delemar</i>	-	X	-
<i>Rhizopycnis vagum</i>	X	X	X
<i>Spizellomyces dolichospermus</i>	X	-	-

<i>Sporisorium reilianum</i>	-	-	X
<i>Talaromyces purpurogenus</i>	-	X	X
<i>Talaromyces trachyspermus</i>	-	-	X
<i>Torula caligans</i>	-	X	X

X=Presencia del micrororganismo; -=Ausencia del microorganismo.

Tabla 7.4 Bacterias encontrados en la secuenciación con porcentaje de identificación mayor o igual al 1%, para el suelo sin contaminar y el tratamiento C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1 (Tiempo inicial y final).

Bacterias (genero)	Suelo sin contaminar	Tiempo inicial C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1	Tiempo final C:N:P (100:10:1)+ m.o + M1
<i>Acinetobacter</i>	-	X	-
<i>Adhaeribacter</i>	X	X	-
<i>Agromyces</i>	-	-	X
<i>Arthrobacter</i>	X	X	X
<i>Bacillus</i>	-	X	X
<i>Bradyrhizobium</i>	X	X	X
<i>Brevundimonas</i>	-	-	X
<i>Cystobacter</i>	-	X	-
<i>Delftia</i>	-	X	X
<i>Gemmatimonas</i>	X	X	X
<i>Gp (Acidobacterias) 3</i>	X	X	X
<i>Gp (Acidobacterias) 4</i>	X	X	X
<i>Gp (Acidobacterias) 5</i>	X	X	X
<i>Gp (Acidobacterias) 6</i>	X	X	X
<i>Gp (Acidobacterias) 7</i>	X	X	X
<i>Gp (Acidobacterias) 10</i>	X	X	-
<i>Gp (Acidobacterias) 16</i>	X	-	X
<i>Ilumatobacter</i>	X	-	X
<i>Kribbella</i>	X	-	-
<i>Lysobacter</i>	X	X	X
<i>Microvirga</i>	X	X	X
<i>Mycobacterium</i>	-	-	X
<i>Niastella</i>	-	X	-
<i>Nocardioides</i>	X	X	X
<i>Ohtaekwangia</i>	X	X	X
<i>Pedobacter</i>	-	-	X
<i>Phenylobacterium</i>	X	-	-

<i>Pontibacter</i>	-	-	X
<i>Pseudonocardia</i>	-	-	X
<i>Rhizobium</i>	-	X	X
<i>Rubrobacter</i>	X	X	X
<i>Solirubrobacter</i>	-	-	X
<i>Sphingomonas</i>	X	X	X
<i>Sporosarcina</i>	-	-	X
<i>Staphylococcus</i>	-	X	-
<i>Steroidobacter</i>	X	X	X
<i>Streptomyces</i>	X	-	X
<i>Subdivision3_genera_incertae_sedis</i>	X	X	-

X=Presencia del microorganismo; -=Ausencia del microorganismo.

VIII. CONCLUSIONES

El tratamiento por bioestimulación y bioaumentación permitió reducir la concentración de la mezcla de los tres plaguicidas, 7% bifentrina, 16% boscalid y 11% fenvalerato, mientras que en el tratamiento donde solo se aplicó bioestimulación, no se obtuvo remoción de la bifentrina, y fue mayor para el boscalid de 23% y menor para el fenvalerato 8%. En el control abiótico se obtuvo una remoción de 7% bifentrina la misma remoción que en el tratamiento, sin embargo, en los demás plaguicidas es menor la remoción, por lo tanto, se demuestra que la transformación puede ser atribuible a los procesos biológicos aplicados.

La identificación molecular de las bacterias que predominaron durante la biorremediación para el tratamiento de bioestimulación combinada con bioaumentación permitió determinar mediante análisis de la secuencia bacterias 16S y hongos ITS, donde predominaron las bacterias *Rhizobium*, *Sphingomonas*, *Novosphingobium*, *Paracoccus*, *Sphingobium*, *Pseudomonas* y *Burkholderia*. Para hongos las especies *Fusarium*. Previamente se ha demostrado la habilidad de estas bacterias de degradar pesticidas, compuestos aromáticos, herbicidas y compuestos organoclorados.

Esto permite concluir que la combinación de un proceso de bioestimulación y bioaumentación es efectivo para mejorar la calidad de un suelo, mediante la remoción de una mezcla de plaguicidas compuesta por bifentrina, boscalid y fenvalerato.

LITERATURA CITADA

Acuña, A.J., Tonín, N.L., Díaz, V., Pucci, G.N., Pucci, O.H. (2012). Optimización de un sistema de biorremediación de hidrocarburos a escala de laboratorio. *Ingeniería, investigación y tecnología*, 13(1), 105-112. Disponible: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-77432012000100011&lng=es&tlng=es. Consultado marzo 2018.

Adams, G. O., Fufeyin, P. T., Okoro, S. E., Ehinomen, I. (2015). Bioremediation, Biostimulation and Bioaugmentation: A Review. *International Journal of Environmental Bioremediation and Biodegradation*, 3(1), 28-39.

Agudelo, D.M., Flórez, M.T., López, C.,Palacio, J. (2013). Influencia de las condiciones fisicoquímicas del sedimento y la interfase agua-sedimento en la transferencia experimental del o,o-dietil o?- 3,5,6 tricloro-2-piridinil fosforotiato (clorpirifos) y el 3,5,6 tricloro-2-piridinol (tcp), en el embalse riogrande ii. *Revista Ingenierías Universidad de Medellín*, 12(23), 13-22. Disponible: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1692-33242013000200002&lng=en&tlng=es. Consultado Marzo 2018.

Álvarez-Medina, A., Silva-Rojas, H., Leyva-Mir, S., Marbán-Mendoza, N., Rebollar-Alviter, Á. (2017). Resistance of *Botrytis cinerea* from strawberry (*Fragaria x ananassa Duch.*) to fungicides in Michoacan Mexico. *Agrociencia*, 51 (7), 783-798.

Aparicio, V., De Gerónimo, E., Hernández Guijarro, K., Pérez, D., Portocarrero, R., Vidal, C. (2015). Los plaguicidas agregados al suelo y su destino en el ambiente. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Ediciones INTA. Libro de edición Argentina

Arellano-Aguilar, O., Rendón von Osten, J. (2016). LA HUELLA DE LOS

PLAGUICIDAS EN MÉXICO. Greenpeace México. Disponible: <http://www.greenpeace.org/mexico/es/Footer/Descargas/reports/Agricultura-sustentable-y-transgenicos/La-huella-de-los-plaguicidas-en-Mexico/>. Consultado Abril 2018.

Argumedo-Delira, R., Alarcón, A., Ferrera-Cerrato, R., Peña-Cabriales, J. (2009). El género fúngico *trichoderma* y su relación con contaminantes orgánicos e inorgánicos. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 25 (4), 257-269.

Atagana, H.I., Haynes, R.J., Wallis, F.M. (2003). Optimization of soil physical and chemical conditions for the bioremediation of creosote-contaminated soil. *Biodegradation* 14 (4), 297–307.

Betancur Corredor, B., Pino, N.J., Cardona, S., Peñuela, G.A. (2015). Evaluation of biostimulation and Tween 80 addition for the bioremediation of long-term DDT-contaminated soil. *Journal of Environmental Sciences*, 28, 101-109.

Bidlan, R., Manonmani, H.K. (2002). Aerobic degradation of dichlorodiphenyltrichloroethane (DDT) by *Serratia marcescens* DT-1P. *Process Biochemistry*, 38, 49-56.

Brown, R. A., Wilson, J. T., y Ferrey, M. (2007). Monitored natural attenuation forum: The case for abiotic MNA. *Remediation Journal*, 17(2), 127–137. <http://doi.org/10.1002/rem.20128>.

Castellanos Rozo, J., & RACHE CARDENAL, L. (2013). MICROORGANISMOS, ENZIMAS, PLÁSMIDOS Y GENES INVOLUCRADOS EN LA DEGRADACIÓN DE PLAGUICIDAS N-METILCARBAMATOS. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 29 , 105-119.

CESAVED. (2014). Buen uso y manejo de agroquímicos BUMA, recomendaciones generales. Disponible

[http://www.sagarpa.gob.mx/Delegaciones/distritofederal/Documents/CESAVE/Bum
a.pdf](http://www.sagarpa.gob.mx/Delegaciones/distritofederal/Documents/CESAVE/Bum
a.pdf). Consultado Abril 2018.

Comerford, N. (2003). Soil: Largest reactor on the planet. Disponible:
<https://soilsmatter.wordpress.com/2013/12/02/soil-largest-reactoron-the-planet/>
Consultado Mayo 2018.

Connell, D.W. (1997). Basic concepts of environmental chemistry. Lewis
Publishers. Boca Raton, Nueva York. 506.

Dorrnsoro, C. F. (2004). Introducción a la Edafología. Departamento de
Edafología y Química Agrícola. Unidad docente e investigadora de la Facultad de
Ciencias. Universidad de Granada, España.

Eden Wynter, R.C.A., Gallaga Solórzano, J.C., Conde Moo, P.C., Rosales
Castillo, J.A. (2016). Catálogo de plaguicidas. COFEPRIS.

Eguizábal R. A., Martínez S. M. T. y Sanz A. J. (2013). Actuación de los
fungicidas Piraclostrobín y Boscalid en procesos de sorción/desorción en suelo.
Comportamiento en campo de cultivo de vid. Tesis profesional. Universidad de la
Rioja, Facultad de ciencias, estudios agroalimentarios e informática. La Rioja.
España.

Fang, H., Dong, B., Yan, H., Tang, F., Yu, Y. (2010). Characterization of a
bacterial strain capable of degrading DDT congeners and its use in bioremediation
of contaminated soil. *Journal of hazardous materials*.184, 281–289.

Fariñas, M.C., Martínez-Martínez, L. (2013). Infecciones causadas por
bacterias gramnegativas multirresistentes: enterobacterias, *Pseudomonas*
aeruginosa, *Acinetobacter baumannii* y otros bacilos gramnegativos no
fermentadores. *Multiresistant Gram-negative bacterial infections: Enterobacteria,*

Pseudomonas aeruginosa, *Acinetobacter baumannii* and other non-fermenting Gram-negative bacilli. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*.31, 402-409

FAO, 2006. Código Internacional de conducta para la distribución y utilización de plaguicidas. Disponible: <http://www.fao.org/3/a-a0220s.pdf>. Consultado Abril 2018.

FAO, 2016. Estadísticas Disponible: <http://faostat.fao.org/download>. Organización de las Naciones Unidas para la agricultura y la alimentación. Roma. 40 p. Consultado Abril 2017.

FAO, organización de las Naciones Unidas para la alimentación y la agricultura, definiciones. Definiciones. (2017). Disponible: <http://www.fao.org/soils-portal/about/definiciones/es/>. consultado Abril 2017.

Friedrich, M., Grosser, R.J., Kern, E.A., Inskeep, W.P., Ward, D.M. (2000). Effect of model sorptive phases on phenanthrene biodegradation: molecular analysis of enrichments and isolates suggests selection based on bioavailability. *Appl. Environ. Microbiol.* 66 (7), 2703–2712.

García, E., Roldán, F., Garzón, L. (2011). Evaluación de la bioestimulación (nutrientes) en suelos contaminados con hidrocarburos utilizando respirometría. *Acta Biológica Colombiana.* 16(1), 195-208. Disponible: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2011000100015&lng=es&tlng=es. Consultado Abril 2018.

Gentry, H., Rensing, C., Pepper, I. 2004. New approaches for bioaugmentation as a remediation technology. *Critical reviews in environmental science and technology*, 34(5), 447-494.

Gómez Romero, S.E., Gutiérrez Bustos, D.C., Hernández Marín, A.M., Hernández Rodríguez, C.Z., Losada Casallas, M., Mantilla Vargas, P.C. (2008). Factores bióticos y abióticos que condicionan la biorremediación por *Pseudomonas* en suelos contaminados por hidrocarburos. *NOVA* 6(9), 76-84.

Gómez, W., Gaviria, J., Cardona, S., (2009). Evaluación de la bioestimulación frente a la atenuación natural y la bioaumentación en un suelo contaminado con una mezcla de gasolina-diésel. *DYNA*, 76(160), 83-93. Disponible: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0012-73532009000400008&lng=es&tlng=es.

Hang S., Barriuso E., Houot S. (2003). Behavior of ¹⁴C-Atrazine in Argentinean topsoils under different cropping managements. *Journal of Environmental Quality* 32, 2216-2222.

Hang S., Barriuso E., Houot S. (2005). Atrazine behaviour in the different pedological horizons of two Argentinean non-till soil profiles. *Weed Research* 45, 130–139.

Hang S., Mercuri P., Díaz-Zorita M., Havrylenko S., Barriuso E. (2011). Satellite images as a tool to identify accelerated atrazine mineralization in soils. *Crop Protection* 30, 663-670.

Hernández-Ruiz, G.M., Álvarez-Orozco, N.A., Ríos-Osorio, L.A. (2017). Biorremediación de organofosforados por hongos y bacterias en suelos agrícolas: revisión sistemática. *Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 18(1), 138-159. https://dx.doi.org/10.21930/rcta.vol18_num1_art:564

Kao, C., Chen, S., Liu, J., Wang, Y. (2001). Application of microbial enumeration technique to evaluate the occurrence of natural bioremediation. *Water*

Research, 35(8), 1951– 1960. Disponible: [http://doi.org/10.1016/S0043-1354\(00\)00482-6](http://doi.org/10.1016/S0043-1354(00)00482-6).

Landeros, J., Ail, C. E., Cerna, E., Ochoa, Y., Guevara, L., Aguirre, L. A. (2010). Susceptibilidad y mecanismos de resistencia de *Tetranychus urticae* (Acariformes: Tetranychidae) en rosal de invernaderos. *Revista Colombiana de Entomología*, 36(1), 5-9. Disponible: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-04882010000100002&lng=en&tlng=pt. Consultado Abril 2018.

Leal Soto, S., Valenzuela Quintanar, A., Gutiérrez Coronado, M., Bermúdez Almada, M. and García Hernández, J. (2014). Residuos de plaguicidas organoclorados en suelos agrícolas. *Terra latinoamericana*, 32(1),1-10.

Magan, N., Fragoeiro, S., Bastos, C. (2010). Environmental factors and bioremediation of xenobiotics using white rot fungi. *J. Mycobiology*, 38(4), 238-248.

Martínez, H.E., Fuentes E.J., Acevedo, H.E. (2008). Carbono orgánico y propiedades del suelo. *Revista de la ciencia del suelo y nutrición vegetal*, 8(1), 68-96. Disponible: <https://dx.doi.org/10.4067/S0718-27912008000100006>.

Menendez-Vega, D., Gallego, J. L. R., Pelaez, A. I., Fernandez de Cordoba, G., Moreno, J., Muñoz, D., y & Sanchez, J. (2007). Engineered in situ bioremediation of soil and groundwater polluted with weathered hydrocarbons. *European Journal of Soil Biology*, 43(5), 310–321. Disponible: <http://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2007.03.005>.

Metcalf & Eddy (1996). Ingeniería de aguas residuales. Tratamiento y reutilización. Ed. McGraw Hill. México.

Mitra, J., Raghu, K. (1998). Long-term DDT pollution in tropical soils: effect of DDT and degradation products on soil microbial activities leading to soil fertility. *Bulletin of environmental contamination and toxicology*, 60(4), 585–591.

Muskus M.A.M., Santoyo M. C., Plata Q. L. S. (2013). Evaluación de las técnicas de atenuación natural, bioventing, bioaumentación y bioaumentación-bioventing, para la biodegradación de diésel en un suelo arenoso, en experimentos en columna. *Gestion y ambiente*, 16(2), 83-94.

National Center for Biotechnology Information. 2018. PubChem Compound Database. Disponible: <https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/compound/213013>. Consultado Mayo 2018.

Ñustez Cuartas, D.C. (2012) *Biorremediación para la degradación de hidrocarburos totales presentes en los sedimentos de una estación de servicio de combustible*, 1 ed., Pereira-España.

Ortiz Bernad, I., Sanz García, J., Dorado Valiño, M., Villar Fernández, S. (2007). *Técnicas de recuperación de suelos contaminados. Informe de vigilancia tecnológica. Círculo de Innovación en Tecnologías Medioambientales y Energía CITME*. Universidad de Alcalá España.

Pfaender, F. K., Alexander, M. (1973). Effect of nutrient additions on the apparent cometabolism of DDT. *Journal of agricultural and food chemistry*. 21(3), 397–399.

Pimmata, P., Reungsang A., Plangklang, P. (2013). Comparative bioremediation of carbofuran contaminated soil by natural attenuation, bioaugmentation and biostimulation. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 85 (2013), 196-204.

Ramdas, G.K y Gerald, K.S. (2011). Review Article Biostimulation for the Enhanced Degradation of Herbicides in Soil. Applied and Environmental Soil Science, 2011 (2011),1-10. Disponible: <http://dx.doi.org/10.1155/2011/843450>.

Robles-González, I., Ríos-Leala, E., Ferrera-Cerratob, R., Esparza-Garcia, F., Rinderkenecht-Seijasc, N., Poggi-Varaldoa, H.M. (2006). Bioremediation of a mineral soil with high contents of clay and organic matter contaminated with herbicide 2, 4-dichlorophenoxyacetic acid using slurry bioreactors: effect of electron acceptor and supplementation with an organic carbon source. Process Biochemistry, 41(9), 1951-1960.

Sánchez, M.J., Rodríguez Gallego, J.L. (2003). Biorremediación. Fundamentos y aspectos microbiológicos. Industria y minería, 351,12-16.

SEMARNAT, Secretaría de medio ambiente y recursos naturales. (2002). norma oficial mexicana NOM-021-SEMARNAT-2000 que establece las especificaciones de fertilidad, salinidad y clasificación de suelos, estudio, muestreo y análisis. Diario Oficial de La Federación.

Somma, M. (2007). Extracion y purificacion de ADN. WORD HEALTH ORGANIZATION REGIONAL OFFICE FOR EUROP: European commission.

Vallejo, V., Salgado, L., Roldan F. (2005). Evaluación de la bioestimulación en la biodegradación de TPHs en suelos contaminados con petróleo. Revista Colombiana de Biotecnología. 7(2), 67-78.

Vázquez Banda, M.R., Sánchez Calderón, L., Díaz Pérez, C. (2017). Aislamiento y caracterización filogenética de bacterias resistentes a metales pesados del estado de zacatecas. Jóvenes en la ciencia, 3(2),12-16.

Volke Sepúlveda, T., Velasco Trejo, J. A., De la Rosa Pérez, D. A. (2005). Suelos contaminados por metales y metaloides: muestreo y alternativas para su remediación. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Instituto Nacional de Ecología.

Walther, B.W., Rudolph, G., Bruncksl, N. (1981). DEGRADACION E INACTIVACION DE PLAGUICIDAS. 216,1980–1981.

Wang, Q., Xie, S., Hu, R. (2013). Bioaugmentation with *Arthrobacter* sp. strain DAT1 for remediation of heavily atrazine-contaminated soil. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 77 (2013), 63-67.

Yaohui, X., Mang, L.(2010). Bioremediation of crude oil-contaminated soil: Comparison of different biostimulation and bioaugmentation treatments. *Journal of Hazardous Materials*. 183(1-3),395-401.

ANEXO

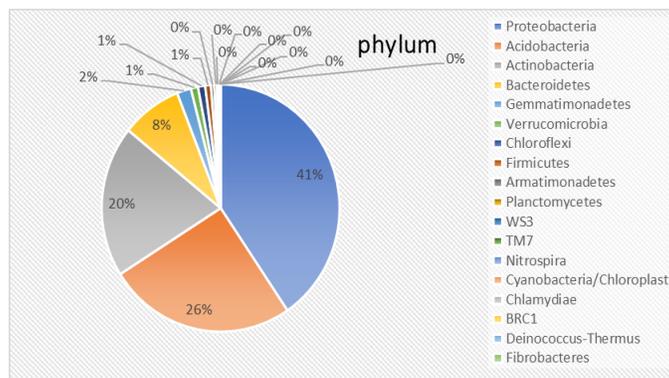
Anexo 1: Estadísticos de clasificación jerárquica.

1. Suelo sin contaminar

1.1. Reporte bacteriano 16S.

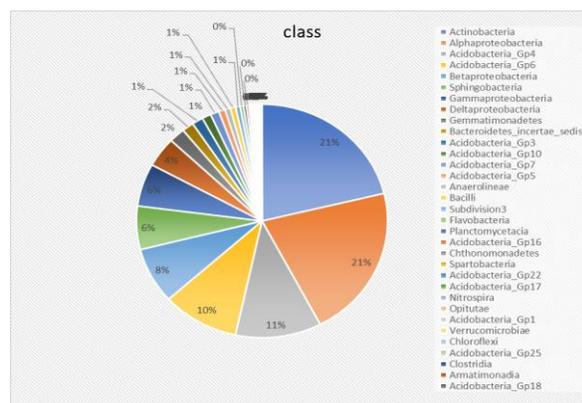
- Phylum

Phylum		Porcentaje de identificación
Proteobacteria	19213	41%
Acidobacteria	12098	26%
Actinobacteria	9398	20%
Bacteroidetes	3886	8%
Gemmatimonade	912	2%
Verrucomicrobia	462	1%
Chloroflexi	460	1%
Firmicutes	365	1%
Armatimonadetes	213	0%
Planctomycetes	180	0%
WS3	93	0%
TM7	63	0%
Nitrospira	54	0%
Cyanobacteria/Ch	12	0%
Chlamydiae	5	0%
BRC1	3	0%
Deinococcus-The	2	0%
Fibrobacteres	2	0%



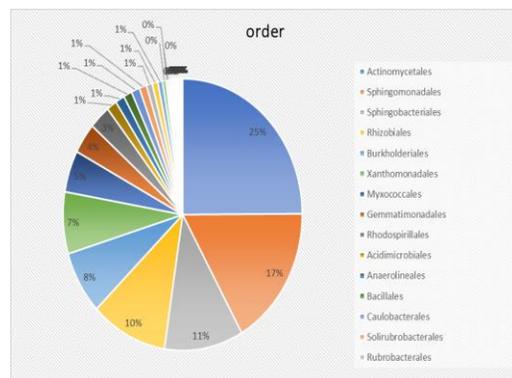
- Class

Class		Porcentaje de identificación
Actinobacteria	9398	21%
Alphaproteobacteria	9362	21%
Acidobacteria_Gp4	4910	11%
Acidobacteria_Gp6	4397	10%
Betaproteobacteria	3422	8%
Spingobacteria	2665	6%
Gammaproteobacteria	2624	6%
Deltaproteobacteria	1831	4%
Gemmatimonadetes	912	2%
Bacteroidetes_incertae_sedis	671	2%
Acidobacteria_Gp3	636	1%
Acidobacteria_Gp10	517	1%
Acidobacteria_Gp7	493	1%
Acidobacteria_Gp5	368	1%
Anaerolineae	312	1%
Bacilli	302	1%
Subdivision3	263	1%
Flavobacteria	185	0%
Planctomycetacia	165	0%
Acidobacteria_Gp16	137	0%
Chthonomonadetes	107	0%
Spartobacteria	75	0%
Acidobacteria_Gp22	74	0%
Acidobacteria_Gp17	67	0%
Nitrospira	54	0%
Opitutae	53	0%
Acidobacteria_Gp1	43	0%
Verrucomicrobiae	35	0%
Chloroflexi	34	0%
Acidobacteria_Gp25	32	0%
Clostridia	31	0%
Armatimonadia	30	0%
Acidobacteria_Gp18	20	0%
Acidobacteria_Gp2	19	0%
Bacteroidia	15	0%
Thermomicrobia	12	0%
Phycisphaerae	12	0%
Cyanobacteria	9	0%
Chlamydiae	5	0%
Acidobacteria_Gp15	4	0%
Caldilineae	4	0%
Epsilonproteobacteria	3	0%
Erysipelotrichia	3	0%
Negativicutes	2	0%
Deinococci	2	0%
Fibrobacteria	2	0%
Acidobacteria_Gp21	1	0%
Acidobacteria_Gp9	1	0%



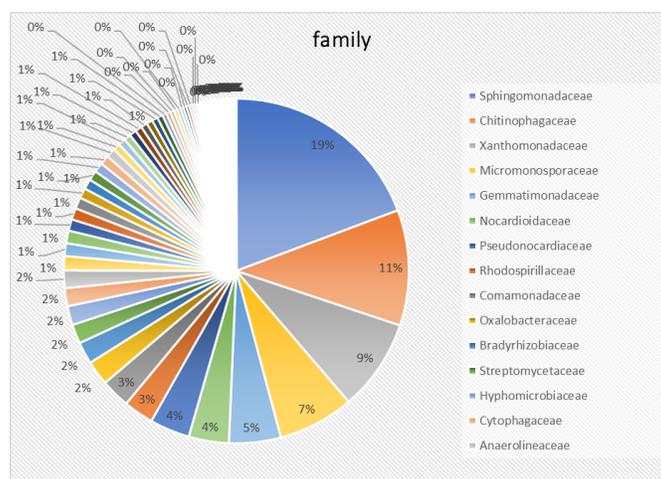
- Order

Order		Porcentaje de identificación
Actinomycetales	6229	25%
Sphingomonadales	4224	17%
Sphingobacterales	2665	11%
Rhizobiales	2590	10%
Burkholderiales	1885	8%
Xanthomonadales	1842	7%
Myxococcales	1244	5%
Gemmatimonadales	912	4%
Rhodospirillales	719	3%
Acidimicrobiales	341	1%
Anaerolineales	312	1%
Bacillales	285	1%
Caulobacterales	284	1%
Solirubrobacterales	251	1%
Rubrobacterales	202	1%
Flavobacterales	185	1%
Planctomycetales	165	1%
Chthonomonadales	107	0%
Pseudomonadales	59	0%
Nitrospirales	54	0%
Opitutales	53	0%
Rhodocyclales	42	0%
Rhodobacterales	36	0%
Verrucomicrobiales	35	0%
Alphaproteobacteria_incertae_sedis	31	0%
Armatimonadales	30	0%
Nitrosomonadales	28	0%
Chloroflexales	26	0%
Clostridiales	26	0%
Bdellovibrionales	19	0%
Legionellales	15	0%
Bacteroidales	15	0%
Methylophilales	12	0%
Phycisphaerales	12	0%
Lactobacillales	10	0%
Alteromonadales	9	0%
Chromatiales	8	0%
Euzebyales	8	0%
Sphaerobacterales	8	0%
Chlamydiales	5	0%
Caldiineales	4	0%
Enterobacterales	3	0%
Campylobacterales	3	0%
Erysipelotrichales	3	0%
Neisseriales	2	0%
Desulfuromonadales	2	0%
Selenomonadales	2	0%
Deinococcales	2	0%
Fibrobacterales	2	0%
Thiotrichales	1	0%
Syntrophobacterales	1	0%
Thermoleophilales	1	0%
Coriobacterales	1	0%
Thermoanaerobacterales	1	0%



- Family

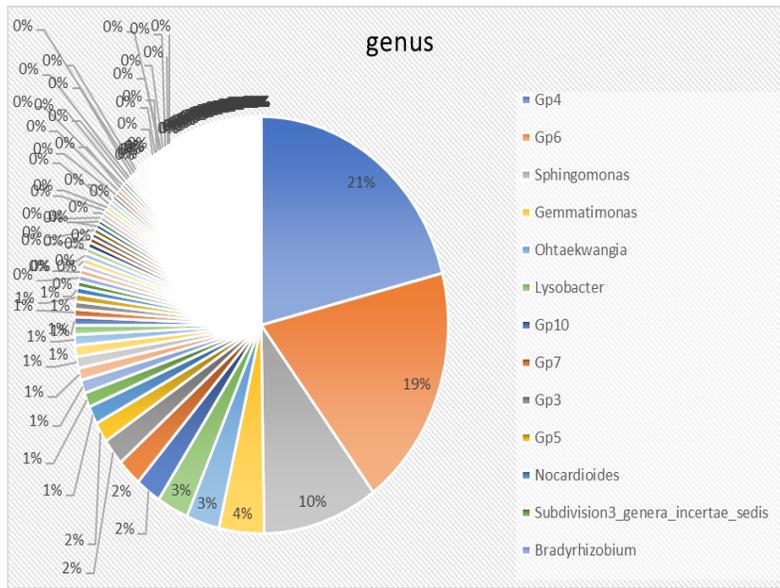
Family		Porcentaje de identificación			
Sphingomonadaceae	3626	19%	Nannocystaceae	18	0%
Chitinophagaceae	2040	11%	Xanthobacteraceae	17	0%
Xanthomonadaceae	1615	9%	Kineosporiaceae	16	0%
Micromonosporaceae	1340	7%	Coxiellaceae	15	0%
Gemmatimonadaceae	912	5%	Conexibacteraceae	15	0%
Nocardioideae	708	4%	Planococcaceae	14	0%
Pseudonocardiaceae	705	4%	Alcaligenaceae	12	0%
Rhodospirillaceae	531	3%	Methylophilaceae	12	0%
Comamonadaceae	514	3%	Bdellovibrionaceae	12	0%
Oxalobacteraceae	435	2%	Alicyclobacillaceae	12	0%
Bradyrhizobiaceae	389	2%	Phycisphaeraceae	12	0%
Streptomycetaceae	338	2%	Rhizobiales_incertae_sedis	11	0%
Hyphomicrobiaceae	334	2%	Chromatiaceae	8	0%
Cytophagaceae	316	2%	Euzebyaceae	8	0%
Anaerolineaceae	312	2%	Sphaerobacteraceae	8	0%
Caulobacteraceae	251	1%	Streptococcaceae	8	0%
Sinobacteraceae	226	1%	Peptostreptococcaceae	8	0%
Acidimicrobiaceae	222	1%	Nocardiaceae	7	0%
Burkholderiales_incertae_sedis	203	1%	Cryomorphaceae	7	0%
Rubrobacteraceae	202	1%	Bacillaceae 2	7	0%
Microbacteriaceae	200	1%	Methylocystaceae	6	0%
Methylobacteriaceae	180	1%	Shewanellaceae	6	0%
Flavobacteriaceae	177	1%	Bacteriovoracaceae	6	0%
Polyangiaceae	173	1%	Porphyromonadaceae	6	0%
Erythrobacteraceae	170	1%	Clostridiaceae 1	6	0%
Planctomycetaceae	165	1%	Brucellaceae	5	0%
Micrococcaceae	164	1%	Patulibacteraceae	5	0%
Bacillaceae 1	127	1%	Lachnospiraceae	5	0%
Sphingobacteriaceae	125	1%	Cellulomonadaceae	4	0%
Thermomonosporaceae	123	1%	Flammeovirgaceae	4	0%
Propionibacteriaceae	122	1%	Saprosiraceae	4	0%
Cystobacteraceae	119	1%	Caldilineaceae	4	0%
Rhizobiaceae	113	1%	Ruminococcaceae	4	0%
Chthonomonadaceae	107	1%	Bartonellaceae	3	0%
Mycobacteriaceae	101	1%	Enterobacteriaceae	3	0%
Solirubrobacteraceae	99	1%	Alteromonadaceae	3	0%
Intrasporangiaceae	74	0%	Helicobacteraceae	3	0%
Phaselicystidaceae	71	0%	Erysipelotrichaceae	3	0%
Geodermatophilaceae	71	0%	Parachlamydiaceae	3	0%
Phyllobacteriaceae	61	0%	Neisseriaceae	2	0%
Pseudomonadaceae	58	0%	Sporichthyaceae	2	0%
Streptosporangiaceae	54	0%	Glycomycetaceae	2	0%
Nitrospiraceae	54	0%	Bacteroidaceae	2	0%
Opitutaceae	53	0%	Thermoactinomycetaceae 1	2	0%
Haliangiaceae	46	0%	Enterococcaceae	2	0%
Acetobacteraceae	44	0%	Veillonellaceae	2	0%
Rhodocyclaceae	42	0%	Deinococcaceae	2	0%
Rhodobacteraceae	36	0%	Fibrobacteraceae	2	0%
Kofleriaceae	36	0%	Beijerinckiaceae	1	0%
Myxococcaceae	36	0%	Aurantimonadaceae	1	0%
Verrucomicrobiaceae	35	0%	Desulfuromonadaceae	1	0%
Armatimonadaceae	30	0%	Demequinaceae	1	0%
Hyphomonadaceae	28	0%	Dermacoccaceae	1	0%
Nitrosomonadaceae	28	0%	Nocardioseae	1	0%
Cryptosporangiaceae	27	0%	Jiangellaceae	1	0%
Chloroflexaceae	26	0%	Thermoleophilaceae	1	0%
Burkholderiaceae	25	0%	Acidimicrobinae_incertae_sedis	1	0%
Paenibacillaceae 1	25	0%	lamiaceae	1	0%
Promicromonosporaceae	20	0%	Coriobacteriaceae	1	0%
			Bacillales_Incertae_Sedis_XII	1	0%
			Thermoactinomycetaceae 2	1	0%
			Paenibacillaceae 2	1	0%
			Pasteuriaceae	1	0%
			Thermoanaerobacteraceae	1	0%



- Genus

Genus	Porcentaje de identificación	Genus	Porcentaje de identificación
Gp4	21%	Gp22	0%
Gp6	19%	Spartobacteria_genera_incertae_sedis	0%
Sphingomonas	10%	Pseudonocardia	0%
Gemmatimonas	4%	Arenimonas	0%
Ohtaekwangia	3%	Lechevaleria	0%
Lysobacter	3%	Phaselocystis	0%
Gp10	2%	Amycolatopsis	0%
Gp7	2%	Gp17	0%
Gp3	2%	Actinoplanes	0%
Gp5	2%	TM7_genera_incertae_sedis	0%
Nocardioides	1%	Micromonospora	0%
Subdivision3_genera_incertae_sedis	1%	Microlunatus	0%
Bradyrhizobium	1%	Rhizobium	0%
Illumatobacter	1%	Catellatospora	0%
Steroidobacter	1%	Novosphingobium	0%
Rubrobacter	1%	Massilia	0%
Adhaeribacter	1%	Armatimonadetes_gp4	0%
Streptomyces	1%	Cystobacter	0%
Microvirga	1%	Opitutus	0%
Phenylbacterium	1%	Nitrospira	0%
Gp16	1%	Kitasatospora	0%
Arthrobacter	1%	Mucilaginibacter	0%
Kribbella	1%	Aeromicrobium	0%
Agromyces	0%	Bosea	0%
Bacillus	0%	Hyphomicrobium	0%
Chthonomonas/Armatimonadetes_gp3	0%	Microbacterium	0%
Actinocorallia	0%	Catelliglobospora	0%
Aquabacterium	0%	Nonomuraea	0%
Flavobacterium	0%	Haliangium	0%
Mycobacterium	0%	Longilinea	0%
Solirubrobacter	0%	Mesorhizobium	0%
Devosia	0%	Sorangium	0%
Niastella	0%	Skermanella	0%
WS3_genera_incertae_sedis	0%	Virgisporangium	0%
Flavisolibacter	0%	Dongia	0%
Ferruginibacter	0%	Kofleria	0%
Pedomicrobium	0%	Erythrobacter	0%
Chitinophaga	0%	Blastococcus	0%
Terrimonas	0%	Lentzea	0%
		Singulisphaera	0%

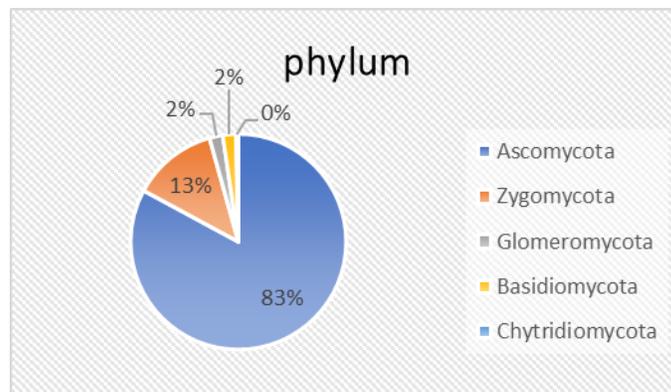
Sphingopyxis	32	0%	Phycococcus	4	0%
Brevundimonas	32	0%	Actinomycetospora	4	0%
Ramlibacter	32	0%	Sediminibacterium	4	0%
Gp25	32	0%	Sphingobacterium	4	0%
Dactylosporangium	32	0%	Caldilinea	4	0%
Pedobacter	32	0%	Brevibacillus	4	0%
Geminococcus	31	0%	Tumebacillus	4	0%
Myxococcus	31	0%	Filomicrobium	3	0%
Armatimonas/Armatimonadetes_gp1	30	0%	Bartonella	3	0%
Ensifer	28	0%	Nitratireductor	3	0%
Dyella	28	0%	Craurococcus	3	0%
Cryptosporangium	27	0%	Luteibacter	3	0%
Lacibacter	27	0%	Haliea	3	0%
Nitrosospora	26	0%	Hydrogenophaga	3	0%
Chryseobacterium	26	0%	Burkholderia	3	0%
Actinophytocola	25	0%	Edaphobacter	3	0%
Stenotrophomonas	24	0%	Prostheobacter	3	0%
Pseudomonas	22	0%	Verrucomicrobium	3	0%
Variovorax	22	0%	Cellulomonas	3	0%
Ideonella	22	0%	Cesiribacter	3	0%
Flavitalea	22	0%	Lewinella	3	0%
Dyadobacter	22	0%	Cohnella	3	0%
Gp18	20	0%	BRC1_genera_incertae_sedis	3	0%
Pontibacter	20	0%	Brucella	2	0%
Azospirillum	19	0%	Luteimonas	2	0%
Xanthomonas	19	0%	Mitsuaria	2	0%
Gp2	19	0%	Herminiimonas	2	0%
Armatimonadetes_gp5	19	0%	Achromobacter	2	0%
Gp1	17	0%	Pigmentiphaga	2	0%
Azoarcus	16	0%	Bordetella	2	0%
Aquicella	15	0%	Nitrosomonas	2	0%
Cellvibrio	15	0%	Neisseria	2	0%
Conexibacter	15	0%	Sulfurimonas	2	0%
Ancylobacter	14	0%	Bryobacter	2	0%
Pseudoxanthomonas	14	0%	Krasilnikovia	2	0%
Duganella	14	0%	Leifsonia	2	0%
Herbaspirillum	14	0%	Janibacter	2	0%
Cupriavidus	14	0%	Kocuria	2	0%
Roseomonas	13	0%	Sporichthya	2	0%
Paenibacillus	13	0%	Geodermatophilus	2	0%
Methylobacterium	12	0%	Herbidospira	2	0%
Marmoricola	12	0%	Glycomyces	2	0%
Phycisphaera	12	0%	Bacteroides	2	0%
Sphingobium	11	0%	Pontibacillus	2	0%
Caulobacter	11	0%	Lysinibacillus	2	0%
Rhizobacter	11	0%	Thermoactinomyces	2	0%
Anaeromyxobacter	11	0%	Enterococcus	2	0%
Bdellovibrio	11	0%	Sporacetigenium	2	0%
Promicromonospora	11	0%	Clostridium_XI	2	0%
Friedmanniella	11	0%	Clostridium_XIVb	2	0%
Niabella	11	0%	Turicibacter	2	0%
Zavarzinella	11	0%	Sporomusa	2	0%
Bauldia	10	0%	Deinococcus	2	0%
Shinella	10	0%	Fibrobacter	2	0%
Kineosporia	10	0%	Sandaracinobacter	1	0%
Naxibacter	9	0%	Erythromicrobium	1	0%
Nannocystis	9	0%	Rhodomicrobium	1	0%
Terrabacter	9	0%	Vasilyevaia	1	0%
Actinomadura	9	0%	Pseudolabrys	1	0%
Rhodocytophaga	9	0%	Labrys	1	0%
Kaistia	8	0%	Chelatococcus	1	0%
Inquilinus	8	0%	Aurantimonas	1	0%
Azotobacter	8	0%	Defluvicoccus	1	0%
Oxalicobacterium	8	0%	Rhodobacter	1	0%
Euzeyba	8	0%	Dokdonella	1	0%
Sphaerobacter	8	0%	Rudaea	1	0%
Balneimonas	7	0%	Shimwellia	1	0%
Rhodoplanes	7	0%	Caldimonas	1	0%
Rheinheimera	7	0%	Limnochabans	1	0%
Byssovorax	7	0%	Pelomonas	1	0%
Luteolibacter	7	0%	Dechloromonas	1	0%
Kibdelosporangium	7	0%	Chondromyces	1	0%
Hymenobacter	7	0%	Vampirovibrio	1	0%
Streptococcus	7	0%	Desulfuromonas	1	0%
Shewanella	6	0%	Gp21	1	0%
Peredibacter	6	0%	Gp9	1	0%
Nocardia	6	0%	Haloferula	1	0%
Salinimicrobium	6	0%	Longispora	1	0%
Fluviicola	6	0%	Catenuloplanes	1	0%
Sphingosinicella	5	0%	Mycetocola	1	0%
Alererythrobacter	5	0%	Isosporicola	1	0%
Porphyrobacter	5	0%	Demequina	1	0%
Thermomonas	5	0%	Dermacoccus	1	0%
Roseateles	5	0%	Pimelobacter	1	0%
Acidovorax	5	0%	Saccharothrix	1	0%
Polaromonas	5	0%	Modestobacter	1	0%
Azohydromonas	5	0%	Nocardiopsis	1	0%
Methylophilus	5	0%	Jiangella	1	0%
Saccharopolyspora	5	0%	Thermoleophilum	1	0%
Patulibacter	5	0%	Aciditerrimonas	1	0%
Chloroflexus	5	0%	Iamia	1	0%
Sporosarcina	5	0%	Segetibacter	1	0%
Clostridium_sensu_stricto	5	0%	Olivibacter	1	0%
Paracoccus	4	0%	Parapedobacter	1	0%
Rubellimicrobium	4	0%	Solitalea	1	0%
Amaricoccus	4	0%	Paludibacter	1	0%
Rubrivivax	4	0%	Heliothrix	1	0%
Piscinibacter	4	0%	Gracilibacillus	1	0%
Enhygromyxa	4	0%	Jeotgalibacillus	1	0%
Gp15	4	0%	Alicyclobacillus	1	0%
			Exiguobacterium	1	0%
			Planifilum	1	0%
			Pasteuria	1	0%
			Anaerobacter	1	0%
			Sporobacter	1	0%
			Clostridium_XIVa	1	0%
			Germata	1	0%
			Isosphaera	1	0%



1.2. Reporte hongos ITS.

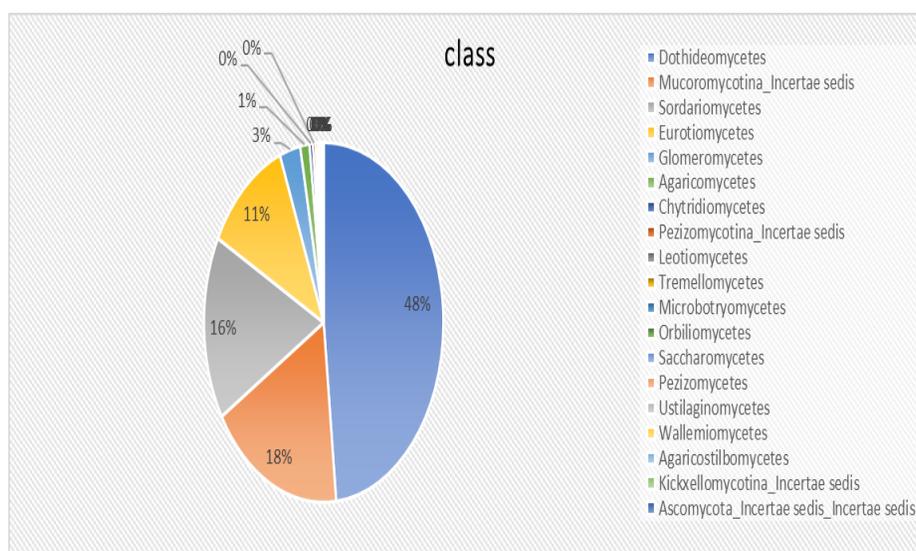
- Phylum

Phylum		Porcentaje de identificación
Ascomycota	78075	83%
Zygomycota	12050	13%
Glomeromycota	1887	2%
Basidiomycota	1884	2%
Chytridiomycota	313	0%



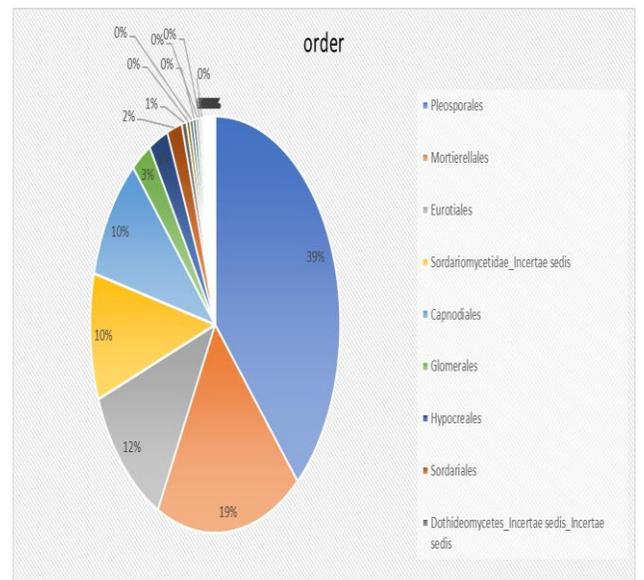
- Class

Class		Porcentaje de identificación
Dothideomycetes	32437	48%
Mucoromycotina_Incertae sedis	12031	18%
Sordariomycetes	11064	16%
Eurotiomycetes	7580	11%
Glomeromycetes	1887	3%
Agaricomycetes	841	1%
Chytridiomycetes	313	0%
Pezizomycotina_Incertae sedis	248	0%
Leotiomycetes	233	0%
Tremellomycetes	229	0%
Microbotryomycetes	49	0%
Orbiliomycetes	42	0%
Saccharomycetes	33	0%
Pezizomycetes	32	0%
Ustilaginomycetes	31	0%
Wallemiomycetes	24	0%
Agaricostilbomycetes	12	0%
Kickxellomycotina_Incertae sedis	12	0%
Ascomycota_Incertae sedis_Incertae sedi	9	0%
Pucciniomycetes	9	0%



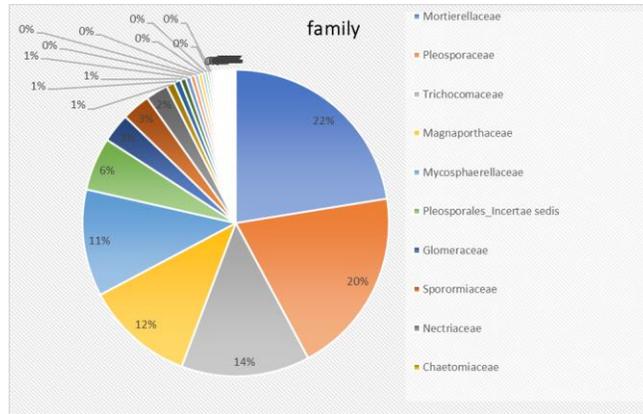
- Order

Order	Porcentaje de identificación
Pleosporales	39%
Mortierellales	19%
Eurotiales	12%
Sordariomycetidae_Incertae sedis	10%
Capnodiales	10%
Glomerales	3%
Hypocreales	3%
Sordariales	2%
Dothideomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	1%
Spizellomycetales	0%
Pezizomycotina_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	0%
Xylariales	0%
Tremellales	0%
Chaetothyriales	0%
Agaricales	0%
Helotiales	0%
Mucorales	0%
Sordariomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	0%
Onygenales	0%
Diversisporales	0%
Paraglomerales	0%
Dothideales	0%
Sporidiobolales	0%
Orbitales	0%
Rhizophyctidales	0%
Saccharomycetales	0%
Pezizales	0%
Ustilaginales	0%
Wallemiales	0%
Cantharellales	0%
Hypocreomycetidae_Incertae sedis	0%
Microascales	0%
Kickxellales	0%
Agaricostilbales	0%
Leotiomyces_Incertae sedis_Incertae sedis	0%
Thelephorales	0%
Ascomycota_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	0%
Pucciniales	0%
Filobasidiales	0%
Eurotiomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	0%
Auriculariales	0%
Trichosphaeriales	0%
Polyporales	0%
Atheliales	0%
Corticiales	0%
Dothideomycetidae_Incertae sedis	0%
Myriangiales	0%
Botryosphaeriales	0%
Coniochaetales	0%



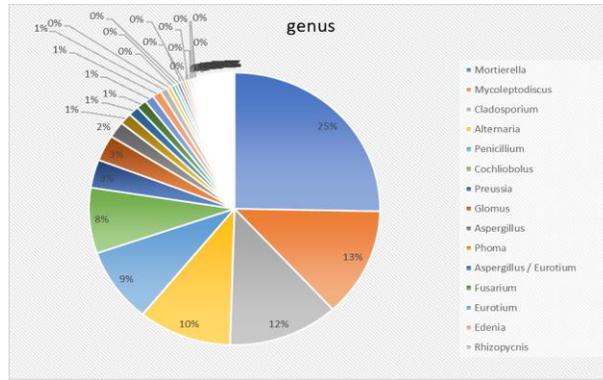
- Family

Family		Porcentaje de identificación			
Mortierellaceae	1186	22%	Wallemiaceae	24	0%
Pleosporaceae	10429	20%	Ceratobasidiaceae	21	0%
Trichocomaceae	7191	14%	Psathyrellaceae	20	0%
Magnaporthaceae	6088	12%	Plectosphaerellaceae	19	0%
Mycosphaerellaceae	5969	11%	Lycoperdaceae	18	0%
Pleosporales_Incertae sedis	2965	6%	Montagnulaceae	15	0%
Glomeraceae	1624	3%	Myxotrichaceae	13	0%
Sporormiaceae	1581	3%	Microascaceae	13	0%
Nectriaceae	1259	2%	Dipodascaceae	13	0%
Chaetomiaceae	442	1%	Kickwellaceae	12	0%
Dothideomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	375	1%	Leotiomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	10	0%
Sordariaceae	309	1%	Agaricaceae	10	0%
Spizellomyetaceae	274	1%	Thelephoraceae	10	0%
Pezizomycotina_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	248	0%	Chaetothiales_Incertae sedis	9	0%
Tremellales_Incertae sedis	216	0%	Ascomycota_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae	9	0%
Phaeosphaeriaceae	202	0%	Chionosphaeraceae	9	0%
Herpotrichiellaceae	162	0%	Chaetothyriaceae	8	0%
Lasiochaeraceae	155	0%	Filobasidiaceae	8	0%
Hypocreales_Incertae sedis	130	0%	Tubeufiaceae	7	0%
Mucoraceae	122	0%	Eurotiomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	7	0%
Pleomassariaceae	99	0%	Clavicipitaceae	7	0%
Sordariomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	99	0%	Auriculariales_Incertae sedis	7	0%
Sclerotiniaceae	92	0%	Bionectriaceae	5	0%
Mycenaceae	77	0%	Pucciniaceae	5	0%
Onygenaceae	66	0%	Nidulariaceae	5	0%
Diversisporaceae	55	0%	Hypocreaceae	4	0%
Hyponectriaceae	53	0%	Trichosphaeriales_Incertae sedis	4	0%
Paraglomeraceae	49	0%	Saccharomycetaceae	4	0%
Dothioraceae	47	0%	Debaryomycetaceae	4	0%
Sporidiobolales_Incertae sedis	44	0%	Saccharomycetales_Incertae sedis	4	0%
Orbiliaceae	42	0%	Ajiellomycetaceae	3	0%
Capnodiaceae	39	0%	Cordycipitaceae	3	0%
Rhizophlyctidaceae	38	0%	Claroideoglomeraceae	3	0%
Pyronemataceae	32	0%	Atheliaceae	3	0%
Ustilaginaceae	31	0%	Corticaceae	3	0%
Dothidothiaceae	30	0%	Eremomycetaceae	2	0%
Eurotiales_Incertae sedis	29	0%	Elsinoaceae	2	0%
Lophiostomataceae	24	0%	Pichiaceae	2	0%
Helotiales_Incertae sedis	24	0%	Sporidiobolaceae	2	0%
			Ganodermataceae	2	0%
			Botryosphaeriaceae	1	0%
			Coniochaetaeae	1	0%
			Pluteaceae	1	0%



- Genus

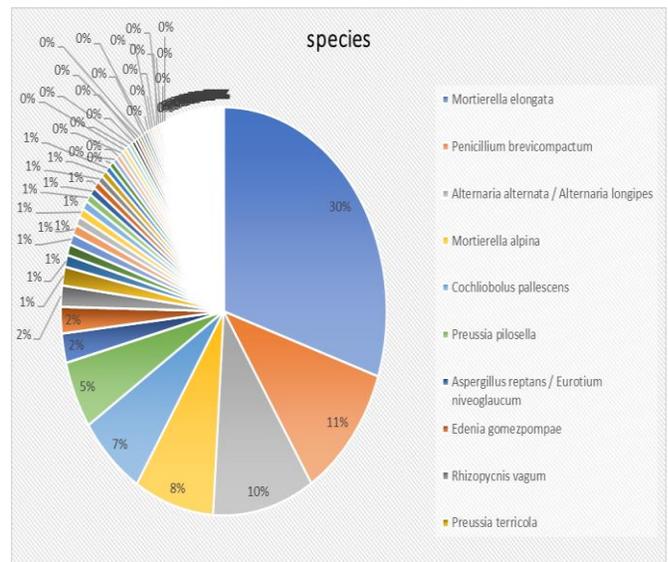
Genus	Porcentaje de identificación
Mortierella	25%
Mycoleptodiscus	13%
Cladosporium	12%
Alternaria	10%
Penicillium	9%
Cochliobolus	8%
Preussia	3%
Glomus	3%
Aspergillus	2%
Phoma	1%
Aspergillus / Eurotium	1%
Fusarium	1%
Eurotium	1%
Edenia	1%
Rhizopycnis	1%
Periconia	0%
Chaetomium	0%
Hannaella	0%
Bipolaris	0%
Exophiala	0%
Gaertneriomyces	0%
Spizellomyces	0%
Exserohilum	0%
Torula	0%
Podospora	0%
Phaeosphaeria	0%
Helminthosporium	0%
Myrmecridium	0%
Dokmaia	0%
Rhizopus	0%
Fusarium / Gibberella	0%
Myrothecium	0%
Mycena	0%
Humicola	0%
Epicoccum	0%
Diversispora	0%
Leptosphaerulina	0%
Paraglomus	0%
Chrysosporium	0%
Aureobasidium	0%
Exserohilum / Setosphaeria	0%
Cladorrhinum	0%
Microdochium	0%
Capnodium	0%
Rhizophlyctis	0%
Eupenicillium / Penicillium	0%
Cryptococcus g1	0%
Gibberella	0%
Spenceriartinsia	0%
Thermomyces	0%
Talaromyces	0%
Scutellinia	0%
Mucor	0%
Pseudozyma	0%
Wallemia	0%
Sclerotinia	0%
Ceratobasidium	0%
Sporobolomyces	0%
Bipolaris / Cochliobolus	0%
Massarina	0%
Stachybotrys	0%
Acremonium	0%
Tetracladium	0%
Auxarthron	0%
Gibellulopsis / Verticillium	0%
Coprinellus	0%
Rhodotorula	0%
Fusicolla	0%
Ramicandelaber	0%
Paraconiothyrium	0%
Gymnostellatospora	0%
Pithoascus	0%
Vermispora	0%
Basidioascus	0%
Paecilomyces	0%
Xylogone	0%
Geomyces	0%
Gaeumannomyces	0%
Ochroconis	0%
Ilyonectria	0%
Septoglomus	0%
Kurtzmanomyces	0%
Cyphellophora	0%
Rhizophagus	0%
Westerdykella	0%
Tubeufia	0%
Sarcinomyces	0%
Rhodosporeidium	0%
Powellomyces	0%
Coniosporium	0%
Pilidium	0%
Agaricus	0%
Bullera	0%
Cryptococcus g2	0%
Bionectria	0%
Arthrobotrys	0%
Puccinia	0%
Cyathus	0%
Tomentella	0%
Neopetromyces	0%
Cladophialophora	0%
Khuskia	0%
Kluyveromyces	0%
Meyerozyma	0%
Yarrowia	0%
Paraphaeosphaeria	0%
Emricella	0%
Spiromastix	0%
Strelitziana	0%
Zopfiella	0%
Eucasphaeria	0%
Claroideoglomus	0%
Coprinopsis	0%
Lepiota	0%
Cristinia	0%
Rhizoctonia	0%
Oidiodendron	0%
Arthrographis	0%
Elsinoe	0%
Phialosimplex	0%
Phaeomonilla	0%
Cosmospora	0%
Trichoderma	0%
Lecanicillium	0%
Plectosphaerella	0%
Microascus	0%
Veronaea	0%
Pichia	0%
Actinomyces	0%
Sporidiobolus	0%
Bovista	0%
Ganoderma	0%
Lophiostoma	0%
Macrophomina	0%
Aphanascus	0%
Asordaria	0%
Achaetomium	0%
Harpophora	0%
Mariannaea	0%
Hypocrea / Trichoderma	0%
Isaria	0%
Plectosporium	0%
Phaeocystostroma	0%
Geotrichum	0%
Chlorophyllum	0%
Pluteus	0%
Ustilago	0%



- Species

Species	Count	Porcentaje de identificación	Species	Count	Porcentaje de identificación
Mortierella elongata	6742	30%	Leptosphaerulina chartarum	53	0%
Penicillium brevicompactum	2411	11%	Aspergillus sp FLS_2010	52	0%
Alternaria alternata / Alternaria longipes	2254	10%	Chrysosporium lobatum	48	0%
Mortierella alpina	1769	8%	Exserohilum rostratum / Setosphaeria rostrata	44	0%
Cochliobolus pallescens	1481	7%	Aspergillus insuetus	44	0%
Preussia pilosella	1195	5%	Fusarium cf equiseti MY_2011 / Gibberella intricans	42	0%
Aspergillus reptans / Eurotium niveoglaucum	520	2%	Mycoleptodiscus terrestris	41	0%
Edenia gomezpompaee	467	2%	Penicillium olsonii	40	0%
Rhizopycnis vagum	375	2%	Cladorrhinum bulbiliosum	40	0%
Preussia terricola	331	1%	Microdochium bolleyi	40	0%
Cladosporium perangustum / Cladosporium tenuissimum	212	1%	Capnodium coffeae	39	0%
Penicillium meleagrinum / Penicillium sumatrense	191	1%	Aureobasidium pullulans var melanigenum	38	0%
Periconia macrospinoso	190	1%	Glomus monosporum	38	0%
Fusarium oxysporum	179	1%	Rhizophlyctis rosea	38	0%
Bipolaris spicifera / Bipolaris tetramera	159	1%	Penicillium canescens	34	0%
Phoma glomerata	156	1%	Dothiorella viticola	30	0%
Hannaella zeae	156	1%	Thermomyces lanuginosus	29	0%
Aspergillus bridgeri / Aspergillus persii	143	1%	Eupenicillium rubidurum / Penicillium pimateouense	27	0%
Mortierella exigua	142	1%	Exserohilum fusiforme	26	0%
Gaertneriomyces semioglobifer	138	1%	Mucor fragilis	26	0%
Spizellomyces dolichospermus	129	1%	Glomus indicum	25	0%
Aspergillus awamori	124	1%	Aspergillus iizukae	24	0%
Penicillium brocae	116	1%	Wallemia sebi	24	0%
Torula caligans	108	0%	Aspergillus versicolor	23	0%
Myrmecridium schulzeri	96	0%	Podospira intestinacea	23	0%
Dokmaia monthadangii	94	0%	Pseudozyma flocculosa	23	0%
Mortierella wolfii	91	0%	Penicillium mallochii	22	0%
Phaeosphaeria oryzae	85	0%	Glomus aggregatum	22	0%
Penicillium sizovae	80	0%	Cryptococcus sp LRB_2012a	21	0%
Phoma paspali	79	0%	Sclerotinia homoeocarpa	19	0%
Aspergillus melleus	74	0%	Penicillium steckii	18	0%
Podospira tetraspora	70	0%	Gibbelliopsis nigrescens / Verticillium nigrescens	16	0%
Cochliobolus cynodontis	61	0%	Myrothecium cinctum	15	0%
Aspergillus dimorphicus / Aspergillus wentii	61	0%	Massarina igniaria	14	0%
Exophiala pisciphila	61	0%	Sporobolomyces yunnanensis	14	0%
Humicola fuscoatra	60	0%	Talaromyces purpurogenus	13	0%
Exserohilum rostratum	58	0%	Fusicolla acetilerea	13	0%
Myrothecium leucotrichum	57	0%	Rhizopus delemar	13	0%
Epicoccum sorghi	53	0%	Rhodotorula slooffiae	12	0%
			Gymnostellatospora japonica	11	0%

<i>Pithoascus langeronii</i>	11	0%
<i>Vermispora fusarina</i>	11	0%
<i>Bipolaris heveae</i> / <i>Cochliobolus heveicola</i>	10	0%
<i>Geomyces pannorum</i> var. <i>asperulatus</i>	10	0%
<i>Eurotium amstelodami</i> / <i>Eurotium chevaleri</i>	9	0%
<i>Paecilomyces marquandii</i>	9	0%
<i>Auxarthron kuehni</i>	9	0%
<i>Stachybotrys chartarum</i> / <i>Stachybotrys chlorohalonata</i>	9	0%
<i>Septoglossum constrictum</i>	9	0%
<i>Fusarium</i> sp. NRRL 43630	8	0%
<i>Fusarium equiseti</i> / <i>Gibberella intricans</i>	8	0%
<i>Ilyonectria macrodidyma</i>	8	0%
<i>Rhizophagus fasciculatus</i>	8	0%
<i>Paraglossum laccatum</i>	8	0%
<i>Paraconiothyrium cyclothyrioides</i>	7	0%
<i>Tubeufia cerea</i>	7	0%
<i>Sarcinomyces crustaceus</i>	7	0%
<i>Gaeumannomyces graminis</i> var. <i>graminis</i>	7	0%
<i>Fusarium concolor</i>	7	0%
<i>Rhizopus stolonifer</i>	7	0%
<i>Powellomyces hirtus</i>	7	0%
<i>Cochliobolus sativus</i>	6	0%
<i>Cladosporium fusiforme</i>	6	0%
<i>Aspergillus westerdijkiae</i>	6	0%
<i>Coniosporium apollinis</i>	6	0%
<i>Xylogone sphaerospora</i>	6	0%
<i>Ochroconis tshawytschae</i>	6	0%
<i>Pilidium concavum</i>	6	0%
<i>Bullera dendrophila</i>	6	0%
<i>Cryptococcus flavescens</i>	6	0%
<i>Cladosporium halotolerans</i>	5	0%
<i>Aureobasidium pullulans</i>	5	0%
<i>Penicillium chermesinum</i>	5	0%
<i>Penicillium adametzoides</i>	5	0%
<i>Penicillium coffeae</i>	5	0%
<i>Aspergillus egyptiacus</i>	5	0%
<i>Aspergillus terreus</i>	5	0%
<i>Basidioascus undulatus</i>	5	0%
<i>Sporobolomyces vermiculatus</i>	5	0%
<i>Cyathus stercorius</i>	5	0%
<i>Massarina corticola</i>	4	0%
<i>Penicillium islandicum</i>	4	0%
<i>Penicillium glabrum</i> / <i>Penicillium thomii</i>	4	0%
<i>Penicillium manginii</i>	4	0%
<i>Neopetromyces muricatus</i>	4	0%
<i>Kluyveromyces marxianus</i>	4	0%
<i>Yarrowia lipolytica</i>	4	0%
<i>Mortierella epigama</i>	4	0%
<i>Glomus</i> sp. Bad Sachsia	4	0%
<i>Rhodosporidium paludigenum</i>	4	0%
<i>Cryptococcus magnus</i>	4	0%
<i>Paraphaeosphaeria michotii</i>	3	0%
<i>Cladosporium langeronii</i> / <i>Cladosporium psychrotolerans</i>	3	0%
<i>Penicillium parvulum</i>	3	0%
<i>Penicillium pancosum</i> / <i>Penicillium waksmanii</i>	3	0%
<i>Talaromyces trachyspermus</i>	3	0%
<i>Sporomastix warcupii</i>	3	0%
<i>Strelitziana africana</i>	3	0%
<i>Acremonium implicatum</i>	3	0%
<i>Eucasphaeria capensis</i>	3	0%
<i>Meyeromyza guilliermondii</i>	3	0%
<i>Kurtzmanomyces tardus</i>	3	0%
<i>Rhodosporidium babjevae</i>	3	0%
<i>Coprinellus curtus</i>	3	0%
<i>Cristinia helvetica</i>	3	0%
<i>Rhizoctonia</i> sp. TBR	3	0%
<i>Hannaella sinensis</i>	3	0%
<i>Cryptococcus chernovii</i> / <i>Cryptococcus stepposus</i>	3	0%
<i>Pseudozyma prolifica</i>	3	0%
<i>Preussia minima</i>	2	0%
<i>Anthragophis kalrae</i>	2	0%
<i>Phaeomoniliella</i> sp. HBL2005a	2	0%
<i>Cyphellophora suttonii</i>	2	0%
<i>Podospira communis</i>	2	0%
<i>Fusarium redolens</i>	2	0%
<i>Fusarium nygamai</i> / <i>Fusarium udum</i>	2	0%
<i>Bionectria epichloe</i>	2	0%
<i>Bionectria rossmaniae</i>	2	0%
<i>Lecanicillium saksenae</i>	2	0%
<i>Microascus trigonosporus</i>	2	0%
<i>Nigrospora oryzae</i>	2	0%
<i>Ochroconis</i> sp. KL_2011a	2	0%
<i>Arthrobotrys oligospora</i>	2	0%
<i>Pichia occidentalis</i>	2	0%
<i>Actinomucor elegans</i>	2	0%
<i>Sporidiobolus</i> sp. JPS_2007a	2	0%
<i>Ceratobasidium</i> sp. AG_T	2	0%
<i>Cochliobolus verruculosus</i>	1	0%
<i>Westerdykella ornata</i>	1	0%
<i>Phoma epicoccina</i>	1	0%
<i>Macrophoma phaseolina</i>	1	0%
<i>Cladosporium dominicanum</i>	1	0%
<i>Penicillium variabile</i>	1	0%
<i>Aspergillus flavipes</i>	1	0%
<i>Aspergillus calidoustus</i> / <i>Aspergillus pseudodeflectus</i>	1	0%
<i>Talaromyces stollii</i>	1	0%
<i>Emericella bicolor</i> / <i>Emericella foeniculicola</i>	1	0%
<i>Paecilomyces aff. lilacinus</i> ROG_2010	1	0%
<i>Aphanascus verrucosus</i>	1	0%
<i>Asordaria tenerifae</i>	1	0%
<i>Chaetomium globosum</i>	1	0%
<i>Chaetomium perlucidum</i>	1	0%
<i>Achaetomium strumarium</i>	1	0%
<i>Harporhiza radicleae</i> / <i>Harporhiza zeicola</i>	1	0%
<i>Fusarium</i> sp. FAN_2011e	1	0%
<i>Myrothecium verrucaria</i>	1	0%
<i>Isaria takamizusanensis</i>	1	0%
<i>Plectosphaerella cucumerina</i> / <i>Plectosphaerella pauciseptata</i>	1	0%
<i>Phaeocystostroma ambiguum</i>	1	0%
<i>Scutellinia nigrohirtula</i>	1	0%
<i>Coprinellus marculentus</i>	1	0%
<i>Coprinopsis cinerea</i>	1	0%
<i>Coprinopsis strossmayeri</i>	1	0%
<i>Mycena alba</i>	1	0%
<i>Chlorophyllum hortense</i>	1	0%
<i>Bovista aestivalis</i>	1	0%
<i>Ceratobasidium</i> sp. AG_L	1	0%
<i>Ustilago sporoboli</i> indici	1	0%

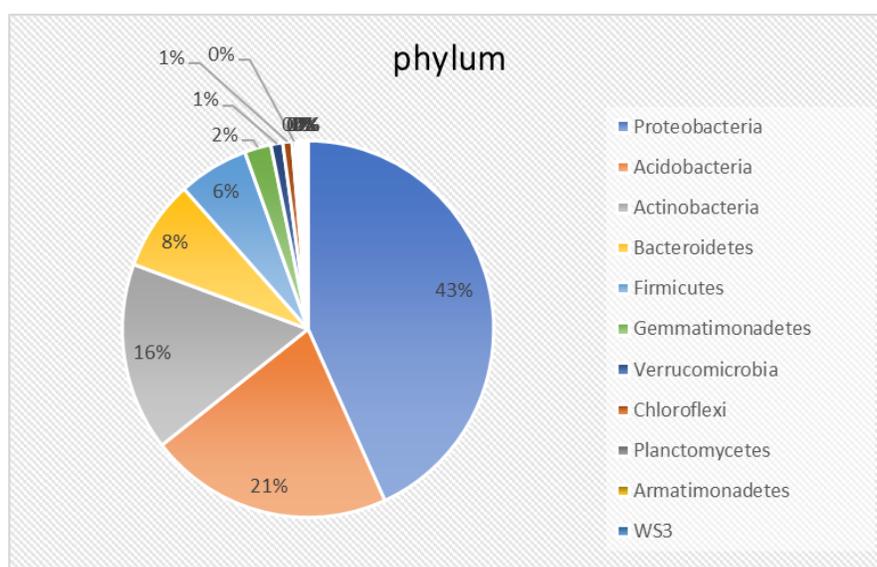


2. Tiempo inicial CNP (100101)+ m.o + M1

2.1. Reporte bacteriano 16S.

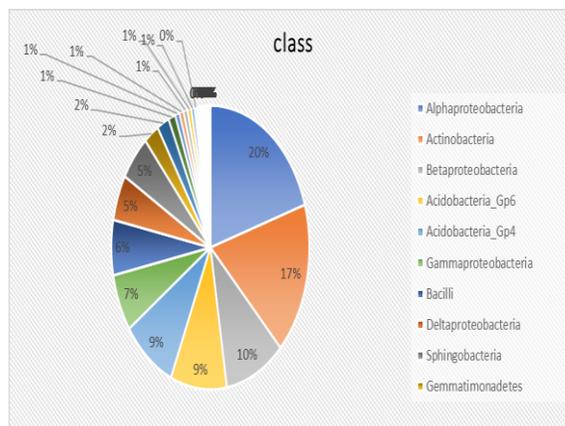
- Phylum

Phylum		Porcentaje de identificación
Proteobacteria	23566	43%
Acidobacteria	11579	21%
Actinobacteria	8808	16%
Bacteroidetes	4246	8%
Firmicutes	3332	6%
Gemmatimonadetes	1256	2%
Verrucomicrobia	567	1%
Chloroflexi	431	1%
Planctomycetes	172	0%
Armatimonadetes	139	0%
WS3	136	0%
TM7	130	0%
Nitrospira	95	0%
Chlamydiae	48	0%
Cyanobacteria/Chloroplast	24	0%
BRC1	6	0%
OD1	2	0%
Fibrobacteres	2	0%
Fusobacteria	2	0%
OP11	1	0%



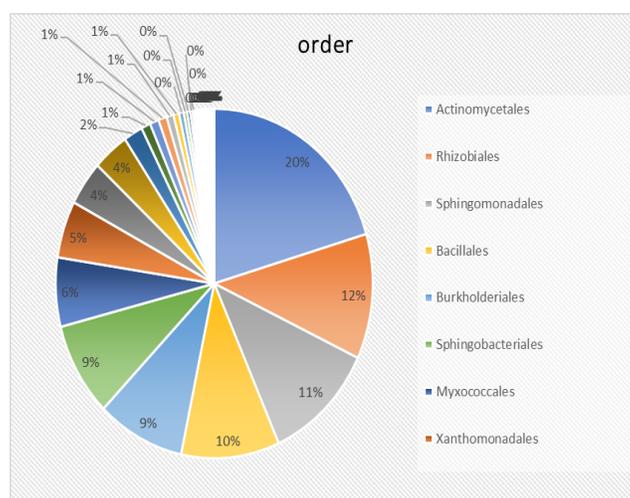
- Class

Class		Porcentaje de identificación
Alphaproteobacteria	10223	20%
Actinobacteria	8808	17%
Betaproteobacteria	5003	10%
Acidobacteria_Gp6	4665	9%
Acidobacteria_Gp4	4464	9%
Gammaproteobacteria	3320	7%
Bacilli	3185	6%
Deltaproteobacteria	2655	5%
Sphingobacteria	2648	5%
Gemmatimonadetes	1256	2%
Bacteroidetes_incertae_sedis	1011	2%
Acidobacteria_Gp3	583	1%
Acidobacteria_Gp5	374	1%
Acidobacteria_Gp7	342	1%
Subdivision3	341	1%
Acidobacteria_Gp10	309	1%
Anaerolineae	278	1%
Planctomycetacia	152	0%
Acidobacteria_Gp22	131	0%
Acidobacteria_Gp16	106	0%
Acidobacteria_Gp17	102	0%
Flavobacteria	102	0%
Acidobacteria_Gp1	95	0%
Nitrospira	95	0%
Spartobacteria	91	0%
Chthonomonadetes	72	0%
Clostridia	59	0%
Chlamydiae	48	0%
Chloroflexi	47	0%
Opitutae	41	0%
Verrucomicrobiae	36	0%
Acidobacteria_Gp18	24	0%
Chloroplast	17	0%
Acidobacteria_Gp25	16	0%
Phycisphaerae	15	0%
Armatimonadia	11	0%
Bacteroidia	8	0%
Cyanobacteria	6	0%
Acidobacteria_Gp15	5	0%
Negativicutes	5	0%
Caldilineae	5	0%
Acidobacteria_Gp2	4	0%
Thermomicrobia	3	0%
Acidobacteria_Gp11	2	0%
Fibrobacteria	2	0%
Fusobacteria	2	0%
Acidobacteria_Gp20	1	0%
Erysipelotrichia	1	0%



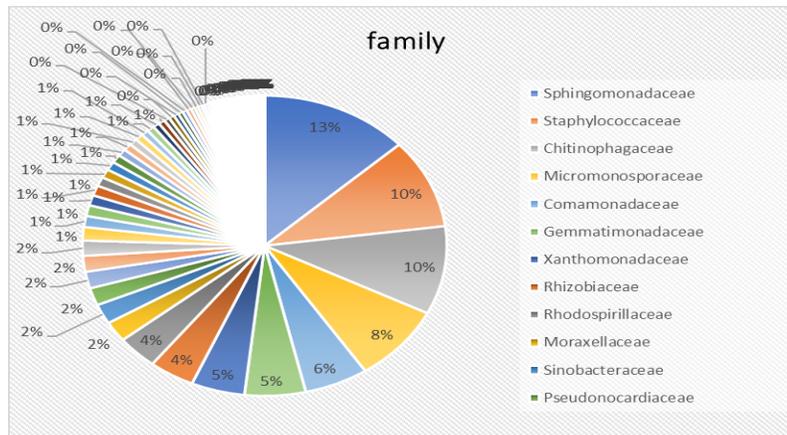
- Order

Order		Porcentaje de identificación
Actinomycetales	6214	20%
Rhizobiales	3516	12%
Sphingomonadales	3450	11%
Bacillales	3050	10%
Burkholderiales	2721	9%
Sphingobacterales	2648	9%
Myxococcales	1944	6%
Xanthomonadales	1606	5%
Gemmatimonadales	1256	4%
Rhodospirillales	1113	4%
Pseudomonadales	592	2%
Solirubrobacterales	287	1%
Anaerolineales	278	1%
Caulobacterales	261	1%
Acidimicrobiales	216	1%
Rubrobacterales	173	1%
Planctomycetales	152	0%
Flavobacterales	102	0%
Nitrospirales	95	0%
Rhodocyclales	76	0%
Chthonomonadales	72	0%
Legionellales	61	0%
Lactobacillales	54	0%
Chlamydiales	48	0%
Alphaproteobacteria_incertae_sedis	46	0%
Clostridiales	41	0%
Bdellovibrionales	40	0%
Opitutales	40	0%
Nitrosomonadales	39	0%
Rhodobacterales	38	0%
Verrucomicrobiales	36	0%
Chloroflexales	30	0%
Methylophilales	24	0%
Phycisphaerales	15	0%
Desulfuromonadales	11	0%
Armatimonadales	11	0%
Enterobacterales	9	0%
Herpetosiphonales	9	0%
Bacteroidales	8	0%
Selenomonadales	5	0%
Caldilineales	5	0%
Alteromonadales	4	0%
Euzebyales	4	0%
Pasteurellales	2	0%
Thermoleophilales	2	0%
Coriobacterales	2	0%
Fibrobacterales	2	0%
Fusobacterales	2	0%
Desulfovibrionales	1	0%
Thermoanaerobacterales	1	0%
Erysipelotrichales	1	0%
Sphaerobacterales	1	0%



- Family

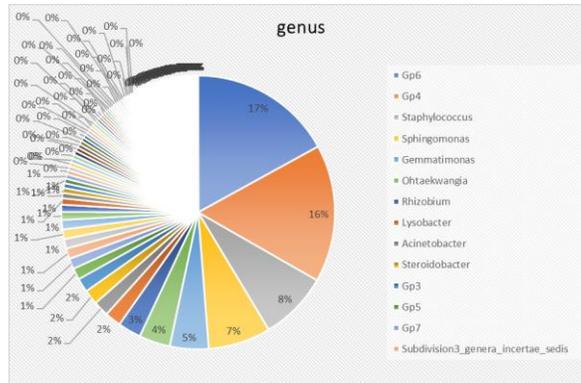
Family		Porcentaje de identificación			
Sphingomonadaceae	3073	13%	Streptococcaceae	42	0%
Staphylococcaceae	2248	10%	Opitutaceae	40	0%
Chitinophagaceae	2210	10%	Nitrosomonadaceae	39	0%
Micromonosporaceae	1920	8%	Sphingobacteriaceae	39	0%
Comamonadaceae	1318	6%	Rhodobacteraceae	38	0%
Gemmatimonadaceae	1256	5%	Hyphomonadaceae	37	0%
Xanthomonadaceae	1103	5%	Nannocystaceae	36	0%
Rhizobiaceae	941	4%	Streptosporangiaceae	35	0%
Rhodospirillaceae	843	4%	Verrucocombiaceae	35	0%
Moraxellaceae	510	2%	Bdellovibrionaceae	33	0%
Sinobacteraceae	497	2%	Thermomonosporaceae	33	0%
Pseudonocardiaceae	437	2%	Chloroflexaceae	30	0%
Nocardiodaceae	416	2%	Parachlamydiaceae	28	0%
Bradyrhizobiaceae	397	2%	Paenibacillaceae 1	26	0%
Micrococcaceae	379	2%	Planococcaceae	25	0%
Hyphomicrobiaceae	335	1%	Alcaligenaceae	24	0%
Anaerolineaceae	278	1%	Methylophilaceae	24	0%
Cystobacteraceae	271	1%	Myxococcaceae	23	0%
Bacillaceae 1	256	1%	Clostridiaceae 1	22	0%
Burkholderiales_incertae_sedis	252	1%	Chloroplast	17	0%
Cytophagaceae	230	1%	Promicromonosporaceae	16	0%
Streptomycetaceae	218	1%	Phycisphaeraceae	15	0%
Caulobacteraceae	215	1%	Bacillaceae 2	14	0%
Polyangiaceae	206	1%	Alicyclobacillaceae	14	0%
Oxalobacteraceae	179	1%	Xanthobacteraceae	12	0%
Rubrobacteraceae	173	1%	Nocardiaceae	12	0%
Methylobacteriaceae	170	1%	Armatimonadaceae	11	0%
Microbacteriaceae	167	1%	Enterobacteriaceae	9	0%
Propionibacteriaceae	152	1%	Herpetosiphonaceae	9	0%
Planctomycetaceae	152	1%	Rhizobiales_incertae_sedis	8	0%
Acidimicrobiaceae	137	1%	Legionellaceae	8	0%
Solirubrobacteraceae	134	1%	Cryptosporangiaceae	8	0%
Geodermatophilaceae	114	0%	Cellulomonadaceae	8	0%
Acetobacteraceae	112	0%	Methylocystaceae	7	0%
Flavobacteriaceae	102	0%	Paenibacillaceae 2	7	0%
Erythrobacteraceae	97	0%	Bacteriovoracaceae	6	0%
Nitrospiraceae	95	0%	Geobacteraceae	6	0%
Phaselocystidaceae	92	0%	Demequinaceae	6	0%
Pseudomonadaceae	81	0%	Saprosiraceae	6	0%
Rhodocyclaceae	76	0%	Conexibacteraceae	5	0%
Chthonomonadaceae	72	0%	Thermoactinomycetaceae 1	5	0%
Koferiaceae	63	0%	Veillonellaceae	5	0%
Mycobacteriaceae	63	0%	Caldilineaceae	5	0%
Intrasporangiaceae	61	0%	Shewanellaceae	4	0%
Coxiellaceae	53	0%	Actinomycetaceae	4	0%
Phyllobacteriaceae	52	0%	Euzebyaceae	4	0%
Haliangiaceae	47	0%	Peptostreptococcaceae	4	0%
Burkholderiaceae	44	0%	Sporichthyaceae	3	0%
Kineosporiaceae	42	0%	Iamiaceae	3	0%
			Lachnospiraceae	3	0%
			Brucellaceae	2	0%
			Pasteurellaceae	2	0%
			Glycomycetaceae	2	0%
			Thermoleophilaceae	2	0%
			Coriobacteriaceae	2	0%
			Sporolactobacillaceae	2	0%
			Thermoactinomycetaceae 2	2	0%
			Enterococcaceae	2	0%
			Clostridiales_Incertae_Sedis_XI	2	0%
			Peptococcaceae 1	2	0%
			Fibrobacteraceae	2	0%
			Leptotrichiaceae	2	0%
			Beijerinckiaceae	1	0%
			Desulfohalobiaceae	1	0%
			Nakamurellaceae	1	0%
			Jiangellaceae	1	0%
			Acidimicrobinae_incertae_sedis	1	0%
			Clostridiales_Incertae_Sedis_XVIII	1	0%
			Thermoanaerobacteraceae	1	0%
			Erysipelotrichaceae	1	0%
			Porphyromonadaceae	1	0%
			Sphaerobacteraceae	1	0%



- Genus

Genus	Porcentaje de identificación		
Gp6	4665	17%	Agromyces 94 0%
Gp4	4464	16%	Chitinophaga 94 0%
Staphylococcus	2225	8%	Nitrospira 94 0%
Sphingomonas	2026	7%	Phaselicystis 92 0%
Gemmatimonas	1256	5%	Pedomicrobium 87 0%
Ohtaekwangia	1011	4%	Spartobacteria_genera_incertae_sedis 87 0%
Rhizobium	751	3%	Catelliglobospora 86 0%
Lysobacter	524	2%	Terrimonas 79 0%
Acinetobacter	497	2%	Virgisporangium 76 0%
Steroidobacter	483	2%	Ferruginibacter 76 0%
Gp3	453	2%	Flavobacterium 76 0%
Gp5	374	1%	Catellatospora 74 0%
Gp7	342	1%	Kribbella 73 0%
Subdivision3_genera_incertae_sedis	341	1%	Chthonomonas/Armatimonadetes_gp3 72 0%
Delftia	310	1%	Skermanella 70 0%
Gp10	309	1%	Microlunatus 68 0%
Arthrobacter	308	1%	Devosia 64 0%
Bradyrhizobium	257	1%	Novosphingobium 63 0%
Nocardioides	232	1%	Kofleria 63 0%
Bacillus	208	1%	Mycobacterium 62 0%
Rubrobacter	173	1%	Hyphomicrobium 57 0%
Adhaeribacter	162	1%	Dongia 56 0%
Niastella	153	1%	Aquicella 51 0%
Microvirga	150	1%	Ramlibacter 48 0%
Cystobacter	148	1%	Haliangium 47 0%
Ilumatobacter	137	0%	Blastococcus 46 0%
WS3_genera_incertae_sedis	136	0%	Pseudomonas 45 0%
Solirubrobacter	134	0%	Geminicoccus 44 0%
Phenylobacterium	132	0%	Gp1 43 0%
Gp22	131	0%	Bosea 42 0%
TM7_genera_incertae_sedis	130	0%	Pseudoxanthomonas 42 0%
Pseudonocardia	128	0%	Streptococcus 42 0%
Micromonospora	122	0%	Amycolatopsis 41 0%
Streptomyces	119	0%	Opitutus 40 0%
Flavisolibacter	117	0%	Mesorhizobium 39 0%
Gp16	106	0%	Nitrospira 37 0%
Gp17	102	0%	Variovorax 36 0%
Actinoplanes	101	0%	Armatimonadetes_gp4 36 0%
Aquabacterium	99	0%	Dactyloporangium 34 0%
			Sorangium 33 0%
			Kineosporia 33 0%
			Longilinea 33 0%
			Microbacterium 31 0%
			Erythrobacter 30 0%
			Kitasatospora 30 0%
			Flavitalea 29 0%
			Bdellovibrio 28 0%
			Cupriavidus 27 0%
			Arenimonas 27 0%
			Azoarcus 25 0%
			Azospirillum 24 0%
			Gp18 24 0%
			Inquilinus 22 0%
			Singulisphaera 22 0%
			Roseomonas 21 0%
			Sphingobium 21 0%
			Ensifer 20 0%
			Nonomuraea 20 0%
			Armatimonadetes_gp5 18 0%
			Ideonella 17 0%

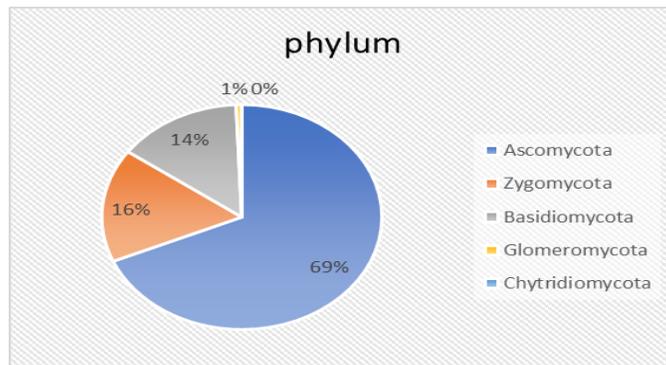
Massilia	17	0%	Balneimonas	6	0%
			Filomicrobium	6	0%
Myxococcus	17	0%	Ancylobacter	6	0%
			Rubrivivax	6	0%
Paenibacillus	17	0%	Geobacter	6	0%
			Rhizobacter	6	0%
Gp25	16	0%	Kibdelosporangium	6	0%
			Phycococcus	6	0%
Neochlamydia	16	0%	Janibacter	6	0%
			Demogina	6	0%
Methylobacterium	15	0%	BRC1 genera incertae sedis	6	0%
			Mitsuaria	5	0%
Acidovorax	15	0%	Duganella	5	0%
			Yersinia	5	0%
Byssovorax	15	0%	Peredibacter	5	0%
			Thermomonas	5	0%
Anaeromyxobacter	15	0%	Actinomycetospira	5	0%
			Marmorella	5	0%
Lentzea	15	0%	Cellulomonas	5	0%
			Conexibacter	5	0%
Actinocorallia	15	0%	Brvobacter	5	0%
			Gp15	5	0%
Clostridium sensu stricto	15	0%	Lewinella	5	0%
			Calclinea	5	0%
Phycisphaera	15	0%	Bacillariophyta	5	0%
			Rhodoplanes	4	0%
Friedmanniella	14	0%	Amaricoccus	4	0%
			Piscinibacter	4	0%
Actinomadura	14	0%	Dokdonella	4	0%
			Cellvibrio	4	0%
Sporosarcina	14	0%	Shewanella	4	0%
			Euzeyba	4	0%
Azohydromonas	13	0%	Gp2	4	0%
			Ammoniphilus	4	0%
Lechevalieria	13	0%	Parasegetibacter	4	0%
			Sediminibacterium	4	0%
Niabella	13	0%	Altererythrobacter	3	0%
			Pelomonas	3	0%
Craurococcus	12	0%	Schlegelella	3	0%
			Naxibacter	3	0%
Polaromonas	12	0%	Methylcyclophilus	3	0%
			Krasilnikovia	3	0%
Terrabacter	12	0%	Saccharopolyspora	3	0%
			Streptosporangium	3	0%
Edaphobacter	12	0%	Sporichthys	3	0%
			Actinomyces	3	0%
Mucilagibacter	12	0%	Iamia	3	0%
			Shimazuella	3	0%
Shinella	11	0%	Terribacillus	3	0%
			Jeotgallibacillus	3	0%
Xanthomonas	11	0%	Tumebacillus	3	0%
			Vellonella	3	0%
Lacibacter	11	0%	Rhodocytophaga	3	0%
			Parachlamydia	3	0%
Pontibacter	11	0%	Labrys	2	0%
			Pseudolabrys	2	0%
Dyadobacter	11	0%	Acidisoma	2	0%
			Porphyrobacter	2	0%
Armatimonas/Armatimonadetes_gp1	11	0%	Rhodobacter	2	0%
			Pseudomonodiferax	2	0%
Caulobacter	10	0%	Hydrogenophaga	2	0%
			Rivibacter	2	0%
Stenotrophomonas	10	0%	Dechloromonas	2	0%
			Nitrosomonas	2	0%
Aeromicrobium	10	0%	Luteibacter	2	0%
			Coxiella	2	0%
Nocardia	10	0%	Saccharothrix	2	0%
			Geodermatophilus	2	0%
Pedobacter	10	0%	Leifsonia	2	0%
			Kineococcus	2	0%
Streptophyta	10	0%	Glycomyces	2	0%
			Thermotolophilum	2	0%
Kaistia	9	0%	Gp11	2	0%
			Cohnella	2	0%
Defluviicoccus	9	0%	Thermoactinomyces	2	0%
			Alicyclobacillus	2	0%
Herbaspirillum	9	0%	Sporolactobacillus	2	0%
			Planifilum	2	0%
Nannocystis	9	0%	Enterococcus	2	0%
			Anaerococcus	2	0%
Dyella	9	0%	Sporocytophaga	2	0%
			Ermicicia	2	0%
Propionibacterium	9	0%	Chryseobacterium	2	0%
			Planctomyces	2	0%
Herpetosiphon	9	0%	Prostheobacter	2	0%
			OD1 genera incertae sedis	2	0%
Sphingopyxis	8	0%	Fibrilobacter	2	0%
			Lactotrichia	2	0%
Oxalicobacterium	8	0%	Meganema	1	0%
			Nitratireductor	1	0%
Enhygromyxa	8	0%	Phyllobacterium	1	0%
			Vasilyevaeva	1	0%
Legionella	8	0%	Chelatococcus	1	0%
			Rhodocista	1	0%
Cryptosporangium	8	0%	Rhizomicrobium	1	0%
			Paracoccus	1	0%
Promicromonospora	8	0%	Loktanelia	1	0%
			Caldimonas	1	0%
Chloroflexus	8	0%	Limnochabans	1	0%
			Roseateles	1	0%
Zavarzinella	8	0%	Comamonas	1	0%
			Achromobacter	1	0%
Bauldia	7	0%	Bordetella	1	0%
			Ralstonia	1	0%
Sphingosinicella	7	0%	Chondromyces	1	0%
			Aspromonas	1	0%
Rubellimicrobium	7	0%	Rudaea	1	0%
			Hydrocarboniphaga	1	0%
Burkholderia	7	0%	Serratia	1	0%
			Pantoea	1	0%
Georgfuchsia	7	0%	Arsenophonus	1	0%
			Longispora	1	0%
Azotobacter	7	0%	Catenuloplanes	1	0%
			Herbidospora	1	0%
Actinophytocola	7	0%	Sphaerisporangium	1	0%
			Modestobacter	1	0%
Pontibacillus	7	0%	Nakamurella	1	0%
			Rethia	1	0%
Brevundimonas	6	0%	Plantibacter	1	0%
			Gordonia	1	0%
			Jiangella	1	0%
			Acidithermonas	1	0%
			Gp20	1	0%
			Brevibacillus	1	0%
			Anoxybacillus	1	0%
			Hakobacillus	1	0%
			Lysinibacillus	1	0%
			Oxobacter	1	0%
			Symbiobacterium	1	0%
			Desulfobacterium	1	0%
			Clostridium XIVa	1	0%
			Clostridium XI	1	0%
			Sporacetigenium	1	0%
			Anaerospira	1	0%
			Tunicibacter	1	0%
			Segetibacter	1	0%
			Nubseila	1	0%
			Salinimicrobium	1	0%
			Heliothrix	1	0%
			Sphaerobacter	1	0%
			Gemmata	1	0%
			OP11 genera incertae sedis	1	0%



2.2. Reporte hongos ITS.

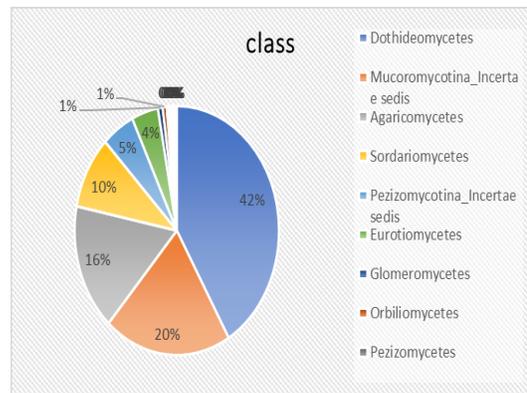
- Phylum

Phylum	Count	Porcentaje de identificación
Ascomycota	30439	69%
Zygomycota	7251	16%
Basidiomycota	6419	14%
Glomeromycota	271	1%
Chytridiomycota	15	0%



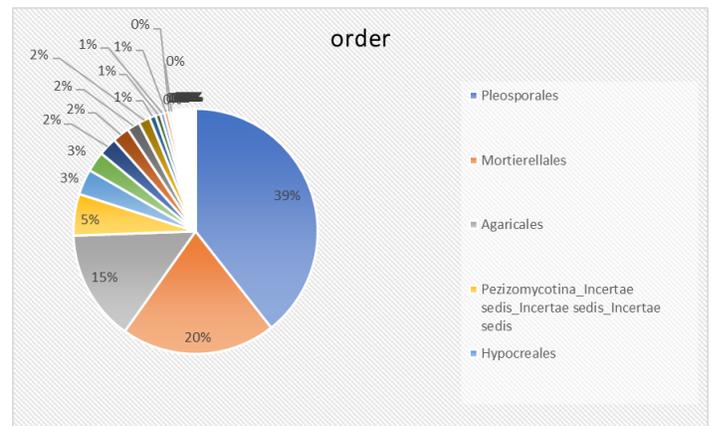
- Class

Class	Count	Porcentaje de identificación
Dothideomycetes	14783	42%
Mucoromycotina_Incertae sedis	7169	20%
Agaricomycetes	5869	16%
Sordariomycetes	3384	10%
Pezizomycotina_Incertae sedis	1846	5%
Eurotiomycetes	1497	4%
Glomeromycetes	271	1%
Orbiliomycetes	224	1%
Pezizomycetes	113	0%
Ustilaginomycetes	64	0%
Entomophthoromycotina_Incertae sedis	57	0%
Tremellomycetes	53	0%
Ustilaginomycotina_Incertae sedis	53	0%
Leotiomyces	48	0%
Microbotryomycetes	44	0%
Wallemiomycetes	39	0%
Saccharomycetes	37	0%
Exobasidiomycetes	25	0%
Chytridiomycetes	15	0%
Kickxellomycotina_Incertae sedis	11	0%
Pucciniomycetes	3	0%
Ascomycota_Incertae sedis_Incertae sedis	2	0%



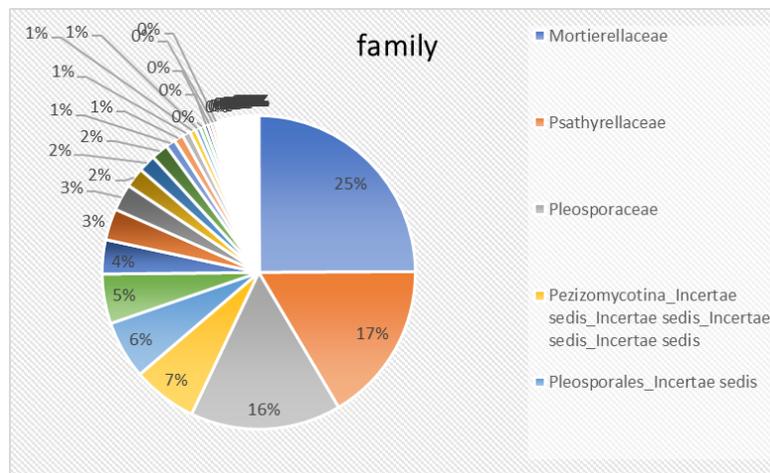
- Order

Order		Porcentaje de identificación
Pleosporales	13256	39%
Mortierellales	6882	20%
Agaricales	4920	15%
Pezizomycotina_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	1846	5%
Hypocreales	1135	3%
Eurotiales	897	3%
Sordariales	812	2%
Capnodiales	762	2%
Sordariomycetidae_Incertae sedis	566	2%
Chaetothyriales	511	2%
Mucorales	279	1%
Orbiliiales	224	1%
Cantharellales	175	1%
Dothideomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	173	1%
Xylariales	125	0%
Pezizales	113	0%
Dothideales	102	0%
Glomerales	98	0%
Auriculariales	81	0%
Ustilaginales	64	0%
Entomophthorales	57	0%
Onygenales	55	0%
Tremellales	53	0%
Malasseziales	53	0%
Paraglomerales	49	0%
Wallemiales	39	0%
Saccharomycetales	37	0%
Atheliales	33	0%
Microascales	32	0%
Diversisporales	27	0%
Entylomatales	25	0%
Sporidiobolales	23	0%
Microbotryales	20	0%
Botryosphaeriales	18	0%
Hypocreomycetidae_Incertae sedis	16	0%
Spizellomycetales	15	0%
Helotiales	14	0%
Thelephorales	14	0%
Kickxellales	11	0%
Dothideomycetidae_Incertae sedis	10	0%
Trichosphaeriales	7	0%
Sordariomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	6	0%
Enysphales	5	0%
Corticiales	4	0%
Pucciniales	3	0%
Verrucariales	2	0%
Phyllachorales	2	0%
Ascomycota_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	2	0%
Geastrales	2	0%
Diaporthales	1	0%
Trechisporales	1	0%



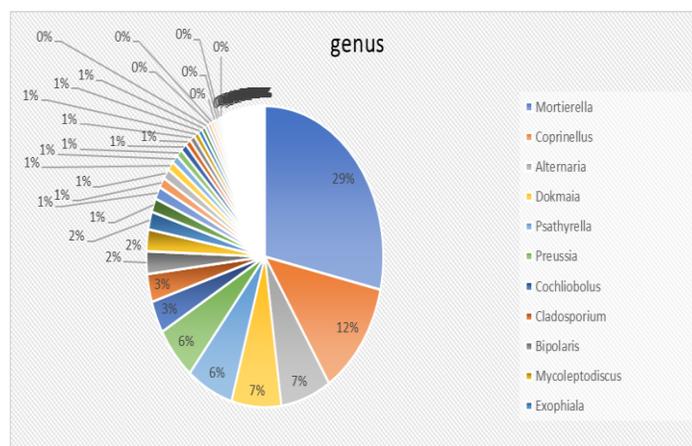
- Family

Family	Porcentaje de identificación				
Mortierellaceae	6882	25%	Agaricaceae	25	0%
Psathyrellaceae	4578	17%	Entolomataceae	25	0%
Pleosporaceae	4303	16%	Sporidiobolales_Incertae sedis	21	0%
Pezizomycotina_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae s	1846	7%	Microbotryaceae	20	0%
Pleosporales_Incertae sedis	1653	6%	Onygenales_Incertae sedis	19	0%
Sporormiaceae	1415	5%	Botryosphaeriaceae	18	0%
Nectriaceae	973	4%	Clavicipitaceae	16	0%
Trichocomaceae	893	3%	Plectosphaerellaceae	16	0%
Mycosphaerellaceae	759	3%	Hyponectriaceae	16	0%
Magnaporthaceae	566	2%	Spizellomycesaceae	15	0%
Herpotrichiellaceae	496	2%	Thelephoraceae	14	0%
Chaetomiaceae	485	2%	Chaetothyriaceae	12	0%
Mucoraceae	277	1%	Saccharomycodaceae	11	0%
Pleomassariaceae	266	1%	Dipodascaceae	11	0%
Orbiliaceae	224	1%	Kickellaceae	11	0%
Ceratobasidiaceae	175	1%	Eremomycesaceae	10	0%
Dothideomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	139	1%	Hypocreaceae	9	0%
Lasiosphaeriaceae	123	0%	Helotiales_Incertae sedis	9	0%
Pyrenomataceae	113	0%	Saccharomycetales_Incertae sedis	9	0%
Dothioraceae	101	0%	Montagnulaceae	8	0%
Glomeraceae	97	0%	Bionectriaceae	7	0%
Auriculariales_Incertae sedis	81	0%	Trichosphaeriales_Incertae sedis	7	0%
Lycoperdaceae	79	0%	Bolbitiaceae	7	0%
Sordariaceae	71	0%	Sordariomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	6	0%
Ustilaginaceae	64	0%	Pluteaceae	6	0%
Mycenaceae	63	0%	Erysiphaceae	5	0%
Basidiobolaceae	57	0%	Strophariaceae	5	0%
Tremellales_Incertae sedis	53	0%	Vibrissaceae	4	0%
Malasseziales_Incertae sedis	53	0%	Corticaceae	4	0%
Hypocreales_Incertae sedis	50	0%	Chaetothyriales_Incertae sedis	3	0%
Paraglomeraceae	49	0%	Capnodiaceae	2	0%
Phaeosphaeriaceae	42	0%	Verrucariaceae	2	0%
Wallemiaceae	39	0%	Phyllachoraceae	2	0%
Myxotrichaceae	34	0%	Lipomycesaceae	2	0%
Atheliaceae	33	0%	Ascomycota_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	2	0%
Microscaceae	32	0%	Entolomataceae	2	0%
Lophostomataceae	30	0%	Marasmiaceae	2	0%
Onygenaceae	29	0%	Geastraceae	2	0%
Diversisporaceae	26	0%	Pucciniaceae	2	0%
			Sporidiobolaceae	2	0%
			Tubeftiaceae	1	0%
			Eurotiales_Incertae sedis	1	0%
			Gymnoascaceae	1	0%
			Aellomycesaceae	1	0%
			Hydnodontaceae	1	0%
			Claroideoglomeraceae	1	0%
			Gigasporaceae	1	0%



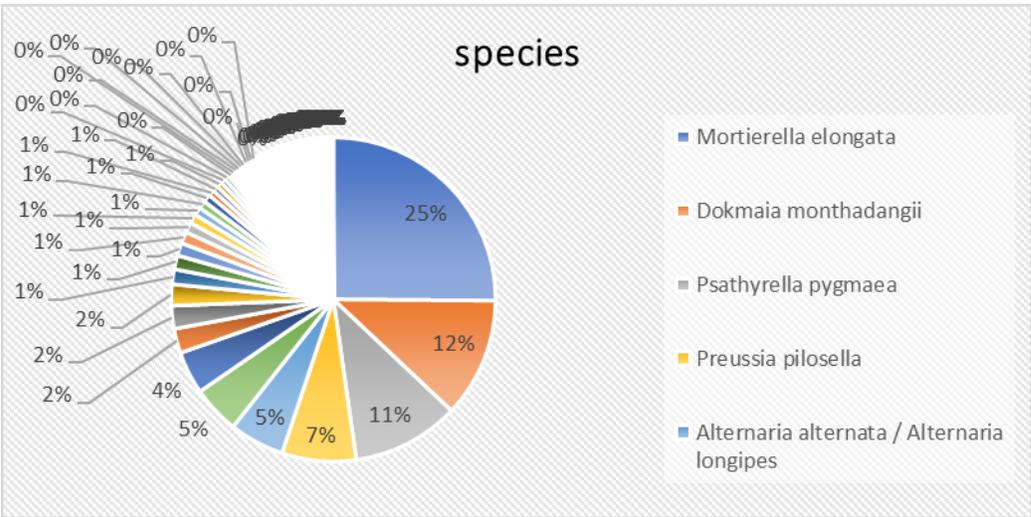
- Genus

Genus	Porcentaje de identificación	Genus	Porcentaje de identificación		
Mortierella	6882	29%	Tomentella	8	0%
Coprinellus	2982	12%	Paraconiothyrium	7	0%
Alternaria	1658	7%	Zopfiella	7	0%
Dokmaia	1638	7%	Staphylotrichum	7	0%
Psathyrella	1540	6%	Candida	7	0%
Preussia	1390	6%	Agroclybe	7	0%
Cochliobolus	831	3%	Rhizophagus	7	0%
Cladosporium	725	3%	Diplodia	6	0%
Bipolaris	585	2%	Neopetromyces	6	0%
Mycocleptodiscus	562	2%	Bionectria	6	0%
Exophiala	462	2%	Myrmecridium	6	0%
Fusarium	356	1%	Khuskia	6	0%
Penicillium	322	1%	Pluteus	6	0%
Helminthosporium	266	1%	Lophiostoma	5	0%
Rhizopus	265	1%	Oidiodendron	5	0%
Phoma	236	1%	Podosphaera	5	0%
Periconia	213	1%	Basidioascus	5	0%
Leptosphaerulina	205	1%	Cristinia	5	0%
Chaetomium	202	1%	Hannaella	5	0%
Edenia	174	1%	Eudarlucua	4	0%
Ceratobasidium	173	1%	Trichoderma	4	0%
Aspergillus	154	1%	Plectosphaerella	4	0%
Rhizopycnis	139	1%	Phialocephala	4	0%
Talaromyces	124	1%	Agaricus	4	0%
Torula	107	0%	Rhizoctonia	4	0%
Exserohilum	106	0%	Bipolaris / Cochliobolus	3	0%
Arthrotrichum	98	0%	Tetraploa	3	0%
Scutellinia	89	0%	Emericella	3	0%
Aureobasidium	79	0%	Phaeocystostroma	3	0%
Humicola	75	0%	Stropharia	3	0%
Fusarium / Gibberella	68	0%	Septoglossum	3	0%
Mycena	63	0%	Capnodium	2	0%
Podospora	62	0%	Strelitziana	2	0%
Basidiobolus	57	0%	Endocarpon	2	0%
Pseudozyma	54	0%	Trichocladium	2	0%
Malassezia	53	0%	Harpophora	2	0%
Glomus	52	0%	Acremonium	2	0%
Paraglomus	49	0%	Metacordyceps / Metarhizium	2	0%
Vermispora	47	0%	Metarhizium	2	0%
Cladorrhinum	43	0%	Graphium	2	0%
Epicoccum	41	0%	Colletotrichum	2	0%
Exserohilum / Setosphaeria	40	0%	Yarrowia	2	0%
Cryptococcus g1	39	0%	Lipomyces	2	0%
Wallemia	39	0%	Ilyonectria	2	0%
Gymnostellatospora	29	0%	Entoloma	2	0%
Athelia	28	0%	Marasmius	2	0%
Eupenicillium / Penicillium	27	0%	Geastrum	2	0%
Diversispora	26	0%	Sporidiobolus	2	0%
Stachybotrys	25	0%	Tubeufia	1	0%
Entyloma	25	0%	Ramichloridium	1	0%
Eurotium	21	0%	Paecilomyces	1	0%
Chlorophyllum	21	0%	Aspergillus / Eurotium	1	0%
Chrysosporium	20	0%	Thermomyces	1	0%
Pitheasus	20	0%	Gymnoascus	1	0%
Xylogone	20	0%	Spiromastix	1	0%
Sphaelotheca	20	0%	Phialophora	1	0%
Myceliophthora	19	0%	Coniosporium	1	0%
Myrothecium	19	0%	Gaeumannomyces	1	0%
Phaeosphaeria	18	0%	Sacrocladium	1	0%
Rhodotorula	18	0%	Metacordyceps	1	0%
Westerdykella	17	0%	Hypocrea / Trichoderma	1	0%
Gibberella	16	0%	Pseudallescheria	1	0%
Spizellomyces	15	0%	Nigrospora	1	0%
Fusicolla	13	0%	Trechispora	1	0%
Cyphellophora	12	0%	Uromyces	1	0%
Gibellulopsis / Verticillium	12	0%	Puccinia	1	0%
Mucor	12	0%	Claroideoglossum	1	0%
Massarina	11	0%	Gigaspora	1	0%
Ochroconis	11	0%			
Hanseniaspora	11	0%			
Ramicandelaber	11	0%			
Arthrographis	10	0%			
Thyrostroma	10	0%			
Microdochium	9	0%			
Tetracladium	9	0%			
Coprinopsis	9	0%			
Aphanoascus	8	0%			
Microascus	8	0%			
Monacrosporium	8	0%			



- Species

Species	Porcentaje de identificación				
Mortierella elongata	3449	25%	Podospora communis	5	0%
Dokmaia monthadangii	1638		Staphylotrichum boninense	5	0%
Psathyrella pygmaea	1470	11%	Pluteus longistriatus	5	0%
Preussia pilosella	1016		Cristinia helvetica	5	0%
Alternaria alternata / Alternaria longipes	753	5%	Cryptococcus victoriae	5	0%
Mortierella alpina	654	5%	Paraconiophyrium cyclothyrioides	4	0%
Bipolaris spicifera / Bipolaris tetramera	585	4%	Eudarlucia caricis	4	0%
Coprinellus marculentus	335	2%	Fusarium equiseti / Gibberella intricans	4	0%
Cochliobolus pallescens	315	2%	Arthrobotrys conoides	4	0%
Preussia terricola	291	2%	Phialocephala xalapensis	4	0%
Leptosphaerulina chartarum	205	1%	Coprinopsis phlyctidospora / Coprinopsis rugosobispora	4	0%
Mortierella wolfii	191	1%	Ceratobasidium sp AG_L	4	0%
Edenia gomezpompae	174	1%	Ceratobasidium sp AG_T	4	0%
Periconia macrospinoso	161	1%	Rhizoctonia sp TBR	4	0%
Rhizopycnis vagum	139	1%	Preussia minima	3	0%
Exophiala pisciphila	128	1%	Tetraploa aristata	3	0%
Rhizopus delemar	110	1%	Diplodia sp FJWW_2008	3	0%
Fusarium oxysporum	107	1%	Cyphellophora suttonii	3	0%
Torula caligans	107	1%	Podospora intestinaea	3	0%
Talaromyces purpurogenus	81	1%	Zopfiella marina	3	0%
Exserohilum rostratum	80	1%	Fusarium brachyqibbosum	3	0%
Humicola fuscoatra	75	1%	Fusarium sp FAN_2011e	3	0%
Aureobasidium pullulans var melanigenum	66	0%	Fusarium nygamai / Fusarium udum	3	0%
Mortierella exigua	65	0%	Scutellinia subhirtella	3	0%
Aspergillus dimorphicus / Aspergillus wentii	54	0%	Phaeocystotroma ambiguum	3	0%
Podospora tetraspora	47	0%	Hannaella zeae	3	0%
Vermispora fusarina	47	0%	Septoglomerum constrictum	3	0%
Malassezia restricta	44	0%	Lophiostoma semiliberum	2	0%
Phoma glomerata	43	0%	Capnodium coffeae	2	0%
Cladophium bulbiliosum	43	0%	Penicillium parvulum	2	0%
Pseudozyma flocculosa	42	0%	Penicillium aculeatum	2	0%
Exserohilum rostratum / Setosphaeria rostrata	40	0%	Aspergillus bridgeri / Aspergillus persii	2	0%
Wallemia sebi	39	0%	Aspergillus calidoustus / Aspergillus pseudodeflectus	2	0%
Arthrobotrys oligospora	38	0%	Strelitziana mali	2	0%
Epicoccum sorghi	37	0%	Endocarpon pusillum	2	0%
Penicillium canescens	36	0%	Chaetomium funicola / Chaetomium indicum	2	0%
Penicillium meleagrinum / Penicillium sumatrense	32	0%	Trichocladium asperum	2	0%
Basidiobolus haptoporus	31	0%	Mycoleptodiscus terrestris	2	0%
Gymnostellatospora japonica	29	0%	Harpophora maydis	2	0%
Psathyrella candolleana	28	0%	Myrothecium roridum	2	0%
Cochliobolus lunatus	27	0%	Metacordyceps taii / Metarhizium guizhouense	2	0%
Fusarium cf equiseti MY_2011 / Gibberella intricans	27	0%	Trichoderma arundinaceum	2	0%
Athelia rolfsii	27	0%	Graphium basistruncatum	2	0%
Exserohilum fusiforme	26	0%	Microascus trigonosporus	2	0%
Phoma paspali	26	0%	Nigrospora oryzae	2	0%
Penicillium sizovae	24	0%	Colletotrichum capsici	2	0%
Preussia intermedia	20	0%	Scutellinia nigrohirtula	2	0%
Aspergillus izukae	20	0%	Arthrobotrys gephyropaga	2	0%
Chrysosporium lobatum	20	0%	Podospaera clandestina	2	0%
Pitheosascus langeroni	20	0%	Basidioascus undulatus	2	0%
Sporisorium reilianum	20	0%	Yarrowia lipolytica	2	0%
Myceliophthora vellerea	19	0%	Ilyonectria macrodidyma	2	0%
Chlorophyllum hortense	19	0%	Rhizopus sexualis var americanus	2	0%
Paraglomerum laccatum	19	0%	Mucor ellipsoideus	2	0%
Eupenicillium rubidum / Penicillium pimateouense	18	0%	Coprinellus truncorum	2	0%
Myrothecium cinctum	16	0%	Coprinopsis insignis	2	0%
Cryptococcus rajasthanensis	16	0%	Coprinopsis cinerea	2	0%
Preussia similis	15	0%	Chlorophyllum molybdites	2	0%
Spizellomyces dolichospermus	15	0%	Agaricus campestris	2	0%
Eurotium amstelodami / Eurotium chevalieri	14	0%	Cryptococcus flavescens	2	0%
Fusicolla acetilera	13	0%	Cryptococcus paraflavus	2	0%
Stachybotrys chartarum / Stachybotrys chlorohalonata	12	0%	Hannaella oryzae	2	0%
Gibellulopsis nigrescens / Verticillium nigrescens	12	0%	Sporidiobolus sp JPS_2007a	2	0%
Xylogone sphaerospora	12	0%	Bipolaris heveae / Cochliobolus heveicola	1	0%
Cochliobolus cynodontis	11	0%	Lophiostoma arundinis	1	0%
Pseudozyma prolifica	11	0%	Tubeufia cerea	1	0%
Cladosporium perangustum / Cladosporium tenuissimum	10	0%	Helminthosporium solani	1	0%
Arthrographis kalrae	10	0%	Ramichloridium apiculatum	1	0%
Thyrostroma carpophilum	10	0%	Penicillium raperi	1	0%
Aspergillus melleus	10	0%	Penicillium janthinellum	1	0%
Fusarium sp NRRL 43630	10	0%	Penicillium radicum	1	0%
Ochroconis tshawwitschae	10	0%	Aspergillus awamori	1	0%
Mucor fragilis	10	0%	Aspergillus terreus	1	0%
Phaeosphaeria oryzae	9	0%	Aspergillus sp FLS_2010	1	0%
Talaromyces trachyspermus	9	0%	Talaromyces stollii	1	0%
Microdochium bollevi	9	0%	Paecilomyces marquandii	1	0%
Hanseniaspora opuntiae	9	0%	Aspergillus reptans / Eurotium niveoglucum	1	0%
Cryptococcus sp LRB_2012a	9	0%	Thermomyces lanuginosus	1	0%
Rhodotorula ferulica	9	0%	Gymnoascus reesii	1	0%
Malassezia globosa	9	0%	Spiromastix warcupii	1	0%
Monacrosporium leptosporum	8	0%	Phialophora cyclaminis	1	0%
Rhodotorula dairenensis	8	0%	Coniosporium apollinis	1	0%
Cochliobolus geniculatus	7	0%	Chaetomium perlucidum	1	0%
Aspergillus insuetus	7	0%	Chaetomium globosum	1	0%
Aphanoascus verrucosus	7	0%	Gaeumannomyces graminis var graminis	1	0%
Candida sake	7	0%	Acremonium alcalophilum	1	0%
Agroclype pediades	7	0%	Sarcocladium strictum	1	0%
Glomus indicum	7	0%	Metacordyceps chlamydosporia	1	0%
Massarina igniaria	6	0%	Scopulariopsis brevicaulis	1	0%
Aspergillus versicolor	6	0%	Pseudallescheria ellipsoidea	1	0%
Neopetromyces muricatus	6	0%	Nigrospora sphaerica	1	0%
Myrmecidium schutzeri	6	0%	Ochroconis sp KL_2011a	1	0%
Massarina corticola	5	0%	Lipomyces tetrasporus	1	0%
Aureobasidium pullulans	5	0%	Coprinellus curtus	1	0%
			Gigaspora rosea	1	0%

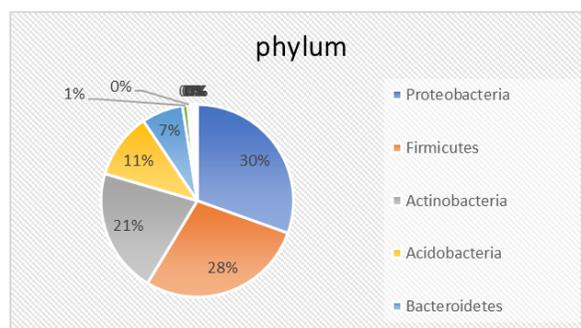


3. Tiempo final CNP (100101)+ m.o + M1

3.1. Reporte bacteriano 16S.

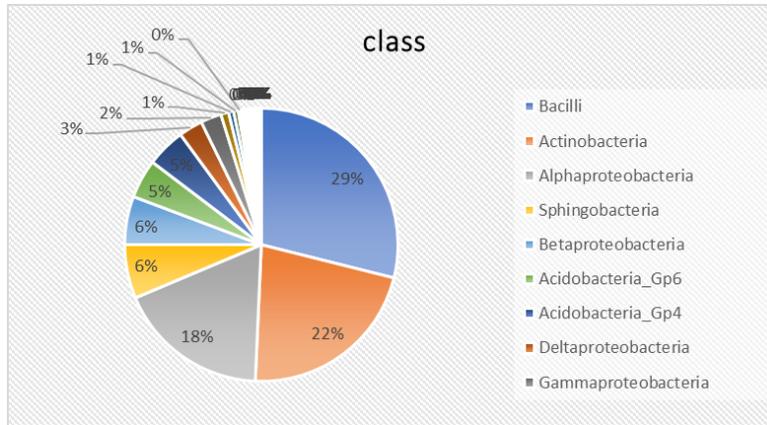
- Phylum

Phylum		Porcentaje de identificación
Proteobacteria	18156	30%
Firmicutes	16818	28%
Actinobacteria	12452	21%
Acidobacteria	6568	11%
Bacteroidetes	4151	7%
Gemmatimonadetes	527	1%
Chloroflexi	293	0%
Planctomycetes	181	0%
Verrucomicrobia	150	0%
Nitrospira	105	0%
Armatimonadetes	95	0%
WS3	59	0%
TM7	27	0%
Chlamydiae	25	0%
Cyanobacteria/Chloroplast	12	0%
BRC1	3	0%
Fibrobacteres	1	0%
OP11	1	0%



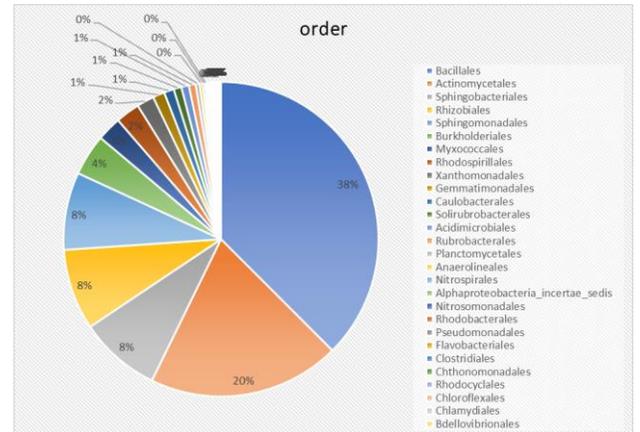
- Class

Class		Porcentaje de identificación
Bacilli	16519	29%
Actinobacteria	12452	22%
Alphaproteobacteria	10252	18%
Sphingobacteria	3644	6%
Betaproteobacteria	3271	6%
Acidobacteria_Gp6	2627	5%
Acidobacteria_Gp4	2626	5%
Deltaproteobacteria	1619	3%
Gammaproteobacteria	1399	2%
Gemmatimonadetes	527	1%
Acidobacteria_Gp3	344	1%
Bacteroidetes_incertae_sedis	299	1%
Acidobacteria_Gp5	170	0%
Planctomycetacia	170	0%
Acidobacteria_Gp16	148	0%
Acidobacteria_Gp7	135	0%
Anaerolineae	135	0%
Nitrospira	105	0%
Acidobacteria_Gp10	104	0%
Subdivision3	86	0%
Acidobacteria_Gp17	75	0%
Clostridia	63	0%
Flavobacteria	56	0%
Acidobacteria_Gp22	46	0%
Chloroflexi	41	0%
Chthonomonadetes	39	0%
Spartobacteria	27	0%
Chlamydiae	25	0%
Armatimonadia	19	0%
Acidobacteria_Gp25	18	0%
Acidobacteria_Gp1	17	0%
Thermomicrobia	10	0%
Opitutae	10	0%
Verrucomicrobiae	8	0%
Cyanobacteria	8	0%
Erysipelotrichia	6	0%
Acidobacteria_Gp18	6	0%
Phycisphaerae	6	0%
Ktedonobacteria	6	0%
Caldilineae	6	0%
Negativicutes	5	0%
Chloroplast	4	0%
Acidobacteria_Gp15	3	0%
Bacteroidia	2	0%
Acidobacteria_Gp11	2	0%
Acidobacteria_Gp2	2	0%
Fibrobacteria	1	0%



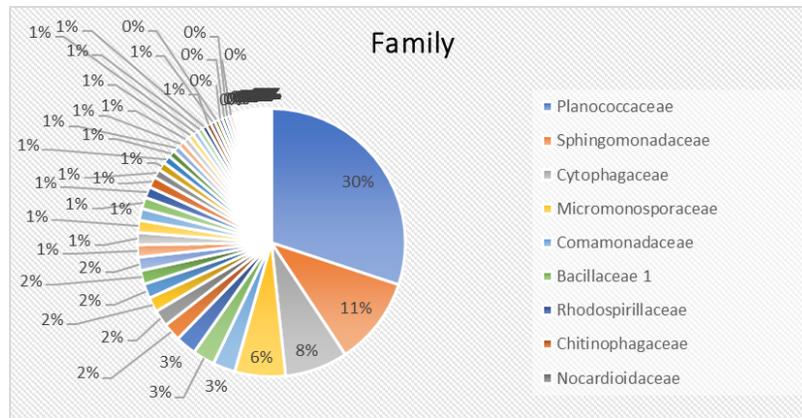
- Order

Order	Count	Porcentaje de identificación
Bacillales	16347	38%
Actinomycetales	8602	20%
Sphingobacteriales	3644	8%
Rhizobiales	3627	8%
Sphingomonadales	3476	8%
Burkholderiales	1853	4%
Myxococcales	1094	3%
Rhodospirillales	1084	2%
Xanthomonadales	776	2%
Gemmatimonadales	527	1%
Caulobacterales	440	1%
Solirubrobacterales	351	1%
Acidimicrobiales	339	1%
Rubrobacterales	305	1%
Planctomycetales	170	0%
Anaerolineales	135	0%
Nitrospirales	105	0%
Alphaproteobacteria_incertae_sedis	86	0%
Nitrosomonadales	84	0%
Rhodobacterales	80	0%
Pseudomonadales	79	0%
Flavobacteriales	56	0%
Clostridiales	49	0%
Chthonomonadales	39	0%
Rhodocyclales	37	0%
Chloroflexales	29	0%
Chlamydiales	25	0%
Bdellovibrionales	19	0%
Armatimonadales	19	0%
Legionellales	17	0%
Opitutales	10	0%
Verrucomicrobiales	8	0%
Euzebyales	7	0%
Erysipelotrichales	6	0%
Desulfuromonadales	6	0%
Phycisphaerales	6	0%
Ktedonobacterales	6	0%
Caldilineales	6	0%
Sphaerobacterales	6	0%
Selenomonadales	5	0%
Lactobacillales	4	0%
Coriobacteriales	4	0%
Alteromonadales	4	0%
Herpetosiphonales	3	0%
Thermoanaerobacterales	2	0%
Bacteroidales	2	0%
Chromatiales	2	0%
Enterobacteriales	2	0%
Thermoleophilales	1	0%
Desulfovibrionales	1	0%
Pasteurellales	1	0%
Thiotrichales	1	0%
Oceanospirillales	1	0%
Fibrobacterales	1	0%



- Family

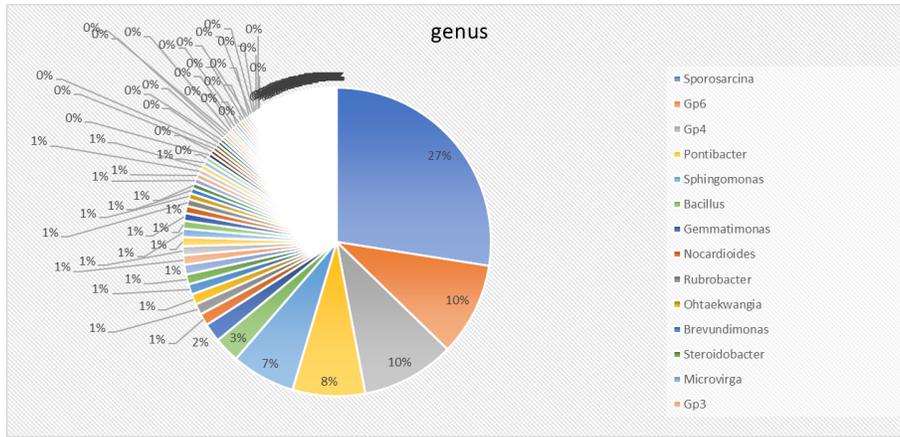
Family		Porcentaje de identificación			
Planococcaceae	8983	30%	Conexibacteraceae	12	0%
Sphingomonadaceae	3175	11%	Coxiellaceae	12	0%
Cytophagaceae	2268	8%	lamiaceae	11	0%
Micromonosporaceae	1828	6%	Nannocystaceae	11	0%
Comamonadaceae	806	3%	Cryptosporangiaceae	10	0%
Bacillaceae 1	800	3%	Streptosporangiaceae	10	0%
Rhodospirillaceae	748	3%	Opiritaceae	10	0%
Chitinophagaceae	643	2%	Peptostreptococcaceae	9	0%
Nocardiodaceae	597	2%	Methylocystaceae	9	0%
Streptomycetaceae	531	2%	Paenibacillaceae 2	8	0%
Gemmatimonadaceae	527	2%	Dermacoccaceae	8	0%
Sphingobacteriaceae	496	2%	Verrucomicrobiaceae	8	0%
Xanthomonadaceae	482	2%	Thermoactinomyetaceae 1	7	0%
Pseudonocardiaceae	443	1%	Euzebeyaceae	7	0%
Microbacteriaceae	440	1%	Sporolactobacillaceae	6	0%
Paenibacillaceae 1	437	1%	Erysipelotrichaceae	6	0%
Alcaligenaceae	428	1%	Phycisphaeraceae	6	0%
Caulobacteraceae	414	1%	Caldilineaceae	6	0%
Bradyrhizobiaceae	400	1%	Sphaerobacteraceae	6	0%
Hyphomicrobiaceae	393	1%	Lachnospiraceae	5	0%
Methylobacteriaceae	310	1%	Cellulomonadaceae	5	0%
Rubrobacteraceae	305	1%	Bacteriovoracaceae	5	0%
Sinobacteraceae	289	1%	Pseudomonadaceae	5	0%
Polyangiaceae	254	1%	Legionellaceae	5	0%
Acidimicrobiaceae	241	1%	Veillonellaceae	4	0%
Rhizobiaceae	232	1%	Coriobacteriaceae	4	0%
Propionibacteriaceae	222	1%	Flammeovirgaceae	4	0%
Micrococcaceae	204	1%	Chloroplast	4	0%
Acetobacteraceae	201	1%	Ruminococcaceae	3	0%
Bacillaceae 2	189	1%	Clostridiales_Incertae Sedis XVIII	3	0%
Phyllobacteriaceae	178	1%	Demequinaceae	3	0%
Planctomycetaceae	170	1%	Glycomycetaceae	3	0%
Geodermatophilaceae	159	1%	Shewanellaceae	3	0%
Intrasporangiaceae	147	0%	Herpetosiphonaceae	3	0%
Solirubrobacteraceae	142	0%	Streptococcaceae	2	0%
Mycobacteriaceae	136	0%	Thermoanaerobacteraceae	2	0%
Anaerolineaceae	135	0%	Peptococcaceae 1	2	0%
Cystobacteraceae	128	0%	Clostridiaceae 2	2	0%
Nitrospiraceae	105	0%	Bogoriellaceae	2	0%
Burkholderiales_incertae_sedis	95	0%	Jiangellaceae	2	0%
Nitrosomonadaceae	83	0%	Desulfuromonadaceae	2	0%
Rhodobacteraceae	80	0%	Enterobacteriaceae	2	0%
Moraxellaceae	74	0%	Lactobacillaceae	1	0%
Oxalobacteraceae	71	0%	Nakamurellaceae	1	0%
Flavobacteriaceae	55	0%	Nocardiopsaceae	1	0%
Alicyclobacillaceae	51	0%	Thermomonosporaceae	1	0%
Erythrobacteraceae	43	0%	Thermolephilaceae	1	0%
Chthonomonadaceae	39	0%	Porphyromonadaceae	1	0%
Rhodocyclaceae	37	0%	Beijerinckiaceae	1	0%
Haliangiaceae	35	0%	Geobacteraceae	1	0%
Kofleriaceae	33	0%	Desulfhalobiaceae	1	0%
Chloroflexaceae	29	0%	Pasteurellaceae	1	0%
Promicromonosporaceae	27	0%	Alteromonadaceae	1	0%
Phaselocystidaceae	27	0%	Chromatiaceae	1	0%
Kineosporiaceae	23	0%	Ktedonobacteraceae	1	0%
Bacillales_Incertae Sedis XII	22	0%	Fibrobacteraceae	1	0%
Xanthobacteraceae	22	0%			
Burkholderiaceae	20	0%			
Armatimonadaceae	19	0%			
Rhizobiales_incertae_sedis	17	0%			
Staphylococcaceae	16	0%			
Clostridiaceae 1	16	0%			
Hyphomonadaceae	16	0%			
Parachlamydiaceae	16	0%			
Nocardiaceae	15	0%			
Myxococcaceae	15	0%			
Brucellaceae	13	0%			
Bdellovibrionaceae	13	0%			
Thermoactinomyetaceae 2	12	0%			



- Genus

Genus	Porcentaje de identificación	Genus	Porcentaje de identificación		
Sporosarcina	7383	27%	Novosphingobium	34	0%
Gp6	2627	10%	Pusillimonas	34	0%
Gp4	2626	10%	Cystobacter	34	0%
Pontibacter	2045	8%	Koferia	33	0%
Sphingomonas	1800	7%	Friedmanniella	31	0%
Bacillus	721	3%	Flavisolibacter	31	0%
Gemmatimonas	527	2%	Singulisphaera	31	0%
Nocardiodides	337	1%	Cohnella	30	0%
Rubrobacter	305	1%	Mucilaginibacter	28	0%
Ohtaekwangia	299	1%	Azospirillum	28	0%
Brevundimonas	291	1%	Armatimonadetes_gp4	28	0%
Steroidobacter	281	1%	Phaselicystis	27	0%
Microvirga	275	1%	TM7_genera_incertae_sedis	27	0%
Gp3	265	1%	Spartobacteria_genera_incertae_sedis	27	0%
Streptomyces	254	1%	Terrabacter	25	0%
Bradyrhizobium	250	1%	Tumebacillus	24	0%
Illumatobacter	238	1%	Niastella	23	0%
Lysobacter	222	1%	Exiguobacterium	22	0%
Pseudonocardia	215	1%	Variovorax	22	0%
Agromyces	201	1%	Aeromicrobium	21	0%
Delftia	198	1%	Ferruginibacter	20	0%
Gp5	170	1%	Ancylobacter	20	0%
Arthrobacter	153	1%	Arenimonas	19	0%
Gp16	148	1%	Armatimonas/Armatimonadetes_gp1	19	0%
Pedobacter	146	1%	Planococcaceae_incertae_sedis	18	0%
Solirubrobacter	142	1%	Chitinophaga	18	0%
Rhizobium	138	1%	Kaistia	18	0%
Mycobacterium	136	1%	Sphingobium	18	0%
Gp7	135	1%	Gp25	18	0%
Sphingobacterium	124	0%	Kineosporia	17	0%
Adhaeribacter	120	0%	Dactylosporangium	15	0%
Skermanella	114	0%	Methyllobacterium	15	0%
Nitrospira	105	0%	Bauldia	15	0%
Gp10	104	0%	Longilinea	15	0%
Microlunatus	103	0%	Cupriavidus	14	0%
Virgisporangium	94	0%	Promicromonospora	13	0%
Micromonospora	90	0%	Actinomycetospora	13	0%
Mesorhizobium	90	0%	Rubellimicrobium	13	0%
Pedomicrobium	87	0%	Clostridium_sensu_stricto	12	0%
Subdivision3_genera_incertae_sedis	86	0%	Conexibacter	12	0%
Geminicoccus	85	0%	Erythrobacter	12	0%
Paenibacillus	81	0%	Inquilinus	12	0%
Nitrosospora	79	0%	Dongia	12	0%
Hypomicrobium	77	0%	Craurococcus	12	0%
Gp17	75	0%	Myxococcus	12	0%
Actinoplanes	74	0%	Bdellovibrio	12	0%
Acinetobacter	73	0%	Zavarzinella	12	0%
Blastococcus	71	0%	Iamia	11	0%
Sphingopyxis	66	0%	Balneimonas	11	0%
Devosia	62	0%	Amaricoccus	11	0%
WS3_genera_incertae_sedis	59	0%	Stenotrophomonas	11	0%
Kribbella	55	0%	Staphylococcus	10	0%
Roseomonas	55	0%	Cryptosporangium	10	0%
Microbacterium	54	0%	Aquicella	10	0%
Phenylobacterium	49	0%	Opitutus	10	0%
Sorangium	49	0%	Caryophanon	9	0%
Bosea	47	0%	Terribacillus	9	0%
Gp22	46	0%	Alcaligenes	9	0%
Catelliglobospora	45	0%	Bordetella	9	0%
Aquabacterium	44	0%	Ideonella	9	0%
Amycolatopsis	42	0%	Azoarcus	9	0%
Ramlibacter	42	0%	Pseudoxanthomonas	9	0%
Chthonomonas/Armatimonadetes_gp3	39	0%	Gp1	9	0%
Ensifer	38	0%	Brevibacillus	8	0%
Catellatospora	37	0%	Pontibacillus	8	0%
Flavobacterium	36	0%	Planifilum	8	0%
Kitasatospora	35	0%	Dermacoccus	8	0%
Anaeromyxobacter	35	0%	Geodermatophilus	8	0%
Haliangium	35	0%	Nonomuraea	8	0%
			Terimonas	8	0%

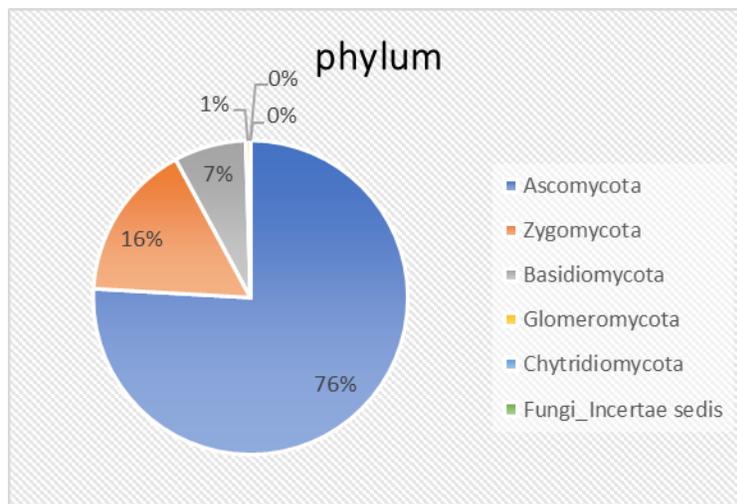
Rhodoplanes	8	0%	Leucobacter	2	0%
Massilia	8	0%	Georgenia	2	0%
Shinella	8	0%	Kibdelosporangium	2	0%
Armatimonadetes_gp5	8	0%	Jiangella	2	0%
Marmoricola	7	0%	Flectobacillus	2	0%
Leifsonia	7	0%	Lacibacter	2	0%
Janibacter	7	0%	Rhodomicrobium	2	0%
Euzebya	7	0%	Vasiyevaea	2	0%
Byssovorax	7	0%	Loktanella	2	0%
Sporolactobacillaceae_incertae_sedis	6	0%	Caldimonas	2	0%
Krasilnikovia	6	0%	Roseateles	2	0%
Rhodococcus	6	0%	Duganella	2	0%
Dyadobacter	6	0%	Azohydromonas	2	0%
Flavitalea	6	0%	Advenella	2	0%
Filomicrobium	6	0%	Rivibacter	2	0%
Defluviococcus	6	0%	Georgfuchsia	2	0%
Paracoccus	6	0%	Desulfuromonas	2	0%
Oxalicibacterium	6	0%	Cellvibrio	2	0%
Nannocystis	6	0%	Coxiella	2	0%
Xanthomonas	6	0%	Edaphobacter	2	0%
Gp18	6	0%	Gp11	2	0%
Phycisphaera	6	0%	Gp2	2	0%
Neochlamydia	6	0%	Streptophyta	2	0%
Caldilinea	6	0%	Bacillariophyta	2	0%
Sphaerobacter	6	0%	Bhargavaea	1	0%
Sporacetigenium	5	0%	Paenisporosarcina	1	0%
Mycetocola	5	0%	Anoxybacillus	1	0%
Ornithinimicrobium	5	0%	Oceanobacillus	1	0%
Phycococcus	5	0%	Salinicoccus	1	0%
Actinophytocola	5	0%	Lactobacillus	1	0%
Lentzea	5	0%	Clostridium_XIVa	1	0%
Nocardia	5	0%	Desulfotobacterium	1	0%
Rhodocytophaga	5	0%	Natronincola	1	0%
Acidovorax	5	0%	Clostridium_XVIII	1	0%
Achromobacter	5	0%	Actinocatensispora	1	0%
Peredibacter	5	0%	Clavibacter	1	0%
Legionella	5	0%	IsotERICOLA	1	0%
Chloroflexus	5	0%	Rothia	1	0%
Planococcus	4	0%	Saccharothrix	1	0%
Alicyclobacillus	4	0%	Gordonia	1	0%
Thermoactinomyces	4	0%	Streptosporangium	1	0%
Macrococcus	4	0%	Actinomadura	1	0%
Ammoniphilus	4	0%	Thermoleophilum	1	0%
Turcibacter	4	0%	Flaviumibacter	1	0%
Cellulomonas	4	0%	Afipia	1	0%
Parasegetibacter	4	0%	Labrys	1	0%
Nitratireductor	4	0%	Brucella	1	0%
Herbaspirillum	4	0%	Mycoplana	1	0%
Nitrosomonas	4	0%	Methylocystis	1	0%
Dokdonella	4	0%	Chelatococcus	1	0%
Planctomyces	4	0%	Altererythrobacter	1	0%
Parachlamydia	4	0%	Rhodocista	1	0%
Lysinibacillus	3	0%	Desertibacter	1	0%
Fontibacillus	3	0%	Acidisoma	1	0%
Symbiobacterium	3	0%	Caulobacter	1	0%
Demequina	3	0%	Limnochabitans	1	0%
Lechevalieria	3	0%	Simplicispira	1	0%
Glycomyces	3	0%	Ralstonia	1	0%
Hymenobacter	3	0%	Pandoraea	1	0%
Niabella	3	0%	Mitsuaria	1	0%
Chryseobacterium	3	0%	Piscinibacter	1	0%
Salinarimonas	3	0%	Rubrivivax	1	0%
Ochrobactrum	3	0%	Corallococcus	1	0%
Sphingosinicella	3	0%	Vampirovibrio	1	0%
Hydrogenophaga	3	0%	Geobacter	1	0%
Dyella	3	0%	Desulfovermiculus	1	0%
Pseudomonas	3	0%	Thermomonas	1	0%
Shewanella	3	0%	Haemophilus	1	0%
Gp15	3	0%	Haliea	1	0%
Isosphaera	3	0%	Nitrosococcus	1	0%
Gemmata	3	0%	Pantoea	1	0%
Herpetosiphon	3	0%	Bryobacter	1	0%
BRC1_genera_incertae_sedis	3	0%	Rhodopirellula	1	0%
Jeotgalibacillus	2	0%	Ktedonobacter	1	0%
Rummeliibacillus	2	0%	Verrucomicrobium	1	0%
Thermobacillus	2	0%	Luteolibacter	1	0%
Halobacillus	2	0%	Fibrobacter	1	0%
Streptococcus	2	0%	OP11_genera_incertae_sedis	1	0%
Sporobacter	2	0%			
Propionibacterium	2	0%			



3.2. Reporte hongos ITS.

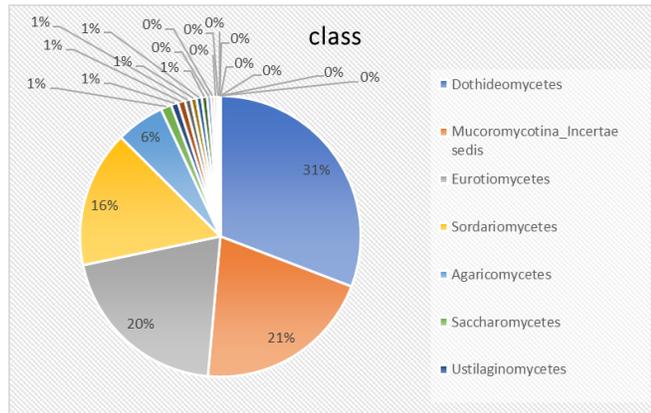
- Phylum

Phylum		Porcentaje de identificación
Ascomycota	31672	76%
Zygomycota	6760	16%
Basidiomycota	3090	7%
Glomeromycota	202	0%
Chytridiomycota	2	0%
Fungi_Incertae sedis	1	0%



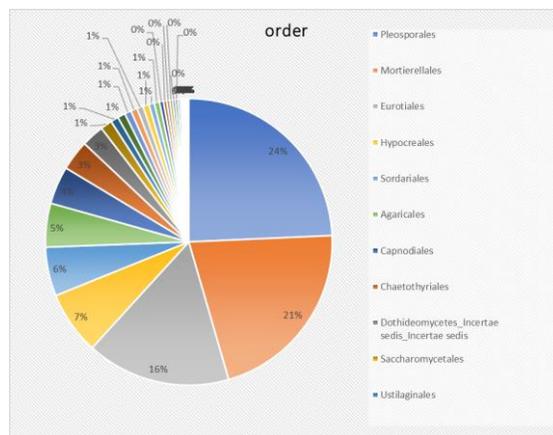
- Class

Class		Porcentaje de identificación
Dothideomycetes	10095	31%
Mucoromycotina_Incertae sedis	6755	21%
Eurotiomycetes	6649	20%
Sordariomycetes	5157	16%
Agaricomycetes	1831	6%
Saccharomycetes	405	1%
Ustilaginomycetes	270	1%
Pezizomycotina_Incertae sedis	266	1%
Pezizomycetes	227	1%
Pucciniomycetes	211	1%
Tremellomycetes	202	1%
Glomeromycetes	202	1%
Microbotryomycetes	147	0%
Leotiomycetes	117	0%
Orbiliomycetes	112	0%
Exobasidiomycetes	91	0%
Wallemiomycetes	12	0%
Ustilaginomycotina_Incertae sedis	9	0%
Agaricostilbomycetes	3	0%
Chytridiomycetes	2	0%
Kickxellomycotina_Incertae sedis	1	0%
Fungi_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	1	0%



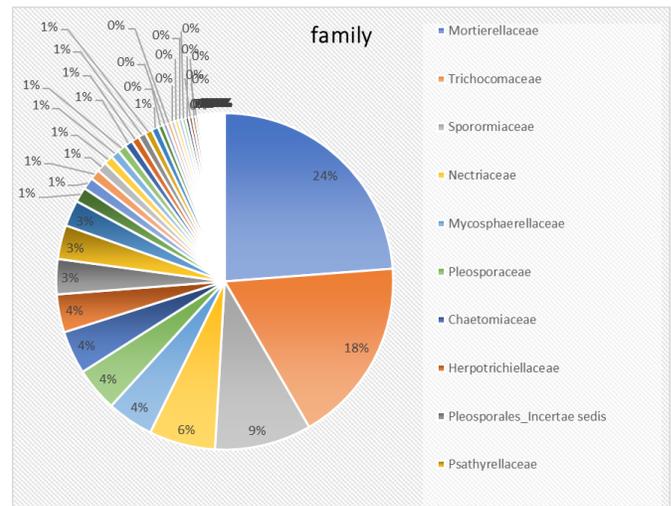
- Order

Order		Porcentaje de identificación
Pleosporales	7476	24%
Mortierellales	6529	21%
Eurotiales	5001	16%
Hypocreales	2194	7%
Sordariales	1698	6%
Agaricales	1520	5%
Capnodiales	1316	4%
Chaetothyriales	1047	3%
Dothideomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	784	3%
Saccharomycetales	405	1%
Ustilaginales	270	1%
Pezizomycotina_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	266	1%
Onygenales	230	1%
Pezizales	227	1%
Mucorales	216	1%
Pucciniales	211	1%
Microascales	187	1%
Tremellales	184	1%
Hypocreomycetidae_Incertae sedis	137	0%
Orbitales	112	0%
Microbotryales	104	0%
Glomerales	102	0%
Entylomatales	91	0%
Dothideales	90	0%
Xylariales	85	0%
Evryphietales	42	0%
Dothideomycetidae_Incertae sedis	38	0%
Sporidobolales	25	0%
Helotiales	23	0%
Diversisporales	23	0%
Leotiomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	22	0%
Paraglomerales	20	0%
Sassteriales	13	0%
Polyperales	12	0%
Wallemiales	12	0%
Trichosphaeriales	11	0%
Fibrosidiales	9	0%
Malasseziales	9	0%
Thelephorales	6	0%
Coniochaetales	4	0%
Agaricostilbales	3	0%
Mycocalpiciales	2	0%
Diaporthales	2	0%
Sordariomycetidae_Incertae sedis	2	0%
Atheliales	2	0%
Auriculariales	2	0%
Trichosporonales	2	0%
Spizellomycesetales	2	0%
Melanosporales	1	0%
Sordariomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis	1	0%
Kickxellales	1	0%
Fungi_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	1	0%



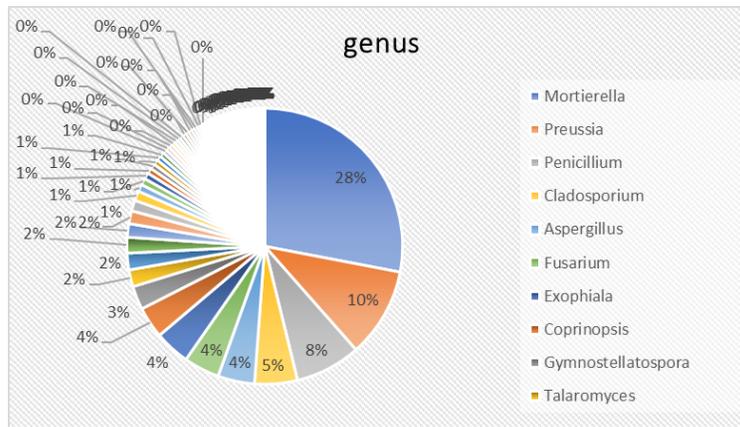
- Family

Family		Porcentaje de identificación
Mortierellaceae	6529	24%
Trichomycetaceae	4899	18%
Sporormiaceae	2547	9%
Nectriaceae	1747	6%
Mycosphaerellaceae	1227	4%
Pleosporaceae	1157	4%
Chaetomiaceae	1137	4%
Herpotrichiellaceae	1003	4%
Pleosporales_Incertae sedis	926	3%
Psathyrellaceae	895	3%
Myxotrichaceae	688	3%
Dipodasaceae	393	1%
Lasiosphaeriaceae	315	1%
Ustilaginaceae	268	1%
Peizomycotina_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	266	1%
Lycoperdaceae	236	1%
Pyrenomataceae	227	1%
Agaricaceae	224	1%
Onygenaceae	210	1%
Pucciniaceae	202	1%
Mucoraceae	198	1%
Microasaceae	187	1%
Tremellales_Incertae sedis	184	1%
Plectosphaeriellaceae	137	0%
Orbiliaceae	112	0%
Phaeosphaeriaceae	105	0%
Microbotryaceae	104	0%
Glomeraceae	100	0%
Hypocreaceae	96	0%
Dothideomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	94	0%
Entylomataceae	91	0%
Dothioraceae	90	0%
Hypocreales_Incertae sedis	80	0%
Capnodiaceae	69	0%
Bolbitaceae	55	0%
Montagnulaceae	54	0%
Clavicipitaceae	48	0%
Erysiphaceae	42	0%
Eremomycetaceae	38	0%
Chaetothyriales_Incertae sedis	37	0%
Lophosomataceae	31	0%
Dothidothiaceae	29	0%
Diversisporaceae	23	0%
Leotiomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	22	0%
Hyponectriaceae	22	0%
Sporidobolales_Incertae sedis	22	0%
Paraglomeraceae	20	0%
Sordariaceae	19	0%
Bionectriaceae	19	0%
Helotiales_Incertae sedis	17	0%
Entolomataceae	13	0%
Geastraceae	13	0%
Teratosphaeriaceae	12	0%
Ganodermataceae	12	0%
Wallemiaceae	12	0%
Trichosphaeriales_Incertae sedis	11	0%
Radomycetaceae	10	0%
Tricholomataceae	10	0%
Filobasidiaceae	9	0%
Melasseziales_Incertae sedis	9	0%
Pleomassariaceae	7	0%
Apellomycetaceae	7	0%
Xylariales_Incertae sedis	7	0%
Chaetothyriaceae	6	0%
Thelephoraceae	6	0%
Vibriseaceae	5	0%
Gymnoascaceae	5	0%
Coniochaetaceae	4	0%
Mycenaceae	4	0%
Strophariaceae	4	0%
Capnodiales_Incertae sedis	3	0%
Arthrodermataceae	3	0%
Backusellaceae	3	0%
Chionosphaeraceae	3	0%
Onygenales_Incertae sedis	2	0%
Mycocaliciaceae	2	0%
Magnaporthaceae	2	0%
Saccharomycetaceae	2	0%
Athelaceae	2	0%
Auriculariales_Incertae sedis	2	0%
Trichosporonaceae	2	0%
Uropyxidaceae	2	0%
Spizellomycetaceae	2	0%
Tubeufiaceae	1	0%
Ceratostomataceae	1	0%
Sordariomycetes_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	1	0%
Kickxellaceae	1	0%
Sporidobolaceae	1	0%
Clariodogomeraceae	1	0%
Fungi_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis_Incertae sedis	1	0%



- Genus

Genus		Porcentaje de identificación	
Mortierella	6529	28%	
Preussia	2445	10%	
Penicillium	1792	8%	
Cladosporium	1169	5%	
Aspergillus	1003	4%	
Fusarium	978	4%	
Exophiala	969	4%	
Coprinopsis	857	4%	
Gymnostellatospora	643	3%	
Talaromyces	462	2%	
Phoma	455	2%	
Cochliobolus	430	2%	
Chaetomium	370	2%	
Humicola	352	2%	
Alternaria	296	1%	
Pseudozyma	262	1%	
Rhizopus	198	1%	
Scutellinia	185	1%	
Chrysosporium	169	1%	
Lepiota	150	1%	
Eupenicillium / Penicillium	143	1%	
Pithoascus	141	1%	
Gibellulopsis / Verticillium	131	1%	
Eurotium	121	1%	
Uromyces	112	0%	
Epicoccum	105	0%	
Sphacelotheca	104	0%	
Neopetromyces	101	0%	
Rhizopycnis	94	0%	
Periconia	93	0%	
Westerdykella	93	0%	
Cryptococcus g1	93	0%	
Fusarium / Gibberella	92	0%	
Entyloma	91	0%	
Leptosphaerulina	86	0%	
Torula	84	0%	
Podospora	83	0%	
Puccinia	73	0%	
Capnodium	69	0%	
Aureobasidium	64	0%	
Hannaella	56	0%	
Xylogone	55	0%	
Cladorrhinum	54	0%	
Arthrobotrys	53	0%	
Dokmaia	51	0%	
Trichoderma	48	0%	
Oidiodendron	45	0%	
Chlorophyllum	44	0%	
Edenia	41	0%	
Vermispora	40	0%	
Glomus	39	0%	
Paraconiothyrium	38	0%	
Arthrographis	38	0%	
Microascus	37	0%	
Basidioascus	37	0%	
Coprinellus	37	0%	
Myrothecium	36	0%	
Phaeosphaeria	35	0%	
Golovinomyces	35	0%	
Aspergillus / Eurotium	32	0%	
Massarina	31	0%	
Conocybe	31	0%	
Bipolaris	29	0%	
Spenceriartinsia	29	0%	
Strelitziana	28	0%	
Geotrichum	26	0%	
Gibberella	25	0%	
Auxarthron	24	0%	
Diversispora	23	0%	
Geomyces	22	0%	
Acremonium	21	0%	
Paraglomus	20	0%	
Phaeocytostroma	19	0%	
Emericella	18	0%	
Bionectria	18	0%	
Paecilomyces	15	0%	
Scytalidium	13	0%	
Microdochium	13	0%	
Agaricus	13	0%	
Entoloma	13	0%	
Thielavia	12	0%	
Gastrocybe	12	0%	
Geastrum	12	0%	
Rhodotorula	12	0%	
Wallemia	12	0%	
Aphanoascus	11	0%	
Hypocrea / Trichoderma	11	0%	
Ganoderma	11	0%	
Ulocladium	10	0%	
Apophysomyces	10	0%	
Lepista	10	0%	
Coniosporium	9	0%	
Cryptococcus g2	9	0%	
Malassezia	9	0%	
Trichocladium	8	0%	
Helminthosporium	7	0%	
Ramularia	7	0%	
Sarocladium	7	0%	
Staphylotrichum	7	0%	
Neoerysiphe	6	0%	
Cyphellophora	6	0%	
Phialocephala	5	0%	
Phialosimplex	5	0%	
Spiromastix	5	0%	
Gymnascella	5	0%	
Zopfella	5	0%	
Phomatospora	5	0%	
Ochroconis	5	0%	
Fusicolla	5	0%	
Tomentella	5	0%	
Acrostalagmus	4	0%	
Metarhizium	4	0%	
Nigrospora	4	0%	
Calvatia	4	0%	
Mycena	4	0%	
Psilocybe	4	0%	
Sporobolomyces	4	0%	
Exserohilum	3	0%	
Dictyosporium	3	0%	
Toxicocladosporium	3	0%	
Tetracladium	3	0%	
Claviceps	3	0%	
Pochonia	3	0%	
Plectosporium	3	0%	
Backusella	3	0%	
Bovista	3	0%	
Panaeolus	3	0%	
Kurtzmanomyces	3	0%	
Arthroderma	2	0%	
Ajellomyces	2	0%	
Myceliophthora	2	0%	
Cladophialophora	2	0%	
Mycocalicium	2	0%	
Hypocrea	2	0%	
Plectosphaerella	2	0%	
Conioecia	2	0%	
Khuskia	2	0%	
Kluyveromyces	2	0%	
Panaeolina	2	0%	
Cristinia	2	0%	
Tranzschelia	2	0%	
Spizellomyces	2	0%	
Tubeufia	1	0%	
Pilidium	1	0%	
Lecythophora	1	0%	
Coniochaeta	1	0%	
Magnaporthe	1	0%	
Mycocleptodiscus	1	0%	
Nectria	1	0%	
Harzia	1	0%	
Myrmecridium	1	0%	
Ramicandelaber	1	0%	
Rhodosporidium	1	0%	
Sporidiobolus	1	0%	
Septoglomus	1	0%	
Claroideoglomus	1	0%	
Aporospora	1	0%	



- Species

Species	Count	Porcentaje de identificación	Species	Count	Percentage
Mortierella elongata	2322	17%	Vermispora fusarina	40	0%
Preussia terricola	2056	15%	Arthrographis kalrae	38	0%
Mortierella alpina	658	5%	Rhizopus delemar	38	0%
Gymnostellatospora japonica	643	5%	Chlorophyllum hortense	37	0%
Mortierella wolffii	576	4%	Xylogone sphaerospora	35	0%
Exophiala pisciphila	471	3%	Arthrotrichy oliquospora	33	0%
Coprinopsis cinerea	395	3%	Aspergillus reptans / Eurotium niveoglaucum	30	0%
Coprinopsis phlyctidospora / Coprinopsis rugosobispora	374	3%	Bipolaris spicifera / Bipolaris tetramera	29	0%
Humicola fuscoatra	352	3%	Dothiorella viticola	29	0%
Phoma paspali	316	2%	Massarina igniaria	29	0%
Aspergillus dimorphicus / Aspergillus wentii	286	2%	Golovinomyces orontii	29	0%
Pseudozyma flocculosa	258	2%	Hannaella zeae	29	0%
Penicillium meleagridum / Penicillium sumatrense	241	2%	Hannaella sinensis	27	0%
Talaromyces purpurogenus	217	2%	Paraconiothyrium cyclothyrioides	24	0%
Fusarium oxysporum	192	1%	Trichoderma arundinaceum	23	0%
Cochliobolus pallescens	165	1%	Geomyces pannorum var asperulatus	22	0%
Chrysosporium lobatum	163	1%	Myrothecium cinctum	21	0%
Pithoascus langeronii	141	1%	Aureobasidium pullulans var melanigenum	20	0%
Aspergillus iizukae	140	1%	Conocybe rickenii	20	0%
Gibellulopsis nigrescens / Verticillium nigrescens	131	1%	Phaeocystostroma ambiguum	19	0%
Alternaria alternata / Alternaria longipes	130	1%	Preussia minima	18	0%
Penicillium canescens	118	1%	Strelitziana africana	18	0%
Preussia pilosella	115	1%	Cryptococcus rajasthanensis	18	0%
Aspergillus insuetus	111	1%	Chaetomium piluliferum	16	0%
Sporisorium relianum	104	1%	Basidiascus undulatus	16	0%
Neopetromyces muricatus	101	1%	Phoma glomerata	15	0%
Penicillium sizovae	97	1%	Microascus trigonosporus	15	0%
Talaromyces trachyspermus	97	1%	Scopulariopsis brevicaulis	15	0%
Rhizopycnis vagum	94	1%	Aspergillus melleus	14	0%
Epicoccum sorghi	94	1%	Paecilomyces marquandii	14	0%
Aspergillus versicolor	92	1%	Scytalidium cuboideum	13	0%
Leptosphaerulina chartarum	86	1%	Microdochium bolleyi	13	0%
Mortierella exigua	85	1%	Thielavia hyalocarpa	12	0%
Eupenicillium rubidurum / Penicillium pimitouiense	84	1%	Gastrocybe lateritia	12	0%
Torula caligans	84	1%	Rhodotorula ferulica	12	0%
Periconia macrospinosia	83	1%	Wallemia sebi	12	0%
Aspergillus bridgeri / Aspergillus persii	74	1%	Glomus indicum	12	0%
Capnodium coffeae	69	1%	Chaetomium funicola / Chaetomium indicum	11	0%
Eurotium amstelodami / Eurotium chevalieri	68	0%	Ulocladium chartarum	10	0%
Cladosporium perangustum / Cladosporium tenuissimum	65	0%	Conocybe macrospora	10	0%
Cochliobolus cynodontis	63	0%	Lepista sordida	10	0%
Preussia intermedia	56	0%	Cryptococcus parafflavus	10	0%
Penicillium aculeatum	56	0%	Cochliobolus intermedius	9	0%
Cladorrhinum bulbillosum	54	0%	Phaeosphaeria oryzae	9	0%
Dokmaia monthadangii	51	0%	Coniosporium apollinis	9	0%
Cryptococcus sp LRB_2012a	48	0%	Malassezia restricta	9	0%
Edenia gomezpompae	41	0%	Talaromyces thermophilus	8	0%
Fusarium cf equiseti MY_2011 / Gibberella intricans	40	0%	Trichocladium asperum	8	0%
			Fusarium equiseti / Gibberella intricans	8	0%
			Ramularia eucalypti	7	0%

Aspergillus awamori	7	0%	Arthroderma fulvum	2	0%
Chlorophyllum molybdites	7	0%	Myceliophthora vellerea	2	0%
Agaricus subrufescens	7	0%	Mycocalcium victoriae	2	0%
Westerdykella ornata	6	0%	Chaetomium globosum	2	0%
Cladosporium halotolerans	6	0%	Zopfiella marina	2	0%
Chrysosporium indicum	6	0%	Hypocrea atroviridis / Hypocrea muroiana	2	0%
Auxarthron alboluteum	6	0%	Myrothecium roridum	2	0%
Sarocladium kilense	6	0%	Acremonium kilense	2	0%
Arthrotrichum conoides	6	0%	Plectosporium alismatis	2	0%
Uromyces pisi_sativi	6	0%	Scutellinia subhirtella	2	0%
Glomus sp Bad Sachsa	6	0%	Kluyveromyces marxianus	2	0%
Phialocephala xalapensis	5	0%	Rhizopus sexualis var americanus	2	0%
Spiromastix warcupii	5	0%	Bovista aestivalis	2	0%
Gymnascella dankaliensis	5	0%	Panaeolus foenicicii	2	0%
Fusarium brachygibbosum	5	0%	Cristinia helvetica	2	0%
Trichoderma arundinaceum / Trichoderma brevicompactum	5	0%	Cryptococcus luteolus	2	0%
Dinemasporium strigosum	5	0%	Cryptococcus magnus	2	0%
Ochroconis tshawytschae	5	0%	Tranzschelia discolor	2	0%
Fusicolla acetilerea	5	0%	Glomus versiforme	2	0%
Aureobasidium pullulans	4	0%	Paraglomus laccatum	2	0%
Aspergillus candidus	4	0%	Spizellomyces dolichospermus	2	0%
Aspergillus campestris / Aspergillus candidus	4	0%	Phoma epicoccina	1	0%
Podospora intestinacea	4	0%	Dictyosporium heptasporum	1	0%
Fusarium sp NRRL 43630	4	0%	Tubeufia cerea	1	0%
Fusarium sp FAN_2011e	4	0%	Pilidium acerinum	1	0%
Fusarium nygamai / Fusarium udum	4	0%	Penicillium pinophilum	1	0%
Acrostalagmus luteoalbus	4	0%	Penicillium janthinellum	1	0%
Myrothecium verrucaria	4	0%	Penicillium brevicompactum	1	0%
Acremonium crotonigenum	4	0%	Aspergillus sp FLS_2010	1	0%
Staphylotrichum boninense	4	0%	Ajellomyces dermatitidis	1	0%
Calvatia fragilis	4	0%	Cladophialophora chaetospira	1	0%
Entoloma byssisedum	4	0%	Strelitziana maii	1	0%
Psilocybe coprophila	4	0%	Chaetomium perlucidum	1	0%
Pseudozyma prolifica	4	0%	Coniochaeta ligniaria	1	0%
Exserohilum rostratum	3	0%	Magnaporthe poae	1	0%
Toxicocladosporium irritans	3	0%	Fusarium larvarum	1	0%
Neovarysipe cumminsiana	3	0%	Fusarium concolor	1	0%
Penicillium steckii	3	0%	Fusarium redolens	1	0%
Talaromyces stollii	3	0%	Nectria haematococca mpVI	1	0%
Auxarthron pseudoreticulatum	3	0%	Bionectria epichloe	1	0%
Aphanascus verrucosus	3	0%	Acremonium fusidioides	1	0%
Cyphellophora suttonii	3	0%	Plectosphaerella cucumerina	1	0%
Bionectria rossmaniae	3	0%	Harzia acremonioides	1	0%
Pochonia suchlasporia var catenata	3	0%	Coniocessia cruciformis	1	0%
Acremonium alcalophilum	3	0%	Nigrospora oryzae	1	0%
Backusella recurva	3	0%	Myrmecridium schulzeri	1	0%
Coprinellus curtus	3	0%	Geotrichum silvicola	1	0%
Panaeolus acuminatus	3	0%	Mortierella polycephala	1	0%
Cryptococcus chemovii	3	0%	Lepiota sp AR_2012	1	0%
Kurtzmanomyces tardus	3	0%	Coprinellus xanthothrix	1	0%
Cochliobolus verruculosus	2	0%	Cryptococcus flavus	1	0%
Epicoccum andropogonis	2	0%	Cryptococcus chemovii / Cryptococcus stepposus	1	0%
Penicillium manginii	2	0%	Cryptococcus albidus sp 2	1	0%
Aspergillus flavipes	2	0%	Sporobolomyces phyllomatis	1	0%
Aspergillus terreus	2	0%	Sporidiobolus sp JPS_2007a	1	0%
			Septoglomus constrictum	1	0%
			Aporospora terricola	1	0%

