



Vicerrectoría de Investigación y Extensión
Dirección de Proyectos

**Informe final de proyectos de investigación y extensión
Documento 1**

Proyecto de investigación:

**Conservación de la arquitectura caribeña costarricense a partir de la
aplicación de técnicas de avanzada para el estudio de agentes causantes de
lesiones en las edificaciones**

Escuela de Arquitectura y Urbanismo
Escuela de Ingeniería Forestal
Department of Biological Sciences (Western Illinois University)

Mayo, 2023



**Instituto Tecnológico de Costa Rica
Vicerrectoría de Investigación y Extensión
Dirección de Proyectos**

Informe Final

Proyecto de investigación

Código VIE: 1412012

Conservación de la arquitectura caribeña costarricense a partir de la aplicación de técnicas de avanzada para el estudio de agentes causantes de lesiones en las edificaciones

Coordinadora

Dr. Arq. Kenia García Baltodano

Otros investigadores

M.Sc. Arq. Ileana Hernández Salazar

Dr. Arq. David Porras Alfaro

M.Sc. Dawa Méndez Álvarez

MArch. Enmanuel Salazar Ceciliano

Arq. Dominique Chang Albizurez

MDU. Arq. Mauricio Guevara Murillo

Dr. Andrea Porras Alfaro (participante externa)

Estudiantes participantes

Ver documento 2

Mayo, 2023

Tabla de contenidos

1. Código y título del proyecto	4
2. Autores y direcciones	4
3. Resumen	6
4. Palabras clave	6
5. Introducción	7
6. Objetivos	9
7. Marco Teórico	10
8. Metodología	13
9. Resultados	23
10. Discusión y conclusión	66
11. Recomendaciones	67
12. Agradecimientos	68
13. Referencias	69
14. Anexos	72

1. Código y título del proyecto

Código VIE: 1412012.

Nombre del proyecto: Conservación de la arquitectura caribeña costarricense a partir de la aplicación de técnicas de avanzada para el estudio de agentes causantes de lesiones en las edificaciones.

2. Autores y direcciones

Dr. Arq. Kenia García Baltodano

Coordinadora (del 1 de enero de 2018 al 31 de diciembre de 2022)

Escuela de Arquitectura y Urbanismo

kgarcia@tec.ac.cr

M.Sc. Arq. Ileana Hernández Salazar

Investigadora (del 1 de enero de 2018 al 31 de diciembre de 2022)

Escuela de Arquitectura y Urbanismo

ihernandez@tec.ac.cr

Dr. Arq. David Porras Alfaro

Investigador (del 1 de enero de 2018 al 31 de diciembre de 2022)

Escuela de Arquitectura y Urbanismo

dporras@tec.ac.cr

MSc. Ing. Dawa Méndez Álvarez

Investigadora (del 1 de enero de 2018 al 31 de diciembre de 2022)

Escuela de Ingeniería Forestal

damendez@tec.ac.cr

MArch. Enmanuel Salazar Ceciliano

Investigador (del 1 de julio de 2019 al 31 de diciembre de 2022, horas REC)

Escuela de Arquitectura y Urbanismo

ensalazar@itcr.ac.cr

Arq. Dominique Chang Albizurez

Investigadora (del 19 de marzo al 18 de julio 2018 / del 8 de agosto al 7 de diciembre 2019 / del 1 enero de 2020 al 31 de diciembre de 2021)

Escuela de Arquitectura y Urbanismo

dchang@tec.ac.cr

MDU. Arq. Mauricio Guevara Murillo

Investigador (del 20 de agosto al 31 de diciembre de 2019)

Escuela de Arquitectura y Urbanismo

mauguevara@tec.ac.cr

Dra. Andrea Porras Alfaro

Investigadora externa (del 1 de enero de 2018 al 31 de diciembre de 2022)

Participación externa. Western Illinois University

a-porras-alfaro@wiu.edu

3. Resumen

La arquitectura caribeña costarricense, si bien es un tema abordado por distintas disciplinas por su vinculación directa con el territorio y la identidad cultural, no había sido estudiada desde una perspectiva de la conservación y de los principales factores que provocan su deterioro. Los resultados de este proyecto de investigación han generado nuevo conocimiento científico, tanto en la identificación como en el tratamiento de las lesiones y agentes que afectan a este tipo de arquitectura, con el fin de contribuir a su conservación.

El abordaje de este proyecto requirió de un trabajo multidisciplinar en el que participaron investigadores y estudiantes de las escuelas de Arquitectura y Urbanismo e Ingeniería Forestal del TEC, en conjunto con el Departamento de Ciencias Biológicas de la Western Illinois University (WIU). A través de análisis arquitectónicos fue posible definir las características de la arquitectura caribeña costarricense, así como la cantidad y condición de los inmuebles que aún se conservan en la ciudad de Limón. Además, mediante estudios de patología de la construcción, se determinaron las lesiones recurrentes en las edificaciones, y por medio del uso de metodologías moleculares y de microscopía para la identificación microbiana, así como análisis bioinformáticos para la identificación de hongos se pudo determinar los principales agentes biológicos causantes de daños en este tipo de arquitectura con alto valor patrimonial. Finalmente, el proyecto identificó una serie de tratamientos tradicionales e industriales para la protección de la madera que pueden ser útiles para conservar la arquitectura caribeña costarricense.

4. Palabras clave

Patología de la construcción, biodeterioro, identificación molecular, patrimonio edificado, ecología microbiana.

5. Introducción

La arquitectura caribeña costarricense constituye uno de los elementos más característicos e identitarios de la ciudad de Limón, siendo parte indiscutible de su paisaje urbano histórico (UNESCO, 2011) y su patrimonio cultural. Se trata de un tipo de arquitectura, originalmente importada, que requirió una serie de adaptaciones bioclimáticas, topográficas y culturales que la hacen distinguirse de la desarrollada en el resto del Caribe y Centroamérica (Sanou y Quesada, 1998).

Los inmuebles de arquitectura caribeña costarricense se caracterizan por el uso de la madera como principal material constructivo, el empleo de pilotes para elevar la edificación del nivel de suelo, las ornamentaciones sencillas a partir de calados o entramados, además del uso de variadas estrategias bioclimáticas para garantizar un mayor confort climático ante condiciones ambientales de alta temperatura, humedad y precipitación.

Gran parte de las edificaciones de estilo caribeño en la ciudad de Limón, proceden de la primera mitad del siglo XX. A pesar de los múltiples problemas económicos que ha sufrido la ciudad y de desastres naturales como el terremoto de 1991, aún se conservan algunos de estos inmuebles.

Sin embargo, las condiciones climáticas de la zona, la materialidad y la antigüedad de los inmuebles, hacen que estas edificaciones presenten una alta vulnerabilidad a sufrir daños y deterioros por la acción de agentes físicos, químicos y principalmente biológicos. Esto se potencializa, en muchos casos por la falta de mantenimiento, poniendo en riesgo su preservación.

Adicionalmente a los problemas propios del deterioro de las edificaciones, la ciudad de Limón se enfrenta a un proceso de transformación urbana que ha repercutido en la demolición de inmuebles históricos y con alto valor patrimonial, como muchas de las edificaciones de arquitectura caribeña. Estas situaciones exponen a un alto riesgo de desaparición a este tipo de arquitectura al verse drásticamente disminuidos los ejemplares existentes.

Aunque la amenaza es evidente, son muy pocas las investigaciones sobre la arquitectura caribeña costarricense y menos aún, respecto al estudio de sus lesiones y posibles soluciones que vayan dirigidas a su conservación. Desde este punto de vista este proyecto de investigación ha permitido llenar vacíos de conocimiento al lograr identificar la arquitectura caribeña existente de la ciudad de Limón y los principales daños y agentes de biodeterioro que la afectan, para la búsqueda de alternativas que contribuyan a su conservación.

El proyecto concebido desde una visión multidisciplinar, se basó en la investigación mixta. Implicó un amplio trabajo de campo para la identificación de un perfil de

características de arquitectura caribeña costarricense, además del registro de la cantidad de inmuebles existentes en la ciudad de Limón, su condición y las lesiones que las afectan. Esto se complementó con procesos de sistematización que llevaron a la obtención de una base de datos, un Sistema de Información Geográfica y un inventario de arquitectura caribeña costarricense, enfocado en dos de las zonas más antiguas de la ciudad: el centro histórico y el barrio de Jamaica Town.

La selección de algunos inmuebles para un estudio en mayor profundidad, permitió el análisis a nivel bioclimático para conocer el comportamiento en cuanto a variables como temperatura y humedad. Asimismo, dichas edificaciones sirvieron para identificar lesiones recurrentes y tomar muestras de algunos de los daños. Por medio de estudios de laboratorio para la identificación morfológica (Sanger) y el uso de tecnologías avanzadas para la identificación molecular (Illumina), se logró detectar los agentes biológicos responsables de la aparición de lesiones.

A través de un proceso de consulta a expertos, se identificaron una serie de buenas prácticas así como tratamientos industriales y empíricos para la protección de la madera. Estos últimos fueron analizados con respecto a su eficacia para la conservación de la arquitectura caribeña de la ciudad de Limón, a través de ensayos en sitio y en laboratorio. Finalmente, se desarrolló una guía de tratamientos y buenas prácticas que recopila los principales hallazgos de esta fase del proyecto.

6. Objetivos

Objetivo general:

Promover la conservación de la arquitectura caribeña construida dentro de la trama urbana histórica de la ciudad de Limón entre el período 1871-1940 a partir del análisis patológico y la biología molecular para el estudio de agentes causantes de lesiones en las edificaciones.

Objetivos específicos:

Objetivo 1. Identificar la arquitectura caribeña dentro de la delimitación temporal y espacial propuesta para la investigación.

Objetivo 2. Diagnosticar las lesiones presentes en los inmuebles seleccionados.

Objetivo 3. Analizar los agentes causantes de procesos patológicos detectados a partir de estudios de laboratorio.

Objetivo 4. Proponer alternativas para el tratamiento de lesiones detectadas a través de un proyecto piloto.

7. Marco Teórico

La ciudad de Limón es el resultado de diversos procesos históricos desarrollados principalmente a partir de su posicionamiento como puerto, la construcción del ferrocarril y la actividad bananera de finales del siglo XIX (García, 2016). Con el primer trazado de la ciudad en el año de 1871, elaborado por Francisco Kurtze y llevado a cabo por Ángel Miguel Velázquez, inició el desarrollo de esta ciudad cosmopolita que llegó a convertirse en el puerto más importante del país, hito de las exportaciones de café y banano y receptor de estilos arquitectónicos importados de Europa y Estados Unidos (Hernández et al, 2019). A inicios del siglo XX, la ciudad de Limón destacó por contar con un desarrollo planificado, importantes obras de infraestructura como el Muelle Nacional y el Muelle Americano, sistemas de saneamiento y áreas verdes definidas, como el Parque Balvanero Vargas (Gutiérrez, 1991).

El estilo caribeño ha sido un tema abordado por su origen en la arquitectura victoriana de Inglaterra de principios de siglo XIX, así como por sus derivaciones en regiones del Caribe, no obstante, la arquitectura caribeña costarricense ha sido un tema poco estudiado en el país. Según Sanou y Quesada (1998) en la zona Atlántica de Costa Rica las edificaciones recibieron una serie de adaptaciones que la particularizan de otros estilos arquitectónicos, destacan la presencia de pilotes, los calados como detalle decorativo de influencia victoriana, las fuertes pendientes en las cubiertas y los aleros pronunciados, como algunos de sus principales rasgos.

La conjugación de características particulares de humedad, precipitación, temperatura, incidencia solar y proximidad al mar, entre otras, hacen que las edificaciones existentes en la ciudad de Limón sean más vulnerables a sufrir daños y deterioros. Con respecto a la vulnerabilidad de las construcciones en ambientes costeros o climas tropicales, se ha demostrado que, en la mayoría de los casos, las lesiones que presentan son causadas por agentes biológicos, los cuales alteran la resistencia de los materiales y, por consiguiente, inciden de manera directa en su conservación (Rosato, 2005).

El biodeterioro se define como "cualquier cambio indeseable en las propiedades de un material causado por las actividades vitales de los organismos" (Hueck (1968) citado por Di Carlo et al., 2017, p.p. 1). Tanto los macroorganismos como los microorganismos representan los desencadenantes del biodeterioro de las edificaciones. El biodeterioro de materiales orgánicos e inorgánicos, así como de polímeros, es un complejo de procesos de alteración inducidos por la actividad de crecimiento metabólico de organismos.

Los fenómenos de degradación observados en los materiales de construcción están determinados por varios factores: la composición química y la naturaleza del material en sí; el clima y la exposición del objeto; la forma y frecuencia de la limpieza superficial (Sterflinger y Piñar, 2013). La dirección y la intensidad del biodeterioro está determinada por la composición química de los materiales, su porosidad, permeabilidad al agua y la disponibilidad de nutrientes (Dakal y Cameotra, 2012; Piotrowska et al., 2014). Los materiales orgánicos, como la madera presente en la arquitectura caribeña costarricense, se biodegrada por la acción de las enzimas hidrolíticas de los organismos colonizadores

como resultado de la descomposición de celulosa, hemicelulosa y ligninas (Piotrowska et al., 2014, Gutarowska et al., 2015).

Los hongos filamentosos y de descomposición desempeñan un papel importante en la biodegradación de materiales orgánicos. Esto puede llevar a cambios en la estructura de la madera, su composición química, sus propiedades físicas y sus propiedades mecánicas (Rajkowska et al., 2014). Los hongos tienen una capacidad para crecer en una variedad de sustratos, soportar condiciones ambientales extremas, establecer una asociación mutualista con cianobacterias y algas como líquenes y adoptar diversas estrategias estructurales, morfológicas y metabólicas, que aumentan aún más su versatilidad y adaptabilidad (Dakal y Cameotra, 2012).

Los inmuebles expuestos a la acción de las condiciones atmosféricas, se encuentran sometidos además a la humedad, la temperatura, los niveles de iluminación, y a la contaminación química. En los climas tropicales como en la ciudad de Limón, donde las condiciones predominantes de calor y humedad favorecen el crecimiento y la esporulación, las elevadas concentraciones de propágulos en el aire pueden aumentar el riesgo de degradación, especialmente en ambientes interiores (Rojas et al., 2012). En el caso de la madera, resulta un material que, por sus características, es capaz de absorber grandes cantidades de agua, lo que origina una importante diferencia de humedad entre el interior y el exterior de las piezas, dando origen a la aparición de lesiones tales como fisuras, grietas o deformaciones (Rodríguez, 2016).

El biodeterioro del sustrato inorgánico (como el carbonato) por los hongos sigue un mecanismo diferente. Al ser heterotróficos, los hongos son incapaces de consumir el sustrato de carbonato inorgánico para soportar su crecimiento, pero pueden crecer en el producto residual o en células muertas de comunidades anteriores y depósitos de materias orgánicas nitrogenadas de excretas de aves, hojas podridas y aerosoles (Sterflinger, 2000) presentes en el sustrato.

Sin embargo, los ácidos orgánicos secretados, compuestos polifenólicos como antraquinonas causan deterioro químico a través del proceso de "bioweathering". En clima tropical estos organismos pueden secretar carbohidratos y factores de crecimiento que ayudan en la formación de biofilm (una estructura tridimensional que regula la temperatura y la humedad) y por consiguiente, facilita el crecimiento de diversos microorganismos dentro de ella, acelerando la degradación de los materiales.

El estudio desde la patología de la construcción resulta un tema abordado desde otras latitudes, principalmente en países donde su tradición por la conservación de su patrimonio histórico y cultural es extensa y ampliamente asumida. El identificar las condiciones y causas que rigen la degradación biológica de los materiales de construcción, en general, y de los materiales predominantes en el patrimonio arquitectónico, en particular, es esencial para ayudar al desarrollo de estrategias efectivas de prevención y mitigación.

Es importante destacar que tanto la desinfección como los tratamientos de conservación deben ser abordados con la máxima precaución. La caracterización de la biodiversidad microbiana y la evaluación del grado de biodeterioro del material requieren una combinación de métodos, como los métodos modernos de la ecología microbiana molecular, la

microscopía electrónica y de luz avanzada y el análisis químico y de superficie (Gutarowska et al., 2015).

La comprensión de las características morfológicas y fisiológicas de los biodeteriólogos se requiere para establecer el tipo de interacción que se produce con el material y para evaluar el efecto de la acción de biodeterioro de un agente biológico identificado específico. Para una evaluación completa del biodeterioro, se requiere muestreo e identificación apropiados de la mayoría de los biodeteriólogos. Por lo tanto, para aplicar una conservación rápida y eficaz que limite los daños es indispensable evaluar y cuantificar la presencia de agentes biológicos que causan daños en los materiales de construcción predominantes en los edificios históricos, principalmente si se ubican en zonas tropicales con las condicionantes anteriormente especificadas (Gutarowska et al., 2015; Di Carlo et al., 2017).

8. Metodología

OE 1. Identificar la arquitectura caribeña dentro de la delimitación temporal y espacial propuesta para la investigación

Como paso inicial para la identificación de la arquitectura caribeña en la zona analizada, se realizó un estudio de fuentes documentales para determinar una caracterización preliminar la cual estuvo basada en aspectos como la materialidad de los inmuebles y los principales elementos arquitectónicos y constructivos descritos en la literatura (Gutiérrez, 1991; Barascout, 1995; Sanou y Quesada, 1998; Woodbridge, 2003; Vives, 2004; Sanou, 2010). Esto permitió la definición de un perfil básico de características, utilizado para identificar en campo edificios con los elementos arquitectónicos mínimos (figura 1) y con ello, establecer un listado inicial.



Figura 1. Trabajo de campo para obtención de listado inicial. Fuente: propia.

En esta etapa se realizó un proceso de geolocalización y documentación fotográfica de los edificios. Dichos insumos permitieron crear un primer mapa utilizando el software libre y de código abierto QGIS 16.6 (GNU y OSGeo).

Posteriormente, se analizaron cada uno de los inmuebles y se establecieron cuatro tipologías basadas en la presencia y legibilidad de las características de la arquitectura caribeña costarricense. Las tipologías definidas fueron: Tipo 1 (edificio no modificado o mínimamente modificado, que conserva la mayoría de las características), Tipo 2 (edificio poco modificado, que conserva gran parte de las características), Tipo 3 (muy modificado, que conserva pocas características), Tipo 4 (muy modificado que no conserva características, no elegible para el estudio). Los edificios que no eran accesibles o por falta de información se consideraron "Sin clasificar".

A partir de un estudio más detallado de las tipologías que presentaban mayor legibilidad arquitectónica (1 y 2), se identificaron nuevas características que no habían sido descritas previamente en la literatura. Esto permitió desarrollar un nuevo perfil de características de arquitectura caribeña costarricense, más completo; el cual fue validado a través de un taller

con miembros de la comunidad de Limón y una exposición denominada “Puerto Limón: Valorizando la Arquitectura Caribeña Costarricense”.

Además, el equipo investigador inició el proceso de desarrollo de un glosario ilustrado de términos relacionados a los elementos arquitectónicos y constructivos, así como a las estrategias de diseño pasivo identificadas en el perfil. Dicho material ha dado paso a un manuscrito que se espera pueda publicarse próximamente en formato de libro.

Adicionalmente, en este proceso se desarrollaron varios modelos 3D y dibujos que permitieran una mayor claridad en cuanto a los elementos estudiados.

La clasificación establecida a partir del listado inicial también permitió definir el alcance del inventario propuesto como producto de esta investigación, incluyendo en el proceso de inventariado únicamente las tipologías 1 y 2. A cada inmueble se le designó un código en función de la tipología, la manzana y el número de predio dentro de esta última.

Para realizar el inventario, se desarrollaron fichas de registro de información, que se utilizaron durante el trabajo de campo para identificar aspectos relacionados a materiales, usos, tipologías edificatorias, elementos arquitectónicos y constructivos, complementada además con una valoración general del estado de conservación y reporte de daños, en cada edificación.

Con la información obtenida se sistematizaron las fichas, se desarrolló una base de datos y se creó un banco fotográfico. Este proceso requirió la constante verificación de información en campo. Finalmente, se elaboró un documento compilatorio que reúne la información del inventario de arquitectura caribeña en la ciudad de Limón.

Si bien en el planteamiento original del proyecto se había propuesto un taller con propietarios, la coyuntura de la pandemia por COVID-19 imposibilitó su realización. El taller se sustituyó por reuniones independientes con propietarios de algunos inmuebles para solicitar su colaboración en las siguientes etapas del proyecto.

OE 2. Diagnosticar las lesiones presentes en los inmuebles seleccionados

La primera actividad del objetivo 2 consistió en el diseño e implementación de una evaluación multicriterio (Munda, 1998). Inicialmente se elaboró una primera matriz de evaluación con cinco criterios para evaluar y seleccionar los edificios que mejor representan y preservan las características de la arquitectura caribeña y que corren un mayor riesgo de deterioro debido a la presencia de agentes de biodeterioro. Sin embargo, tras la demolición de algunos de los inmuebles durante el desarrollo de este proyecto, se llevó a cabo una revisión de la evaluación multicriterio, se añadió un criterio adicional y se desarrolló una reevaluación.

Cada uno de estos criterios se utilizó para calcular una puntuación final sumando los porcentajes asignados a cada rubro (Tabla 1).

Tabla 1. Criterios de evaluación multicriterio

Criterio	Porcentaje	Escala de evaluación
Presencia y legibilidad de características de arquitectura caribeña	30%	Clasificación tipo 1: 2 puntos. Clasificación tipo 2: 1 punto.
Declaratoria de Patrimonio Histórico Arquitectónico (Ley 7555)	10%	Con declaratoria: 1 punto. Sin declaratoria: 0 puntos.
Estado de conservación	20%	Mal estado (la edificación presenta muchos daños, deterioro y/o muchas modificaciones): 3 puntos. Regular (la edificación presenta algunos daños, deterioros y/o pocas modificaciones): 2 puntos. Buen estado (la edificación presenta poco o ningún daño, deterioro o modificaciones): 1 punto.
Accesibilidad a la edificación	20%	Acceso autorizado al interior del edificio y disponibilidad para realizar trabajos de investigación: 3 puntos. Acceso al interior del edificio: 2 puntos. Acceso sólo al exterior del edificio: 1 punto.
Uso actual	10%	Abandonado (más vulnerable): 3 puntos. No compatible con el uso original: 2 puntos. Compatible con el uso original (menos vulnerable): 1 punto. Demolido: 0 puntos.
Condición de la propiedad	10%	Abandonado (más vulnerable): 4 puntos. En venta: 3 puntos. Alquilado: 2 puntos. Ocupado por el propietario (menos vulnerable): 1 punto.

Tomando como referencia los resultados de la evaluación multicriterio, se seleccionaron cuatro edificaciones representativas de la arquitectura caribeña costarricense para realizar un análisis minucioso de los daños presentes. Los objetos de estudio escogidos fueron AAA - Tipo 1-01 (Antigua Capitanía del Puerto), M - Tipo 1-01 (Inmueble denominado por el equipo como "Casa Audrey"), MM-Tipo 1-01 (Inmueble denominado por el equipo como "Casa Generoso") y W - Tipo 1-01 (Casa Misionera del Templo Bautista).

En estas edificaciones se efectuó trabajo de campo para realizar un levantamiento arquitectónico del estado actual, con el fin de construir modelos tridimensionales en softwares como Autodesk Revit y Design Builder, así como elaborar los planos de daños encontrados en los diferentes componentes de la estructura. Durante este proceso se emplearon dispositivos tecnológicos como cámaras fotográficas, cámaras termográficas, termómetros de superficies, medidores láser, dron, entre otros.

El trabajo de campo realizado permitió además la recolección de muestras para la extracción de ADN, cultivos o colecta de insectos presentes en la madera (figura 2). Las extracciones se llevaron a cabo utilizando instrumentos esterilizados con cloro y etanol, asimismo las muestras se almacenaron en recipientes estériles y se conservaron a temperatura ambiente. Las muestras de ADN se mantuvieron en la misma solución de extracción para evitar el deterioro.



Figura 2. Actividades realizadas durante trabajo de campo. Fuente: propia.

Además, se realizó el análisis bioclimático de las edificaciones antes mencionadas para determinar la incidencia de las condiciones climáticas en el biodeterioro de las estructuras. Para este proceso, primero se realizó el perfil bioclimático de la ciudad de Limón utilizando los datos de la temperatura, humedad relativa, precipitación, radiación, nubosidad y viento registrados por el Instituto Meteorológico Nacional (IMN) entre el 2003 y el 2014 en su base del Aeropuerto Internacional de Limón, así como un archivo formato epw obtenido del sitio Climate.OneBuilding.Org. Luego, se realizaron correcciones a los datos de la velocidad del viento por concepto de rugosidad del suelo y altura según la metodología de Fuentes Freixanet y Rodríguez Viqueira (2004) para obtener información más precisa de la velocidad del viento en los sitios donde se realizaron los análisis. Se aprovecharon los datos para efectuar un estudio bioclimático mediante la herramienta Bioclimarq de Gómez-Azpeitia (2016), experto en bioclimática de la Universidad Colima de México, para terminar las características de diseño que debería tener una edificación en el contexto limonense para responder a las inclemencias del clima.

Luego de identificado el perfil bioclimático, se procedió a realizar una simulación en el software Design Builder para determinar el comportamiento interno del espacio a nivel de temperatura y humedad relativa, el flujo de calor por medio de la ventilación interna y las ganancias solares directas de calor durante los meses con condiciones más extremas a nivel climático en cada objeto de estudio. Para esto, se efectuaron pruebas durante el mes de julio, por ser el más húmedo y septiembre, por ser el más seco y caluroso. Además, para verificar el resultado de las simulaciones, se colocaron dataloggers en espacios específicos

de cada inmueble para que recolectaran datos de temperatura y humedad durante el tiempo del estudio, y luego compararlos con los resultados arrojados por el software.

Además, de cada objeto de estudio se analizó la insolación acumulada en planos de cubierta y fachada mediante la herramienta Solar Analysis de Autodesk Revit, la cual permite observar el impacto del sol en la envolvente del edificio (figura 3). También, se efectuó un análisis de dinámica de fluidos por computadora (CFD por su siglas en inglés) mediante el software Flow Design de Autodesk para estudiar el movimiento y la velocidad del viento en los espacios internos de los inmuebles (figura 4).

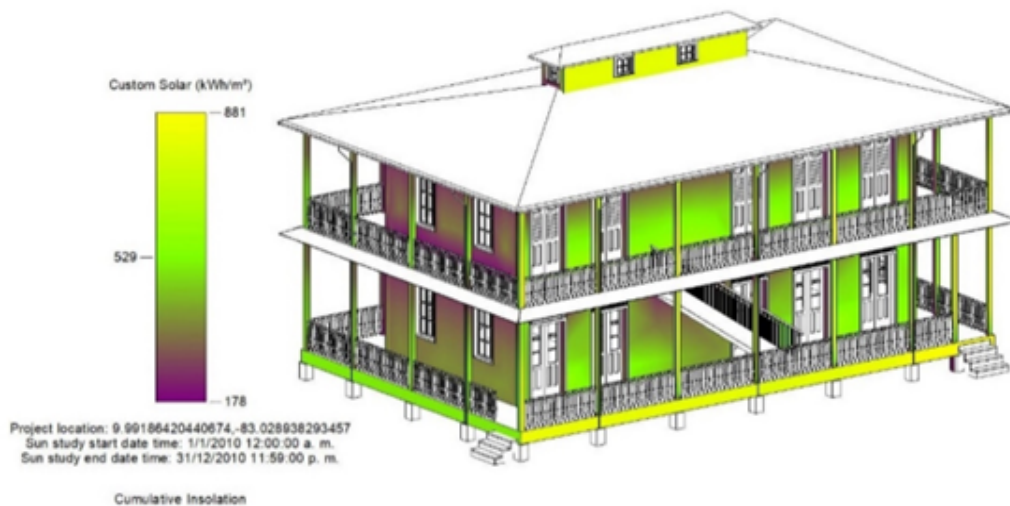


Figura 3. Insolación acumulada en planos norte y oeste de la envolvente del inmueble W-Tipo 1-01. Fuente: Salazar-Ceciliano & Méndez-Álvarez (2023).

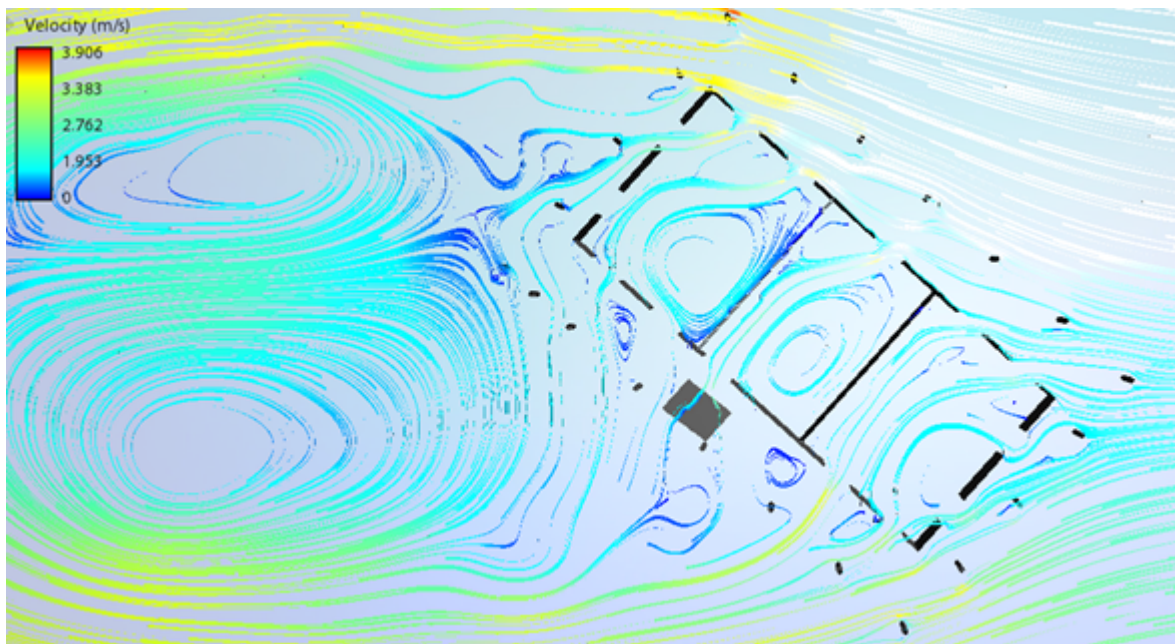


Figura 4. Flujo y velocidad del aire en el primer nivel del inmueble W-Tipo 1-01. Fuente: Salazar-Ceciliano & Méndez-Álvarez (2023).

OE 3. Analizar los agentes causantes de procesos patológicos detectados a partir de estudios de laboratorio

Como primera actividad, se realizó una revisión bibliográfica de la cual se elaboró un documento con los posibles protocolos a utilizar al desarrollar el objetivo.

En esta etapa del proyecto se continuó el trabajo en profundidad en las edificaciones previamente seleccionadas, AAA-Tipo 1-01, W-Tipo 1-01, M-Tipo 1-01 y MM-Tipo 1-01. En cada inmueble se realizaron observaciones y registro de las zonas con lesiones. Estos daños fueron clasificados de acuerdo a su origen en lesiones químicas (producto de la exposición de los materiales a la acción del medio ambiente), lesiones físicas (relacionadas directamente con la acción de fenómenos o agentes físicos como lluvia, viento, humedad, cambios de temperatura), lesiones mecánicas (aquellas que comprometen la estabilidad de los elementos constructivos) y lesiones orgánicas (directamente relacionadas con la acción de agentes biológicos).

Se tomó nota por escrito de la ubicación dentro del edificio de cada lesión identificada, así como de los detalles presentes en el lugar en relación con la presencia de vegetación, la proximidad al mar Caribe y las condiciones climáticas, como la temperatura y la humedad relativa, mediante registradores de datos (Testo 174H, Instruments Testo S.A., España). Se tomaron muestras de áreas seleccionadas para aislar posibles microorganismos responsables de daños en la madera.

Dentro de las propiedades de interés, cada segmento de madera con daños visibles causados por microorganismos se limpió utilizando etanol al 70%. Se utilizaron dos métodos de muestreo: a) se tomaron muestras más pequeñas, de entre 0,1 g y 1 g, raspando la superficie con un bisturí o, si era posible, tomando un pequeño trozo de madera que contuviera el daño; la muestra se envolvió en papel de aluminio estéril, y b) se frotó con un hisopo estéril la zona afectada en la que era visible el crecimiento microbiano. Las muestras recolectadas se colocaron en un refrigerador hasta su traslado al Laboratorio de Patología Forestal del Centro de Investigación en Innovación Forestal del Instituto Tecnológico de Costa Rica, donde se almacenaron a 4°C para su uso posterior.

Para el aislamiento en condiciones de laboratorio, las muestras de madera se desinfectaron primero con hipoclorito de sodio al 1% a. i. durante 30 s, se lavaron con alcohol al 96% durante 30 s y finalmente con agua destilada durante 1 min (Alvarenga et al., 2018). A continuación, las piezas de madera se colocaron en tres medios sólidos diferentes para cultivar los hongos presentes en las muestras. Los medios incluían agar papa dextrosa (PDA), agar Sabouraud dextrosa (SDA) y agar nutriente (NA). A continuación, las placas se incubaron a 25°C en la oscuridad durante 7 días. Después de 7 días, se transfirieron todas las colonias de cada placa para obtener cultivos de una sola colonia. Los cultivos se almacenaron en solución salina al 10% a temperatura ambiente y en solución de glicerol al 50% a -20°C (Alfenas & Mafia, 2007) para su uso posterior.

Se utilizó un kit QIAGEN DNeasy Plant (QIAGEN, Alemania) para la extracción de ADN siguiendo las instrucciones del fabricante. La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se llevó a cabo utilizando un Promega PCR Master Premix (Promega, Wisconsin), una reacción final con agua MilliQ, PCR master mix 2X (Promega M7502, Wisconsin), 5 µM de

cebador directo ITS1F (Gardes & Bruns, 1993), y cebador inverso ITS4 (White et al., 1990), BSA 1% y ADN fúngico (40ng/μl) (Fungal Ecology Lab, 2015). Para los controles negativos, se utilizó agua de PCR en lugar del ADN fúngico.

Para la visualización de los productos de PCR, se hizo un gel de agarosa TAE X1. Se corrió en una cámara de electroforesis a 150 V durante 45 min y luego se visualizó con luz UV. Las muestras que mostraban una banda fuerte sin contaminación con frotis limitados se seleccionaron para la secuenciación. Se realizó una segunda PCR para LSU, utilizando el cebador directo LR3 y el cebador inverso LROR (Schoch et al., 2012) para comparar los resultados e identificar mejor los aislados fúngicos.

Los productos de la PCR fueron secuenciados mediante secuenciación Sanger por GENEWIZ (South Plainfield, Nueva Jersey). Se utilizaron los mismos cebadores de PCR (ITS y LSU) para obtener las secuencias directa e inversa. Las secuencias se recortaron y editaron con Sequencher 4.0 (Genes Codes Corporation, Michigan) y se compararon mediante comparación de nucleótidos con las bases de datos NCBI y UNITE para las secuencias ITS y LSU. Se tomó en cuenta las secuencias con un Valor E 0, puntuación superior a 700, cobertura de la consulta entre el 80% y el 100%, y un porcentaje de identidad superior al 95%.

Además, se envió 0,1 g del material raspado a secuenciar con Illumina a la empresa Mr. DNA (Texas, Estados Unidos de América) en eppendorfs que contenían cada muestra cubierta en una solución tampón de extracción QIAGEN. Los resultados enviados por la empresa (datos brutos) se analizaron utilizando el programa Rstudio Desktop 2021.09.0+351 (Boston, Massachusetts), así como Microsoft Excel 2019 (Redmond, Washington). Las muestras tomadas de las zonas dañadas de los cuatro edificios mencionados se almacenaron a -20 °C para preservar el ADN de las muestras.

Para el ensayo de evaluación metabólica se seleccionó un hongo de cada especie identificada en cada inmueble. Se evaluó la capacidad de degradar celulosa. Cada hongo se cultivó en un medio selectivo cuya única fuente de carbono era la celulosa (Tamayo, 2017). Se colocaron discos de tres milímetros de cada hongo en el centro de cada placa; se hicieron cuatro repeticiones para cada hongo. El hongo *Pleurotus ostreatus* (CIIBI-003) se utilizó como control positivo debido a su capacidad para degradar la celulosa.

Los hongos se incubaron a 25°C en oscuridad durante 15 días. Posteriormente, se añadió a la placa aproximadamente 5 ml de rojo congo al 2 % durante 15 minutos; seguidamente se realizó un lavado de la superficie del agar con agua destilada y se agregó 5 ml de NaCl 1M durante 15 minutos, para finalizar descartando la solución de NaCl. Una reacción se consideró positiva (++ o +) si aparecía un halo amarillo o naranja/rosa alrededor de la colonia, siendo (++) para un anillo amarillo claro y (+) para un anillo naranja o rosa no tan definido, o negativa (-) si la superficie permanecía roja como estaba antes de añadir el NaCl. Además, se midió a diario el diámetro de la colonia de cada hongo para evaluar su crecimiento en el medio celulósico y se anotó la producción de esporas y pigmentos. Este ensayo generó una base de datos en Excel y se logró comprobar cuáles hongos aislados realmente pueden causar daño en la madera de los inmuebles.

Con base en los resultados obtenidos se subió las secuencias de los hongos identificados por secuenciación Sanger, cuya información estaba completa, a la base de datos universal "GenBank" del "NCBI" (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) y se redactó un artículo científico multidisciplinar.

OE 4. Proponer alternativas para el tratamiento de lesiones detectadas a través de un proyecto piloto

Como parte de las actividades del equipo investigador, se realizó una revisión bibliográfica de información relacionada con la identificación de tratamientos existentes asociados al tipo de lesiones observadas en los inmuebles de Limón. Además, se realizaron entrevistas con agentes clave de la ciudad de Limón para conocer sobre tratamientos empíricos para la conservación de madera en edificaciones de arquitectura caribeña. Posteriormente, se realizaron entrevistas a profesionales en arquitectura, ingeniería forestal y química para identificar y documentar diversos tratamientos empíricos e industriales que se están utilizando actualmente con base en la experiencia de cada profesional. A partir de esta consulta a expertos y ciudadanos de Limón, se realizó un proceso de revisión de la información existente sobre cada tratamiento y se escogieron algunos para profundizar según su afinidad al tipo de maderas y agentes biológicos detectados en los inmuebles seleccionados. Finalmente, se seleccionaron cuatro tratamientos empíricos y dos comerciales para realizar ensayos y valorar su efectividad.

Si bien la identificación de las principales maderas utilizadas en la arquitectura caribeña costarricense no fue parte de la propuesta del proyecto, durante el proceso se evidenció la necesidad de contar con información al respecto. Por ello, se solicitó colaboración a los investigadores Dr. Roger Moya Roque y Carolina Tenorio Monge de la Escuela de Ingeniería Forestal, para poder realizar un análisis xilológico en dos de los inmuebles estudiados, la "Antigua Capitanía de Puerto" (AAA-Tipo 1-01) y la "Casa Misionera de la Iglesia Bautista" (W-Tipo 1-01).

Con base en los resultados de los objetivos previos, se establecieron dos ensayos de biodeterioro en piezas de madera de 2x2x30 cm y 0,5x0,5x1 cm de las especies *Gmelina arborea*, *Pinus radiata*, *Cordia alliodora*, *Cedrela odorata* y *Dipteryx panamensis*, siendo las especies que se identificaron dentro de los inmuebles W-Tipo1-01 y AAA-Tipo1-01. El ensayo contempló un testigo o control y seis tratamientos, los cuales fueron: cera de abeja, aceite quemado, infusión de madero negro, diésel con zepol, pintura Max guard de Lanco, aceite de linaza teakwod de Sur.

Para el primer ensayo de biodeterioro se contempló seis repeticiones por especie (5) y por tratamiento (7), siendo un diseño factorial de 5x7x6. Una vez aplicados los tratamientos (figura 5 A y B), las piezas de 2x2x30 cm se llevaron a la ciudad de Limón (Centro Histórico y barrio Jamaica Town), se colocaron enterradas en tierra y a la intemperie, siendo esto comúnmente llamado "cementerio de estacas". El ensayo se mantuvo bajo esas condiciones por 16 semanas, posteriormente, se trasladó al Laboratorio de Patología Forestal de la escuela de Ingeniería Forestal del Instituto Tecnológico de Costa Rica, donde se evaluó las propiedades físicas y mecánicas (peso, MOR, MOE, entre otros) de cada

pieza de manera destructiva y se tomó una parte de la pieza donde se realizó un aislamiento de hongos de deterioro.

El segundo ensayo de biodeterioro se realizó en condiciones de laboratorio (figura 5 C, D y E), se seleccionaron dos hongos, *L. theobromae* y *C. radicans*, aislados de los inmuebles W-Tipo1-01 y AAA-Tipo1-01, éstos se pusieron a crecer en platos Petri con medio de cultivo PDA de 8 a 10 días antes, seguidamente se colocaron cuatro piezas de 0,5x0,5x1 cm dentro de las placas con el hongo desarrollado. Se contemplaron 16 repeticiones (cuatro piezas en cada plato Petri, cuatro platos Petri) por especie (5), por hongo (2) y por tratamiento (7), siendo un diseño factorial de 5x2x7x4. Una vez colocadas las piezas en cada plato Petri se incubaron a 25,8 °C con una humedad relativa de 87 % durante 14 semanas. Posteriormente, se evaluó el porcentaje de pérdida de peso y con ese valor se estableció una clase de resistencia según la Tabla 2.



Figura 5. Diferentes etapas en el establecimiento y evaluación de los ensayos de biodeterioro. **A)** Cementerio de estacas en el barrio Jamaica Town. **B)** Aplicación de los tratamientos en las piezas de 2x2x30cm. **C)** Limpieza de las piezas de 0,5x0,5x1cm al finalizar las 14 semanas de incubación. **D)** Aplicación de los tratamientos en las piezas de 0,5x0,5x1cm. **E)** Platos petri con el hongo *L. theobromae* y las piezas con tratamientos.

Fuente: propia.

Tabla 2. Criterio de clasificación de la resistencia de la madera al ataque de hongos.

Promedio de pérdida de peso (%)	Grado de resistencia al hongo de prueba	Clase de resistencia
0-10	Altamente resistente	A
11-24	Resistente	B
25-44	Moderadamente resistente	C
45 o más	Ligeramente resistente a no resistente	D

Fuente: propia

Debido al tipo de ensayos establecidos no fue necesario realizar un monitoreo de los mismos, ya que su evaluación es final. Los resultados se analizaron con el software InfoStat v16 y con base en ellos se comenzó con la redacción de un artículo científico.

Con base en las entrevistas, la revisión bibliográfica y los resultados de los ensayos se elaboró la guía de tratamientos, que incluye la definición de arquitectura caribeña costarricense para la zona de estudio, las lesiones y agentes de biodeterioro recurrentes, la metodología de identificación de tratamientos y el detalle de tratamientos industriales, empíricos o tradicionales, estrategias pasivas y otras buenas prácticas identificadas.

Finalmente, se elaboró una propuesta de tratamientos para el inmueble W-Tipo1-1, tomando en cuenta la definición de los criterios contemporáneos de intervención patrimonial y los resultados obtenidos de la identificación de tratamientos y los ensayos realizados. Antes de elaborar la propuesta se actualizó el levantamiento de lesiones en la edificación seleccionada para la propuesta piloto; además se actualizaron los planos de lesiones de los cuatro inmuebles muestreados.

9. Resultados

OE 1. Identificar la arquitectura caribeña dentro de la delimitación temporal y espacial propuesta para la investigación

A partir de la revisión bibliográfica se estableció un perfil básico de las principales características arquitectónicas de la arquitectura caribeña costarricense, mismas que se documentaron en la comunicación “La arquitectura caribeña costarricense en la trama urbana histórica de la ciudad de Limón entre el período 1871-1940” ([Anexo 1](#)). Entre las características identificadas en esta etapa se incluyen el uso de la madera como principal material de construcción en las estructuras externas e internas; la presencia de uno o más de los siguientes elementos arquitectónicos: pilotes de madera u hormigón, galerías, ático zócalo, pórtico, barandillas de madera, rejas o petatillos de madera, aleros anchos y estructuras similares en otras zonas separadas de la cubierta, antealeros, balcones, corredores, cámaras de control térmico para aislamiento y monitores. A partir del perfil básico inicial se desarrollaron dibujos y modelos en tres dimensiones para una mejor comprensión y difusión de las características (figura 6, [Anexo 2](#)).

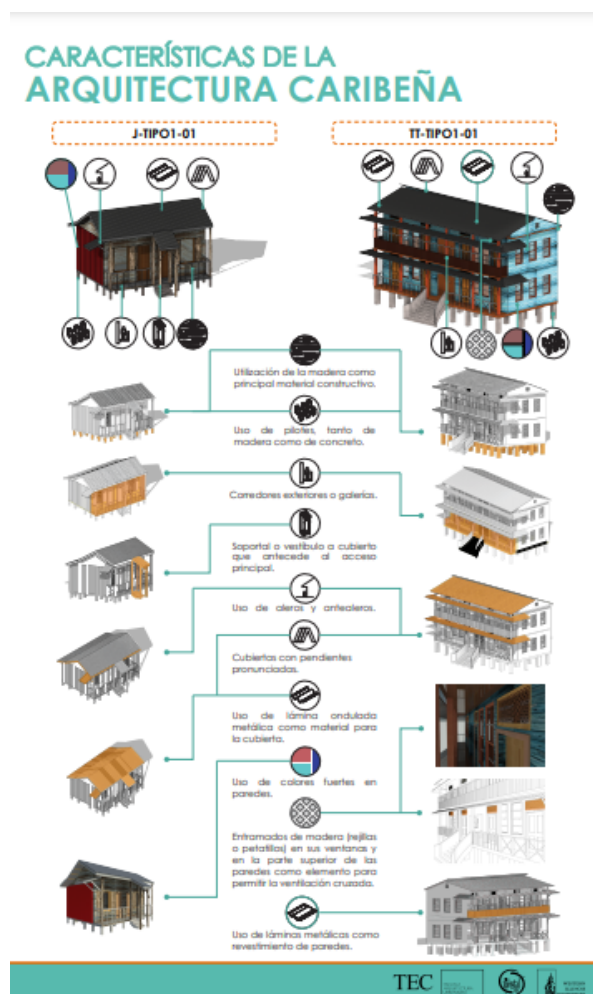


Figura 6. Material ilustrativo sobre características de arquitectura caribeña. Fuente: propia

Con el perfil inicial se realizó el trabajo de campo en la ciudad de Limón para reconocer posibles inmuebles que cumplieran con las características básicas identificadas. Se logró identificar 101 edificios, los cuales se geolocalizaron y sistematizaron a través de la plataforma My Maps (figura 7, [Anexo 3](#)). A partir de la clasificación realizada de los edificios identificados, se obtuvieron los siguientes resultados:

- 16 edificios Tipo 1
- 7 edificios Tipo 2
- 37 edificios Tipo 3
- 22 edificios Tipo 4

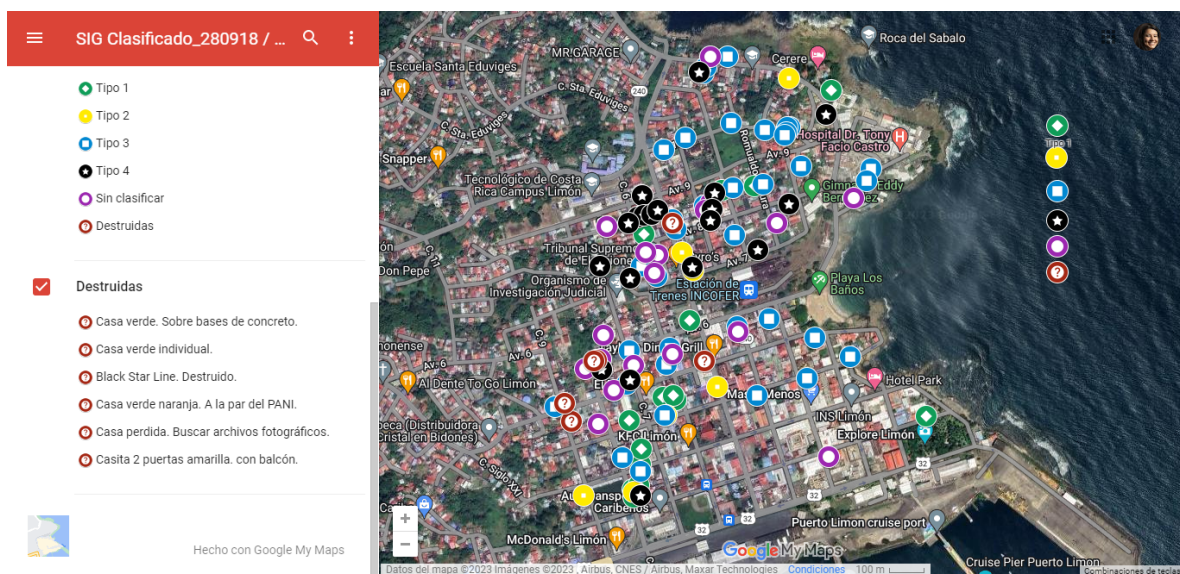


Figura 7. Geolocalización de inmuebles incluidos en el listado inicial. Fuente: propia.

Diecinueve inmuebles finalmente no fueron considerados por el estudio por falta de información o acceso restringido a las propiedades y 11 edificios se registraron como demolidos.

Como parte del proceso de validación y socialización del proyecto así como la búsqueda de contacto con la comunidad, y a partir de la información preliminar obtenida, se diseñó e implementó la exposición “Puerto Limón: Valorizando la Arquitectura Caribeña costarricense” (figura 8, [Anexo 4](#)). La misma estuvo expuesta en 2019 en el Centro Académico del TEC en Limón, en la Antigua Municipalidad de Limón y en el Centro de Turismo Cultural de Puerto Limón.

PUERTO LIMÓN: VALORIZANDO LA ARQUITECTURA CARIBEÑA COSTARRICENSE

Exposición del 29 de marzo al 10 de mayo.

Lugar: Instituto Tecnológico de Costa Rica, Centro Académico de Limón.

Proyecto de Investigación: "Conservación de la Arquitectura Caribeña Costarricense a partir de la aplicación de técnicas de avanzada para el estudio de agentes causantes de lesiones en las edificaciones".

La exposición pretende poner en valor esta arquitectura, tan valiosa y vulnerable a la vez, para sensibilizar a la población respecto al riesgo de pérdida de este importante patrimonio limonense y con ello, hacer un llamado a la necesidad de conocer y conservar las edificaciones que aún se mantienen en la ciudad.

EQUIPO INVESTIGADOR

Dra. Kenia García Ballestrero (TEC),
MSc. Ileana Hernández Salazar (TEC),
Dr. David Porras Alfaro (TEC),
MSc. Dawa Méndez Álvarez (TEC),
Dra. Andriana Porras Alfaro (WU),
Dr. Kenneth McCravy (WU).

EQUIPO ESTUDIANTIL

Fernando Agüero Bravo (TEC),
Genisil Cardona Rojas (TEC),
Rafael Hidalgo Campos (TEC),
Alejandro Varela Fonseca (TEC),
Sofía Rivera Villareal (TEC).



Figura 8. Exposición Puerto Limón: Valorizando la arquitectura caribeña costarricense.
Fuente: propia.

En una etapa posterior, las tipologías 1 y 2 fueron analizadas con mayor detalle a través del trabajo de campo, esto permitió identificar nuevas características y definir un perfil más detallado que contempla:

- Tipologías funcionales asociadas a la vivienda:
 - Vivienda unifamiliar aislada
 - Vivienda pareada

- Vivienda adosada
- Multifamiliar
- Configuración en planta caracterizada por la presencia de:
 - Distribuidor central
 - Distribuidor lateral
 - Distribuidor vertical central
 - Distribuidor vertical lateral
- Sistema constructivo tipo entramado o *ballom frame*
- Construcción elevada sobre pilotes de concreto o madera
- Cerramientos exteriores con tablilla acanalada, biselada y machihembrada
- Cubiertas con amplias pendientes y aleros, principalmente bajo las siguientes tipologías:
 - Cuatro aguas con monitor
 - Cuatro aguas y dos vertientes menores
 - Dos aguas
 - Dos aguas con cambio de pendiente
 - Dos aguas con traslape
 - Mixta: Dos aguas con cuatro vertientes menores
- Galerías, balcones y corredores de un tramo, perimetrales o en L
- Calados con decoraciones radiales y dobles
- Ventanas de abatir, de guillotina, de pivote y con petatillo
- Postigos
- Escaleras centrales y en los corredores
- Escalerillas de ingreso
- Estrategias bioclimáticas:
 - Ventilación natural
 - Ventilación cruzada
 - Cubierta ventilada

- Entrepiso ventilado
- Aleros amplios
- Materiales de baja inercia térmica

Esta nueva caracterización permitió el desarrollo del manuscrito de un libro que recoge las tipologías, formas de adaptación bioclimática y la terminología de los elementos arquitectónicos y constructivos que componen la arquitectura caribeña costarricense. Dicho material presenta fotografías, dibujos y texto para cada aspecto considerado, la figura 9 ejemplifica el material elaborado. Este manuscrito se presentará para evaluación con una editorial en el II semestre de 2023.



Figura 9. Muestra del manuscrito Arquitectura Caribeña Costarricense en la Ciudad de Limón. Tipologías, adaptación y terminología. Fuente: propia.

Como otro de los productos de este objetivo, la investigadora Dominique Chang en conjunto con el estudiante asistente Ariel Valerín, elaboraron el artículo "Propuesta de clasificación tipológica de obras arquitectónicas del caribe costarricense en la ciudad de Limón, construidas a principios del siglo XX", publicado en la revista Tecnología en Marcha ([Anexo 5](#)).

A partir de las tipologías 1 y 2 se desarrolló el “Inventario de arquitectura caribeña de la ciudad de Limón” (Anexo 6), el cual incluye la descripción detallada del proceso metodológico llevado a cabo, el mapa de ubicación de los inmuebles identificados y fichas detalladas con información de cada uno de los 23 inmuebles inventariados (figura 10).

FICHAS DE INVENTARIO DE EDIFICACIONES DE ARQUITECTURA CARIBEÑA

COMPRENSIÓN DEL PATRIMONIO CULTURAL COSTARRICENSE A TRAVÉS DE LA IDENTIFICACIÓN DE TIPOLOGÍAS DE ARQUITECTURA CARIBEÑA EN EL ESTADO DE LOS INMUEBLES CARIBEÑOS EN LA CIUDAD DE LIMÓN

Código de registro: **TEC-01-01-01**

Nombre del inmueble: **Antigua casa del Dr. Domingo Argüello**

Barrio: **América Town**

Dirección: **Calle Dr. Rubén Ureán Chavarría**


Coordenadas: **Lat: 10.0217, Lon: -83.0307**

TEC Tecnología de Costa Rica


N/A

01-01


1. DATOS DE LOCALIZACIÓN



2. FOTOGRAFÍA PRINCIPAL



3. FOTOGRAFÍAS SECUNDARIAS



4. RÉGIMEN DE PROPIEDAD

Público: Privado: Propietario: **José Argüello**

5. TIPOLOGÍA EDIFICATORIA

Uso original: Habitacional Religioso Servicio Industrial Comercio Otro

6. ÉPOCA CONSTRUCTIVA

1800-1900 1901-1921 1922-1940 Sin referencia

7. DESCRIPCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL INMUEBLE

Declaratoria patrimonial: Sí No Año: _____

8. DESCRIPCIÓN DE LA CONFIGURACIÓN ESPACIAL

DETERMINACIÓN DE ESTADO DE LAS CARACTERÍSTICAS DE LA ARQUITECTURA CARIBEÑA COSTARRICENSE

COMPONENTE GENERAL	ELEMENTO	ESTADO				
		SIN INFERENCIA	NO APLICA	BUENO	REGULAR	MALO
ELEMENTOS CONSTRUCTIVOS	Paredes de madera				X	
	Pilotes					X
	Tócalo		X			
	Cerramiento inferior de protección				X	
	Esquema constructivo tipo balloon frame	X				
	Ventila					X
	Soporal					X
	Cielera		X			
	Conador		X			
	Contraventana		X			
	Remates de columnas con madera calada		X			
	Barandas		X			
	Decorados con madera calada sobre ventanas		X			
	Decorados con madera calada sobre puertas		X			
	Paredes recubiertas con láminas metálicas					X
Pelattos			X			
Aleros					X	
Ante-aleros			X			
Balcones			X			
Lámina metálica en cubierta					X	
Monitor		X				
CROMÁTICA						
OBSERVACIONES		Aunque se encuentre en buen estado, conserva total o en su mayor parte las características formales y de materialidad de la época.				
DEFINICIÓN DE TÉRMINOS PARA CLASIFICACIÓN DEL ESTADO						
BIENO	El componente se encuentra en buen estado, conserva total o en su mayor parte las características formales y de materialidad de la época.					
REGULAR	El componente está pero su estado no es el óptimo, presenta algunos daños y lesiones. Ha recibido modificaciones que no son acordes a la época.					
MALO	El componente se encuentra en muy malas condiciones, presenta daños y lesiones, su estado amerita una intervención inmediata del componente.					

DESCRIPCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE COMPONENTES DE LA ARQUITECTURA CARIBEÑA COSTARRICENSE

COMPONENTE	MATERIALES								OBSERVACIONES	LESIONES	OBSERVACIONES	
	No aplica	Sin referencia	Ladrillo	Concreto	Madera	Lámina HD	Vitrío	PVC				
Pilotes					X							
Contrachapa	X											
Tócalo	X											
Cerramiento inferior de protección					X							
Columnas					X							
Paredes					X							
Cadenillas					X							
Ménsulas	X											
Losas	X											
Pisos					X							
Entrepisos					X							
Balcones	X											
Puertas					X							
Ventanas					X	X						
Molduras	X											
Vigas					X							
Cercas					X							
Clavadores					X							
Láminas de cubierta					X							
Frecinka								X				
Cumbrera					X							
Botaguas					X							
Limahón					X							
Limahoya	X											
Aleros					X	X						
Ante-aleros	X											
Cielomaso					X							
Caladas	X											
Barandilla	X											
Pasamanos	X											
DEFINICIÓN DE TÉRMINOS PARA IDENTIFICACIÓN DE LESIONES												
Lesiones químicas: deterioro por corrosión como resultado de la exposición de los materiales a la acción del medio ambiente.			Lesiones físicas: deterioro generado por la acción de agentes climáticos (viento, viento, calor, humedad, cambios de temperatura).			Lesiones mecánicas: lesiones de carácter estructural que comprometen la estabilidad de los elementos constructivos.			Lesiones orgánicas: son el resultado de la acción de agentes biológicos.			

Figura 10. Ejemplo de fichas de Inventario de arquitectura caribeña costarricense de la ciudad de Limón. Fuente: propia.

Junto al inventario se desarrolló una base datos y un Sistema de Información Geográfica, con los cuales fue posible obtener mapas como el que se ilustra con la figura 11 ([Anexo 7](#)).



Figura 11. Ejemplo de mapa obtenido del SIG del inventario. Fuente: propia.

Finalmente, se debe destacar que como parte del desarrollo de este objetivo, se concretaron diversos procesos de vinculación con la docencia. Entre ellos, destaca una gira académica a la zona de estudio en coordinación con los cursos Laboratorio de Arquitectura IX, Sitios y Monumentos del Patrimonio Histórico, Social y Cultural, y Urbanismo y Ordenamiento Territorial II, realizada en 2018 (figura 12). Asimismo, en 2020, se realizó otra gira académica del curso de Historia del Arte y la Arquitectura de Costa Rica II.



Figura 12. Gira académica. Charla previa a visita de campo. Centro Académico de Limón. Año 2018. Fuente: propia.

Adicionalmente, en la coyuntura producto de la pandemia por COVID-19, se elaboró un material didáctico ([Tour virtual](#)) relacionado con la arquitectura caribeña costarricense (figura 13) que se utilizó en el curso de Historia del Arte y la Arquitectura de Costa Rica II, durante los años 2021 y 2022.



Figura 13. Tour virtual Arquitectura Caribeña Costarricense. Fuente: propia.

OE 2. Diagnosticar las lesiones presentes en los inmuebles seleccionados

Para la selección de los inmuebles a estudiar en detalle se realizó una evaluación multicriterio ([Anexo 8](#)) tomando en cuenta los edificios de arquitectura caribeña más representativos y aquellos que presentan una mayor vulnerabilidad. Los resultados obtenidos fueron ordenados de mayor a menor, para las etapas de muestreo y análisis se seleccionaron los inmuebles que obtuvieron una nota superior a 60 puntos. Se elaboró cartografía temática asociada a la evaluación multicriterio ([Anexo 9](#)).

A pesar de contar con seis inmuebles que cumplieron el requisito, solo fue posible tener acceso a cuatro edificaciones, por lo que la muestra finalmente solo incluyó los edificios W-Tipo 1-01 (Casa Misionera de la Iglesia Bautista), AAA-Tipo 1-01 (Antigua Capitanía de Puerto) y las viviendas MM - Tipo 1 -01 y M - Tipo 1-01.

Se realizaron visitas de campo a cada uno de los inmuebles seleccionados, en ellas se hizo levantamiento de daños, en los cuales se lograron identificar lesiones de origen químico, físico, mecánico y biológico, mismos que se registraron mediante planos de lesiones (figura 14 y [Anexo 10](#)).

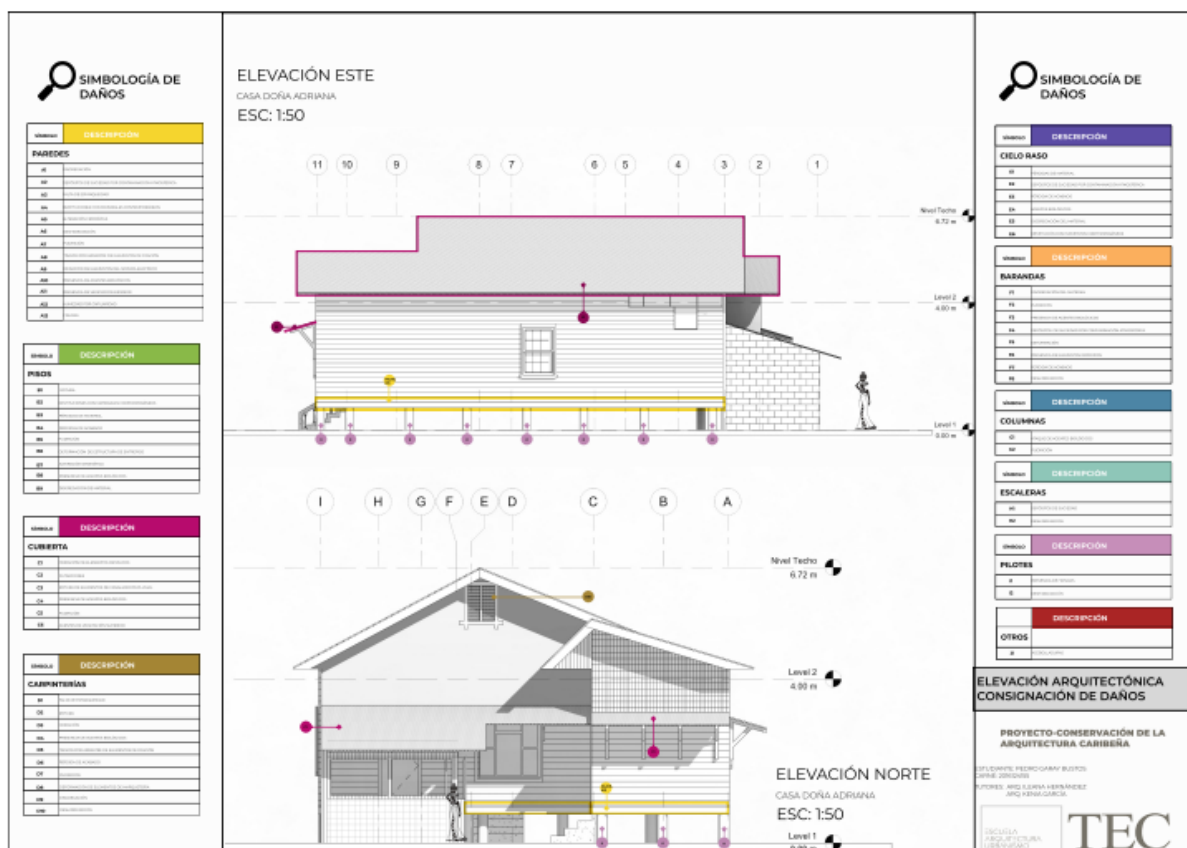


Figura 14. Ejemplo de planos de consignación de daños. Fuente: propia.

Además de la clasificación por el tipo de lesión, los daños fueron ubicados en los elementos arquitectónicos y constructivos en los que se encontraron, es decir se logró asociar lesiones en todos los niveles estructurales de las edificaciones analizadas, las cuales fueron

sistematizadas en los planos de lesiones de cada inmueble. A partir de los planos generados es posible concluir a nivel general cuáles son los elementos que presentan mayor cantidad de lesiones.

A continuación, se muestran de manera gráfica el porcentaje de lesiones por los elementos arquitectónicos o constructivos de cada edificación analizada (gráficos 1, 2, 3, y 4).

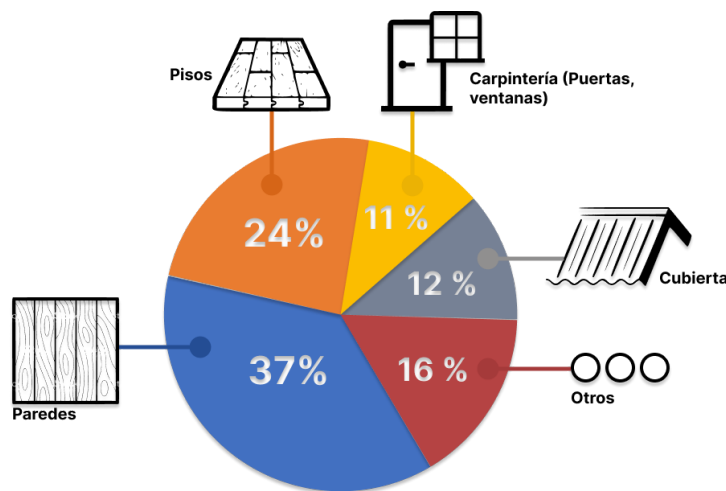


Gráfico 1. Ubicación de lesiones por elemento constructivo. Edificación AAA-Tipo 1-01: Antigua Capitanía de Puerto. Fuente: Propia.

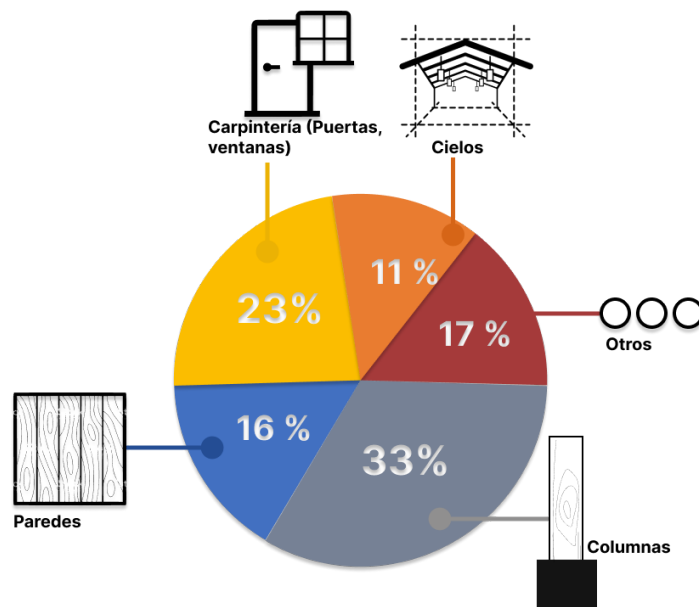


Gráfico 2. Ubicación de lesiones por elemento constructivo. Edificación W-Tipo 1-01: Casa Misionera Bautista. Fuente: Propia.

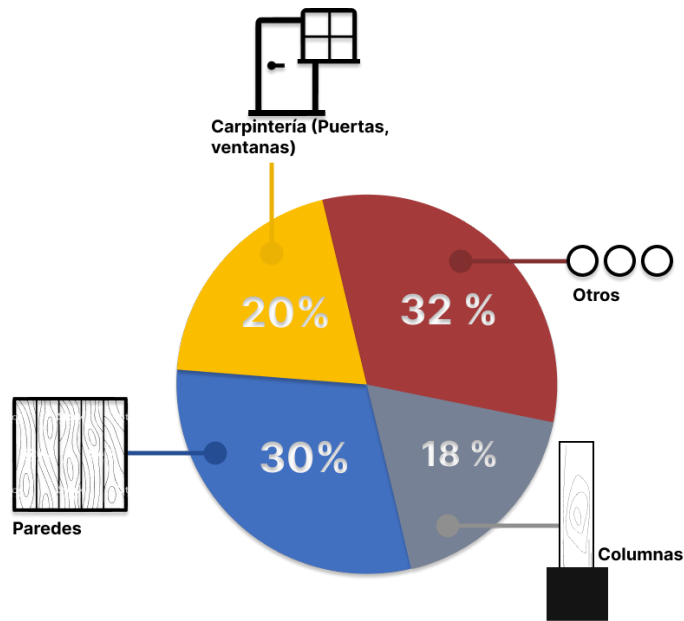


Gráfico 3. Ubicación de lesiones por elemento constructivo. Edificación M-Tipo 1-01. Fuente: Propia.

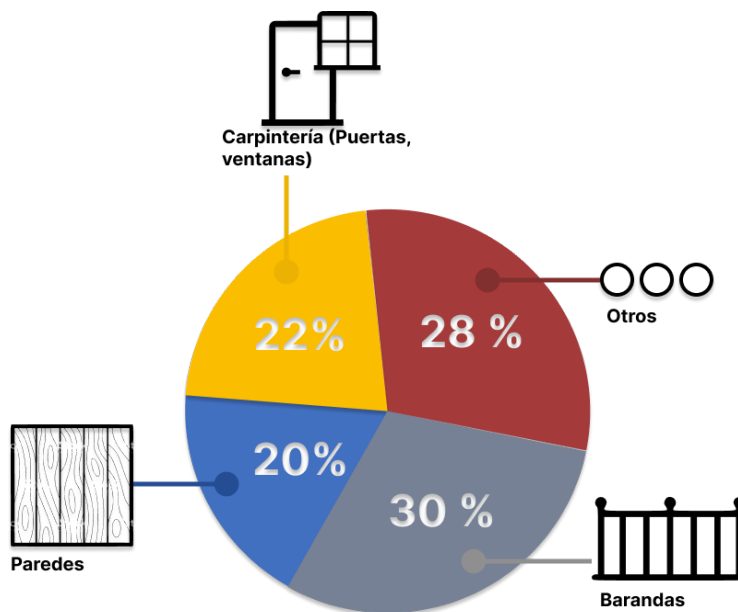


Gráfico 4. Ubicación de lesiones por elemento constructivo. Edificación MM-Tipo 1-01. Fuente: Propia.

Tal y como puede apreciarse en los diferentes gráficos, los cuatro inmuebles analizados presentan un alto porcentaje de lesiones en paredes y carpinterías. Por otra parte se aprecia que dos de las edificaciones presentan problemas en las columnas, lo que evidencia daños de tipo estructural. En cuanto a otros elementos con importante grado de

afectación están los pisos en el caso del inmueble AAA-Tipo 1-01 y las barandas en el MM-Tipo 1-01 con porcentajes de 24% y 30% respectivamente.

Respecto a los daños biológicos se observaron galerías y daños causados por insectos como las termitas tanto en el interior como en el exterior de las edificaciones, no obstante, no fue posible encontrar insectos vivos para su recolección e identificación. También fue posible identificar crecimiento fúngico o deterioro característico causado por hongos, para estos casos se tomaron muestras que posteriormente fueron analizadas en el laboratorio.

De los cuatro inmuebles seleccionados, se logró colocar datalogger en tres de ellos (AAA-Tipo1-01, W-Tipo1-01 y M-Tipo1-01), por lo que se decidió realizar el análisis bioclimático con simulaciones y contraste de mediciones solamente en estos ([Anexo 11](#)). Los datalogger registraron datos de humedad altos en el día incluso en el mes más seco del año. En los objetos de estudio M-Tipo1-01 y AAA-Tipo1-01 no coinciden los datos de humedad relativa de las simulaciones con los de los dataloggers, siendo estos últimos más constantes en el tiempo y más bajos, pero aún así se mantienen estables cerca del 75%. Es importante mencionar que para la simulación se programa el software con plantillas que consideran cierta temporalidad para la apertura de todas las puertas y ventanas, situación que puede no necesariamente ajustarse de manera fiel con la dinámica de uso de los espacios reales, alterando los resultados obtenidos. Contrario a esto, los datos de humedad del W-Tipo1-01 son muy similares en la simulación y en la realidad.

En cuanto a los datos de temperatura interna en el AAA-Tipo1-01 y el W-Tipo1-01 tienen un comportamiento más coherente entre las simulaciones y la información recolectada por los dataloggers, mientras que los datos del M-Tipo1-01 presentan diferencias. Esto puede deberse a que el datalogger se colocó cerca de la cocina, lo que puede modificar las condiciones ambientales en ciertos momentos. Aún así, las temperaturas de los espacios se mantienen todas en un rango que va desde los 22° y 32°C, pudiendo alcanzar máximos de 35°C en espacios puntuales durante el medio día del mes más seco.

La velocidad del viento, si bien puede alcanzar máximos de hasta 2m/s en el interior de los inmuebles, se vuelve insuficiente para reducir la temperatura del aire interno. Su principal efecto estaría en la reducción de la sensación térmica de los habitantes y en el control de la acumulación de humedad en los espacios internos.

Las ganancias solares directas son pocas, ya que todos los inmuebles tienen prominentes aleros; es decir, no hay gran radiación entrando directamente a los espacios internos. Los efectos del sol directo se pueden percibir directamente en la cubierta y en aquellos planos de fachada al este y oeste que no tienen una adecuada sombra.

OE 3. Analizar los agentes causantes de procesos patológicos detectados a partir de estudios de laboratorio

Parte de los resultados obtenidos se apoyaron en las actividades desarrolladas en laboratorio por el estudiante asistente Alejandro Varela Fonseca, quien además realizó su tesis de bachillerato en biotecnología vinculado al proyecto. En este marco el estudiante

realizó una pasantía en el Fungal Lab de Western Illinois University bajo la supervisión de la Dra. Andrea Porrás Alfaro, la cual permitió el desarrollo de análisis moleculares.

Una vez se realizó la revisión bibliográfica se sistematizó los posibles protocolos a seguir para el aislamiento de los agentes de biodeterioro ([Anexo 12](#)). Con los inmuebles seleccionados y los permisos de CONAGEBIO, se procedió a hacer la colecta de muestras para los aislamientos en laboratorio, su observación al microscopio para la identificación morfológica y las extracciones de ADN, así como su envío para secuenciación de tipo Sanger e Illumina (figura 15).

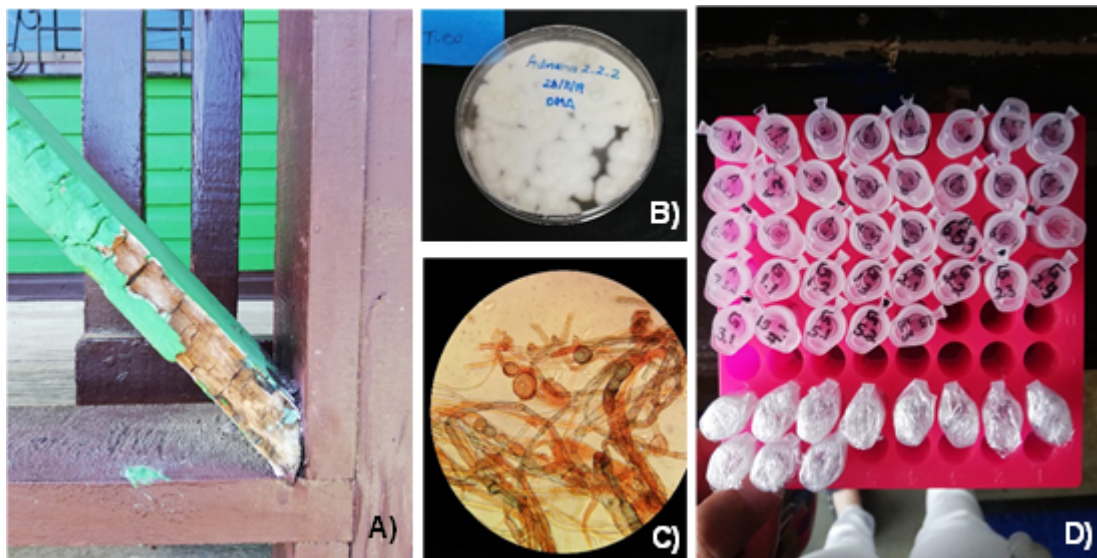


Figura 15. Evidencias de los procesos para la identificación de los agentes de biodeterioro.

A) Toma de muestra en el inmueble seleccionado. **B)** Aislamiento del agente de biodeterioro. **C)** Observación microscópica para su identificación por morfología. **D)** Tubos con muestras de ADN de los hongos aislados así como muestras de madera para su identificación por Sanger e *Illumina*. Fuente: propia.

Con base en dichos aislamientos se identificaron los agentes por medio de secuenciación *Sanger* ([Anexo 13](#)) y secuenciación *Illumina* ([Anexo 14](#)). Mediante el aislamiento en laboratorio y la identificación con secuenciación *Sanger*, la mayoría de los agentes se clasifican dentro del filo ascomycota, causando podredumbre suave y daños estéticos en los inmuebles. Con la secuenciación *Illumina* se corroboró la presencia de los hongos aislados en laboratorio, por lo que no se consideran contaminación del ambiente, además se identificó hongos causantes de podredumbre marrón y blanco del filo basidiomycota con más de un 5% de presencia de las muestras de los cuatro inmuebles.

Asimismo, mediante el ensayo metabólico ([Anexo 15](#)) se determinó que los hongos aislados en su mayoría sí consumen celulosa, por lo que en cierta forma causan daños en la madera. Las secuencias obtenidas por *Sanger* se subieron al genbank (www.genbank.com) como la base de datos en línea y universal. Se muestra a continuación como se observa el enlace para cada organismo identificado.

Fusarium foetens

OP601647

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601647>

LOCUS OP601647 584 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium foetens* isolate 30-C large subunit ribosomal RNA gene,
partial sequence.
ACCESSION OP601647
VERSION OP601647.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium foetens*
ORGANISM [Fusarium foetens](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae;
Fusarium; *Fusarium oxysporum* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 584)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and
Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa
Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 584)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto
tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..584
/organism="Fusarium foetens"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="30-C"
/db_xref="taxon:246455"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0253 W"
rRNA <1..>584
/product="large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 atatcaataa gcgaggaaa agaaaccaac agggattgcc ctagtaacgg cgagtgaagc
61 ggcaacagct caaatgtgaa atctggctct cgggcccgag ttgtaatttg tagaggatac
121 tttgatgctg gtgccttcg agttccctgg aacgggacgc catagagggt gagagccccg
181 tctggttggg tgccaaatct ctgtaaagtt cttcaacga gtcgagtagt ttgggaatgc
241 tgctctaaat gggaggata tgtcttctaa agctaaatac cggccagaga ccgatagcgc
301 acaagtagag tgatcgaag atgaaaagca cttgaaaag agagttaaaa agtacgtgaa
361 attgttgaaa ggggaagcgtt tatgaccaga cttgggcttg gttaatcatc tggggttctc
421 cccagtgcac tttccagtc caggccagca tcagttttcc ccgggggata aaggcggcgg
481 gaatgtggct ctcttcgggg agtgttatag cccaccgtgt aataccctgg gggggactga
541 ggttcgcgca tctgcaagga tgctggcgta atggtcatca acga

Fusarium foetens

OP601646

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601646>

LOCUS OP601646 562 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium foetens* isolate 30-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601646
VERSION OP601646.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium foetens*
ORGANISM [Fusarium foetens](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium oxysporum* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 562)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 562)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..562
/organism="Fusarium foetens"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="30-C"
/db_xref="taxon:246455"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0253 W"
misc RNA <1..>562
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 gaggaagtaa aagtcgtaac aaggtctccg ttggtgaacc agcggaggga tcattaccga
61 gtttacaact cccaaacccc tgtgaacata ccacttggtg cctcggcgga tcagcccgct
121 cccggtaaaa cgggacggcc cgccagagga cccctaaact ctgtttctat atgtaacttc
181 tgagtaaaac cataaataaa tcaaaacttt caacaacgga tctcttggtt ctggcatcga
241 tgaagaacgc agcaaaatgc gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa
301 tctttgaacg cacattgctc cgcagatg tctggcgggc atgcctgtc gagcgtcatt
361 tcaaccctca agcacagctt ggtggtggga ctgcggttaa ttcgcttcc ccaaattgat
421 tggcggtcac gtcgagcttc catagcgtag tagtaaaacc ctcgttactg gtaatcgtcg
481 cggccacgcc gttaacaccc caacttctga atgttgacct cggatcaggt aggaataccc
541 gctgaactta agcatatcaa aa

Fusarium falciforme

OP601645

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601645>

LOCUS OP601645 584 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium falciforme* isolate 29-C large subunit ribosomal RNA gene,
partial sequence.
ACCESSION OP601645
VERSION OP601645.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium falciforme*
ORGANISM [Fusarium falciforme](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae;
Fusarium; *Fusarium solani* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 584)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and
Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa
Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 584)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto
tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..584
/organism="Fusarium falciforme"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="29-C"
/db_xref="taxon:195108"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0253 W"
rRNA <1..>584
/product="large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 atatcaataa gcgaggaaa agaaaccaac agggattgcc ccagtaacgg cgagtgaagc
61 ggcaacagct caaatttgaa atctggctct cgggcccgag ttgtaatttg tagaggatgc
121 ttttggtgag gtgccttccg agttccctgg aacgggacgc catagagggt gagagccccg
181 tctggttgga caccgatcct ctgtaaagct cttcgcagca gtcgagtagt ttgggaatgc
241 tgctctaaat gggaggtata tgtcttctaa agctaaatac cggccagaga ccgatagcgc
301 acaagtagag tgatcgaag atgaaaagaa cttgaaaag agagttaaaa agtacgtgaa
361 attggtgaaa gggaagcgt tgtgaccaga cttgggcttg gttgatcatc cggggttctc
421 cccggtgcac tcttccggt caggccagca tcagttcgcc ctgggggata aaggcttcgg
481 gaatgtggct ctctccggg agtgttatag cccgctcgt aataccctgt ggcggactga
541 ggttcgcgca ttcgcaagga tgctggcgta atggtcatca gtga

Humicola floriformis

OP601644

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601644>

LOCUS OP601644 582 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Humicola floriformis* isolate 23,2-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601644
VERSION OP601644.1
KEYWORDS .
SOURCE *Humicola floriformis*
ORGANISM [Humicola floriformis](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Sordariomycetidae; Sordariales; Chaetomiaceae; *Humicola*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 582)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 582)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..582
/organism="Humicola floriformis"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="23,2-C"
/db_xref="taxon:155877"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0253 W"
rRNA <1..>582
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 catatcaata agcggaggaa aagaaaccaa cagggattgc cctagtaacg gcgagtgaag
61 cggcaacagc tcaaatattga aatctggcct cggccccgagt tgtaatttgc agaggaagct
121 ttaggcgcgg caccgactga gtcccctgga acggggcgcc acagagggtg agagccccgt
181 atagtcggac gctaagcctg tgtaaagctc cttcgacgag tcgagtagtt tgggaatgct
241 gtcaaaatg ggaggtaaat ttcttctaaa gctaaatacc ggccagagac cgatagcgca
301 caagtagagt gatcgaaaga tgaaaagcac tttgaaaaga gggttaaata gcacgtgaaa
361 ttgttgaaag ggaagcgctt gtgaccagac ttgctgctgg ctgatcatcc ggtgttctca
421 ccggtgcact ctgccaggct caggccagca tcggttctcg cgggggggata aaggccctgg
481 gaacgtagct cctccgggag tgttatagcc caggggtgcaa tgccctcgcg gggaccgagg
541 ttgcgcatc tgcaaggatg ctggcgtaat ggtcatcagc ga
```

Trichoderma lixii

OP601643

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601643>

LOCUS OP601643 611 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Trichoderma lixii* isolate 37-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601643
VERSION OP601643.1
KEYWORDS .
SOURCE *Trichoderma lixii*
ORGANISM [Trichoderma lixii](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Hypocreaceae; *Trichoderma*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 611)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 611)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES
Location/Qualifiers
source 1..611
/organism="Trichoderma lixii"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="37-TM"
/db_xref="taxon:1491472"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031219 W"
[misc RNA](#) <1..>611
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 aaaagtcgta acaaggtctc cgttggtgaa ccagcggagg gatcattacc gagtttacia
61 ctcccaaacc caatgtgaac gttaccaaac tgttgccctc gccgggatctc tgccccgggt
121 gcgtcgcagc cccggaccaa ggcgcccgcc ggaggaccaa ccaaaactct tattgtatac
181 cccctcgcgg gttttttat aatctgagcc ttctcggcgc ctctcgtagg cgtttcgaaa
241 atgaatcaaa actttcaaca acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga
301 aatgcgataa gtaatgtgaa ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatcttt gaacgcacat
361 tgcgccccgc agtattctgg cgggcatgcc tgtccgagcg tcatttcaac cctcgaacc
421 ctccgggggg tcggcgttgg ggatcggccc tcccttagcg ggtggccgct tccgaaatac
481 agtggcggtc tcgccgcagc ctctcctcgc cagtagtttg cacactcgca tcgggagcgc
541 ggcgcgtcca cagccgttaa acacccaact tctgaaatgt tgacctcgga tcaggtagga
601 ataccgctg a

Trichoderma lixii

OP601642

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601642>

LOCUS OP601642 580 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Trichoderma lixii* isolate 37-TM large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601642
VERSION OP601642.1
KEYWORDS .
SOURCE *Trichoderma lixii*
ORGANISM [Trichoderma lixii](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Hypocreaceae; *Trichoderma*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 580)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 580)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..580
/organism="Trichoderma lixii"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="37-TM"
/db_xref="taxon:[1491472](#)"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="[9.995537 N 83.031219 W](#)"
rRNA <1..>580
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 caataagcgg aggaaaagaa accaacaggg attgccccag taacggcgag tgaagcggca
61 acagctcaaa ttgaaatct ggtccctagg gcccgagttg taattttag aggatgcttt
121 tggtagagtg cgcgccgagt tccctggaac gggacgccac agagggtgag agccccgtct
181 ggctggccgc cgagcctctg taaagctct tgcacgagtc gagtagtttg ggaatgctgc
241 tcaaaatggg aggtatatgt cttctaaagc taaatattgg ccagagaccg atagcgcaca
301 agtagagtga tcgaaagatg aaaagcacct tgaaaagagg gttaaatagt acgtgaaatt
361 gttgaaaggg aagcgcttgt gaccagactt gggcgcggcg gatcatccgg ggttctctcc
421 ggtgcacttc gccgcgtcta ggccagcatc agttcgtcgc gggggaaaaa ggcttcggga
481 acgtggctcc tccgggagtg ttatagcccg ttgcataata ccctgcggtg gactgaggac
541 cgccatctg caaggatgct ggcgtaatgg tcaccagcga
```

Penicillium wotroi

OP601641

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OP601641>

LOCUS OP601641 568 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Penicillium wotroi* isolate 36,1-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601641
VERSION OP601641.1
KEYWORDS .
SOURCE *Penicillium wotroi*
ORGANISM [Penicillium wotroi](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Penicillium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 568)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 568)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..568
/organism="Penicillium wotroi"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="36,1-TM"
/db_xref="taxon:756376"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="[9.995537 N 83.031219 W](#)"
misc_RNA <1..>568
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 caaggtttcc gtaggtgaac ctgcggaagg atcattaccg agtgagggcc ctctgggtcc
61 aacctccac ccgtgtttat cgtacctgtg tgcttcggcg ggcccgcctc acggcccgcg
121 gggggcatcc gctcccgggc ccgcgcccgc cgaagacacc aatgaactct gtctgaagat
181 tgcagtctga gcagattagc taaatcagtt aaaactttca acaacggatc tcttggttcc
241 ggcatcgatg aagaacgcag cgaaatgcga tacgtaatgt gaattgcaga attcagtgaa
301 tcatcgagtc tttgaacgca cattgcgccc cctggatttc cggggggcat gcctgtccga
361 gcgtcattgc tgccctcaag cacggcttgt gtgttgggct ccgccccccg gctccccggg
421 ggcgggcccc aaaggcagcg gcggcaccgc gtccggctct cgagcgtatg gggcttcgct
481 acccgctctg taggcccggc cggcgcccgc cggcgacccc aatcaatcta tccaggttga
541 cctcggatca ggtagggata cccgctga

Aspergillus niger

OP601640

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601640>

LOCUS OP601640 545 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Aspergillus niger* isolate 35-TM large subunit ribosomal RNA gene,
partial sequence.
ACCESSION OP601640
VERSION OP601640.1
KEYWORDS .
SOURCE *Aspergillus niger*
ORGANISM [Aspergillus niger](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;
Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae;
Aspergillus; *Aspergillus* subgen. *Circumdati*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 545)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and
Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa
Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 545)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto
tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..545
/organism="Aspergillus niger"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="35-TM"
/db_xref="taxon:5061"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031219 W"
rRNA <1..>545
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 aggaaaagaa accaaccggg attgcctcag taacggcgag tgaagcggca agagctcaaa
61 tttgaaagct ggctccttcg gagtccgcat tgtaatttgc agaggatgct ttgggtgceg
121 cccccgtcta agtgccctgg aacgggccgt cagagagggt gagaatcccg tcttgggceg
181 ggtgtccgtg cccgtgtaaa gctccttcga cgagtcgagt tgtttgggaa tgcagctcta
241 aatgggtggt aaatttcac taaagctaaa tactggccgg agaccgatag cgcacaagta
301 gagtgatcga aagatgaaaa gcactttgaa aagagagtta aacagcacgt gaaattgtt
361 aaagggaaagc gcttgcgacc agactcgccc gcggggttca gccggcattc gtgccggtgt
421 acttccccgt gggcgggcca gcgtcggttt gggcggccgg tcaaaggccc ctggaatgta
481 gtgccctcgg gggcacctta tagccagggg tgcaatgcgg ccagcctgga ccgaggaacg
541 cgctt
```

Penicillium citreonigrum

OP601639

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601639>

LOCUS OP601639 601 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Penicillium citreonigrum* isolate 24-TM large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601639
VERSION OP601639.1
KEYWORDS .
SOURCE *Penicillium citreonigrum*
ORGANISM [Penicillium citreonigrum](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Penicillium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 601)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 601)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (09-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..601
/organism="Penicillium citreonigrum"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="24-TM"
/db_xref="taxon:69768"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031219 W"
rRNA <1..>601
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 ctaagcatat caataagcgg aggaaaagaa accaacaggg attgccccag taacggcgag
61 tgaagcggca agagctcaaa ttgaaagct ggccccctcg gggtcgcat tgtaatttgc
121 agaggatgct tcgggagtgg ccccatccta agtgctctgg aacgggcccgt catagagggt
181 gagaatcccc tatgggatgg ggtgtccgcg accatgtgaa gtccttcga cgagtcgagt
241 tgtttgggaa tgcagctcta aatgggtggt aaatttcac taaagctaaa tattggccgg
301 agaccgatag cgcacaagta gagtgatcga aagatgaaaa gcactttgaa aagagagtta
361 aaaagcacgt gaaattgttg aaaggggaagc gcttgcgacc agactcgcct acggggttca
421 gccggtattc gtaccggtgt acttccccgt gggcgggcca gcgtcggttt gggcggccgg
481 tcaaaggccc tcggaatgta acgctctcgg gggcgcttta tagccgaggg tgccatgcgg
541 ccagcccgga ccgaggaacg cgcttcggca cggacgctgg cataatggtc gtaattacct
601 a
```

Penicillium citreonigrum

OP601324

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601324>

LOCUS OP601324 586 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Penicillium citreonigrum* isolate 24-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601324
VERSION OP601324.1
KEYWORDS .
SOURCE *Penicillium citreonigrum*
ORGANISM [Penicillium citreonigrum](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Penicillium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 586)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 586)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..586
/organism="Penicillium citreonigrum"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="24-TM"
/db_xref="taxon:69768"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031216 W"
[misc_RNA](#) <1..>586
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 aagtaaaagt cgtaacaagg tttccgtagg tgaacctgcg gaaggatcat taccgagtga
61 gggccctctg ggtccaacct cccaccctgt tttatcgtac cttgttgctt cggcggggccc
121 gccgcaaggc cgccgggggg catctgccct ctggcccgcg cccgccgaag acaccattga
181 acgctgtctg aagattgcag tctgagcaat tagttaaata acttaaaact ttcaacaacg
241 gatctcttgg ttccggcatc gatgaagaac gcagcgaat gcgatacgta atgtgaattg
301 cagaattcag tgaatcatcg agtctttgaa cgcacattgc gccccctggt attccggggg
361 gcatgcctgt ccgagcgta ttgctgccct caagcacggc ttgtgtgttg ggctccgtcc
421 tccttccggg gggacgggcc cgaagggcag cggcggcacc gctccggtc ctcgagcgta
481 tggggcttcg tcaccgctc tgcaggcccg gccggcgctt gccgacacat caatcttttt
541 tccaggttga cctcggatca gtagggata cccgctgaac ttaagc

Talaromyces aculeatus

OP601323

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601323>

LOCUS OP601323 564 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Talaromyces aculeatus* isolate 22,1-TM large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601323
VERSION OP601323.1
KEYWORDS .
SOURCE *Talaromyces aculeatus*
ORGANISM [Talaromyces aculeatus](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;
Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Trichocomaceae;
Talaromyces; *Talaromyces* sect. *Talaromyces*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 564)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 564)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..564
/organism="Talaromyces aculeatus"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="22,1-TM"
/db_xref="taxon:36649"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="[9.995537 N 83.031216 W](#)"
rRNA <1..>564
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 aaccaaccgg gattgcctca gtaacggcga gtgaagcggc aagagctcaa atttgaatc
61 tggccccttt ggggtccgag ttgtaattg cagaggatgc ttcgggtgcg gtccccgtct
121 aagtgccctg gaacgggccg tcatagaggg tgagaatccc gtctgggatg ggccggccg
181 cccgtgtgaa gctccttcga cgagtcgagt tgtttgggaa tgcagctcta agcgggtggt
241 aaatttcac taaagctaaa tactggccgg agaccgatag cgcacaagta gaggatcga
301 aagatgaaaa gcactttgaa aagagagtta aacagcacgt gaaattgtt aaaggggaagc
361 gttgtccacc agactcgccc gggggggttc agccggcacc tgtgcccggg tactcctctc
421 cgggcgggcc agcatcggtt tgggcggctg gtgaaaggcc ccgggaatgt accacccttc
481 ggggtgcctt atagcccggg gtgccatata gccagcctgg accgaggccc gcgcttcggc
541 gaggatgctg gcgtaatggt ggtc
```

Talaromyces aculeatus

OP601322

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601322>

LOCUS OP601322 585 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Talaromyces aculeatus* isolate 22,1-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601322
VERSION OP601322.1
KEYWORDS .
SOURCE *Talaromyces aculeatus*
ORGANISM [Talaromyces aculeatus](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Trichocomaceae; *Talaromyces*; *Talaromyces* sect. *Talaromyces*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 585)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 585)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..585
/organism="Talaromyces aculeatus"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="22,1-TM"
/db_xref="taxon:36649"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031216 W"
misc RNA <1..>585
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 agtaaaagtc gtaacaaggt ttccgtaggt gaacctgctg aaggatcatt accgagtgcg
61 ggccctcgtg gcccaacctc ccacccttgt ctctatacac ccgttgcttt ggcgggcccc
121 ccggggccac ctggtcgccg ggggacgttc gtccccgggc ccgcgcccgc cgaagcgctc
181 tgtgaacctt gatgaagatg ggctgtctga gtactatgaa aattgtcaaa actttcaaca
241 atggatctct tgggtccggc atcgatgaag aacgcagcga aatgcgataa gtaatgtgaa
301 ttgcagaatt ccgtgaatca tcgaatcttt gaacgcacat tgcgccccct ggcattccgg
361 ggggcatgcc tgtccgagcg tcatttctgc cctcaagcac ggcttgtgtg ttgggtgtgg
421 tccccccggg gacctgcccg aaaggcagcg gcgacgtccg tctggtcctc gagcgtatgg
481 ggctctgtca ctgcctcggg aaggacctgc gggggttggt caccaccata ttttaccacg
541 gttgacctcg gatcaggtag gagttaccgg ctgaacttaa gcata

Penicillium citrinum

OP601321

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601321>

LOCUS OP601321 561 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Penicillium citrinum* isolate 15,2-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601321
VERSION OP601321.1
KEYWORDS .
SOURCE *Penicillium citrinum*
ORGANISM [Penicillium citrinum](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Penicillium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 561)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 561)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..561
/organism="Penicillium citrinum"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="15,2-TM"
/db_xref="taxon:5077"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031216 W"
[misc_RNA](#) <1..>561
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN
1 aggaagtaaa agtcgtaaca aggtttccgt aggtgaacct gcggaaggat cattaccgag
61 tgcgggcccc tcggggccca acctcccacc cgtgttgccc gaacctatgt tgcctcggcg
121 ggccccgcgc cgcgccagcg cccccctgaa cgctgtctga agttgcagtc tgagacctat
181 aacgaaatta gttaaaactt tcaacaacgg atctcttggt tccggcatcg atgaagaacg
241 cagcgaatg cgataactaa tgtgaattgc agaattcagt gaatcatcga gtctttgaac
301 gcacattgcg ccctctggta ttccggaggg catgcctgtc cgagcgtcat tgctgccctc
361 aagcccggct tgtgtgttgg gccccgtccc ccccgccggg gggacgggcc cgaaaggcag
421 cggcggcacc gcgtccggtc ctcgagcgta tggggcttcg tcacccgctc tagtaggccc
481 ggccggcgcc agccgacccc caaccttaa ttatctcagg ttgacctcgg atcaggtagg
541 gataccgct gaacttaagc a

Penicillium wotroi

OP601320

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601320>

LOCUS OP601320 589 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Penicillium wotroi* isolate 7,2-2-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601320
VERSION OP601320.1
KEYWORDS .
SOURCE *Penicillium wotroi*
ORGANISM [Penicillium wotroi](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Penicillium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 589)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 589)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..589
/organism="Penicillium wotroi"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="7,2-2-TM"
/db_xref="taxon:756376"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0253 W"
[misc RNA](#) <1..>589
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 gtaaaagtcg taacaagggt tccgtagggt aacctgcgga aggatcatta ccgagtgagg
61 gccctctggg tccaacctcc caccctgtgt tctctgtacct tgttgcttcg gcgggccccg
121 ctacagggcg ccggggggca tccgctccc ggcccgcgcc cgccgaagac accaatgaac
181 tctgtctgaa gattgcagtc tgagcagatt agctaaatca gttaaaactt tcaacaacgg
241 atctcttggt tccggcatcg atgaagaacg cagcgaatg cgatacgtaa tgtgaattgc
301 agaattcagt gaatcatcga gtccttgaac gcacattgcg ccccctggta ttccgggggg
361 catgcctgtc cgagcgtcat tgctgcctc aagcacggct tgtgtgttgg gctccgcccc
421 ccggctccc gggggcgggc ccgaaaggca gcggcggcac cgcgtccggt cctcgagcgt
481 atggggcttc gtcaccgct ctgtaggccc ggccggcgcc cgccggcgac cccaatcaat
541 ctatccaggt tgacctcgga tcaggtaggg ataccgctg aacttaagc

Penicillium citrinum

OP601319

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601319>

LOCUS OP601319 562 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Penicillium citrinum* isolate 5,1-TM small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601319
VERSION OP601319.1
KEYWORDS .
SOURCE *Penicillium citrinum*
ORGANISM [Penicillium citrinum](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Penicillium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 562)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 562)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..562
/organism="Penicillium citrinum"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="5,1-TM"
/db_xref="taxon:5077"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.995537 N 83.031216 W"
misc_RNA <1..>562
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 gaagtaaaag tcgtaacaag gtttccgtag gtgaacctgc ggaaggatca ttaccgagtg
61 cgggccccctc ggggcccac ctcccacccg tgttgcccga acctatggtg cctcggcggg
121 ccccgcgccc gccgacggcc cccctgaacg ctgtctgaag ttgcagtctg agacctataa
181 cgaaattagt taaaactttc aacaacggat ctcttggttc cggcatcgat gaagaacgca
241 gcgaaatgcg ataactaatg tgaattgcag aattcagtga atcatcgagt ctttgaacgc
301 acattgcgcc ctctggtatt ccggagggca tgccctgtccg agcgtcattg ctgccctcaa
361 gcccggcttg tgtgttgggc cccgtcccc ccgccggggg gacgggcccg aaaggcagcg
421 gcggcaccgc gtccggtcct cgagcgtatg gggcttcgct acccgctcta gtaggcccg
481 ccggcgccag ccgaccccc aaccttaatt atctcaggtt gacctcggat caggtagggg
541 taccgctga acttaagcat at

Fusarium foetens

OP601318

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601318>

LOCUS OP601318 585 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium foetens* isolate 30,2-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601318
VERSION OP601318.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium foetens*
ORGANISM [Fusarium foetens](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium oxysporum* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 585)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 585)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..585
/organism="Fusarium foetens"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="30,2-C"
/db_xref="taxon:246455"
/country="Costa Rica"
rRNA <1..>585
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```

1 catatcaata agcggaggaa aagaaaccaa cagggattgc cctagtaacg gcgagtgaag
61 cggcaacagc tcaaatttga aatctggctc tcgggcccga gttgtaattt gtagaggata
121 cttttgatgc ggtgccttcc gagttccctg gaacgggacg ccatagaggg tgagagcccc
181 gtctggttgg atgccaaatc tctgtaaagt tccttcaacg agtcgagtag ttggggaatg
241 ctgctctaaa tgggaggtat atgtcttcta aagctaaata ccggccagag accgatagcg
301 cacaagtaga gtgatcgaag gatgaaaagc actttgaaa gagagttaaa aagtacgtga
361 aattgttgaa agggaagcgt ttatgaccag acttgggctt ggttaatcat ctggggttct
421 cccagtgca cttttccagt ccaggccagc atcagttttc cccgggggat aaagcggcg
481 ggaatgtggc tctcttcggg gagtggtata gccaccgtg taataccctg ggggggactg
541 aggttcgctc atctgcaagg atgctgrcgt aatggtcatc aacga

```

Fusarium foetens

OP601317

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601317>

LOCUS OP601317 544 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium foetens* isolate 30,2-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601317
VERSION OP601317.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium foetens*
ORGANISM [Fusarium foetens](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium oxysporum* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 544)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 544)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..544
/organism="Fusarium foetens"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="30,2-C"
/db_xref="taxon:246455"
/country="Costa Rica"
[misc_RNA](#) <1..>544
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 aagtaaaagt cgtaacaagg tctccgttg tgaaccagcg gagggatcat taccgagttt
61 acaactccca aaccctgtg aacataccac ttgtgcctc ggcggatcag cccgctcccg
121 gtaaaacggg acggcccgc agaggacccc taaactctgt ttctatatgt aacttctgag
181 taaaaccata aataaatcaa aactttcaac aacggatctc ttggttctgg catcgatgaa
241 gaacgcagca aatgcgata agtaatgtga attgcagaat tcagtgaatc atcgaatcct
301 tgaacgcaca ttgcgccgc cagtattctg gcgggcatgc ctgttcgagc gtcatttcaa
361 ccctcaagca cagcttgggtg ttgggactcg cgttaattcg cgttcycaa attgattggc
421 ggtcacgtcg agcttcata gcgtagtagt aaaaccctcg ttactggtaa tcgtcgcggc
481 cacgccgta aacccaact tctgaatgtt gacctcggat caggtaggaa taccgcgcta
541 actt

Fusarium falciforme

OP601316

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601316>

LOCUS OP601316 589 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium falciforme* isolate 29-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601316
VERSION OP601316.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium falciforme*
ORGANISM [Fusarium falciforme](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae;
Fusarium; *Fusarium solani* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 589)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 589)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..589
/organism="Fusarium falciforme"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="29-C"
/db_xref="taxon:195108"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0265 W"
rRNA <1..>589
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 taagcatatc aataagcgga ggaaaagaaa ccaacagggga ttgccccagt aacggcgagt
61 gaagcggcaa cagctcaaat ttgaaatctg gctctcgggc ccgagttgta atttgtagag
121 gatgcttttg gtgaggtgcc ttccgagttc cctggaacgg gacgccatag agggtgagag
181 ccccgctctg ttggacaccg atcctctgta aagctccttc gacgagtcga gtagtttggg
241 aatgctgctc taaatgggag gtatatgtct tctaaagcta aataccggcc agagaccgat
301 agcgcacaag tagagtgatc gaaagatgaa aagaactttg aaaagagagt taaaaagtac
361 gtgaaattgt tgaaagggaa gcgcttgtga ccagacttgg gcttggttga tcatccgggg
421 ttctccccgg tgcactcttc cggctcaggc cagcatcagt tcgccctggg ggataaaggc
481 ttcggggaatg tggctctctc cggggagtgt tatagcccgc tgcgtaatac cctgtggcgg
541 actgaggttc ggcattcgc aaggatgctg gcgtaatggt catcagtga
```

Fusarium falciforme

OP601315

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601315>

LOCUS OP601315 564 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Fusarium falciforme* isolate 29-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601315
VERSION OP601315.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium falciforme*
ORGANISM [Fusarium falciforme](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium solani* species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 564)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 564)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..564
/organism="Fusarium falciforme"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="29-C"
/db_xref="taxon:195108"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0265 W"
misc_RNA <1..>564
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 gaagtaaaag tcgtaacaag gtctccgttg gtgaaccagc ggagggatca ttaccgagtt
61 atacaactca tcaaccctgt gaacatacct ataacgttgc ctccggcggga acagacggcc
121 ccgtaaacag ggccgcccc gccagaggac ccctaactc tgtttctata atgtttcttc
181 tgagtaaaaca agcaataaaa ttaaaacttt caacaacgga tctcttggtc ctggcatcga
241 tgaagaacgc agcgaatgc gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa
301 tctttgaaag cacattgcgc ccgccagtat tctggcgggc atgcctgttc gagcgtcatt
361 acaaccctca ggccccggg cctggcgttg gggatcggcg gaagccccct gcgggcacaa
421 cgccgtcccc caaatacagt ggcggtcccc ccgcagcttc cattgcgtag tagctaacac
481 ctgcgaactg gagagcggcg cggccacgcc gtaaaacacc caacttctga atgttgacct
541 cgaatcaggt aggaatacc gctg

Humicola floriformis

OP601314

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601314>

LOCUS OP601314 581 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Humicola floriformis* isolate 23,2-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601314
VERSION OP601314.1
KEYWORDS .
SOURCE *Humicola floriformis*
ORGANISM [Humicola floriformis](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Sordariomycetidae; Sordariales; Chaetomiaceae; *Humicola*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 581)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 581)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..581
/organism="Humicola floriformis"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="23,2-C"
/db_xref="taxon:155877"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0262 W"
rRNA <1..>581
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1  atatcaataa gcgaggaaa agaaaccaac agggattgcc ctagtaacgg cgagtgaagc
61  ggcaacagct caaatgtgaa atctggcctc ggcccagatt gtaatttga gaggaagctt
121 taggcgcggc accgactgag tcccctggaa cggggcgcca cagaggggtga gagccccgta
181 tagtcggacg ctaagcctgt gtaaaagctc ttcgacgagt cgagtagttt gggaatgctg
241 ctcaaaatgg gaggtaaatt tcttctaaag ctaaataaccg gccagagacc gatagcgcac
301 aagtagagtg atcgaaagat gaaaagcact ttgaaaagag gtttaaatac cacgtgaaat
361 tggtgaaagg gaagcgcttg tgaccagact tgcgcctggc tgatcatccg gtgttctcac
421 cggtgcactc tgccaggctc aggccagcat cggttctcgc ggggggataa aggccctggg
481 aacgtagctc ctccgggagt gttatagccc agggtgcaat gccctcgcgg ggaccgaggt
541 tcgcatcctc gcaaggatgc tggcgtaatg gtcacagcg a
```

Humicola floriformis

OP601313

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601313>

LOCUS OP601313 571 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Humicola floriformis* isolate 23,2-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601313
VERSION OP601313.1
KEYWORDS .
SOURCE *Humicola floriformis*
ORGANISM [Humicola floriformis](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Sordariomycetidae; Sordariales; Chaetomiaceae; *Humicola*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 571)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 571)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..571
/organism="Humicola floriformis"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="23,2-C"
/db_xref="taxon:155877"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0262 W"
misc_RNA <1..>571
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 aagtaaaagt cgtaacaagg tctccgttgg tgaaccagcg gagggatcat tacagagttg
61 caaaactccc taaaccattg tgaacgttac ctaaaccggt gcttcggcgg gcggcccggg
121 ttttctcccg gcgcccctgg gccctcgcgg gcgcccgcgg gaggtaaacc aaactattgc
181 attgtatggc ctctctgagt cttctgtact gaataagtca aaacttcaa caacggatct
241 cttggttctg gcatc gatga agaacgcagc gaaatgcgat aagtaatgtg aattgcagaa
301 ttcagtgaat catcgaatct ttgaacgcac attgcgccc cagatattct ggccggcatg
361 cctgttcgag cgtcatttca accatcaagc cccgggcttg tgttggggac ctgcggctgc
421 cgcaggccct gaaatgcagt ggcgggctcg ctgtcactcc gagcgtagta gttacatctc
481 gctctgggcg tgctgcgggt tccggccgtt aaaagcctta tttaccaag gttgacctcg
541 gatcaggtag gaagaccgc tgaacttaag c

Meyerozyma caribbica

OP601312

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601312>

LOCUS OP601312 571 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION Meyerozyma caribbica isolate 21,2-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601312
VERSION OP601312.1
KEYWORDS .
SOURCE Meyerozyma caribbica (Candida fermentati)
ORGANISM [Meyerozyma caribbica](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes; Saccharomycetales; Debaryomycetaceae; Meyerozyma.
REFERENCE 1 (bases 1 to 571)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 571)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..571
/organism="Meyerozyma caribbica"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="21,2-C"
/db_xref="taxon:66948"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0261 W"
misc RNA <1..>571
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 gaacctgctg aaggatcatt acagtattct tttgccagcg cttaactgcg cggcgaaaaa
61 cttacacac agtgtctttt tgatacagaa ctcttgcttt ggtttggcct agagataggt
121 tgggccagag gttaacaaa acacaattta attattttta ttgatagtca aattttgaat
181 taatcttcaa aactttcaac aacggatctc ttggttctcg catcgatgaa gaacgcagcg
241 aaatgcgata agtaatatga attgcagatt ttcgtgaatc atcgaatctt tgaacgcaca
301 ttgcgccctc tggatttcca gagggcatgc ctgtttgagc gtcatttctc tctcaaaccc
361 ccgggtttgg tattgagtga tactcttagt cgaactaggc gtttgcttga aaagtattgg
421 catggtagt actggatagt gctgtcgacc tctcaatgta ttaggtttat ccaactcgtt
481 gaatgggtg gctggatatt tctggtattg ttggcccggc cttacaacaa ccaacaagt
541 ttgacctcaa atcaggtagg aataccgct g
```

Lasiodiplodia parva

OP601050

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP601050>

LOCUS OP601050 590 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Lasiodiplodia parva* isolate 18,1-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP601050
VERSION OP601050.1
KEYWORDS .
SOURCE *Lasiodiplodia parva*
ORGANISM [Lasiodiplodia parva](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetes incertae sedis; Botryosphaeriales; Botryosphaeriaceae; *Lasiodiplodia*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 590)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 590)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (08-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..590
/organism="Lasiodiplodia parva"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="18,1-C"
/db_xref="taxon:466955"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0260 W"
rRNA <1..>590
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 atcaataagc ggaggaaaag aaaccaacag ggattgcctt agtaacggcg agtgaagcgg
61 caacagctca aatttgaaaag ctggccctt tagggtccgc attgtaatt gtagaggatg
121 attcggcgag ggctcctgcc taagtcccct ggaacggggc gtcatagagg gtgagaatcc
181 cgtatgcggt aggttgccct agccatgtga atctccttcg acgagtcgag ttgtttggga
241 atgcagctct aaatgggagg taaatttctt ctaaagctaa ataccggcca gagaccgata
301 gcgcacaagt agagtgatcg aaagatgaaa agcactttgg aaagagagtt aaaaagtacg
361 tgaaattggt gaaaggggaag cgcttgcaac cagacttgct cgcagttgct cagccggctt
421 cctgaccggc gtactcttct gcggccaggc cagcatcagt tcgggctggc ggataaaggc
481 ctcggggaatg tagctcctct cggggagtggt tatagcccgg ggtggaatgc ggccagcctg
541 gactgaggaa ctcgcttcgg caaggatgct ggcgtaatgg ttgtaagcgg
```

Lasiodiplodia parva

OP597456

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP597456>

LOCUS OP597456 549 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Lasiodiplodia parva* isolate 18,1-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP597456
VERSION OP597456.1
KEYWORDS .
SOURCE *Lasiodiplodia parva*
ORGANISM [Lasiodiplodia parva](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetes incertae sedis; Botryosphaeriales; Botryosphaeriaceae; *Lasiodiplodia*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 549)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 549)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (06-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..549
/organism="Lasiodiplodia parva"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="18,1-C"
/db_xref="taxon:466955"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0260 W"
[misc RNA](#) <1..>549
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 aagtaaaagt cgtaacaagg tttccgtagg tgaacctgcg gaaggatcat taccgagttt
61 tcgggcttcg gctcgactct cccacccttt gtgaacgtac ctctgttgct ttggcggcct
121 cggccgcaaa aggaccttca aactccagtc agtaaagca gacgtctgat aaacaagtta
181 ataaactaaa actttcaaca acggatctct tggttctggc atcgatgaag aacgcagcga
241 aatgcgataa gtaatgtgaa ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatcttt gaacgcacat
301 tgcgcccctt ggtattccgg ggggcatgcc tgttcgagcg tcattacaac cctcaagctc
361 tgcttggaat tgggcaccgt cctcactgcg gacgcgctc aaagacctcg gcggtggctg
421 ttcagccctc aagcgtagta gaatacacct cgctttggag cggttggcgt cgcccggcgg
481 acgaaccttc tgaacttttc tcaaggttga cctcggatca ggtagggata cccgctgaac
541 ttaagcata

Lasiodiplodia citricola

OP597454

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP597454>

LOCUS OP597454 536 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Lasiodiplodia citricola* isolate 15,2-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP597454
VERSION OP597454.1
KEYWORDS .
SOURCE *Lasiodiplodia citricola*
ORGANISM [Lasiodiplodia citricola](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetes incertae sedis; Botryosphaeriales; Botryosphaeriaceae; *Lasiodiplodia*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 536)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 536)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (06-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..536
/organism="Lasiodiplodia citricola"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="15,2-C"
/db_xref="taxon:869388"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0259 W"
[misc RNA](#) <1..>536
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 taacaagggt tccgtaggtg aacctgcgga aggatcatta ccgagttttc gggcttcggc
61 tcgactctcc caccctttgt gaacgtacct ctgttgcttt ggcggcttcg gccgccaag
121 gaccttcaaa ctccagtcag taaacgcaga cgtctgataa acaagttaat aaactaaaac
181 tttcaacaac ggatctcttg gttctggcat cgatgaagaa cgcagcgaaa tgcgataagt
241 aatgtgaatt gcagaattca gtgaatcatc gaatctttga acgcacattg cgccccttgg
301 tattccgggg ggcatgcctg ttcgagcgtc attacaacc tcaagctctg cttggaattg
361 ggcaccgtcc tcaactgcgga cgcgcctcaa agacctcggc ggtggctgtt cagccctcaa
421 gcgtagtaga atacacctcg ctttggagcg gttggcgctg cccgccggac gaacctctg
481 aacttttctc aaggttgacc tcggatcagg tagggatacc cgctgaactt aagcat

Neocosmospora rubicola

OP597291

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP597291>

LOCUS OP597291 582 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION [Neocosmospora] rubicola isolate 12,2-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP597291
VERSION OP597291.1
KEYWORDS .
SOURCE [Neocosmospora] rubicola
ORGANISM [\[Neocosmospora\] rubicola](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina;
Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae;
Fusarium; Fusarium solani species complex.
REFERENCE 1 (bases 1 to 582)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 582)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (06-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..582
/organism="[Neocosmospora] rubicola"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="12,2-C"
/db_xref="taxon:1634935"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="[9.99319 N 83.0258 W](#)"
rRNA <1..>582
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 tatcaataag cggaggaaaa gaaaccaaca gggattgccc cagtaacggc gagtgaagcg
61 gcaacagctc aaatttgaaa tctggctctc gggcccagat tgtaatttgt agaggatgct
121 tttggtgagg tgccttcgga gttccctgga acgggacgcc atagagggtg agagccccgt
181 ctggttggac accgatcctc tgtaaagctc cttcgacgag tcgagtagtt tgggaatgct
241 gctctaaatg ggaggtatat gtcttctaaa gctaaatacc ggccagagac cgatagcgca
301 caagtagagt gatcgaaaga tgaaaagaac tttgaaaaga gagttaaaca gtacgtgaaa
361 ttgttgaaag ggaagcgctt gtgaccagac ttgggcttgg ttgatcatcc ggggttctcc
421 ccggtgcact cttccggccc aggccagcat cagttcggcc tgggggacaa aggcttcggg
481 aatgtggctc tctccgggga gtgttatagc ccgttcgta atacctgtg gcggactgag
541 gttcgcgcat tcgcaaggat gctggcgtaa tggatcatcag tg
```

Aspergillus niger

OP597287

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP597287>

LOCUS OP597287 588 bp DNA linear PLN 31-OCT-2022
DEFINITION *Aspergillus niger* isolate 11,2-C large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OP597287
VERSION OP597287.1
KEYWORDS .
SOURCE *Aspergillus niger*
ORGANISM [Aspergillus niger](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Aspergillus*; *Aspergillus* subgen. *Circumdati*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 588)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (06-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..588
/organism="Aspergillus niger"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="11,2-C"
/db_xref="taxon:5061"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0257 W"
rRNA <1..>588
/product="large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 caataagcgg aggaaaagaa accaaccggg attgcctcag taacggcgag tgaagcggca
61 agagctcaaa tttgaaagct ggctccttcg gaggccgat tgtaatttgc agaggatgct
121 ttgggtgctg cccccgtcta agtgccctgg aacggggccgt cagagagggt gagaatcccg
181 tcttggggcgg ggtgtccgtg cccgtgtaaa gctccttcga cgagtcgagt tgtttgggaa
241 tgcagctcta aatgggtggt aaatttcac taaagctaaa tactggccgg agaccgatag
301 cgcacaagta gaggatcga aagatgaaaa gcactttgaa aagagagtta aacagcacgt
361 gaaattgttg aaaggaagc gcttgccacc agactcggcc gcgggggttca gccggcattc
421 gtgccgggtg acttccccgt gggcgggcca gcgtcgggtt gggcggccgg tcaaaggccc
481 ctggaatgta gtgccctccg gggcacctta tagccagggg tgcaatgagg ccagcctgga
541 ccgaggaacg cgcttcggca cggacgctgg cataatggtc gtaaacga
```

Meyerozyma guilliermondii

OP597281

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP597281>

LOCUS OP597281 515 bp DNA linear PLN 12-OCT-2022
DEFINITION *Meyerozyma guilliermondii* isolate 2,2-C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence.
ACCESSION OP597281
VERSION OP597281.1
KEYWORDS .
SOURCE *Meyerozyma guilliermondii* (*Pichia guilliermondii*)
ORGANISM [Meyerozyma guilliermondii](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes; Saccharomycetales; Debaryomycetaceae; *Meyerozyma*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 515)
AUTHORS Garcia Baltodano,K., Varela Fonseca,A., Mendez Alvarez,D. and Porras Alfaro,A.
TITLE Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 515)
AUTHORS Varela Fonseca,A. and Porras Alfaro,A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (06-OCT-2022) Escuela de Ingenieria Forestal, Instituto tecnologico de Costa Rica, 15, Cartago, Cartago 30109, Costa Rica
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..515
/organism="Meyerozyma guilliermondii"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="2,2-C"
/db_xref="taxon:4929"
/country="Costa Rica"
/lat_lon="9.99319 N 83.0255 W"
[misc RNA](#) <1..>515
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, and internal transcribed spacer 2"
ORIGIN
1 cctgcggaag gatcattaca gtattctttt gccagcgctt aactgcgcgg cgaaaaacct
61 tacacacagt gtctttttga tacagaactc ttgctttggt ttggcctaga gataggttgg
121 gccagagggt taacaaaaca caatttaatt atttttacag ttagtcaaat ttgaattaa
181 tcttcaaaac tttcaacaac ggatctcttg gttctcgcat cgatgaagaa cgcagcgaaa
241 tgcgataagt aatatgaatt gcagattttc gtgaatcatc gaatctttga acgcacattg
301 cgccctctgg tattccagag ggcatgcctg tttgagcgtc atttctctct caaacccccg
361 ggtttggtat tgagtatac tcttagtcgg actaggcgtt tgcttgaaaa gtattggcat
421 gggtagtact agatagtgtc gtcgacctct caatgtatta ggtttatcca actcgttgaa
481 tgggtggcg ggatatttct ggtattgttg gcccc

Como producto de este objetivo se elaboró el artículo “Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture” con la autoría de las investigadoras Kenia García, Dawa Méndez y Andrea Porras, así como el estudiante asistente Alejandro Varela. Dicho artículo fue enviado a la revista Conservation Science in Cultural Heritage, el cual se encuentra en el proceso de revisión por pares evaluadores ([Anexo 16](#)).

OE 4. Proponer alternativas para el tratamiento de lesiones detectadas a través de un proyecto piloto

A partir de la revisión bibliográfica se determinó una serie de tratamientos según el tipo de lesión ya fuera por humedad o por insectos ([Anexo 17](#)), esto permitió un análisis de una posible aplicación de estos en el contexto de la zona de estudio. Junto con las entrevistas, los criterios contemporáneos de intervención patrimonial y el análisis bioclimático de ciertos inmuebles representantes de la arquitectura caribeña costarricense, se elaboró el documento “Guía de tratamientos para la conservación de arquitectura caribeña costarricense” ([Anexo 18](#)) y el artículo científico titulado “Análisis bioclimático como mecanismo de control del biodeterioro en la arquitectura caribeña costarricense de la ciudad de Limón” desarrollado por los investigadores Dawa Méndez Álvarez y Enmanuel Salazar Ceciliano, el cual está en proceso de evaluación por los revisores de la revista Informes de la Construcción ([Anexo 19](#)).

Con la actualización de los planos de lesiones y la identificación de las especies de madera presentes en la Antigua Capitanía de Puerto (AAA -Tipo 1-01) y en la Casa Misionera de la Iglesia Bautista (W-Tipo 1-01), ambos realizados por la colaboración de los investigadores Dr. Roger Moya Roque y la Dra. Carolina Tenorio Monge ([Anexo 20](#)) y ([Anexo 21](#)), se aplicaron cuatro tratamientos no comerciales y dos comerciales en ensayos de biodeterioro, tanto en sitio con el “cementerio de estacas” como en laboratorio.

Los resultados del ensayo en laboratorio mostraron diferencias entre las especies de madera y los tratamientos, siendo la madera de *Dipteryx panamensis* (almendro) y *Pinus radiata* (pino) las que mejor resisten el ataque de hongos. En cuanto a los tratamientos la cera de abeja (tradicional) y la pintura de Lanco (industrial) mostraron la menor pérdida de peso a causa del ataque por hongos. Por otro lado, los resultados del “cementerio de estacas” presentaron diferencias significativas en cuanto a las especies de madera, donde se destaca el almendro siendo el más resistente, mientras que los tratamientos se observaron diferencias en el MOE donde la cera de abeja presentó el mejor rendimiento. Con base en los resultados de estos ensayos y los planos de lesiones se elaboró una propuesta de tratamientos para los inmuebles W-Tipo 1- 01, AAA -Tipo 1- 01, M-Tipo1-01 y MM-Tipo1-01, en este último a nivel de fachadas ([Anexo 22](#), [Anexo 23](#), [Anexo 24](#) y [Anexo 25](#)). Asimismo, está en proceso la publicación “Tratamientos superficiales para la conservación de madera presente en edificaciones patrimoniales en Limón, Costa Rica” elaborado por la investigadora Dawa Méndez Álvarez y el estudiante asistente Henry Rodríguez Sevilla, para ser sometido como artículo científico en revista indexada.

Como actividad final del proyecto se llevó a cabo un taller con la comunidad, en la cual se presentaron los principales resultados de la investigación. En el taller participaron propietarios y encargados de inmuebles de arquitectura caribeña costarricense, así como

líderes comunales. El evento se realizó el 2 de diciembre de 2022 en el Centro Académico de Limón (figura 16).



Figura 16. Taller de entrega de resultados a la comunidad. Fuente: propia.

10. Discusión y conclusión

- A pesar de la transformación de la imagen histórica de la ciudad de Limón a lo largo de los años, aún conserva una cantidad representativa de inmuebles de la arquitectura caribeña costarricense. Esto constituye un aspecto importante de la ciudad y un elemento de su patrimonio que requiere de protección tanto en lo que respecta a las edificaciones como a la transmisión del conocimiento tradicional de la construcción.
- La arquitectura caribeña costarricense analizada en la ciudad de Limón muestra un proceso de adaptación al contexto, el cual se hace evidente en la aplicación de una serie de estrategias de diseño pasivo que buscan mejorar el confort climático en el interior de la edificación. Asimismo, los elementos decorativos si bien tienen origen en elementos importados, evidencian una simplificación formal, con rasgos característicos propios.
- Según se concluye de los resultados obtenidos, se evidencia que la arquitectura caribeña costarricense se encuentra en un estado de vulnerabilidad, ya que debido a su escaso reconocimiento, ha ido transformándose y desapareciendo. Actualmente, únicamente el 11,8% de los edificios protegidos como patrimonio histórico arquitectónico del centro histórico y primer ensanche de la ciudad de Limón corresponden a edificios de arquitectura caribeña costarricense.
- Durante los años de desarrollo de la investigación se registró la demolición de 5 de las edificaciones inventariadas, a esto se suman algunas otras que se identificaron durante la etapa de listado inicial que no alcanzaron a inventariarse. Esto refleja el rápido proceso de desaparición de esta emblemática arquitectura en la ciudad.
- El análisis efectuado en las edificaciones evidencia que los espacios internos con mayor presencia de humedad son aquellos con menor incidencia solar y que presentan menores velocidades en el flujo de viento (Salazar-Ceciliano & Méndez-Álvarez, 2023), por lo que es fundamental garantizar una adecuada ventilación de las edificaciones y dosificar la radiación que esta pueda recibir para conservar las maderas sin comprometer la calidad espacial.
- Schmidt (2007) asegura que los hongos causantes del deterioro de la madera crecen en temperaturas que van de entre los 20° y 35°C, con humedades superiores al 20% (Tiano, 2002), es decir, según los resultados obtenidos, las condiciones generadas en los tres objetos de estudio cumplen con los requisitos para que se de el biodeterioro de la madera (Salazar-Ceciliano & Méndez-Álvarez, 2023), por lo que las condiciones de diseño pasivo que caracterizan a la arquitectura caribeña deben ser reforzadas con la utilización de fungicidas, insecticidas, y otras estrategias que garanticen la conservación de este tipo de edificaciones.
- Se lograron identificar algunos tratamientos como la cera de abeja que demostraron efectividad para la conservación de la madera; no obstante, se requiere de mayor profundización en este y otros tratamientos.

11. Recomendaciones

- La escasa información acerca de este tipo de edificaciones, la falta de identificación y reconocimiento por parte de los usuarios y el crecimiento poco planificado de la ciudad, ponen en riesgo su conservación. Es necesario promover acciones a nivel local, con implicación de la comunidad para evitar su pérdida; a través de proyectos de extensión podría brindarse apoyo respecto a su gestión, conservación y aprovechamiento.
- Deben promoverse más investigaciones que estudien, analicen y sistematicen el legado histórico arquitectónico que este tipo de construcciones tiene para el país y el paisaje cultural de la ciudad. Asimismo es recomendable ampliar la zona de estudio a nivel de la región para entender de mejor forma el impacto de esta arquitectura en el Caribe costarricense y centroamericano.
- Se puede ahondar en la eficiencia energética de las edificaciones de arquitectura caribeña costarricense con el fin de resaltar la resiliencia de los sistemas constructivos ante las condiciones del contexto.
- Con respecto al sistema bioclimático, en este proyecto se analizaron las condiciones de temperatura, humedad, ventilación y ganancias solares directas de los espacios de inmuebles representativos de la zona, pero no se evaluó el desempeño independiente de cada elemento constructivo que fue ideado para generar condiciones de confort a los usuarios. Se deben plantear futuras investigaciones que estudien el comportamiento de los elementos bioclimáticos de este tipo de arquitectura, así como de los materiales que los componen.
- Se recomienda para futuras investigaciones hacer evaluaciones del contenido de la humedad de la madera en los sitios con mayor afectación en el interior y el exterior de inmuebles para verificar el estado de las mismas, asimismo se recomienda evaluar otros medios de cultivo con lignina para el aislamiento de los agentes en laboratorio y la toma de fotografías por microscopía electrónica para evidenciar la presencia y el desarrollo a lo interno de la pieza de madera de hongos de pudrición marrón y blanca.
- A partir del análisis mecánico y la identificación de los tipos de madera se podría profundizar en la evolución y alcance de las intervenciones que se realizan en los edificios con declaratoria patrimonial, de manera que se logre identificar el grado de originalidad que poseen así como los tipos de madera que se han utilizado para las intervenciones y su estado de conservación actual. Investigaciones dirigidas en esta temática podrían tener incidencia en los tipos de madera más óptimos para realizar labores de conservación en los edificios de arquitectura caribeña costarricense.
- Futuros proyectos podrían profundizar en el desarrollo de tratamientos, pues si bien esta investigación logró identificar y analizar algunos, sería recomendable contar un equipo multidisciplinar más amplio que incluya otras disciplinas como la química y la ingeniería de materiales, para abordar comportamientos y analizar variantes en la aplicación de los tratamientos.

12. Agradecimientos

Agradecemos a la Vicerrectoría de Investigación y Extensión del Tecnológico de Costa Rica por el apoyo brindado para la realización de este proyecto. También agradecemos a las escuelas de Arquitectura y Urbanismo e Ingeniería Forestal y sus respectivos Comités Técnicos, así como al Departamento de Ciencias Biológicas de Western Illinois University por la colaboración ofrecida.

Queremos dar las gracias a diversas instancias del TEC por las facilidades brindadas durante el desarrollo del proyecto, entre ellas al Campus Tecnológico Local San José, al Centro Académico de Limón y la Unidad de Transportes. A la Dirección de Proyectos especialmente a la oficial de proyectos Ing. Maribel Jiménez Montero, así como a las funcionarias administrativas Licda. Adriana Cerdas Alvarado, Bach. Gabriela Méndez López, Lic. Sonia Brenes Hernández y MAF. Silvia Campos Brenes por todo el soporte brindado. A los investigadores Dr. Roger Moya Roque y Dra. Carolina Monge, de la Escuela de Ingeniería Forestal, por el aporte ofrecido para la identificación de maderas de dos de los inmuebles estudiados por el proyecto.

Deseamos también reconocer y agradecer de forma especial a los estudiantes, que a través de las asistencias especiales, prácticas de vinculación y trabajos finales de graduación, participaron en diversas etapas del proyecto y aportaron significativamente para lograr los objetivos propuestos.

Finalmente externamos nuestra gratitud a todas las personas que de forma desinteresada contribuyeron a desarrollar esta investigación. A los propietarios, inquilinos y encargados de inmuebles de arquitectura caribeña, entre ellos a la Reverenda Marlene Dell, Sra. Audrey Grant Samuels, Sr. Víctor Manuel Montero Rojas, Sr. Gilbert Bolaños Jimenez, Sr. Rogelio León y Lic. Jorge Calvo Virrereal, así como a la Municipalidad de Limón por permitirnos estudiar sus edificaciones. A diversos actores sociales que colaboraron tanto en los procesos participativos como en la difusión del proyecto: George Grant, Abraham Goldgewitch, Delroy Barton (†), Enos Brown, John Clayton, Tamara Amaya, Axel Alvarado y Teodoro Symes. Además, agradecemos a los expertos que nos brindaron su tiempo para compartir sus conocimientos técnicos sobre la protección de la madera a través de entrevistas.

13. Referencias

- Alvarenga, S, Alvarado, C. and Jiménez, V. (2018). Folleto práctico de laboratorio cultivo de tejidos. Tecnológico de Costa Rica. pp. 25.
- Alfenas, A. and Mafia, R. (2007). Métodos em fitopatologia. UFV: Editorial UFV. pp. 382.
- Barascout, E. (1995). Anteproyecto de Revitalización del Centro Histórico de Limón. ICOMOS.
- Cole, J.R.; Wang, Q.; Fish, J.A.; Chai, B.; McGarrell, D.M.; Sun, Y.; Brown, C.T.; Porras-Alfaro, A.; Kuske, C.R. y Tiedje J.M. (2014) Ribosomal Database Project: Data and Tools for High Throughput rRNA Analysis Nuclei Acids Research, 41, 1-10.
- Dakal, T. y Cameotra, S. (2012). Microbially induced deterioration of architectural heritages: routes and mechanisms involved. Environmental Sciences Europe, 24(1), 36.
- Dean, S.L., Billingsley Tobias, T; Phippen, W.B.; Clayton, A.W.; Gruver, J. y Porras-Alfaro, A. (2016) A study of *Glycine max* (soybean) fungal communities under different agricultural practices. Plant Gene in press, <http://dx.doi.org/10.1016/j.plgene.2016.11.003>.
- Di Carlo, E.; Barresi, G. y Palla, F. (2017) Biodeterioration. In: Palla F., Barresi G. (eds) Biotechnology and Conservation of Cultural Heritage. Springer, Cham.
- Drori, I. y Carvajal, G. (1990). La integración nacional y los obstáculos de la dependencia: el caso de la Región Atlántica de Costa Rica. Costa Rica: EIAL Estudios Interdisciplinarios de América Latina y el Caribe.
- Fuentes Freixanet, V. A., & Rodríguez Viqueira, M. (2004). *Ventilación Natural, Cálculos básicos para arquitectura*. Universidad Autónoma Metropolitana.
- Fungal Ecology Lab. (2015). General Lab Protocols. Western Illinois University. pp. 34.
- Gadd, G. (2004). Mycotransformation of organic and inorganic substrates. Mycologist, 18:60–70.
- García-Baltodano, K. (2016). El patrimonio cultural como base para un modelo de desarrollo endógeno. La herencia cultural del período liberal en Costa Rica (1870-1940) como capital cultural. Un estudio de caso [Tesis doctoral, Universidad Autónoma de Madrid]. Repositorio UAM. <http://hdl.handle.net/10486/671685>.
- Gardes, M. and Bruns, T. (1993). ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes—Application to identification of mycorrhizae and rusts. Molecular Ecology, 2, pp. 113-118. doi:10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x.
- Gómez-Azpeitia, G. (2016). Bioclimarq. Universidad de Colima.
- Gutarowska, B. et al. (2015). Metabolomic and high-throughput sequencing analysis—modern approach for the assessment of biodeterioration of materials from historic buildings. Front. Microbiol. 6:979. doi: 10.3389/fmicb.2015.00979.
- Gutiérrez, S. (1991). Arquitectura caribeña: Puerto Limón, Bocas del Toro. Escala.
- Hernández-Salazar, I., Porras-Alfaro, D., y García-Baltodano, K. (2019). La arquitectura caribeña costarricense en la trama urbana histórica de la ciudad de Limón entre el

- periodo 1871-1940. En III Congreso Internacional Hispanoamericano de Historia de la Construcción (pp. 473-479).
- Herrera, L. *et al.* (2004) Biodeterioration of peridotite and other constructional materials in a building of the Colombian cultural heritage. *Int Biodeterior Biodegrad* 54:135–141.
- Hibbett, D.; Abarenkov, K.; Kõljalg, U.; Öpik, M.; Chai, B.; Cole, J.; Wang, Q.; Crous, P., Robert, V.; Helgason, T.; Herr, J.R.; Kirk, P.; Lueschow, S.; O'Donnell, K.; Nilsson, R.H.; Oono, R.; Schoch, C.; Smyth, C.; Walker, D.M.; Porras-Alfaro, A.; Taylor, J.W. y Geiser, D.M. (2016) Sequence-Based Classification and Identification of Fungi. *Mycologia*, 108, 1049-1068.
- Miller, A. *et al.* (2012). Bioreceptivity of building stones: a review. *Science of the total environment*, 426, 1-12. doi:10.1016/j.scitotenv.2012.03.026.
- Munda, G. (1998). Teoría de Evaluación Multicriterio: una breve perspectiva general. Editorial Universidad Autónoma de Barcelona, Barcelona. pp. 39.
- Piotrowska, M., *et al.* (2014). Abiotic determinants of the historical buildings biodeterioration in the former Auschwitz II–Birkenau concentration and extermination camp. *PLoS one*, 9(10), e109402. doi:10.1371/journal.pone.0109402.g001.
- Porras-Alfaro, A.; Herrera, J.; Odenbach, K.; Lowrey, T. y Sinsabaugh, R.L., Natvig D.O. (2008) A Novel Root Fungal Consortium Associated with a Dominant Desert Grass. *Applied and Environmental Microbiology*, 74, 2805-2813.
- Porras-Alfaro, A.; Lipinski, K.; Herrera, J.; Natvig, D.O. y Sinsabaugh, R.L. (2011) Diversity and Distribution Patterns of Soil Fungal Communities in a Semiarid Grassland. *Mycologia*, 103,10-21.
- Porras-Alfaro, A.; Liu, K.-L.; Kuske, C.R. y Xie, G. (2014) From Genus to Phylum: Large-Subunit and Internal Transcribed Spacer rRNA Operon Regions Show Similar Classification Accuracies Influenced by Database Composition. *Applied and Environmental Microbiology*, 80, 829-840.
- Rajkowska, K. *et al.* (2014). Assessment of biological colonization of historic buildings in the former Auschwitz II-Birkenau concentration camp. *Annals of microbiology*, 64(2), 799-808. DOI 10.1007/s13213-013-0716-8.
- Rojas, T. *et al.* (2012). Fungal biodeterioration in historic buildings of Havana (Cuba), *Grana*, 51:1, 44-51, DOI: 10.1080/00173134.2011.643920.
- Rosato, V. (2005). Agentes de deterioro biológico en ambientes rurales, urbanos y costeros de la provincia de Buenos Aires. *Ciencia y Tecnología del Hormigón*. 12, 25-30.
- Salazar-Ceciliano, E., & Méndez-Álvarez, D. (2023). *Informe de resultados del análisis del perfil bioclimático de la ciudad de Limón*. Instituto Tecnológico de Costa Rica.
- Sanou, O. y Quesada, F. (1998). Orden, progreso y civilización (1871-1914). Transformaciones urbanas y arquitectónicas. En Fonseca, E. y Garnier, J. (Eds.), *Historia de la Arquitectura de Costa Rica* (pp. 219-317). San José: Museos del Banco Central y Centro de Investigaciones Históricas de Centroamérica.
- Sanou, O. (2010). *Guía de arquitectura y paisaje de Costa Rica*. Junta de Andalucía.

- Schoch, C, Seifert, K, Huhndorf, S, Robert, V, Spouge, J, Levesque, C, Chen, W., and Fungal Barcoding Consortium. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. PNAS, 109 (16), pp. 6241-6246. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109>.
- Sterflinger, K. y Piñar, G. (2013). Microbial deterioration of cultural heritage and works of art—tilting at windmills?. Applied microbiology and biotechnology, 97(22), 9637-9646.
- Sterflinger, K. (2000). Fungi as geologic agents. Geomicrobiol J 17:97–124.
- UNESCO (2011). Recomendación sobre el paisaje urbano histórico. UNESCO. Recuperado de: http://portal.unesco.org/es/ev.php-URL_ID=48857&URL_DO=DO_TOPIC&URL_SECTION=201.html
- Rodríguez, V. (2016). Manual de Patología de la Edificación. Departamento de Tecnología de la Edificación. Universidad Politécnica de Madrid.
- RStudio Team (2021). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>
- Tamayo Londoño, D. M. (2017). Papel de hongos endófitos septados oscuros en la tolerancia del pasto *Brachiaria decumbens* Stapf a condiciones ambientales extremas de sequía y baja fertilidad general del suelo. Tesis de Maestría en Ciencias Biotecnología. Universidad Nacional de Colombia. Medellín, Colombia. <https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/59935>
- Vives, I.(2004).“Arquitectura de la Época de la «United» 1890–1930”. Patrimonio, 4 (4), 95-114.
- White, T, Bruns, T, Lee, S. and Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA Genes for phylogenetics. PCR - Protocols and Applications - A Laboratory Manual, 1, pp. 315-322. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/223397588_White_T_J_T_D_Bruns_S_B_Lee_and_J_W_Taylor_Amplification_and_direct_sequencing_of_fungal_ribosomal_RNA_Genes_for_phylogenetics
- Woodbridge, R. (2003).Historia de la arquitectura en Costa Rica. Editorial Tecnológica de Costa Rica.

14. Anexos

- Anexo 1. [Comunicación La arquitectura caribeña costarricense en la trama urbana histórica de la ciudad de Limón entre el período 1871-1940](#)
- Anexo 2. [Características preliminares de la arquitectura caribeña costarricense](#)
- Anexo 3. [Listado inicial de edificaciones de arquitectura caribeña costarricense en la ciudad de Limón](#)
- Anexo 4. [Memoria de la exposición Puerto Limón: Valorizando la Arquitectura Caribeña costarricense](#)
- Anexo 5. [Artículo Propuesta de clasificación tipológica de obras arquitectónicas del caribe costarricense en la ciudad de Limón, construidas a principios del siglo XX](#)
- Anexo 6. [Inventario de Arquitectura Caribeña de la Ciudad de Limón](#)
- Anexo 7. [SIG asociado al inventario y cartografía temática a partir del mismo](#)
- Anexo 8. [Resultados de la evaluación multicriterio](#)
- Anexo 9. [Cartografía temática asociada a la evaluación multicriterio](#)
- Anexo 10. [Planos de consignación de daños en edificios seleccionados](#)
- Anexo 11. [Informe de resultados del análisis del perfil bioclimático de la ciudad de Limón](#)
- Anexo 12. [Síntesis de protocolos a seguir para el aislamiento de los agentes de biodeterioro](#)
- Anexo 13. [Resultado de identificación de agentes por medio de secuenciación Sanger](#)
- Anexo 14. [Resultado de identificación de agentes por medio de secuenciación Illumina](#)
- Anexo 15. [Ensayo metabólico](#)
- Anexo 16. [Correo de aceptación para revisión de pares del artículo Biodeterioration of heritage buildings representative of Costa Rican Caribbean architecture](#)
- Anexo 17. [Síntesis de revisión bibliográfica de tratamientos](#)
- Anexo 18. [Guía de tratamientos para la conservación de arquitectura caribeña costarricense](#)
- Anexo 19. [Correo de aceptación para revisión de pares del artículo Análisis bioclimático como mecanismo de control del biodeterioro en la arquitectura caribeña costarricense de la ciudad de Limón](#)
- Anexo 20. [Informe de Identificación de especies maderables que componen la Antigua Capitanía del Puerto, provincia de Limón, Costa Rica.](#)
- Anexo 21. [Informe de Identificación de especies maderables que componen la Casa Misionera Bautista, provincia de Limón, Costa Rica.](#)
- Anexo 22. [Propuesta de intervención para el inmueble W-Tipo 1-01](#)
- Anexo 23. [Propuesta de intervención para el inmueble AAA-Tipo 1-01](#)
- Anexo 24. [Propuesta de intervención para el inmueble M-Tipo 1-01](#)
- Anexo 25. [Propuesta de intervención para el inmueble MM-Tipo 1-01](#)