

MEMORIAS

XLIV

1-3 DICIEMBRE  
2020

JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

Las primeras Jornadas virtuales

ISBN: 978-9978-77-531-8



9789978775318



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología



SCI Graph

**MEMORIAS Y RESÚMENES  
XLIV JORNADAS NACIONALES DE  
BIOLOGÍA**

**1, 2 y 3 de diciembre de 2020**

**Quito – Ecuador**

## Introducción

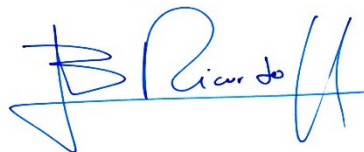
El año 2020 será recordado como uno de más difíciles para la humanidad moderna. La emergencia sanitaria causada por el virus SARS-CoV-2 (COVID-19), detuvo al mundo entero, la población mundial se vio forzada a un confinamiento que se extendió por casi un año, para evitar la expansión de un virus que en muchos casos resultó ser mortal y precautelar la vida de aquellas personas mas vulnerables.

Después de aquel periodo, todo cambió, y en una brevedad nunca antes vista, nos vimos obligados a reestructurar todos los procesos que antes eran muy sencillos: salir por compras, llegar a nuestros trabajos, optimizar nuestro tiempo fuera de casa y por, sobre todo, en el ámbito educativo, llevar una vida académica enteramente dependiente de los medios virtuales.

En este duro momento es cuando se desarrollan las XLIV Jornadas Nacionales de Biología, las primeras Jornadas enteramente virtuales, un formato que por tradición nunca antes se pensó posible. Sin embargo, el evento contó con la participación de 114 asistentes, seis charlas magistrales y 60 ponentes de prestigiosas instituciones nacionales y extranjeras como son: Universidad UTE, ESPOL, IKIAM, INABIO, INIAP, INSPI-LIP, PUCE, UCE, UDLA, UIDE, UG, UTM, Yachay Tech, Max-Planck-Institute of Molecular Cell Biology and Genetics, Universidad de Helsinki, Universidad de Córdoba, Universidad de Sevilla, Universidad de la Serena, Universidad Austral de Chile y la Universidad de Barcelona.

El presente libro reúne los resúmenes de todas las charlas presentadas, revisados por un comité científico conformado por jóvenes que están cambiando al país con su esfuerzo por mostrar a la ciencia como una alternativa de vida, que, en momentos difíciles como este, es el camino para que la humanidad señale nuevas metas, enfocándose en el desarrollo de la investigación en todos sus ámbitos. A ellos, mi más profundo agradecimiento.

Finalmente, agradezco a la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, la cual nos brindó todo su apoyo para la realización de este evento. Sin la mano amiga del Dr. Reanto Valencia, decano de la facultad, y la colaboración de un inigualable comité organizador, este evento no hubiese sido posible.



---

Ricardo Zambrano-Cevallos  
Presidente  
Sociedad Ecuatoriana de Biología

**ISBN:** 978-9978-77-531-8

**Edición y coordinación del evento**

Ricardo Zambrano-Cevallos  
Catalina Quintana

**Asistente de edición**

Andrés Núñez  
Ariatna Villarreal

**Diseño y diagramación**

Andrés Núñez  
Ricardo Zambrano-Cevallos  
Ariatna Villarreal

**Contacto**

Ricardo Zambrano-Cevallos  
rzambranocevallos@gmail.com  
Jardín Botánico de Quito  
Quito, Ecuador

**Comité organizador**

Ricardo Zambrano-Cevallos  
Renato Valencia  
Catalina Quintana  
Ariatna Villarreal  
David Espinel  
Grace Bazante  
Mayra Nacimba  
Harold Soria

**Directiva Sociedad Ecuatoriana de Biología 2019 - 2021:**

<b>Presidente</b> Ricardo Zambrano-Cevallos	<b>Tesorero</b> David Espinel	<b>Tercer vocal principal</b> Carolina Serrano
<b>Vicepresidente</b> Patricia Castillo Briceño	<b>Primer vocal principal</b> Hugo Romero	<b>Primer vocal suplente</b> Andrés Sánchez
<b>Secretario</b> Eduardo Barahona	<b>Segundo vocal principal</b> Karla Miño Toro	<b>Segundo vocal suplente</b> Francisco Navarrete
		<b>Tercer vocal suplente</b> María Herminia Cornejo

## **Comité científico evaluador**

Lic. Erika Caicedo  
PhD. María Herminia Cornejo  
Lic. David Espinel  
PhD. student Estefany Guerra  
Lic. Henry Macías  
PhD. student Bianca Morejón  
MSc. Mayra Nacimba  
PhD. student María José Navarrete  
MSc. Andrés Núñez  
Lic. Francisco Quelal  
MSc. Pamela Rivera  
Lic. Ricardo Zambrano-Cevallos

## **Cítese como:**

### **Todo el libro**

Zambrano-Cevallos, R. y Quintana, C. (Editores), (2021), Memorias de las XLIV Jornadas Nacionales de Biología, Quito, Ecuador.

### **Un resumen específico**

Apellido, Inicial., Apellido, Inicial. y Apellido, Inicial. (2021). Título. En Zambrano-Cevallos, R. (Editor), Memorias de las XLIV Jornadas Nacionales De Biología, Quito, Ecuador.

## **Instituciones auspiciantes:**



El Comité Editorial de las memorias de las XLIV Jornadas Nacionales de Biología aclara que el contenido de los resúmenes presentados es de completa responsabilidad de los autores, lo cual no compromete a las instituciones organizadoras ni al Comité Editorial. Por límites de espacio, algunos resúmenes pueden haber sido editados.

# ÍNDICE

<b>ECOLOGÍA Y CONSERVACIÓN .....</b>	<b>7</b>
<b>BIOTECNOLOGÍA Y CIENCIAS AGRÍCOLAS .....</b>	<b>14</b>
<b>SISTEMÁTICA Y TAXONOMÍA.....</b>	<b>21</b>
<b>GENÉTICA, BIOLOGÍA CELULAR Y MICROBIOLOGÍA .....</b>	<b>29</b>
<b>BIODIVERSIDAD Y BIOLOGÍA MARINA .....</b>	<b>36</b>
<b>CIENCIAS DE LA SALUD Y BIOMEDICINA.....</b>	<b>42</b>
<b>CHARLAS MAGISTRALES .....</b>	<b>50</b>
<b>ÍNDICE DE AUTORES .....</b>	<b>55</b>



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# ECOLOGÍA Y CONSERVACIÓN

**XLIV**

JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## **La sequía de verano altera la calidad de la planta hospedera e impacta a su insecto herbívoro**

A. L. Salgado<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Organismal and Evolutionary Biology Research Programme, Faculty of Biological and Environmental Sciences, PO Box 65 (Viikinkaari 1), University of Helsinki, Finland. ana.salgadomaldonado@helsinki.fi

El estrés ambiental impacta significativamente la historia de vida y la aptitud de los insectos herbívoros, con respuestas que varían a lo largo del ciclo de vida. La sequía es un factor principal de estrés que está afectando a las poblaciones debido al cambio climático. Para los insectos herbívoros, que dependen en gran medida de sus plantas hospederas, adaptarse a la sequía es crucial, ya que la calidad de las plantas hospederas se ve alterada. Utilizando la mariposa doncella punteada (*Melitaea cinxia*) y una de sus plantas hospederas (*Plantago lanceolata*) evalué las respuestas a la sequía. En base a nueve años de observaciones de campo, demuestro que las hembras prefieren microhábitats con alta abundancia de plantas hospederas y sitios donde las plantas muestran signos de estrés por sequía. De experimentos en el laboratorio, revelo que la sequía mejora la calidad nutricional de la planta hospedera. Además, acredito que las respuestas del herbívoro que se alimentan de plantas secas dependen de su estadio larval. Por lo tanto, los resultados sugieren que la presión ambiental genera cambios en las plantas hospederas que repercuten en los herbívoros, y ante el inminente cambio climático se altera drásticamente las relaciones entre plantas y herbívoros.

### **Uso de troncos “centinela” como método de captura de insectos Curculionidae: Scolytinae en plantaciones de teca**

B. Navarrete-Cedeño, E. Cañarte-Bermudez<sup>1</sup>, X. Muñoz-Conforme<sup>1</sup>, E. Borja-Borja<sup>2</sup>, D. Vera-Coello<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), Estación Experimental Portoviejo: Departamento Nacional de Protección Vegetal-Entomología. Km 12 vía Portoviejo-Santa Ana. Portoviejo-Manabí, Ecuador jose.navarrete@iniap.gob.ec

<sup>2</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), Estación Experimental Tropical Pichilingue. Departamento de Protección Vegetal-Fitopatología Km 5 vía Quevedo-El Empalme. Mocache-Los Ríos, Ecuador.

En Ecuador, las plantaciones de teca (*Tectona grandis*) están siendo afectadas por la enfermedad vascular “Muerte regresiva”, probablemente diseminada por escarabajos escolítinos de ambrosia. Un método de captura de estos insectos barrenadores, es el uso de trampas “centinela” (secciones de troncos de teca) que fomenten su colonización. El objetivo de esta investigación fue determinar el tipo de trampa “centinela” que asegure la mayor concentración de escolítinos. Para ello, en una plantación de teca en Portoviejo-Manabí, se colocaron 72 secciones de teca de 20 cm de longitud, sometidas a los siguientes tratamientos: tiempo de exposición (15 y 30 días), ubicación (1, 1.5 y 2 m altura), presencia o ausencia de corteza y con o sin inmersión en alcohol etílico al 70%. Los tratamientos se distribuyeron en un diseño completamente al azar. La variable analizada fue el número de escolítinos obtenidos 30 días después de retirar los troncos. La inmersión en alcohol de troncos incrementó en 52,85% la cantidad de escarabajos colectados. Este resultado se debe a la atracción natural que ejercen las sustancias volátiles alcohólicas sobre hembras colonizadoras de Scolytinae. El uso de trampas “centinela” puede usarse para monitoreo y control de escolítinos en plantaciones de teca.



## Caracterización del uso de hábitat de tres especies de roedores en la Reserva Ecológica Antisana

A. Villarreal<sup>1</sup>, R. Zambrano-Cevallos<sup>2</sup>, J. Brito<sup>3</sup>, S. F. Burneo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Museo de Zoología, Escuela de Biología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE), Av. 12 de Octubre y Roca, Apartado 17-01-2184, Quito, Ecuador. ariatnavillarreal@yahoo.com

<sup>2</sup>Laboratorio de Ecología de Plantas y Ecosistemas Secos, Escuela de Biología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre y Roca, Apartado 17-01-2184, Quito, Ecuador.

<sup>3</sup>Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO), Pasaje Rumipamba 341 y Av. de los Shyris, PB 17-07-8976, Quito, Ecuador.

Los roedores cumplen importantes funciones en los ecosistemas como dispersar semillas, controlar poblaciones de insectos y plantas; sin embargo, poco se conoce sobre la ecología e historia natural de roedores en ecosistemas de páramo debido a las condiciones extremas de estos ambientes. Por lo tanto, el presente estudio se enfocó en la caracterización del uso del hábitat de tres especies de roedores a partir de su desplazamiento en el Área de Conservación Hídrica Antisana; utilizando la **técnica de bobina e hilo**, que consiste en adherir con pegamento quirúrgico, una bobina con hilo nylon al dorso del roedor, que, al ser liberado, deja un rastro que puede registrarse por medio de caminatas y receptores GPS. Durante el recorrido se marcaron nidos, comederos y refugios; se recolectaron muestras de heces y restos alimenticios correspondientes a tres especies: *Akodon mollis*, *Thomasomys paramorum* y *Phyllotis haggardi*, cuyo hábitat de preferencia es el pajonal, el arbustal de *Chiquiraga* y áreas abiertas de almohadillas o pajonales respectivamente. Esta preferencia se explica por las adaptaciones morfológicas y comportamentales de cada especie, lo que les permitiría aprovechar los recursos de manera diferencial dentro del hábitat para evitar la competencia interespecífica.

## La alta diversidad y baja similaridad en sector la Reventazón de la Reserva Geobotánica Pululahua, Noroccidente de Pichincha- Ecuador, revelan limitaciones para la dispersión y conservación.

M.J. Mites Cadena<sup>1</sup>, C. Galán Soldevilla<sup>1</sup>, H. García Mozo<sup>1</sup>, P.E. Oña<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Córdoba, España. Facultad Ciencias. Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal. Carretera Madrid Km. 396. cp.14014 - Córdoba (España) z82micam@uco.es

<sup>2</sup>Ministerio del Ambiente, Madrid 1159 y Andalucía - Quito (Ecuador)

En la Reserva Geobotánica Pululahua (RGP), volcán activo y área protegida, se realizó un inventario de orquídeas en el sector La Reventazón. La toma de datos fue en 1 ha, estableciendo cinco transectos de 100 x 20 m, recolectando dos duplicados de las orquídeas observadas, siendo las infértiles conservadas en un vivero hasta su floración para continuar con los procesos de fenología vegetal. Se registraron 9472 individuos de orquídeas pertenecientes a 26 géneros y 46 especies. La Densidad promedio ( $\pm$ EE) (individuos /1000 m<sup>2</sup>) fue de  $1894 \pm 108$ ; Dominancia de Simpson ( $\lambda$ )  $0,15 \pm 0,01$ ; la Diversidad de Simpson ( $1-\lambda$ )  $0,85 \pm 0,01$  y Diversidad Shannon-Weaner ( $H'$ )  $0,98 \pm 0,03$ . Esta última no difirió significativamente entre transectos. A pesar de la semejanza en diversidad, los transectos tuvieron una similaridad (Jaccard  $J'$ ) promedio baja  $0,53 \pm 0,07$  y compartieron solo 29 especies. Esto evidencia limitaciones para la dispersión natural de las orquídeas y promueve el endemismo. Según la UICN, algunas especies están amenazadas a desaparecer del medio silvestre, como *Dracula felix*, *Restrepia guttulata* y vulnerable *Epidendrum polyanthogastrum*, y esto se acrecienta por la falta de información sobre su fenología y los impactos antrópicos.

## Reservorios de quitridiomycosis como amenaza para el redescubierto Jambato del *Podocarpus* (*Atelopus podocarpus*)

P. Jervis<sup>1</sup>, B. Karlsdóttir<sup>2</sup>, R. Jehle<sup>3</sup>, D. Almeida-Reinoso<sup>4</sup>, F. Almeida-Reinoso<sup>5</sup>, S. Ron<sup>6</sup>, M. Fisher<sup>7</sup> y A. Merino-Viteri<sup>8</sup>

<sup>1</sup>Institute of Zoology, Zoological Society of London, Regent's Park, Londres, Reino Unido y MRC Centre for Global Infectious Disease Analysis, School of Public Health, Imperial College London, Reino Unido, phil.jervis2010@gmail.com. <sup>2</sup>Durrell Wildlife Conservation Trust, Les Augrès Manor, La Profonde Rue, Trinity, Jersey Reino Unido, berglindkarlsdottir@gmail.com. <sup>3</sup>School of Science, Engineering and Environment, University of Salford, Reino Unido, r.jehle@salford.ac.uk. <sup>4</sup>SARgrillo Programa de manejo de anfibios amenazados y programa de reproducción de insectos, dialmeida@yahoo.com. <sup>5</sup>Iniciativa de Conservación "Balsa de los Sapos", Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador, fmalmeidaec@yahoo.com. <sup>6</sup>Museo de Zoología (QCAZ), Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre, 1076 y Roca, Quito, Ecuador, srron@puce.edu.ec. <sup>7</sup>MRC Centre for Global Infectious Disease Analysis, School of Public Health, Imperial College London, Reino Unido, matthew.fisher@imperial.ac.uk. <sup>8</sup>Museo de Zoología (QCAZ), Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre, 1076 y Roca, Quito, Ecuador, armerino@puce.edu.ec.

A finales de la década de 1980 e inicios de la de 1990 se evidenció una disminución de poblaciones de anfibios en diferentes partes del mundo incluyendo los Andes del Ecuador. Los géneros de anfibios más afectados en Ecuador fueron *Atelopus* y *Telmatobius*. Las potenciales causas soportan infecciones del hongo quitrido patógeno *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*), anomalías climáticas o efectos sinérgicos de éstas y otras causas. Algunas especies, creídas extintas, han reaparecido en los últimos años, como es el caso del Jambato del *Podocarpus* (*Atelopus podocarpus*) redescubierta en 2016. Para entender su estado de amenaza se muestreó la presencia de *Bd* en un rango de hábitats de altura en el sur de Ecuador, enfocado particularmente en el Parque Nacional Yasuni. La prevalencia de la enfermedad (43% de los 85 individuos de las 17 especies examinadas) fue en general alta. En Yasuni, el 93% (14/15) de los renacuajos examinados de la especie endémica, *Gastrotheca yasuni*, estuvieron infectados con una carga particularmente alta del patógeno, proveyendo evidencia de que esta especie actúa como un reservorio local de la enfermedad. Nuestras conclusiones tienen importantes implicaciones para la conservación de *A. podocarpus*, una especie que requiere urgentes acciones para asegurar su supervivencia.

## **Estimación del carbono almacenado en la biomasa del estrato arbóreo de un bosque siempreverde de tierras bajas. Sucumbíos- Ecuador**

M. Cabrera<sup>1</sup>, E. Segura<sup>1</sup>, J. Tierres<sup>1</sup>, M. Maldonado<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Estatal Amazónica Sede Sucumbíos, Vía Aguarico tras Batallón 56 Rayo y la Cía. Coll, mcabrera@uea.edu.ec

El presente estudio se efectuó en la Reserva de Producción Faunística Cuyabeno en un bosque siempreverde de tierras bajas en el que se determinó la composición florística y el carbono almacenado en la biomasa del estrato arbóreo. Se estableció un conglomerado de una hectárea subdividida en 25 subunidades de muestreo de 20mx20m. Se determinó la composición florística, la biomasa aérea a través de ecuaciones alométricas, valor de importancia de biomasa y el carbono almacenado. La composición florística del bosque se distribuye en 13 órdenes, 19 familias, 35 géneros 43 especies y 685 individuos; en el que se almacena  $392,1 \pm 2,35 \text{ Mg ha}^{-1}$  de biomasa y  $196,05 \pm 1,17 \text{ Mg C ha}^{-1}$ , las familias que almacenan la mayor cantidad de carbono fueron: Lauraceae ( $35,6 \pm 0,7 \text{ Mg ha}^{-1}$ ), Chrysobalanaceae ( $34,5 \pm 5,3 \text{ Mg ha}^{-1}$ ), Fabaceae ( $23,6 \pm 0,52 \text{ Mg ha}^{-1}$ ), Sapotaceae ( $22,6 \pm 0,6 \text{ Mg ha}^{-1}$ ), Arecaceae ( $21,99 \pm 0,25 \text{ Mg ha}^{-1}$ ) que acumulan el 70,4 % de carbono del bosque. En este ecosistema la acumulación de la biomasa y carbono está determinada por las características de cada biotipo, la densidad de su madera y la abundancia de individuos, de acuerdo a su estructura se evidencia que la misma es auto regenerativa en proceso de desarrollo con tendencia al crecimiento, productividad de biomasa y fijación de carbono.

## **Interacción y alimentación de la Aratinga de Guayaquil, *Psittacara erythrogenys*, en ambientes urbanos de la ciudad de Guayaquil.**

R. Rivas<sup>1</sup>, J. Vizñay<sup>1</sup>, P. Piedrahita<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Zoología, Facultad de Ciencias de la Vida, Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), Guayaquil. rebecal@espol.edu.ec

El desarrollo urbano generalmente se lo asocia con la pérdida y degradación de los ecosistemas. Sin embargo, existen especies de aves nativas que se adaptan al ambiente urbano, si este a su vez ofrece los suficientes recursos ecológicos. La dieta de algunas aves urbanas suele ser una incógnita ya que dependerá de los recursos disponibles. En este aspecto, La Aratinga de Guayaquil (*Psittacara erythrogenys*) es una especie reconocida por la UICN como Casi Amenazada y que se ha adaptado a los ambientes urbanos de Guayaquil, pero se desconoce de su interacción con especies de árboles y arbustos de la ciudad. El presente estudio analiza la interacción de este psitácido con especies vegetales propias de la ciudad a través de ciencia ciudadana y monitoreos matutinos realizados en un parque urbano de Guayaquil. Hasta el momento, con 40 observaciones durante los meses de Junio y Septiembre de 2020 se ha registrado alimentación de frutos, tallos y hojas de varias especies vegetales como: frutos de la Guayaba (*Psidium guajava*), Acacia amarilla (*Senna siamea*) y Guasmo (*Guazuma ulmifolia*). Por lo tanto, nuestros datos sugieren que es importante mantener y mejorar la composición vegetal en parques y áreas de recreación urbana para poder dar soporte a la avifauna como sucede con la Aratinga de Guayaquil.

## Determinación de la calidad del agua del río Sambache mediante macroinvertebrados acuáticos

J. Rodríguez<sup>1</sup>, MA. Endara<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad UTE, Facultad de Ciencias de la Ingeniería e Industrias, Quito, Ecuador. josselynpam@hotmail.com, maria.endara@ute.edu.ec\*

Se determinó la calidad del agua del río Sambache mediante macroinvertebrados y parámetros físicos y químicos en cinco puntos muestreados los días 21 y 22 de octubre del año 2019. Se identificaron un total de 511 especímenes; predominaron las familias Simuliidae (15.65%), Chironomidae (20.93%), Hyalellidae (15.45%) y Elmidae (11.93%). Se aplicó el Índice Biótico Andino (ABI), Índice Multimétrico del Estado Ecológico de Ríos Altoandinos (IMEERA) y el índice piloto Biological Monitoring Working Party Ecuador (BMWP/Ecu). Con el índice ABI, se obtuvo una calidad del agua que va de “regular a buena”; IMEERA “moderada a buena” y BMWP/Ecu, obtuvo un resultado que varía entre 48 a 72, perteneciente a la clase III, aguas moderadamente contaminadas. El Análisis de Componentes Principales (PCA) determinó la influencia de los parámetros físicos pH, temperatura, conductividad y turbidez con los órdenes de macroinvertebrados Diptera, Coleoptera, Trichoptera, Amphipoda, Turbellaria, Oligochaeta, Gasteropoda y Ephemeroptera. Se concluye que la calidad del agua del río se encuentra en un rango que va de regular a buena. Esta información servirá para plantear estrategias de recuperación y de conservación del mismo, y así mitigar impactos por medio de un trabajo conjunto entre autoridades y pobladores de la zona.

## Fenología de anuros en el Bosque Protector La Prosperina

M. Palomeque<sup>1</sup>, A. Ramón<sup>1</sup>, P. Piedrahita<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Zoología, Facultad de Ciencias de la Vida, Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), Guayaquil. apalomeq@espol.edu.ec

El Bosque Protector La Prosperina (BPP) es un bosque semideciduo ubicado en la ciudad de Guayaquil. La principal amenaza que afecta al bosque y su biodiversidad es el incipiente desarrollo urbano. En el presente estudio analizamos la fenología de los anfibios del BPP y discutimos cómo los microhábitats influyen en esta dinámica. Durante el año 2019, se realizaron monitoreos en tres microhábitats representativos de un bosque maduro, un bosque intervenido y una poza artificial. El estudio se dividió en época lluviosa (enero a marzo) y seca (abril a diciembre), con un total de 250 horas de muestreo. Registramos siete especies de anuros entre los tres sitios: *Rhinella horribilis*, *Epipedobates machalilla*, *Hyloxalus infraguttatus*, *Scinax quinquifasciatus*, *Engystomops pustulatus*, *Leptodactylus labrosus* y *Pristimantis achatinus*. Durante la época lluviosa registramos 6 especies en la poza artificial, 5 en el bosque intervenido y 6 en el bosque maduro. Mientras que en la época seca se encontró tres especies en el bosque maduro (*E. machalilla*, *H. infraguttatus* y *P. achatinus*) y seis en la poza artificial, posiblemente debido a la presencia permanente de agua. A partir de este estudio esperamos comprender la dinámica y comportamiento de los anfibios de un bosque deciduo de la costa de Ecuador.

## **Modelización de sitios de alimentación y descanso de aves en un paisaje urbano-agrícola en el Área Metropolitana de Barcelona**

S. Vega<sup>1</sup>, J. Quesada<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Biológica, Universidad de Barcelona, Diagonal, 643 08014 Barcelona, stefyvega87@gmail.com.

<sup>2</sup>Departamento de Colecciones, Museo de Ciencias Naturales de Barcelona, Passeig Picasso s/n 08003 Barcelona, jquesadal@bcn.cat.

Los modelos de distribución son frecuentemente utilizados para la toma de decisiones de manejo y conservación de las especies. La mayoría de estos modelos utilizan registros de presencia sin distinguir su funcionalidad, lo que permitiría identificar hábitats idóneos utilizados para diferentes propósitos. En este estudio se analizó la distribución de los sitios de alimentación y descanso del gorrión común (*Passer domesticus*) y la tórtola turca (*Streptopelia decaocto*) en una matriz urbano-agrícola usando el modelo de máxima entropía (MaxEnt), con el objetivo de entender si existen diferencias en el uso del espacio en relación al comportamiento. Los modelos mostraron que variables relacionadas a hábitats urbanos y factores climáticos influenciaron en la distribución de los sitios para la alimentación y descanso de estas especies. Además del análisis de solapamiento de nicho sugirió que existen diferencias entre los sitios para cada una de las especies, lo que indica que incluso en especies generalistas con gran plasticidad comportamental se puede identificar un espacio definido donde un comportamiento es desarrollado con mayor frecuencia. Este estudio es un primer acercamiento que ejemplifica el uso de modelos de funcionalidad de hábitat, los cuales podrían ser utilizados para priorizar áreas para el manejo y conservación de estas especies.



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# **BIOTECNOLOGÍA Y CIENCIAS AGRÍCOLAS**

**XLIV** JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## **Actividad antimicrobiana de las secreciones cutáneas de *Hyloscirtus lindae* e *Hyloscirtus pantostictus* (Anura: Hylidae)**

C. Viteri-Dávila<sup>1</sup>, A. Blasco<sup>1</sup>, I. Alcocer<sup>2</sup>, M. Rodríguez-Riglos<sup>2</sup>, M. Rivera<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Investigaciones de Citogenética y Biomoléculas de Anfibios, Centro de Investigación para la Salud en América Latina, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador.

<sup>2</sup>Laboratorio de Microbiología, Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador cviteri962puce.edu.ec / mriverai@puce.edu.ec

La resistencia antibiótica es un problema de salud mundial, por lo cual la búsqueda de nuevos fármacos que eviten este fenómeno y sus efectos secundarios mejorarán la calidad de vida y salud de las personas. Investigaciones en anfibios han determinado que la familia Hylidae (orden Anura) constituye una fuente importante de producción de diversas moléculas peptídicas beneficiosas, las cuales están principalmente asociadas con efectos antipatogénicos. Entre estas moléculas se encuentran péptidos con efectiva actividad antimicrobiana, antifúngica, antiparasitaria y anticancerígena. El presente estudio es el primero en realizar bioprospecciones sobre la actividad antibiótica de las secreciones cutáneas totales extraídas de ranas de las especies *Hyloscirtus lindae* e *Hyloscirtus pantostictus* (Familia: Hylidae). Las moléculas aisladas fueron probadas en antibiogramas y concentraciones mínimas inhibitorias con cepas ATCC de microorganismos patógenos como *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Candida albicans*, *Serratia marcescens*, *Klebsiella pneumoniae*, con sus correspondientes ensayos hemolíticos. Como resultado de la investigación se encontró que las secreciones cutáneas totales de las dos especies de anfibios antes mencionadas presentaron actividad antibiótica contra *Escherichia coli*. Nuestros resultados son prometedores en la búsqueda de compuestos alternativos que nos permitan desarrollar nuevos antibióticos.

## **Potencial biotecnológico de cuatro hongos xilófagos con distintas estrategias de descomposición de lignocelulosa**

E. Veloz<sup>1</sup>, T. Mali, T. Lundell<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiología, Universidad de Helsinki, Viikinkaari 9, Helsinki, Finlandia eliana.veloz@outlook.com

La lignocelulosa es uno de los materiales más recalcitrantes de la Tierra y uno de los recursos naturales más abundantes. En la agricultura, por ejemplo, la producción de desechos lignocelulósicos es alta. Los hongos xilófagos son importantes recicladores de la biomasa vegetal al ser capaces de descomponer lignocelulosa. Se compararon los perfiles enzimáticos de cuatro especies de hongos con diferentes estrategias de descomposición. Los hongos de pudrición blanca (*Phlebia radiata*), pudrición marrón (*Fomitopsis pinicola*) y pudrición intermedia (*Schizophyllum commune*) se cultivaron sobre madera de abedul por doce semanas; mientras que el hongo descomponedor de hojarasca (*Coprinopsis cinerea*) se cultivó sobre paja de cebada por seis semanas. La producción de enzimas lacasa, manganeso-peroxidasa (MnP),  $\beta$ -glucosidasa, xilanasa y endoglucanasa se cuantificó cada semana mediante espectrofotometría. *P. radiata* produjo alta cantidad de lacasa y MnP. *F. pinicola* tuvo notable producción de xilanasa y moderada actividad  $\beta$ -glucosidasa y endoglucanasa. *S. commune* produjo alta cantidad de  $\beta$ -glucosidasa y de xilanasa. *C. cinerea* fue un débil descomponedor de lignina y mostró preferencia por descomponer hemicelulosa. Los resultados evidenciaron las preferencias de descomposición de lignocelulosa de los hongos, la cual es clave para entender el potencial de sus enzimas para aplicaciones biotecnológicas en el reciclaje de desechos agrícolas.

## **Evaluación de la sensibilidad y efecto sinérgico de *Trichoderma reesei* y mancozeb para inhibir en condiciones in vitro el crecimiento de *Fusarium oxysporum***

M. F. Gonzalez<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Escuela Superior Politécnica del Litoral, ESPOL, Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE). Campus Gustavo Galindo, Km. 30.5 vía Perimetral, P.O. Box 09-01-5863, Guayaquil, Ecuador.

<sup>2</sup>Universidad de Guayaquil, Facultad de Ingeniería Química, Cdla. Salvador Allende, Av. Delta entre Av. Kennedy, P.O. Box 471, Guayaquil, Ecuador.

*Trichoderma reesei* es un hongo saprófito que ha sido ampliamente estudiado por su capacidad para sintetizar metabolitos secundarios con actividad antimicrobiana, parasita hongos patógenos induciendo resistencia a enfermedades. El fitopatógeno *Fusarium oxysporum* causa "Marchitez", una de las enfermedades más destructivas que afectan al cultivo de banano. Actualmente se están proponiendo alternativas amigables con el medio ambiente para el control de esta enfermedad, estas estrategias incluyen la aplicación de bajas dosis de fungicidas sintéticos y el uso de agentes de biocontrol como *Trichoderma*. Este estudio tuvo como objetivo evaluar en condiciones *in vitro* el efecto sinérgico del agente de control biológico *T. reesei* C2A combinado con dosis bajas de mancozeb para inhibir el crecimiento micelial de *F. oxysporum* F1. Para realizar los ensayos sinérgicos, se suspendieron 0.1 mg / mL de mancozeb en placas PDA, luego se colocaron discos de *T. reesei* C2A en el centro de las placas Petri, y fueron incubadas durante 7 días a 28° C. Los resultados mostraron que la capacidad micoparasítica de la cepa de control biológico para inhibir el crecimiento micelial de *F. oxysporum* F1 se incrementó aproximadamente un 36% en comparación con las placas de control. Es necesario corroborar con futuros estudios en invernadero y de campo.

## **Análisis de la capacidad de biodegradación de glifosato a partir de microorganismos**

B. Montaluisa<sup>1</sup>, E. Rojas<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo BIOARN, Universidad Politécnica Salesiana, Campus El Girón: Av. Isabel La Católica N. 23-52 y Madrid, Quito. erojasch18@gmail.com

El glifosato es una sal isopropopilamina utilizada como ingrediente activo en formulaciones herbicidas para el control de malezas en cultivos. Su degradación es rápida en suelos y agua. Sin embargo, su uso excesivo y las malas prácticas de aplicación han aumentado sus residuos en el medio ambiente. La biodegradación es un proceso biológico usado para la remediación de suelos contaminados con plaguicidas, cuyo paso esencial es la identificación de microorganismos con capacidad degradadora. Por lo cual, en esta investigación se analizó la capacidad biodegradadora de glifosato de tres aislados bacterianos provenientes de suelos agrícolas de Puerto Quito, Otavalo y Pintag. Mediante pruebas bioquímicas, dos de los tres aislados fueron identificados como: *Burkholderia cepacia* y *Escherichia coli*. Posteriormente, se determinó la actividad biodegradadora de los aislados a ocho concentraciones mediante microdilución en caldo. Estos resultados fueron analizados estadísticamente al aplicar un diseño factorial 3x8 y prueba Post-Hoc de Duncan 5%. Así, *Burkholderia cepacia* destacó al presentar mayor tolerancia al glifosato a partir de una concentración de 0,80% (v/v). Finalmente, se evaluó la capacidad de biodegradación de los tres aislados bacterianos por cromatografía de capa fina (CCF), observándose productos de degradación con grupos amino a los 15 días de ensayo.



## **Identificación de especies de abeja sin aguijón (Tribu Meliponini) y caracterización físico-química de la miel producida en Ecuador**

I. Villacrés-Granda<sup>1\*</sup>, I. Ballesteros<sup>2</sup>, P. Bullón, JM<sup>3</sup>, Álvarez-Suárez<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Programa de Doctorado Interuniversitario en Ciencias de la Salud, Universidad de Sevilla, Sevilla-España. irinamaribel@gmail.com.

<sup>2</sup>Departamento de genética, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España. <sup>3</sup>Grupo de Investigación: Investigación Etiología y Patogenia Periodontal, Patología Oral y Enfermedades Musculares. Universidad de Sevilla. <sup>4</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicada, Grupo de Investigación en Biotecnología Aplicada a Biomedicina (BIOMED), Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador

Las abejas sin aguijón o melipónidos son un grupo pan tropical con 400 especies descritas. Los estudios en las especies y la calidad de la miel producida son necesarios ya que esta miel presenta aplicaciones medicinales y nutricionales. En este estudio se identificaron 8 géneros de melipónidos productores de miel en las regiones Costa, Sierra y Amazonía del Ecuador. Los análisis de calidad demostraron que esta miel es apta para el consumo humano. Adicionalmente, se realizó la caracterización de la concentración de ácidos orgánicos, Leucina, Prolina, azúcares y actividad antioxidante DPPH y FRAP. Se encontró que la mayor concentración de aminoácidos fue en la miel del género *Melipona*. Los ácidos Oxálico, Cítrico y Acético se encontraron en las mieles procedentes de todos los géneros, mientras que el ácido Láctico no se encontró en la miel proveniente del género *Paratrigona*. En el caso de los azúcares se determinó que la mayor concentración es de fructosa seguida de glucosa y sacarosa. La mayor concentración de DPPH y FRAP se observó en el género *Cephalotrigona*. Se observó que existen varias especies de melipónidos utilizadas en la meliponicultura ecuatoriana además de que esta miel posee propiedades antioxidantes y concentración de compuestos importantes comprobándose así su efectividad nutricional y medicinal.

## **Evaluación del mulch y cubiertas vegetales en el control de arvenses en la producción de *Gypsophila paniculata***

D. Guevara Capelo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador.

El control de arvenses (malezas), a través de herbicidas, en la producción de flores de exportación (*Gypsophila*) pierde eficacia en las empresas florícolas del país. Este hecho, más la conciencia creciente del riesgo para la salud de los productores y del planeta debido al uso excesivo e indiscriminado de agrotóxicos, ha impulsado el interés en la evaluación de alternativas agroecológicas como el uso del mulch (compost de *Hypericum*) y cubiertas vegetales (lechuga, rábano, acelga) para el control de arvenses. Presento resultados halagüeños de experimentos en campo, en donde el uso de estas alternativas produce menor crecimiento de arvenses, mayor cantidad de flores y por tanto mayor rentabilidad; estos resultados podrían reorientar la toma de decisiones de los empresarios en el manejo agrícola de sus fincas de producción.

## Estudio de bioactividad de cuatro especies del género *Huntleya* (Orchidaceae) del Ecuador

C. Quinchuela<sup>1</sup>, I. Vaca<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Politécnica Salesiana, Av. Isabel la Católica N23-52 y Madrid.  
cquinchuela@est.ups.edu.ec / ivacaestrella@gmail.com

En la presente investigación se tuvo como objetivo evaluar las propiedades antibacterianas, antioxidantes y toxicidad de cuatro especies del género *Huntleya* (Orchidaceae) del Ecuador, se partió de extractos fluidos de hojas de cada especie obtenidos con una solución 1:1 de etanol 96 ° y agua. Por espectrofotometría UV-Visible se cuantificó la cantidad de fenoles y flavonoides presentes en las muestras. La capacidad antibacteriana se analizó por la prueba de discos de Kirby-Bauer frente a diferentes cepas bacterianas. La capacidad antioxidante se determinó utilizando el método DPPH y ABTS para analizar la capacidad captadora de radicales libres. El nivel de toxicidad se evaluó frente a Nauplios de *Artemia salina* para determinar su Concentración Letal media (CL50). Por espectrofotometría se demostró que las especies tienen presencia en bajas concentraciones de fenoles y flavonoides. Se evidenció capacidad antibacteriana nula frente a *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter aerogenes*, *Staphylococcus aureus*, y *Escherichia coli*. En el análisis de la actividad antioxidante las especies con mayor capacidad para inhibir radicales libres son *H. wallisii* para DPPH y *H. gustavi* para ABTS. Al trabajar la prueba con *Artemia salina* se demuestra que *H. burtii* y *H. gustavi* tienen un grado de toxicidad medianamente alto, mientras que *H. meleagris* y *H. wallisii* son inocuos para los organismos. Como conclusión se determinó que las especies *H. burtii* y *H. gustavi* tienen capacidad antioxidante y toxicidad con las cuales se debería probar su actividad anticancerígena en cultivos celulares.

## Actividad antimicrobiana de la miel de melipónidos (Tribu Meliponini) del Ecuador

E. Ambuludi<sup>1\*</sup>, I. Ballesteros<sup>2</sup>, JM. Álvarez-Suárez<sup>3</sup>, I. Villacrés-Granda<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas, Carrera de Biotecnología, Universidad de las Américas, Quito-Ecuador. mishu97.em@gmail.com.

<sup>2</sup>Departamento de genética, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España. <sup>3</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicada, Grupo de Investigación en Biotecnología Aplicada a Biomedicina (BIOMED), Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. <sup>4</sup>Programa de Doctorado Interuniversitario en Ciencias de la Salud, Universidad de Sevilla, Sevilla-España.

La miel de la Tribu Meliponini tiene un papel fundamental en el uso medicinal debido a su elevado potencial farmacológico y valor nutricional. Sin embargo, los estudios en el país sobre sus propiedades biológicas y composición química son limitados. En el presente estudio se estableció determinar la capacidad antimicrobiana de las mieles de abeja sin aguijón de las principales provincias meliponicultoras del Ecuador. Se analizó la actividad antimicrobiana de 35 mieles de las provincias de Loja, Pastaza, Tungurahua y El Oro en diferentes diluciones al 20%, 15%, 10%, 8%, 5%, 3%. Además, las mieles se trataron con proteinasa K para comprobar si las proteínas tienen un efecto en la actividad antimicrobiana. La mayoría de las mieles presentaron una concentración mínima inhibitoria del 20%, 10% y 15% frente a los microorganismos de estudio, siendo baja la proporción de mieles que tuvieron efectividad en las concentraciones de 3%, 5% y 8%. La actividad antimicrobiana disminuye cuando se trata con proteinasa K, sin embargo, un bajo porcentaje no cambia o incluso aumenta su actividad tras el tratamiento. Se concluye que el papel de las proteínas de la miel en su actividad antimicrobiana varía según la miel y el microorganismo.

## **Tres alcaloides de una especie de Apocynaceae, *Aspidosperma spruceanum*, como agentes antileishmaniasis por estudios de caso de demostración in silico**

D. Morales <sup>1,2</sup>, J. Blanco <sup>1</sup>, T. Ruiz <sup>1</sup> y F. Centeno <sup>2</sup>,

<sup>1</sup>Departamento de Biología Vegetal, Ecología y Ciencias de la Tierra, Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, 06006 Badajoz, España. blanco\_salas@unex.es, truíz@unex.es

<sup>2</sup>Departamento de Bioquímica, Biología Molecular y Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, 06006 Badajoz, España. pacenten@unex.es

El desarrollo de fármacos basado en el conocimiento etnobotánico y el Protocolo de Nagoya permiten la identificación de especies de plantas con compuestos biológicamente activos utilizados para la infección por especies de *Leishmania*. Este parásito afecta a más de 150 millones de personas en todo el mundo, especialmente en las regiones subtropicales. Se necesitan con urgencia fármacos antileishmaniales, ya que los tratamientos convencionales no son satisfactorios. El objetivo es presentar el potencial del estudio in silico en el proceso de validación de los fitofármacos y de la utilidad de los métodos bioinformáticos para el descubrimiento sostenible de fármacos. Se usó compuestos de origen vegetal (aspidocarpina, aspidoalbina y tubotaiwina) con un enfoque de acoplamiento molecular que destaca su actividad inhibidora sobre cinco dianas de *Leishmania*. Empleamos ligandos fisiológicos, dianas del parásito reportadas en la literatura, acoplamiento molecular, modelos estructurales y compuestos aislados de *A. spruceanum* como candidatos a fármacos antileishmania. Los estudios de simulación de acoplamiento molecular *in silico* indicaron que la aspidoalbina interactúa competitivamente con las enzimas DHFR-TS, PTR1, PK, HGPRT y SQS, con una mayor afinidad por el sitio activo de PTR1 ( $\Delta G = -8,15$  a  $-8,99$  kcal/mol) que algunos ligandos fisiológicos. En conclusión, aspidoalbina, posiblemente inhibe la mayoría de las proteínas de *Leishmania* presentando potencial para el tratamiento. Probablemente con pocos efectos secundarios debido a que su energía libre de unión y la posición de los sitios de interés tienen una mayor afinidad con proteínas de *Leishmania* que las dianas homólogas en los seres humanos y no coinciden con las posiciones de unión de importancia fisiológica.

## **Influencia del tratamiento térmico en los parámetros de calidad de la miel de Eucalipto (*Eucalyptus spp.*) de la región Andina del Ecuador**

D. Coello<sup>1\*</sup>, J. Álvarez-Suarez <sup>2</sup>, I. Villacrés <sup>3</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas, Carrera de Biotecnología, Universidad de las Américas, Quito-Ecuador. dayana.coello@udla.edu.ec

<sup>2</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas, Grupo de Investigación en Biotecnología Aplicada a Biomedicina (BIOMED), Universidad de Las Américas, Quito-Ecuador. jose.alvarez@udla.edu.ec

<sup>3</sup>Programa de Doctorado Interuniversitario en Ciencias de la Salud, Universidad de Sevilla, Sevilla-España. irinamaribel@gmail.com

La miel de abeja ha sido utilizada en varias aplicaciones medicinales, alimenticias y cosméticas. Los parámetros de calidad de la miel son importantes indicadores del nivel de procesamiento del producto y permiten identificar si la miel cumple con las normas de calidad del *Codex Alimentarius*. Sin embargo, no existen estudios exhaustivos que permitan identificar una temperatura adecuada de calentamiento que conserve las propiedades de la miel y mantenga un aspecto agradable al consumidor. Por esta razón, el objetivo del presente estudio fue determinar la influencia del tratamiento térmico en los parámetros de calidad de la miel de Eucalipto. Se realizaron análisis a diferentes submuestras de miel sometiéndolas a temperaturas de 45°C y 60°C y a la par se cuantificaron parámetros de calidad como color, pH, cenizas, humedad, conductividad eléctrica, azúcares, hidroximetil fufural (HMF) y actividad diastasa. Nuestros resultados determinaron que no existen diferencias significativas de los parámetros de calidad entre diferentes temperaturas, a pesar de haber utilizado una metodología relativamente invasiva como es el baño maría. Este estudio presenta una caracterización detallada de los parámetros de calidad de la miel de Eucalipto proveniente de Ecuador y contribuye con el conocimiento sobre valores de temperatura adecuados para mantener sus propiedades.



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# **SISTEMÁTICA Y TAXONOMÍA**

**XLIV**

JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## **Estudio filogenético de las especies del género *Rubus* L. (Rosaceae) de Ecuador inferido a partir de ADN nuclear y cloroplástico**

D. A. Espinel-Ortiz<sup>1</sup>, K. Romoleroux<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Botánica Sistemática, Escuela de Biología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre 1076 y Vicente Ramón Roca.

despinel144@puce.edu.ec / kromoleroux@puce.edu.ec

El género *Rubus* L. es uno de los taxa más complejos de la familia Rosaceae por eventos paralelos de hibridación y evolución reticulada. En Ecuador se encuentran 21 especies clasificadas en tres subgéneros, *Rubus*, *Orobatus* e *Idaeobatus*. Para corroborar las relaciones filogenéticas de las especies ecuatorianas de *Rubus* se construyeron árboles filogenéticos a partir de la región ITS de ADN nuclear (nrDNA) y las regiones trnL-trnF, trnS-trnG e intrón trnG de ADN cloroplástico (cpDNA); y se obtuvo las secuencias de GenBank de *Fragaria chiloensis* y *Potentilla argentea* como grupo externo. Se realizó el análisis filogenético con 15 especies registradas de Ecuador siendo esta la primera ocasión en la que se incluye información molecular de *Orobatus*. Los árboles nucleares y cloroplásticos mostraron al género *Rubus* como un grupo monofilético; y se apreció una monofilia parcial de *Rubus* y *Orobatus* (nrDNA) y una total de *Idaeobatus*. En general no existió muy buena resolución filogenética interespecífica y se observaron incongruencias entre ambos árboles, probablemente, debido al origen híbrido de varias especies. La implementación de un mayor número de regiones de ADN y otros estudios en distintas disciplinas son necesarios para lograr entender de mejor manera la taxonomía e historia evolutiva de este género.

## **Estado taxonómico del ratón arrocero altísimo *Microryzomys altissimus* (Osgood, 1933; Cricetidae: Sigmodontinae) en Ecuador**

K.N. Calvache<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Biología, Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de octubre 1076 y Roca, katherinecm95@gmail.com.

Los roedores son el grupo más diverso de mamíferos después de los murciélagos en el Ecuador. Sin embargo, es uno de los grupos con mayor incertidumbre taxonómica, debido a la similar morfología externa entre especies. *Microryzomys altissimus* se distribuye desde Colombia hasta Perú en ambientes abiertos de páramo, es una especie considerada monotípica, pero críptica. En el presente trabajo se revisaron 105 especímenes de *M. altissimus* almacenados en colecciones biológicas. Para aclarar el estado taxonómico de la especie, se realizaron análisis filogenéticos, morfológicos y morfométricos. Los resultados morfométricos no aportaron diferencias significativas a comparación de los análisis filogenéticos y morfológicos que fueron congruentes entre sí, determinando dos formas de *M. altissimus* agrupadas en dos clados nombrados A-norte y B-sur. La población del norte pudo quedar separada de la del sur por los períodos de fragmentación del páramo. Además, los ecosistemas de páramo en Ecuador entre norte y sur difieren en cuanto a humedad, vegetación y altura, lo que podría estar promoviendo la diferenciación de las poblaciones de *M. altissimus*. Las especies adaptadas a condiciones extremas de las cumbres son las más amenazadas debido a las pocas áreas donde pueden migrar al incrementar la temperatura, como pasa en la actualidad.

## Caracterización de microalgas y cianobacterias del fitoplancton del embalse La Mica

K, Clavijo P.<sup>1</sup>, D, Astorga<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exacta y Naturales, Grupo de Investigación en Ecología Microbiana y Microbiología Aplicada, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre 1076 y Roca. kclavijo437@puce.edu.ec; DASTORGA199@puce.edu.ec

La Mica es un embalse altoandino, considerado oligotrófico y de gran importancia por su aprovechamiento como fuente de agua de consumo humano. Por esta razón, es esencial la evaluación de los componentes microbianos como es la comunidad del fitoplancton. El objetivo del presente estudio fue determinar la diversidad de microalgas y cianobacterias del fitoplancton de La Mica y su relación con el estado trófico del ecosistema y la calidad de agua. Para esto, se realizaron tres muestreos en centro del embalse. Estas colectas se tomaron de la columna de agua en siete diferentes profundidades de las cuales se obtuvieron 42 muestras analizadas. Posteriormente, se confeccionó una base de datos para la identificación. Se identificaron 25 géneros clasificados en 8 divisiones, dentro de estos 14 con mayor potencial como bioindicadores y seis con potencial para producir floraciones algales nocivas y cianotoxinas. Con estos resultados, se pudo concluir biológicamente que el estado trófico de La Mica, se encuentra en constante cambio por la presencia de factores contaminantes y climáticos, que han hecho que presente microorganismos inusuales pertenecientes a ecosistemas meso y eutróficos. Además, se destaca a microalgas y cianobacterias como productores primarios, por lo que se los consideran excelentes bioindicadores del ecosistema.

## Sistemática molecular y redescrición de *Myotis diminutus* (Chiroptera: Vespertilionidae) en Ecuador

A.B. Manzano<sup>1</sup>, C. Carrión<sup>2</sup>, A. Camacho<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Escuela de Biología, Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre 1076 y Roca, amanzano505@puce.edu.ec / macamacho@puce.edu.ec

<sup>2</sup> Department of Biology and Museum of Southwestern Biology, University of New Mexico, ccarrion@unm.edu

*Myotis diminutus* (Moratelli y Wilson, 2011) fue descrita en base a un solo individuo subadulto en Ecuador, cuya localidad tipo corresponde al Centro Científico Río Palenque en la provincia de Los Ríos. Estudios previos, colocan a *Myotis nigricans* (Schinz, 1821) morfométricamente cercano a *M. diminutus*, ligeramente distinto debido a variables corporales externas. El estado taxonómico de *M. diminutus* ha sido cuestionado principalmente por la poca información que se tiene sobre esta especie. En este estudio, basado en análisis cuantitativos, cualitativos y moleculares, se confirma su validez como especie. Se comparó a *M. diminutus* (sensu stricto) con otras especies que se han registrado en la Costa Ecuatoriana, para observar la variación morfológica y los caracteres diagnósticos. Los resultados cuantitativos no concluyeron una diferenciación evidente entre *Myotis diminutus* y otras especies, aunque se evidenció variables de menor tamaño para tomar en cuenta en la identificación. Los datos cualitativos indicaron una variación en la forma de los procesos mandibulares con una relación directa a la ecología del género. Mientras que, las construcciones de datos moleculares en base al gen mitocondrial Citocromo b, validaron la posición de *M. diminutus*. Este conjunto de datos y los nuevos registros geográficos ayudan a entender mejor la ecología y el estado de conservación de *M. diminutus*.

## **Identificación taxonómica de las especies de cianobacterias y microalgas del embalse Salve Faccha, perteneciente a la Red de Agua Potable Papallacta, Parque Nacional Cayambe-Coca, Cordillera Real del Ecuador**

K. López<sup>1</sup> y D. Astorga<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Grupo de Ecología Microbiana y Microbiología Aplicada, Av. 12 de Octubre 1076 y Roca. klopez9951@gmail.com / dastorga199@puce.edu.ec

El embalse Salve Faccha proporciona agua potable al Distrito Metropolitano de Quito. La comprensión de su dinámica ecosistémica frente a cambios ambientales es relevante en el contexto ambiental actual. Las microalgas y las cianobacterias constituyen la base de la cadena trófica, de manera que cualquier alteración ambiental que afecte la composición de esta comunidad microbiana repercute en todo el ecosistema. Esta investigación identificó la diversidad de estos microorganismos en el embalse durante la época seca e inicios de la temporada de lluvias de 2018. Se obtuvieron muestras de fitoplancton de diferentes profundidades y por arrastre superficial. La identificación fenotípica se realizó por visualización microscópica directa, uso de claves taxonómicas y corroboración de expertos nacionales e internacionales. En el caso de cianobacterias, se procedió a su cultivo en medios específicos. Se identificaron 48 taxones que incluyeron géneros y especies bioindicadores de polución orgánica, determinantes del estado trófico del embalse. Las cianobacterias aisladas en cultivo no se habían reportado previamente. La caracterización de microorganismos fotosintéticos proporcionó indicios de las potenciales alteraciones en la composición fitoplanctónica que surgirían ante cambios ambientales bruscos que involucren aumento de temperatura y mayor enriquecimiento del ecosistema, como en escenarios de calentamiento global.

## **Traqueofitas y briofitas en el páramo de “El Ángel”, sector “Lagunas del Voladero”, Carchi, Ecuador**

D. Pasquel<sup>1</sup>, H. Romero-Saltos<sup>1</sup>, Á. Benítez<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Yachay Tech, Escuela de Ciencias Biológicas e Ingeniería, Urcuquí, Ecuador. daniela.pasquel.d@gmail.com / hromero@yachaytech.edu.ec

<sup>2</sup>Universidad Técnica Particular de Loja, Departamento de Biología. Loja, Ecuador. arbenitez@utpl.edu.ec

En el páramo “El Ángel” se muestrearon traqueofitas y briofitas en 60 parcelas (2 m × 2 m) establecidas en bosque ( $N = 10$ ), cima ( $N = 16$ ), pendiente ( $N = 14$ ), valle de humedal drenado ( $N = 10$ ) y valle de humedal no drenado ( $N = 10$ ). Para cada especie, se midió la cobertura vegetal ( $\text{cm}^2$ ) utilizando una cuadrícula metálica. Se encontraron 111 especies de traqueofitas y 94 especies de briofitas. La familia de traqueofitas con más especies fue Asteraceae (19 spp.) y la familia de briofitas con más especies fue Plagiochilaceae (10 spp.). Las familias más dominantes (en términos de cobertura vegetal) fueron Asteraceae y Poaceae para traqueofitas, y Bartramiaceae y Dicranaceae para briofitas. Las especies de traqueofitas más dominantes fueron *Calamagrostis intermedia* y *Espeletia pycnophylla*, mientras que las briofitas más dominantes fueron *Breutelia tomentosa* y *Riccardia amazonica*. La densidad de especies, según curvas de rarefacción especies-área, no fue significativamente diferente entre traqueofitas y briofitas. Además, ambos grupos taxonómicos tuvieron siempre mayor densidad de especies en hábitats de tierras altas que en humedales. Los análisis de NMDS mostraron una estructura de la comunidad diferente para cada hábitat, excepto cima y pendiente, que tuvieron la misma estructura.



## **Diez años del blog Cladística y Biogeografía: Entendiendo sobre filogenia y patrones de distribución de la biota**

J. Liria<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Grupo de investigación en Población y Ambiente, Universidad Regional Amazónica Ikiam, 7 Km vía Muyuna, Napo. <sup>2</sup>Grupo de Investigación en Biodiversidad, Zoonosis y Salud Pública, Universidad Central del Ecuador, Ciudadela Universitaria, Quito. jonathan.liria@ikiam.edu.ec

En junio 2010 se crea <https://cladisticaybiogeografia.blogspot.com/> con el propósito de generar un espacio de información para estudiantes y profesionales interesados/as en sistemática, filogenética y patrones de distribución de la biota. Para evaluar el alcance del blog y su rol en la difusión de conceptos teórico-prácticos relacionados a filogenética y biogeografía se analizaron estadísticas de Blogger, Google Analytics, ClusterMaps y otras herramientas que evalúan el tráfico web. El blog cuenta con 135 entradas, 37 seguidores, y 126 comentarios; ha sido consultado 202276 veces, con visitas de varios países y localidades: México (19% visitas y 396 localidades), Colombia (11% y 67), Estados Unidos (10% y 149), Argentina (7% y 223), España (4% y 223), Venezuela (3% y 67), entre otros. Usando las diez localidades con más visitantes por país, se calcularon medias de visitas y visitas únicas: Colombia (630,0/909,3 visitas), México (592,7/1214,5), Estados Unidos (353,6/162,6), Argentina (238,4/467,3), España (123,9/220,9), Ecuador (174,4/224,6).

La entrada más consultada fue “Principios\_de\_Cladismo” (37200 visitas), “Tutoriales\_para\_NoNa\_y\_Winclada” (6270), “Mapas\_base\_para\_NDM\_(4)” (5450) y “Tutorial\_para\_TNT” (2420).

El archivo más descargado fue “Cabrera&Wilink\_biogeografia\_de\_america\_latina.pdf”. Al comparar estos resultados con análisis bibliométricos, incluyendo términos “Cladística” o “Biogeografía”, se aprecia como países con mayor producción científica poseen mayor proporción de visitas e interacción con el blog.

## Novedades en la taxonomía de *Polylepis* en Ecuador: tres especies nuevas

T. Boza Espinoza<sup>1,2</sup>, K. Romoleroux<sup>3</sup>, M. Kessler<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Systematic and Evolutionary Botany, University of Zurich, Zollikerstrasse 107, CH-8008 Zurich, Switzerland. michael.kessler@systbot.uzh.ch

<sup>2</sup>Herbario Vargas CUZ, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Av. de La Cultura 773, Cusco, Perú. tatianaerika@gmail.com

<sup>3</sup>Laboratorio de Botánica Sistemática, Escuela de Biología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre 1076 y Roca, Quito, Ecuador. kromoleroux@puce.edu.ec

*Polylepis* (Rosaceae) es un género arbóreo endémico de los Andes, constituye la vegetación forestal natural más elevada de los Andes tropicales, sobre los 3500 m. Los bosques de *Polylepis* han sido afectados por causas antropogénicas que han provocado su fragmentación masiva. Taxonómicamente, el género *Polylepis* representa un desafío debido a su alta plasticidad morfológica, hibridación extensa y poliploidización. En Ecuador, tradicionalmente se registraron un total de siete especies de *Polylepis*, sin embargo, algunas especies han sido difíciles de reconocer, especialmente *P. sericea* y *P. pauta*. Ante esta problemática realizamos una revisión conjunta de las colecciones de herbario, así como trabajo de campo en varios sitios de la región andina ecuatoriana. Como resultado proponemos una nueva clasificación de los complejos *Polylepis pauta* y *sericea* ecuatorianos, reconociendo cinco especies en estos complejos, tres de ellas se describen como nuevas: *Polylepis humboldtii*, *P. loxensis* y *P. longipilosa*, una se reinserta: *P. ochreatea* y una se mantiene: *P. pauta*. Por lo tanto, reconocemos en total 10 especies para Ecuador. Consideramos que esta nueva clasificación captura de manera más realista las diferencias morfológicas, ecológicas y biogeográficas entre las poblaciones de *Polylepis* en Ecuador y representa una mejor base para acciones específicas de conservación y manejo.

## **Diversidad oculta en un hotspot de biodiversidad: Una evaluación basada en ADNmt, SNPs y morfología entre poblaciones de un cangrejo de río excavador sudamericano**

L. Amador<sup>1,2</sup>, M.J. Hickerson<sup>3,4,5</sup>, A.D. Leaché<sup>6</sup>, P.F. Victoriano<sup>7</sup>, G. D'Elía<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Doctorado en Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile, amadoroyola@gmail.com. <sup>2</sup>Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. <sup>3</sup>Department of Biology, City College of New York, New York, NY, USA. <sup>4</sup>Subprogram in Ecology, Evolution and Behavior, The Graduate Center of the City University of New York, New York, NY, USA. <sup>5</sup>Division of Invertebrate Zoology, American Museum of Natural History, New York, NY, USA. <sup>6</sup>Department of Biology and Burke Museum of Natural History and Culture, University of Washington, Seattle, Washington, USA. <sup>7</sup>Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

Los camarones de agua dulce de la familia Parastacidae que se distribuyen en Chile han sido poco estudiados en aspectos taxonómicos. En este trabajo se presentan resultados de un estudio de delimitación de especies centrado en *Parastacus nicoleti*, una especie endémica del sur de Chile. Los análisis están basados en variación mitocondrial COI, en genómica de poblaciones y análisis filogenómicos usando polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) y en morfología lineal y geométrica de más de 200 individuos de 30 localidades de las regiones de Los Ríos, Los Lagos y La Araucanía. Recobramos un genealogía profunda que está estructurada geográficamente, en tres grandes clados alopátricos que comprenden nueve subclados también alopátricos. Análisis de delimitación de especies uni-locus recuperan entre seis y 10 especies putativas. Estas especies putativas luego fueron validadas con datos genómicos, tiempos de divergencia, demografía histórica y geografía, sugiriendo un escenario de cuatro especies candidatas. Los análisis morfológicos no muestran diferencias entre las especies candidatas lo que sugiere que que *P. nicoleti* tal cual hoy entendido es un complejo de varias especies.

## Filogenia molecular del género *Gongora* (Orchidaceae), de las especies registradas en el Ecuador.

A.L. Mogrovejo<sup>1,2</sup>, Y. Proaño<sup>1</sup>, M. Cerna-Cevallos<sup>1</sup>, L.E. Baquero<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Investigación Nunkui Wakan, Alma de la tierra, Universidad Politécnica Salesiana, Isabel La Católica N°23-52 y Madrid, Quito, Ecuador. amogrovejoh@outlook.com,

<sup>2</sup>Grupo Calaway Dodson: Investigación y Conservación de Orquídeas del Ecuador, 170510, Quito, Ecuador. <sup>3</sup>Grupo de Investigación en Medio Ambiente y Salud BIOMAS, Carrera de Ingeniería Agroindustrial y Alimentos, Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias, Universidad de las Américas, Calle José Queri, Quito 170137, Pichincha, Ecuador.

El género *Gongora* pertenece a la familia Orchidaceae y agrupa a alrededor de 60 a 70 especies descritas que se distribuyen desde México y Centroamérica hasta Bolivia y Brasil en América del Sur. En el Ecuador se encuentran descritas aproximadamente 20 especies distribuidas en los bosques andinos bajos, amazónicos y litorales. Estudios de filogenia molecular realizados respaldan la clasificación de *Gongora* en 3 subgéneros y 7 secciones según lo planteado por Jenny (1993); sin embargo, estos estudios no han permitido resolver las relaciones evolutivas de *Gongora* y su clasificación a nivel de secciones. En el presente estudio se trabajó con 51 muestras vegetales, se amplificaron las regiones cloroplásticas *matK* y *rpoC1* mediante PCR convencional, se construyeron árboles filogenéticos con el método de estimación de Máxima Verosimilitud y el modelo evolutivo Tamura-Nei. El árbol filogenético obtenido se encuentra conformado por 5 grupos más 1 grupo externo y además, revela a *matK* como una región *ADN Barcoding*, altamente discriminante a nivel subgenérico de *Gongora*; por el contrario, el marcador molecular *rpoC1* no permitió discriminar especies del género. El análisis biogeográfico muestra que en el Ecuador las provincias orientales de Morona Santiago y Zamora Chinchipe presentan la mayor diversidad de especies.



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# **GENÉTICA, BIOLOGÍA CELULAR Y MICROBIOLOGÍA**

**XLIV** JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## **Aislamiento de Bacteriófagos Inhibidores del Crecimiento de *Listeria* spp con Resistencia Antimicrobiana**

G. Granda,<sup>1</sup> T. Quilachamin,<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ingeniería en Biotecnología, Universidad Politécnica Salesiana sede Quito Campus El Girón, Av. Isabel La Católica N. 23-52 y Madrid. ggrandaj@est.ups.edu.ec.

En Ecuador en el 2019 se reportó 19 500 casos de enfermedades transmitidas por los alimentos, considerando a este como un problema de salud pública. Estas enfermedades son causadas generalmente por la presencia de bacterias patógenas. *Listeria* es un género bacteriano que tiene la capacidad de colonizar distintos ambientes logrando inclusive colonizar alimentos procesados. Actualmente, para tratar enfermedades causadas por dicha bacteria se utilizan antibióticos como la penicilina, eritromicina, meropenem entre otros, sin embargo, debido a la multiresistencia que ha generado esta bacteria es necesario buscar nuevas alternativas como la fagoterapia. El objetivo de este estudio fue aislar bacteriófagos que inhiban el crecimiento de *Listeria* spp resistente a antibióticos. Se colectaron muestras de agua del río Machángara que debido a la alta presencia de contaminación es un entorno óptimo para el desarrollo de bacteriófagos. Fueron aislados utilizando el ensayo de doble capa, posteriormente se evaluó la capacidad lítica de los bacteriófagos obtenidos y se concentraron para tener una mayor cantidad de unidades formadoras de placa (UFP), finalmente fueron almacenados para su conservación. Se obtuvieron bacteriófagos que inhiben el crecimiento de tres especies: *Listeria ivanovii*, *Listeria monocytogenes* y *Listeria welshimeri*, y que debido a su amplio espectro lítico inhiben otras enterobacterias.

## **Identificación de microorganismos beneficiosos y patógenos en chichas de chonta (*Bactris gasipaes*) y yuca (*Manihot esculenta*) con sus derivados según sus tiempos de fermentación**

E. Ambuludí<sup>1</sup>, J. Cantos<sup>1</sup>, Y. Ledesma<sup>1</sup>, D. Vasco<sup>1</sup>, C. Bastidas-Caldes<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas, Universidad De Las Américas, Av. José Queri y Av. de los Granados, direcciondeinvestigacion@udla.edu.ec

<sup>2</sup>Programa de Doctorado en Salud Pública y Animal, Universidad de Extremadura.

La chicha es un alimento con una gran importancia a nivel nutritivo y cultural, propio de las comunidades indígenas ecuatorianas desde hace cientos de años. Su preparación involucra la formación de un pure, su masticado, y su fermentación. Para la identificación de los microorganismos se realizarán tanto ensayos bioquímicos como moleculares, partiendo de un aislado en medios de cultivos selectivos. La chicha será analizada en cuatro días diferentes de fermentación (1, 3, 5, y 7), y cada prueba bioquímica y medio de cultivo se lo realizará por duplicado. Se esperan cambios en la carga microbiana de los distintos tipos de chicha según el avance de la fermentación, teniendo una mayor presencia de microorganismos antagonistas a lo largo del tiempo, mientras que los patógenos irían disminuyendo. En cuanto a esto, se esperaría encontrar varios organismos comunes de la cavidad bucal humana. En conclusión, el estudio de los microorganismos asociados a la chicha es de gran importancia, pues el conocimiento al respecto es escaso en el Ecuador pese a que es una bebida de consumo cotidiano en las comunidades indígenas. Además, un estudio de la microbiota permitirá observar no solo los riesgos, sino también los beneficios nutricionales que ofrece esta cerveza indígena.

## **Estimación global de la prevalencia de *Escherichia coli* resistente a la colistina mediada por el gen *mcr* en cerdos, pollos y humanos: una revisión sistemática y metaanálisis**

S. Salgado<sup>1</sup>, M. Villacís<sup>1</sup>, M. Coral – Almeida<sup>2</sup>, C. Bastidas – Caldes<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingenierías y Ciencias Aplicadas, Biotecnología, Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. maria.salgado.garces@udla.edu.ec

<sup>2</sup>One Health Research Group, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. marco.coral@udla.edu.ec

<sup>3</sup>Programa de doctorado en Salud Pública y Animal. Universidad de Extremadura, España. carlos.bastidas@udla.edu.ec

La resistencia a los antimicrobianos es un grave problema de salud en el mundo, ya que bacterias como *Escherichia coli*, el microorganismo gramnegativo más común, desarrolló diferentes mecanismos de resistencia, dificultando el tratamiento de infecciones. La colistina es un antimicrobiano usado en la última línea del tratamiento de infecciones causadas por microorganismos gramnegativos multirresistentes. La resistencia a la colistina en *E. coli* se da por mecanismos cromosómicos y plasmídicos. Su uso en medicina veterinaria, como tratamiento profiláctico y como promotor de crecimiento incrementan esta problemática. Es necesario una estimación precisa de la prevalencia global de esta bacteria en los principales hospederos (pollos, cerdos, humanos). Las revisiones sistemáticas y metaanálisis demostraron ser una herramienta adecuada en la estimación de dichas prevalencias y en la implementación de estrategias de prevención y control en la salud pública. Se identificaron publicaciones en la base de datos PubMed. Se incluyeron 160 estudios para el metaanálisis. Se informó aislados de *E. coli* resistentes a colistina en 53 países de cinco continentes, se estimó la prevalencia en cada región. Comprender la epidemiología de *E. coli* resistente a colistina en el mundo informa acerca de su transmisión, esto es necesario para reducir el riesgo de la aparición de enfermedades zoonóticas.

### **Tipos de Betalactamasas de Espectro Extendido en aislados de *Escherichia coli*, obtenidos de muestras de heces de pacientes con gastroenteritis en Quito-Ecuador.**

G, Vera<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad Central del Ecuador, Av. Yaguachi y Numa Pompilio, alegaby\_15@hotmail.com

Las beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) son enzimas que hidrolizan el puente amida del anillo  $\beta$ -lactam por lo que inactivan fármacos como penicilinas y cefalosporinas. Existen diferentes genes que codifican estas enzimas siendo los más comunes *bla*<sub>CTX-M</sub>, *bla*<sub>TEM</sub>, *bla*<sub>SHV</sub> y *bla*<sub>CMY</sub>. Todas estas enzimas BLEE se encuentran con mayor frecuencia en cepas de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae*. El presente estudio caracterizó fenotípica y genotípicamente los tipos de BLEE en aislados de *E. coli*, obtenidos de muestras (n= 302) de heces fecales de pacientes comunitarios con gastroenteritis. Dicha caracterización se realizó en base a características fenotípicas, patrones de susceptibilidad (mediante el sistema automatizado VITEK) y por medio de PCR convencional. El 48% de las muestras analizadas tenían *E. coli* productoras de BLEE. El gen con mayor prevalencia en estas cepas resistentes fue *bla*<sub>CTX-M</sub> (56,8%), seguido de *bla*<sub>TEM</sub> (39,7%), *bla*<sub>SHV</sub> (15,1%) y *bla*<sub>CMY</sub> (11,6%). A demás se evidenció la coexistencia de genes de resistencia, cuya combinación con mayor prevalencia fue *bla*<sub>CTX-M</sub>-*bla*<sub>TEM</sub> (24,7%). Las infecciones con organismos productores de BLEE se han asociado con una diseminación rápida y extensa en la comunidad, siendo los carbapenémicos la única línea antibiótica recomendada para su tratamiento.

## ***Klebsiella pneumoniae* resistente y sensible a colistina: genes BLEE en muestras fecales de humanos, cerdos y gallinas de zonas rurales de Ecuador**

D. Tamayo<sup>1</sup>, N. Campaña<sup>1</sup>, C. Bastidas<sup>1-5</sup>, I. Villacrés<sup>2</sup>, M. Calvopiña<sup>4</sup>, M. Coral<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingenierías y Ciencias Aplicadas. Biotecnología. Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador, Jose Queri y Av. Granados. david.tamayo@udla.edu.ec; natalia.campana@udla.edu.ec

<sup>2</sup>Laboratorios de Investigación. Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. <sup>3</sup>OneHealth Research Group. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. <sup>4</sup>Escuela de Medicina. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. <sup>5</sup>Doctorado en Salud Pública y Animal. Universidad de Extremadura, Cáceres, España. carlos.bastidas@udla.edu.ec

La resistencia antibiótica es una de las mayores amenazas a la salud humana. En este sentido, *Klebsiella pneumoniae* es uno de los microorganismos que más preocupación genera. Esto debido a que puede poseer múltiples mecanismos de resistencia, entre ellos la producción de Beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) y la resistencia a colistina mediada por genes *mcr* (mobile colistin resistance). Por ello, el objetivo de este estudio es conocer la situación actual de mecanismos de resistencia BLEE en *K. pneumoniae* aislada de heces de humanos y animales de traspatio en zonas rurales tropicales del Ecuador. Para esto se utilizaron 32 muestras de *K. pneumoniae* positivas para el gen *mcr-1* y 132 muestras negativas para el mismo gen. Posteriormente, se realizó una PCR múltiple utilizando el método Qiagen Multiplex PCR plus kit (Qiagen-USA) que detecta simultáneamente *bla*<sub>CTX-M1</sub>, *bla*<sub>CTX-M2</sub>, *bla*<sub>CTX-M9</sub>, *bla*<sub>CTX-M8/25</sub>, *bla*<sub>TEM</sub> y *bla*<sub>SHV</sub>. Varias muestras presentaron coexistencia de genes BLEE y *mcr-1*, una presentó cuatro tipos de genes BLEE; 4, tres tipos; 14, dos; y 10, al menos uno. De igual manera, se encontraron BLEE en las 132 muestras *mcr-1*<sup>-</sup>. Esta investigación brinda información del estado actual de resistencia a antibióticos de “última línea terapéutica” en humanos sanos y animales de traspatio.



## **Incriminación parasitológica y molecular de caracoles de agua dulce como primeros huéspedes intermediarios para el trematodo *Amphimerus* sp. cerrando el ciclo de vida del parásito.**

F. Romero<sup>1</sup>, M. Calvopiña<sup>2</sup>, C. Bastidas-Caldes<sup>1-3</sup>, I. Villacrés<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingenierías y Ciencias Aplicadas, Biotecnología, Universidad De Las Américas, Quito, Ecuador, José Queri y Av. Granados, francisco.romero@udla.edu.ec / carlos.bastidas@udla.edu.ec

<sup>2</sup> Escuela de Medicina. Facultad de Ciencias de la Salud-, Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador, manuel.calvopina@udla.edu.ec

<sup>3</sup> Doctorado en Salud Pública y Animal, Universidad de Extremadura, Cáceres, España

*Amphimerus* sp. es un parásito trematodo que infecta las vías biliares de mamíferos y necesita dos huéspedes intermediarios para completar su ciclo biológico, moluscos y peces, ambos de agua dulce. En Ecuador, se han identificado 4 géneros de peces como segundos huéspedes intermediarios en ríos de la parroquia Pedro Pablo Gómez-Manabí. Hasta la actualidad, no se ha identificado los primeros hospederos. Por ello, este estudio busca determinar la o las especies de moluscos implicadas en el ciclo vital de *Amphimerus*, empleando técnicas de emisión de cercaria y herramientas moleculares.

Se recolectaron diferentes especies de moluscos en ríos donde existe transmisión activa. Los especímenes fueron transportados y mantenidos vivos durante 7 días para observar, mediante microscopía, la emisión de cercarias por estímulo de luz blanca. Se realizó PCR en tiempo real con cebadores específicos, diseñados a partir del gen ITS-2, a los que se adicionó el diseño de la sonda *TaqMan AmphiProbe*. Finalmente, se realizó secuenciamiento y análisis bioinformático de los amplificados positivos.

Se obtuvieron 3 morfoespecies de cercarias, aún no identificadas molecularmente. Se comprobó la especificidad de los cebadores, obteniendo resultados positivos para *Amphimerus* sp en 2 caracoles de 200 analizados. Las secuencias positivas fueron verificadas y registradas en la base de datos NCBI.

## **Comparación de métodos para el estudio de microorganismos fermentadores aislados de restos arqueológicos**

S. Oña-Sierra<sup>1</sup>, E.O. Fukushima<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Investigación Traslacional en Plantas, Universidad Regional Amazónica Ikiam, Parroquia Muyuna, kilómetro 7 vía a Alto Tena. maria.ona@est.ikiam.edu.ec, ery.fukushima@ikiam.edu.ec

La fermentación es uno de los procesos más antiguos de preparación y conservación de alimentos practicados por las sociedades humanas. Las levaduras son microorganismos fermentadores por excelencia que han sido capaces de sobrevivir a lo largo de miles de años. Los contenedores empleados para la elaboración de bebidas ácidas, constituyen sustratos adecuados para mantener latentes estos microorganismos. En la actualidad, disciplinas como la microbiología, la arqueología y la biología molecular, se asocian para mejorar y ampliar el alcance de varios aspectos del análisis y comprensión de restos arqueológicos empleados para la elaboración de bebidas fermentadas. En el presente trabajo se hace una revisión de la literatura disponible acerca de las estrategias utilizadas para el aislamiento de microorganismos de piezas arqueológicas, mostrando además cómo esta información es complementada por el uso de técnicas moleculares como la secuenciación completa del genoma, las cuales pueden establecer relaciones filogenéticas con especies de levaduras actuales.

## **Origen genético de la población Shuar: ADN autosómico, ADN mitocondrial y ADN del cromosoma Y**

P.E. Leone<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación Genética y Genómica, Universidad UTE, Quito. paola.leone@ute.edu.ec

Ecuador es un país que cuenta con gran número de grupos indígenas, entre ellos la nacionalidad Shuar, un grupo conservado por factores geográficos, lingüísticos y culturales. El objetivo de este trabajo fue establecer el origen genético de la población Shuar. Se analizaron secuencias cortas repetidas en tándem correspondientes al ADN total y al ADN del cromosoma Y de hombres, y se amplificó y secuenció las regiones HV1 y HV2 del ADN mitocondrial de 55 individuos no emparentados por apellidos y árbol genealógico después de la firma del consentimiento informado, pertenecientes a las comunidades Shuar de Kumbatza y Yukateis de la parroquia Huambi, Cantón Sucúa de la provincia de Morona Santiago. Los resultados mostraron un equilibrio Hardy-Weimberg no significativo puesto que varios marcadores mostraron desequilibrio de ligamiento debido a la endogamia; en el estudio del ADN del cromosoma Y se encontró el haplogrupo Q original de América y en el análisis del ADN mitocondrial se determinó el haplogrupo B que corresponde a población nativoamericana. Los marcadores de ancestría determinaron que la etnia Shuar tiene un componente nativoamericano del 98,7%, y la presencia de los haplogrupos fundadores de los nativoamericanos evidencia que ha sido una población conservada sin mezclas con los grupos europeos y afrodescendientes del Ecuador.

## **Modelos geométricos y funcionales para el estudio de tejidos biológicos**

H. Morales-Navarrete<sup>1</sup>, F. Segovia-Miranda<sup>1,2</sup>, Y. Kalaidzidis<sup>1</sup>, M. Zerial<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Max Planck Institute of Molecular Cell Biology and Genetics, Dresden, Germany.

<sup>2</sup>Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. moralesn@mpi-cbg.de

Uno de los mayores desafíos en Biología es entender cómo complejos sistemas -como tejidos biológicos, están organizados, y cuál es la relación entre la organización y las funciones biológicas del sistema. Gracias al vertiginoso desarrollo de técnicas de microscopía, somos capaces de monitorear sistemas biológicos a diferentes escalas de complejidad: desde escalas sub-celulares hasta organismos completos. Esta información puede ser usada para desarrollar modelos computacionales capaces tanto de describir el sistema, así como de predecir su comportamiento ante alteraciones. Combinando técnicas de microscopía, análisis y reconstrucción de imágenes, con modelos biofísicos y simulaciones computacionales, estudiamos la estructura y función del tejido hepático. Primero, desarrollamos una plataforma para la reconstrucción automática de modelos digitales de tejidos tridimensionales a partir de imagen de microscopía. Combinando la información extraída de los modelos digitales con teoría de Física de la Materia Condensada, demostramos que el tejido hepático tiene una peculiar organización coordinada a diferentes escalas, conocida como organización de cristal líquido. Adicionalmente, desarrollamos un modelo predictivo que simula la dinámica de fluidos de la bilis en el hígado. Nuestros modelos pueden aplicarse para caracterizar de una manera cuantitativa sin precedente enfermedades como el hígado graso no alcohólico en tejido humano.

## **Efecto de la temperatura en la capacidad antimicrobiana de la miel de eucalipto en el rompimiento e inhibición de biopelículas de bacterias patógenas**

A. Proaño<sup>1\*</sup>, I. Ballesteros<sup>2</sup>, A. Debut<sup>3</sup>, K. Vizuite<sup>3</sup>, J. M. Álvarez-Suarez<sup>1</sup>, I. Villacrés Granda<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicada, Grupo de Investigación en Biotecnología Aplicada a Biomedicina (BIOMED), Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador, [adrian.proano.artieda@udla.edu.ec](mailto:adrian.proano.artieda@udla.edu.ec)\*/ [jose.alvarez@udla.edu.ec](mailto:jose.alvarez@udla.edu.ec).

<sup>2</sup>Departamento de genética, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España, [isabelballesteros@ucm.es](mailto:isabelballesteros@ucm.es). <sup>3</sup>Centro de Nanociencia y Nanotecnología. Universidad de Las Fuerzas Armadas ESPE, Sangolquí, Ecuador, [ksvizuite@gmail.com](mailto:ksvizuite@gmail.com), [apdebut@espe.edu.ec](mailto:apdebut@espe.edu.ec). <sup>4</sup>Programa de Doctorado Interuniversitario en Ciencias de la Salud, Universidad de Sevilla, Sevilla, España, [irinamaribel@gmail.com](mailto:irinamaribel@gmail.com)

La actividad antimicrobiana de la miel puede ser una solución frente a la resistencia a antibióticos de los microorganismos patógenos actuales. En el Ecuador, se genera un efecto de cristalización en la consistencia de la miel y esto ocasiona que los productores la sometan a procesos de calentamiento no estandarizados. El propósito de este estudio fue determinar el efecto de los tratamientos térmicos en las propiedades antimicrobianas, y en su capacidad para reducir biopelículas de bacterias patógenas multirresistentes. Se emplearon mieles de eucalipto para realizar ensayos de actividad antimicrobiana contra biopelículas, y se cuantificó este efecto mediante espectrofotometría. Adicionalmente, se evidenció los cambios estructurales mediante microscopía electrónica de barrido. Se pudo confirmar que la miel de eucalipto sin tratamientos térmicos fue eficiente removiendo biofilms preformados y en formación, mientras que la miel tratada con temperatura redujo su capacidad antimicrobiana. También, se pudo apreciar que la miel es más efectiva sobre bacterias Gram positivas y, que es más efectiva en procesos de inhibición de formación de biopelículas. Se puede concluir que los tratamientos térmicos pueden afectar a las propiedades antimicrobianas de la miel y que su actividad antimicrobiana depende de un conjunto de propiedades y compuestos, así como de su interacción.



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# **BIODIVERSIDAD Y BIOLOGÍA MARINA**

**XLIV**

JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## Aspectos claves en la estimación de la madurez sexual morfométrica en crustáceos

R. Zambrano<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciencias del Mar, Carrera de Biología, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad de Guayaquil, Guayaquil, 090601, Ecuador. eddie\_zam89@hotmail.com

La madurez sexual morfométrica, en crustáceos, se basa en identificar caracteres sexuales secundarios y relacionarlos generalmente con el cefalotórax. En este proceso, existen varias consideraciones (e.g., estructura de tallas, sexos, modelos utilizados) que se deben tomar en cuenta para el análisis de datos e interpretación de los resultados. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo es denotar aspectos claves inherentes a la estimación de la madurez sexual morfométrica en crustáceos. Los datos deben representar individuos juveniles y adultos; cuando se desconocen estas fases de desarrollo, se puede recurrir a especies análogas o a la media de la talla máxima reportada u observada y tener representación de individuos por encima y debajo del valor resultante. Por convención, los datos son transformados en logaritmo y se ajusta un modelo lineal; sin embargo, se puede utilizar el enfoque multimodelo utilizando al menos tres modelos con implicaciones distintas (e.g. lineal, punto de inflexión, dos segmentos). En caso de que, el conjunto de datos sea ajustado a dos rectas, el procedimiento debe ser validado estadísticamente por ejemplo con el método propuesto por Drapper y Smith. La talla de madurez morfométrica se puede estimar directamente a través del modelo utilizado o una prueba de pendientes.

## Diel Vertical Migration of *Nannocalanus minor* and *Eucalanus inermis* (COPEPODA: Calanoidea) associated with the Oxygen Minimum Zone in northern Chile

R. Cobo<sup>1, 2, 8</sup>, P. Hidalgo<sup>2, 3</sup>, V. Aguilera<sup>2, 4, 5</sup>, P. Fierro<sup>2, 6</sup>, P. Ruz<sup>2, 7</sup>

<sup>1</sup>Magister en Ecología de Sistemas Acuáticos, Universidad de Antofagasta (UA), Chile. <sup>2</sup>Instituto Milenio de Oceanografía (IMO), Universidad de Concepción, Chile. <sup>3</sup>Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanografía, Universidad de Concepción, Cabina 7 s/n Barrio Universitario, Casilla 1313, Concepción, Chile. pahidalgo@udec.cl.

<sup>4</sup>Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Raúl Bitrán #1305, La Serena, Chile. victor.aguilera@ceaza.cl

<sup>5</sup>Universidad Católica del Norte (UCN), Chile. <sup>6</sup>Programa Magíster en Oceanografía, Departamento de Oceanografía, Universidad de Concepción, Chile. pamelafierrog@gmail.com.

<sup>7</sup>Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile. paularuz@gmail.com. <sup>8</sup>Universidad Técnica de Manabí, Instituto de Ciencias Básicas, Departamento de Química, Avenida Urbina y Ché Guevara, Portoviejo, Ecuador. richard.cobo@utm.edu.ec.

El Sistema de la Corriente de Humboldt del norte de Chile, posee una surgencia constante contribuyendo a una alta productividad primaria aprovechada por copépodos que cumplen un papel importante aportando carbon hacia niveles tróficos superiores. La característica más importante del SCH es una Zona Mínima de Oxígeno extensa y somera, considerada una barrera física para muchos organismos. La hipótesis sugería que una distribución vertical diferenciada entre *Eucalanus inermis* y *Nannocalanus minor*, con uso distinto del hábitat por la ZMO, *E. inermis* cuenta con una distribución profundizada soportando la hipoxia, mientras *N. minor* está asociado a aguas oxigenadas. La distribución vertical de *E. inermis* y *N. minor* fueron estudiadas en dos estaciones oceanográficas y recolectadas en 5 estratos de profundidad frente a Iquique. Gran parte de la población de ambas especies permaneció somera realizando migración vertical inversa durante día y noche, presentando correlación positiva con variables físicas, como el oxígeno y densidad. Sin embargo, *E. inermis* y *N. minor* presentaron distinta distribución, el primero presenta diferencias significativas entre estaciones y entre estratos, el último mostró diferencias entre estratos, ambas especies evitaron la ZMO. Este tipo de estudios podría mostrar como el incremento de temperatura alteraría, comportamiento y distribución del zooplancton.

## Estudio fitoquímico e identificación molecular de las especies del género *Bomarea* del norte de los Andes del Ecuador, mediante el sistema BARCODE.

M. Cerna<sup>1</sup>, V. Sánchez<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Carrera de Ingeniería en Biotecnología. Universidad Politécnica Salesiana. Av. Isabel La Católica N. 23-52 y Madrid. mcerna@ups.edu.ec/vsanchezc@est.ups.edu.ec

Alstroemeriaceae es una familia de plantas monocotiledóneas cuyos géneros más reconocidos son *Alstroemeria* y *Bomarea*, siendo el último el único presente en el Ecuador con flores vistosas campanuladas que lo distinguen. En la presente investigación se realizó un análisis molecular de las especies ubicadas en el norte de los Andes ecuatorianos con la colección de 41 especímenes de donde se extrajo ADN de hojas jóvenes con la técnica Doyle & Doyle, se amplificó la región cloroplástica rpoC1 mediante la técnica de PCR convencional usando el kit Phire Plant Direct PCR Master Mix, los productos obtenidos fueron secuenciados mediante el método Sanger y se realizó un análisis de la construcción filogenética con el software Mega 7.0, mientras que para el análisis biogeográfico se utilizó el programa DIVA GIS ; en la evaluación fitoquímica de metabolitos secundarios presentes se emplearon ensayos de screening y técnicas espectrofotométricas. Entre los resultados obtenidos se presentó la formación de un árbol filogenético con seis clados diferenciados entre especies, *Bomarea multiflora* presentó un amplio rango de distribución a lo largo del callejón interandino y el análisis fitoquímico permitió determinar la presencia de compuestos fenólicos donde se concluyó que *Bomarea linifolia* es la especie con mayor capacidad antioxidante en la reducción de radicales DPPH con IC50 de 251.363 µg/mL y 3.729 mg GAE/ g de fenoles totales.

## Regla de Cope en el género *Brachistosternus* (Scorpiones, Bothriuridae) de Suramérica.

J. Barraza-Mendez<sup>1</sup>; A. Navarro-Campoy<sup>2</sup> & M. Rivadeneira-Valenzuela<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidad de La Serena, Chile. Av. Raúl Bitrán 1305. La Serena, Chile. jeisonbarrazamendez@gmail.com

<sup>2</sup>Universidad Católica del Norte/Universidad de La Serena, Av. Larrondo 1281. Coquimbo, Chile, anavcampoy@gmail.com

<sup>3</sup>Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA). Av. Bernardo O'Higgins 877. Coquimbo, Chile. marcelo.rivadeneira@ceaza.cl

La regla de Cope, propone que, dentro de una misma línea filogenética, existe una tendencia general hacia el aumento del tamaño corporal de los organismos a lo largo del tiempo evolutivo. Esto, puede ser justificado en que un aumento en el tamaño corporal transmite muchas ventajas selectivas, como: mayor defensa contra la depredación, incremento en el éxito de la depredación, mayor variedad de recursos aceptables, mayor éxito en el apareamiento y la competencia intraespecífica, mayor éxito en la competencia interespecífica, entre otras. Bajo este contexto, un grupo para poner a prueba esta regla es el género *Brachistosternus*, endémico de Suramérica con aproximadamente 48 especies descritas, cuyo origen se estima hace 30.53Ma. Para esto, se recopiló el tamaño corporal de las mismas y el árbol filogenético del grupo. Posteriormente, se realizaron modelos para establecer el tiempo y modo de la evolución en este rasgo y establecer si ha habido procesos de tasas diferenciales en la evolución del tamaño. Los resultados arrojados no soportan la predicción, por lo que no ha habido un cambio significativo en el tamaño corporal de este género a lo largo del tiempo, lo que puede deberse al alto conservadurismo morfológico de los escorpiones.

## **Parásitos haemosporidios en aves de bosques deciduos asociados a áreas urbanas de Guayaquil, un primer enfoque.**

P. Pibaque<sup>1</sup>, P. Piedrahita<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Zoología, Facultad de Ciencias de la Vida, Escuela Superior Politécnica del Litoral, Guayaquil, Ecuador. ppibaque@espol.edu.ec, ppiedra@espol.edu.ec

Los parásitos haemosporidios (Orden: Haemosporidia) desarrollan parte de su ciclo de vida en la sangre de aves hospedadoras. Ecuador ha sido propuesto como un reservorio de haemosporidios debido a la diversidad de aves que alberga. Sin embargo, la presencia y diversidad de estos parásitos en los bosques deciduos de la Costa aún se desconocen. Nuestro estudio contribuye con información sobre la prevalencia de haemosporidios en aves de bosque seco de un ambiente urbano. Se tomaron muestras sanguíneas de aves en dos áreas protegidas de Guayaquil, el Bosque Protector La Prosperina y el Área Nacional de Recreación Parque Lago. El muestreo fue realizado entre la temporada húmeda del 2018 (Diciembre) y la temporada seca del 2019 (Junio). Las muestras de sangre fueron preparadas en campo y laboratorio previamente a ser analizadas con microscopía óptica. De un total de 37 individuos capturados pertenecientes a 20 especies de aves, únicamente una muestra de *Arremon abeillei* (Passerellidae) contenía gametocitos de haemosporidios, posiblemente del género *Haemoproteus*. Este es el primer reporte de parásitos para esta especie de ave. Los resultados obtenidos sugieren que las aves de bosques deciduos podrían ser hospedadoras de hemoparásitos y se recomienda continuar con este tipo de estudios en diferentes ecosistemas.

## **Interacciones comportamentales entre madres y cachorros del león marino de Galápagos (*Zalophus wollebaeki*)**

K. Krauth<sup>1</sup>, A. Kuonqui<sup>1</sup>, J. Schwarz<sup>2</sup>, E. DeRango<sup>2</sup>, E. Bosque<sup>1</sup>, P. Piedrahita<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Zoología, Facultad de Ciencias de la Vida, Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), Guayaquil, kkrauth@espol.edu.ec.

<sup>2</sup>Departamento de Comportamiento Animal, Facultad de Biología, Universidad de Bielefeld, Alemania.

Los leones marinos de Galápagos (*Zalophus wollebaeki*), a diferencia de otros pinnípedos, presentan un periodo largo de lactancia; durante el cual la madre y su cachorro desarrollan un sin número de comportamientos asociados al amamantamiento. El presente estudio analiza y cuantifica las interacciones comportamentales entre madre y cría, y discute sus posibles efectos sobre la calidad del cuidado maternal. Para esto analizamos sesiones de amamantamiento de las temporadas reproductivas 2018 y 2019 en una colonia de *Z. wollebaeki* de las islas Galápagos. Los comportamientos registrados en videos (n= 34 h) se codificaron con un etograma y el programa Solomon Coder. Como resultados se obtuvo que los cachorros mayores a un año de edad amamantan aproximadamente el 56.87% de la sesión, mientras que las crías menores el 19.37%. Adicionalmente se registró una mayor frecuencia en cambio de pezón en crías mayores a un año, con un máximo de 47 veces en comparación a las crías menores con un máximo de 24 veces. Nuestros datos sugieren que las interacciones entre madres y cachorros cambian según la edad de la cría. Esto también se relaciona con los patrones de actividad del cachorro que varían acorde a la edad.

## Estudio florístico en un remanente de bosque montano en la provincia de Imbabura

D. Castro<sup>1</sup>, C. Quintana<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Ecosistemas Secos, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Av. 12 de octubre 1076 y Roca. dcastro493@puce.edu.ec/cquintanam@puce.edu.ec

Se determinó la diversidad de árboles, arbustos y hierbas en un remanente de bosque montano con un gradiente altitudinal de 2235-3200 m en Imbabura-Ecuador. Se analizó la riqueza de especies en seis transectos de 100 x 5 m repartidos en zonas conservadas y alteradas de bosque. En la zona conservada la familia de árboles más dominante, diversa y de mayor área basal fue Melastomataceae mientras que en arbustos, Solanaceae y Piperaceae fueron las más diversas. En herbáceas, *Trifolium repens* e *Hydrocotyle tripartita* fueron las especies que presentaron mayor cobertura. También se observaron especies herbáceas de subpáramo como *Acaena ovalifolia*, *Gallium hypocarium* y *Lachemilla orbiculata*. En la zona alterada, la diversidad y el área basal en árboles es menor comparada con la zona conservada. Especies como *Tibouchina* spp. (Melastomataceae) predominan como pioneras. Las especies *Oreopanax ecuadorensis* (Araliaceae) y *Saurauia* (Actinidaceae) sobreviven en zonas de pendiente fuerte. En cuanto a los arbustos, *Cestrum* spp. y *Rubus glaucus* fueron dominantes en los transectos. En herbáceas, *Sporolobus indicus* (Poaceae) es la especie con mayor cobertura, mientras que *Hydrocotyle bondii*, *Oxalis lotooides* y *Lachemilla orbiculata* son las especies con menor cobertura. A futuro se plantea ejercer un plan de regulación agraria para evitar la degradación forestal por pastoreo.

## Dimorfismo sexual y alometría en la forma del cuerpo de *Gerres simillimus* (Perciformes: Gerreidae) en el Estero Mongon, Puerto Hondo, Guayaquil – Ecuador

I. García-Medina<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad de Guayaquil, Av. Raúl Gómez Lince s/n y Av. Juan Tanca Marengo, Guayaquil, Ecuador. isaacgarcía6@hotmail.com

El dimorfismo sexual y los cambios alométricos son producto de presiones selectivas dirigidas a cada sexo durante su historia de vida. Analizar el dimorfismo sexual permite comprender los posibles factores que impulsan o impiden un marcado dimorfismo sexual. Métodos: Se fotografiaron y digitalizaron 21 hitos anatómicos a 73 hembras y 64 machos obtenidos de los ramales internos de Puerto Hondo durante abril y mayo del 2018. Posteriormente, se realizó un análisis generalizado de Procrustes para eliminar la variación que no corresponda a la forma. La forma corporal fue analizada aplicando un análisis de función discriminante y los cambios alométricos fueron determinados aplicando una regresión multivariada para ambos sexos, considerando el  $\ln$  del tamaño del centroide como la variable que describe el tamaño y las coordenadas de Procrustes como la variable que describe la forma. Resultados: La forma del cuerpo en hembras y machos presentó diferencias significativas ( $P < 0.0001$ ). Los machos presentan mayor altura en la curvatura frontal y las hembras un ligero incremento en el pedúnculo caudal. Sin embargo, el análisis discriminante presentó solapamiento, denotando un moderado dimorfismo sexual. Los cambios alométricos atribuibles al tamaño estuvieron asociados al aumento relativo de la curvatura frontal, disminución relativa del pedúnculo caudal y longitud del ojo en ambos sexos. Conclusión: *Gerres simillimus* presenta diferencia en la forma corporal entre machos y hembras, con moderado dimorfismo sexual. Mientras que, los cambios alométricos son similares en hembras y machos.



## Reporte de hongos Gasteroides del repositorio micológico del Herbario Nacional QCNE del Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO)

R. Batallas-Molina<sup>1</sup>, J. Paéz<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Colección Micológica del Herbario Nacional QCNE del Instituto Nacional de Biodiversidad, Ecuador, Av. Río Coca E6-115 e Isla Fernandina, rosa.batallas@biodiversidad.gob.ec

<sup>2</sup> Carrera de Ciencias Biológicas y Ambientales. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Central del Ecuador, calle Iquique N14-121 y Sodiro – Itchimbía, Sector El Dorado. jlpo\_cdn@hotmail.com

Los hongos gasteroides constituyen un grupo de macrohongos de variadas formas (hongos globosos, pedos de lobo, estrellas de tierra, hongos nido entre otras), se caracterizan porque el himenio se encuentra completamente encerrado hasta la maduración esporal y las estatismósporas son descargadas de forma pasiva, la diseminación esporal depende de factores biológicos externos. Algunas especies de gasteroides son particularmente importantes en la alimentación, en la medicina y benefician la recuperación de suelos mediante especies micorrizógenas. El estudio reporta especies revisadas en la colección micológica del Herbario QCNE del INABIO, colectadas en las provincias de Azuay, Bolívar, Carchi, Cotopaxi, Imbabura, Loja, Pichincha, Napo y reportadas por registro fotográfico en la plataforma de ciencia ciudadana iNaturalist en las provincias de Manabí, Pastaza y Sucumbíos, estas especies se distribuyen desde los 1300 hasta 3000 m.s.n.m. Se desarrollan en los ecosistemas: bosques montanos, matorrales secos andinos del norte y sur, bosques siempreverde Montano bajo y bosques secundarios intervenidos, estos macrohongos gasteroides prefieren sustratos: lignícola, húmícola, terrícola y muscícola, además pueden crecer en forma solitaria, gregaria y en colonias de algunos individuos. Reportamos 17 especies: *Batarraea phalloides*, *Bovista plumbea*, *Calvatia gigantea*, *Crucibulum laeve*, *Cyathus olla*, *Geastrum minimum*, *Geastrum saccatum*, *Geastrum triplex*, *Lycoperdon perlatum*, *Lycoperdon* sp., *Morganella fuliginosa*, *Myriostoma coliforme*, *Nidula macrocarpa*, *Scleroderma aerolatum*, *Scleroderma verrucosum*, *Staehelomyces cinctus*, *Tulostoma* sp.

## Biodiversidad y Basura Marina

I. Becilla<sup>1</sup>, E. Salavarría<sup>1</sup>, L. Troccoli<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Investigación “Bioeconomía Costera”, Facultad de Ciencias del Mar. Universidad Estatal Península de Santa Elena, Campus La Libertad, vía La Libertad-Santa Elena. Carretera Principal s/n. Km1. Ciudadela Universitaria.

<sup>2</sup> Universidad de Oriente, Venezuela. Correo de correspondencia: esalavarria@upse.edu.ec

Los recursos marinos, son afectados como consecuencia de desechos sólidos, arrojados al mar desde zonas costeras, afectando actividades humanas (navegación y ecoturismo). El objetivo de este estudio, componente de un proyecto de vinculación, fue limpiar la zona intermareal en la playa de Salinas (S 2 12'15.03396 - W 80 58'26.6358) mediante buceo autónomo (*snorkel*), en un muestreo aleatorio no estratificado en la zona de rompiente en una franja costera de 25 m cubriendo un perímetro de 1,65 km. Se demostró que estos desechos son utilizados como hábitats de la fauna marina, principalmente invertebrados bentónicos, de los cuales los artrópodos, representaron el 59% de la biota seguido por equinodermos con el 23%. Se registró el tipo y posible origen de los desechos, según los datos de categorías BFFP, peso y número de ítems; la presencia de desechos plásticos, metálicos y vidrio fueron predominantes, de los que solo el 19% son reciclables. Se constató elevada cantidad de envases para embalaje de alimentos, representados por el 49% del total registrado. Concluimos que esta playa, recibe basura originada principalmente por actividad turística. A futuro, deben establecerse posibles relaciones entre la biodiversidad y la contaminación marina, e identificar zonas de alta acumulación de desechos.



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# **CIENCIAS DE LA SALUD Y BIOMEDICINA**

**XLIV** JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## **Revisión a estudios sobre la linfopoyetina estromal tímica, un enfoque a su potencial terapéutico en cuadros de COVID19**

D. Castro<sup>1</sup>, D. Vela<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética y Evolución, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Av. 12 de Octubre 1076 y Roca, Quito-Ecuador. dcastro493@puce.edu.ec, dvela508@puce.edu.ec

La Linfopoyetina estromal tímica (TSLP) es producida en respuesta a afecciones atópicas inflamatorias o de reacción alérgica. La regulación de esta citoquina y sus isoformas puede generar una mejora en la efectividad de la inmunidad humana mediante el control de respuestas inflamatorias exageradas como la secreción o sobreexpresión de señales estimulantes de receptores tipo Toll para generar sucesión linfocítica e intensificación de la respuesta inflamatoria, afectando pletótricamente otras funciones (síntesis de factores de transcripción, estimulación de fibroblastos, etc). En esta revisión bibliográfica se resaltan estudios de expresión de TSLP en patologías virales pulmonares (rinovirus, retrovirus, virus sincitial respiratorio, influenza) así como su presencia particular en cuadros con alta mortalidad de pacientes con COVID19 severo y con menor relevancia en cuadros leves, siendo potencialmente importante la interacción de la TSLP como inmunoregulador ante la ingreso del SARS-CoV-2 y como un mediador en la estimulación de grupos celulares clave (linfocitos, granulocitos, células dendríticas, etc). Esta revisión sugiere realizar estudios de TSLP en la evolución del COVID19 como método de prevención y tratamiento antiviral, dando un enfoque nuevo a futuros trabajos de inmunosupresión ante respuestas inflamatorias críticas como la tormenta de citoquinas en el COVID19, la cual es común en otras infecciones virales y bacterianas.

## **Caracterización genética de la población ecuatoriana y su influencia en las enfermedades**

C.Paz-y-Miño<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigación Genética y Genómica, Universidad UTE, Quito. cesar.pazymino@ute.edu.ec

Los estudios previos sobre la caracterización genética de la población ecuatoriana permitieron definir los componentes de cada grupo étnico: los Mestizos con 61% de indígena, 32% de europeo y 7% de africano; los Nativoamericanos con 90% de indígena, 7% de europeo y 3% de africano y los Afroecuatorianos con 12% de indígena, 23% de europeo y 65% de africano (Paz-y-Miño, et al., 2016). El objetivo de este trabajo fue determinar la ancestría de los individuos ecuatorianos con diferentes enfermedades genéticas y tipos de cáncer, con la meta de analizar si existen asociaciones entre la composición de la población y el desarrollo de enfermedades. Se analizaron secuencias cortas de ADN repetidas en tándem (STRs) y secuencias de inserción-delección (INDELs) en población ecuatoriana sana y en individuos afectados con Distrofia muscular de Duchenne, Fibrosis quística, Corea de Huntington, Hemocromatosis, intolerancia a la lactosa, linfoma folicular, mieloma múltiple o cáncer de próstata, insensibilidad al dolor, infección por H. pilory, entre otras. El estudio identificó una relación entre la presencia de un componente de ancestría y el mayor riesgo de desarrollar una enfermedad, al igual que el comportamiento de cada enfermedad, en cuanto a edad de presentación, relación de género, agresividad y respuesta a tratamiento, propio de nuestra población trihíbrida. Esta información puede ayudar a entender cada enfermedad y su manejo.

## Mecanismos de adaptación en tripanosomátidos: expansión de genes de DNA polimerasas

A. Poveda<sup>1</sup>, V. Armijos-Jaramillo<sup>2</sup>, C. Rivilla<sup>1</sup>, E. Lara<sup>1</sup>, M.A.I Méndez<sup>3</sup>, J. Santamaría<sup>1</sup>

<sup>1</sup> DNA Replication and Genome Instability Unit, Grupo de Investigación en Biodiversidad, Zoonosis y Salud Pública (GIBCIZ), Instituto de Investigación en Salud Pública y Zoonosis-CIZ, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador. apoveda@uce.edu.ec, cprivilla@uce.edu.ec / ellara@uce.edu.ec / jrsantamaria@uce.edu.ec.

<sup>2</sup> Grupo de Bio-Quimioinformática, Carrera de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas, Universidad de Las Américas, Quito, Ecuador. inicio.armijos@udla.edu.ec

<sup>3</sup> Grupo de Química Computacional y Teórica, Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador. mmendez@usfq.edu.ec

La leishmaniasis y la tripanosomiasis son enfermedades en gran parte desatendidas que prevalecen en condiciones subtropicales. Estas son zoonosis transmitidas por artrópodos que afectan a los humanos y algunos animales y son causadas por la infección con protozoos del género *Leishmania* y *Trypanosoma*, respectivamente. Estos parásitos presentan alta plasticidad genómica y son capaces de adaptarse a condiciones adversas como el ataque de células huésped o la toxicidad inducida por la exposición a fármacos. Diferentes mecanismos permiten estas respuestas adaptativas inducidas por estrés, como mutación, reordenamientos cromosómicos, establecimiento de ploidías en mosaico y expansión genética. Aquí describimos, basándonos en herramientas bioinformáticas, cómo un subconjunto de genes que codifican para las ADN polimerasas implicadas en la síntesis de reparación / translesión (TLS) se duplican en algunas especies patógenas del orden Trypanosomatida y una especie de vida libre del orden Bodonida. Se utilizaron polimerasas anotadas en *Homo sapiens* como búsqueda inicial para HomoloGene database. Los grupos de homólogos obtenidos se alinearon con MAFFT y se crearon modelos de Hidden Markov (HMM) con hmmbuild de HMMER 3.1b2. Los resultados fueron contrastados con TriTrypDB. Las ADN polimerasas son enzimas son capaces de reparar el ADN, pero también son propensas a errores en determinadas situaciones. Estas enzimas podrían actuar como una fuente de variación genómica que promueve la adaptación en tripanosomátidos. En paralelo hemos realizado trabajos similares en levaduras, que ponen de manifiesto similitudes y diferencias entre los mecanismos de reparación utilizados por los diferentes grupos de eucariotas.

## **Revisión sistemática y metaanálisis del estado actual de la resistencia a la colistina en *Klebsiella pneumoniae* asociada al gen *mcr* de aislados clínicos y comunitarios de humanos, cerdos y pollos a nivel mundial**

M.J. Villacis<sup>1</sup>, S. Salgado<sup>1</sup>, C. Bastidas-Caldes<sup>2</sup>, M. Coral-Almeida<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingenierías y Ciencias Aplicadas, Biotecnología, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador. maria.villacis.barahona@udla.edu.ec

<sup>2</sup>Programa de Doctorado en Salud Pública y Animal. Universidad de Extremadura, España. carlos.bastidas@udla.edu.ec

<sup>3</sup>One Health Research Group, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador. marco.coral@udla.edu.ec

El alarmante incremento de resistencia a la colistina en *Klebsiella pneumoniae* se ha tornado en un problema actual de salud pública y requiere evidencia científica que contribuya con la toma de decisiones y el mejor manejo de la crisis de resistencia antimicrobiana. Mediante la búsqueda y selección de literatura, y extracción de datos de la misma, se llegaron a incluir 52 estudios dentro de la revisión sistemática. El metaanálisis realizado a partir de la síntesis cuantitativa de datos de la literatura incluida, revela que a nivel regional el mayor porcentaje de resistencia molecular (gen *mcr*) se ubica en África con 5.3%, respectivamente. Por otro lado, entre las especies hospederas de *K. pneumoniae*, los cerdos tienen la mayor tasa de resistencia molecular de 25.3%, como resultado del abuso de colistina en la producción pecuaria. El bajo porcentaje de resistencia en las muestras clínicas de humanos (molecular de 0.5%) se asocia a la restricción mundial del uso de colistina; a diferencia de humanos comunitarios (sanos) que es muy alto. Los resultados obtenidos en este trabajo sugieren que se dispone de información en el ámbito clínico, pero aún existe una brecha importante de conocimiento en el ámbito comunitario y veterinario a nivel mundial.

## **Análisis genómico con TCGA Pan-Cancer de genes relacionados al alargamiento alternativo de telómeros (ALT)**

I. Armendáriz-Castillo<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación Genética y Genómica, Facultad de Ciencias de la Salud “Eugenio Espejo”, Universidad Tecnológica Equinoccial, Avenida Mariscal Sucre s/n y Mariana de Jesús. fabian.armendariz@ute.edu.ec

Los mecanismos de mantenimiento de los telómeros (TMM) son utilizados por células cancerosas para evitar la apoptosis. Entre estos, 85-90% reactivan telomerasa, mientras que 10-15% utilizan el alargamiento alternativo de telómeros (ALT). Debido al uso de tratamientos basados en anti-telomerasa, algunos tumores migran de un mecanismo dependiente de telomerasa a ALT, siendo incluso posible la coexistencia entre ambos mecanismos. A pesar de que se han descubierto diferentes elementos en la vía de ALT, algunos mecanismos moleculares aún no se entienden. Por lo tanto, con el objetivo de identificar genes potenciales para el estudio de ALT, se combinaron enfoques *in silico* en un set de 411 genes. El análisis genómico de estos genes en 31 estudios del “Pan-Cancer Atlas” de “The Cancer Genome Atlas” permitió la identificación de 325,936 alteraciones genómicas. Finalmente, se armó una red de interacción proteína-proteína y un análisis de enriquecimiento para determinar las principales vías de estos genes y discutir su papel en procesos relacionados con ALT como la recombinación homóloga y la reparación dirigida por homología. En conclusión, utilizando análisis *in silico* se propuso un grupo de genes que después de validaciones *ex vivo* podrían representar nuevos marcadores terapéuticos en el estudio de ALT.

## **Efectos de la interacción entre nanoplasticos y nanopartículas metálicas en células intestinales humanas caco-2**

L. Vela<sup>1,2</sup>, J. Domenech<sup>2</sup>, R. Marcos<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Universidad UTE, Av. Mariscal Sucre y Mariana de Jesús, lourdes.vela@ute.edu.ec.

<sup>2</sup>Grupo de Mutagénesis, Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Biociencias, Universidad Autónoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Barcelona, España, josefa.domenech@uab.es, ricard.marcos@uab.es.

En los últimos años, ha habido un incremento en la producción, utilización y liberación de plásticos hacia el medio ambiente, convirtiéndolo en el mayor contaminante ambiental. El mayor problema respecto a esta contaminación es la fragmentación en micro y nano-plásticos. Adicionalmente, éstos pueden absorber contaminantes orgánicos o metales pesados, incrementando su efecto genotóxico en las células animales y/o humanas. El objetivo de este trabajo se enfoca principalmente en evaluar la genotoxicidad de las partículas de nano-poliéstereno en combinación con diferentes concentraciones de nano-plata y nitrato de plata, como ejemplos de metales pesados. Considerando que la exposición oral es la principal ruta de entrada de nanopartículas al cuerpo humano, se ha escogido la línea celular intestinal Caco-2 indiferenciada. A través de Microscopía Electrónica de Transmisión (TEM), se ha demostrado la absorción del metal por el nano-poliéstereno. Además, a través de microscopía confocal se ha observado la internalización de este en la célula, incluyendo el núcleo. Finalmente, se ha determinado que la formación del complejo plata/nano-poliéstereno modula la entrada de las moléculas de plata en las células, así como la modificación de algunos efectos celulares como la habilidad de inducir daño oxidativo al ADN y aumentar la generación de especies reactivas de oxígeno (ROS).

### **Reporte de caso de una paciente ecuatoriana pediátrica con astrocitoma anaplásico: un análisis profundo utilizando paneles de NGS.**

J.M. García-Cárdenas<sup>1</sup>, A. K. Zambrano<sup>1</sup>, P. Guevara-Ramírez<sup>1</sup>, S. Guerrero<sup>1</sup>, G. Runruil<sup>2</sup>, A. López-Cortés<sup>1</sup>, J. P. Torres-Yaguana<sup>1</sup>, I. Armendáriz-Castillo<sup>1</sup>, A. Pérez-Villa<sup>1</sup>, V. Yumiceba<sup>1</sup>, P. E. Leone<sup>1</sup>, C. Paz-y-Miño<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación Genética y Genómica, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Universidad UTE. Quito, Ecuador.

<sup>2</sup> Departamento de Cirugía Oncológica, Hospital Oncológico Solón Espinosa Ayala. Quito. Ecuador.

El Astrocitoma Anaplásico pediátrico (AA) es un trastorno poco común en niños de 10 a 14 años de edad, con un estimado de 0.38 casos nuevos en 100,000 personas por año mundialmente. La secuenciación de nueva generación (NGS) abre nuevas posibilidades para el diagnóstico y la terapia de enfermedades raras y en Ecuador es la primera vez que se caracteriza genéticamente a una paciente con AA.

A la paciente de 13 años de edad con antecedentes familiares extensos de cáncer y diagnosticada con astrocitoma anaplásico, se le encontraron 354 alteraciones genómicas en 100 genes. De todas estas la más relevante fue el SNP rs11540652 en el gen *TP53* relacionado con el síndrome de Li-Fraumeni. Condición que aumenta el riesgo de tener muchos tipos de cáncer, explicando su historia familiar y clínica. Además, análisis *in silico*, reveló 2 ensayos clínicos para AA pediátrico y 118 fármacos que se dirigen a las variantes del paciente pero no diseñados específicamente para tratar AA pediátrico.

NGS ha permitido la caracterización genómica de enfermedades raras; como el síndrome de Li-Fraumeni e identificó posibles nuevos fármacos. Las herramientas moleculares deben implementarse en las prácticas clínicas de rutina para la detección temprana, tratamiento e intervenciones preventivas efectivas.

## Regulación post-transcripcional en cáncer de mama

Santiago Guerrero<sup>1</sup>, Alberto Indacochea<sup>2</sup>, Jennyfer M. García-Cárdenas<sup>1</sup>, Isaac Armendáriz-Castillo<sup>1</sup>, Andy Pérez-Villa<sup>1</sup>, Andrés López-Cortés<sup>1,3</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Investigación Genética y Genómica, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Universidad UTE, Av. Mariscal Sucre and Av. Mariana de Jesús, Block I, 2nd floor, 170129, Quito, Ecuador.

<sup>2</sup>Centre Gene Regulation, Stem Cells and Cancer Programme, Centre for Genomic Regulation (CRG), The Barcelona Institute of Science and Technology, 08003 Barcelona, Spain.

<sup>3</sup>RNASA-IMEDIR, Computer Science Faculty, University of Coruna, Coruna 15071, Spain.

Las alteraciones post-transcripcionales desempeñan un papel importante en el mantenimiento y desarrollo tumoral. Como reguladoras de estos procesos, las proteínas de unión al ARN (RBPs, *RNA binding proteins*) están surgiendo como reguladores críticos en la oncogénesis, y, sin embargo, muy pocas están siendo estudiadas. La identificación de estas proteínas es de gran interés para comprender la biología del cáncer y potencialmente descubrir nuevos blancos terapéuticos y/o biomarcadores. En este trabajo, hemos realizado extensos análisis *in silico* de todas las RBPs humanas (n=1392) usando diferentes recursos bioinformáticos (e.g. TCGA-Breast Invasive Carcinoma, Human Protein Atlas, STRING, entre otros). Así, hemos identificado 6 RBPs implicadas en la progresión tumoral (MRPL13, SCAMP3, CDC5L, DARS2, PUF60 y PLEC) y 5 supresores tumorales (SUPT6H, MEX3C, UPF1, CNOT1 y TNKS1BP1). Estas RBPs nunca han sido estudiadas en cáncer de mama, pero poseen características similares a proteínas ampliamente analizadas en dicho cáncer. Adicionalmente, mediante experimentación *ex vivo* (RIP-Seq, ensayos de clonogenicidad, entre otros), hemos identificado a la proteína CIRBP (*Cold-inducible RNA binding protein*) como promotora de la tumorigenesis en cáncer de mama mediante la regulación de la expresión de CST3 (Cystatin C). Estos estudios demuestran el potencial de las RBPs como nuevos blancos terapéuticos para tratar el cáncer.

## Reposicionamiento de fármacos mediante inteligencia artificial como estrategias para combatir a SARS-CoV-2 y a los síntomas severos de COVID-19

A. López-Cortés<sup>1,2,3</sup>, P. Guevara-Ramírez<sup>1</sup>, I. Armendáriz-Castillo<sup>1</sup>, J. M. García-Cárdenas<sup>1</sup>, A. Pérez-Villa<sup>1</sup>, N. C. Kyriakidis<sup>4</sup>, C. Barba-Ostria<sup>4</sup>, Á. León Cáceres<sup>5,6</sup>, E. Ortiz-Prado<sup>4</sup>, C. R. Munteanu<sup>2,7</sup>, E. Tejera<sup>8</sup>, Y. Pérez-Castillo<sup>8</sup>, A. Cabrera-Andrade<sup>8</sup>, D. Cevallos-Robalino<sup>9</sup>, A. M. Gómez J.<sup>10</sup>, K. Simbaña-Rivera<sup>4</sup>, A. Granizo-Martínez<sup>11</sup>, G. Pérez-M<sup>12</sup>, S. Moreno<sup>13</sup>, L. Puig San Andrés<sup>1</sup>, C. Proaño-Castro<sup>14</sup>, J. Bautista<sup>15</sup>, N. Varela<sup>3,16</sup>, L. A. Quiñones<sup>3,16</sup>, S. Guerrero<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación Genética y Genómica, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Universidad UTE, Quito 170129, Ecuador. <sup>2</sup> RNASA-IMEDIR, Computer Science Faculty, Universidad of A Coruna, A Coruna 15071, Spain. <sup>3</sup> Latin American Network for the Implementation and Validation of Clinical Pharmacogenomics Guidelines (RELIVAF-CYTED), Madrid, Spain. <sup>4</sup> One Health Research Group, Faculty of Medicine, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito 170103, Ecuador. <sup>5</sup> Heidelberg Institute of Global Health, Faculty of Medicine, Heidelberg University, Heidelberg 69120, Germany. <sup>6</sup> Instituto de Salud Pública, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito 170143, Ecuador. <sup>7</sup> Biomedical Research Institute of A Coruña (INIBIC), University Hospital Complex of A Coruna (CHUAC), A Coruna 15006, Spain.

<sup>8</sup> Grupo de Bio-Quimioinformática, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito 170125, Ecuador.

<sup>9</sup> Intensive Care Unit, Hospital Quito Sur, Instituto Ecuatoriano de Seguridad Social, Quito 170111, Ecuador. <sup>10</sup> Faculty of Medicine, Pontifical Catholic University of Ecuador, Quito 170135, Ecuador.

<sup>11</sup> Carrera de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Universidad UTE, Quito 170129, Ecuador. <sup>12</sup> Centro Clínico Quirúrgico Ambulatorio Hospital del Día El Batán, Instituto Ecuatoriano de Seguridad Social, Quito 170138, Ecuador. <sup>13</sup> Department of Plant Biology, Faculty of Natural Resources and Agricultural Sciences, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala 75651, Sweden. <sup>14</sup> Fundación Futuro, Quito 170503, Ecuador. <sup>15</sup> Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas-Biotecnología, Universidad de Las Américas, Quito 170125, Ecuador. <sup>16</sup> Laboratory of Chemical Carcinogenesis and Pharmacogenetics, Department of Basic-Clinical Oncology, Faculty of Medicine, University of Chile, Santiago 170111, Chile.

Wuhan, China fue el epicentro de la primera transmisión zoonótica del nuevo coronavirus SARS-CoV-2 en Diciembre de 2019, el cual es el agente causal de la enfermedad COVID-19. Desde el inicio de la pandemia ha existido presión para identificar agentes terapéuticos que permitan inhibir la replicación viral y tratar los síntomas graves de los pacientes infectados. En este trabajo se realizó un análisis *in silico* integrado sobre el interactoma de proteínas del sistema inmunológico, el análisis de datos del secuenciamiento de ARN de célula simple y una la red de neuronas artificiales para revelar potenciales dianas terapéuticas efectivas para el reposicionamiento de fármacos contra COVID-19. Como resultado, se escanearon 1.588 proteínas del sistema inmunológico en células del cuerpo humano con sobreexpresión de las proteínas ACE2 y TMPRSS2, encontrando 75 dianas terapéuticas sobreexpresadas en las células goblet de las fosas nasales, los pneumocitos tipo 2 de los pulmones, y los enterocitos del intestino. Posteriormente, se realizó una red de neuronas profundamente conectadas para predecir la actividad de 10.672 fármacos, obteniendo compuestos experimentales, compuestos bajo investigación y fármacos previamente aprobados. En conclusión, los fármacos propuestos en este estudio deben ser evaluados en ensayos clínicos para que puedan ser considerados en el tratamiento de síntomas severos de COVID-19.



## Efectos de la diabetes gestacional sobre la vasculatura placentaria

Stephany D. Villota<sup>1,2</sup>, Maria Toledo-Rodriguez<sup>2</sup>, Lopa Leach<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública "Dr. Leopoldo Izquieta Pérez" INSPI-LIP, Iquique N14285 y Yaguachi, Quito, Ecuador, Stephany.Villota.V@gmail.com

<sup>2</sup> School of Life Sciences, University of Nottingham, E Floor Medical School, Queens Medical Centre, Nottingham, NG7 2UH, UK, Maria.Toledo@nottingham.ac.uk / Lopa.Leach@nottingham.ac.uk

Ocludina es una proteína de unión estrecha que conforma la barrera endotelial. La diabetes gestacional (DGM) es una complicación asintomática del embarazo que se presenta a finales del segundo trimestre. Nuestro objetivo fue determinar el impacto genético y epigenético que la DGM genera en la barrera endotelial de la vasculatura placentaria humana. Muestras de tejido placentario de embarazos normales (n= 9), y con DGM que fueron tratados con dieta (n= 7) o metformina (n= 6). Expresión génica de Ocludina y microARNs fue determinada por qPCR, expresión proteica por Western Blot, y la localización de la proteína mediante microscopía de fluorescencia. Transfección en células endoteliales (HUVEC) ayudó a determinar el efecto de un microARN sobre la expresión de Ocludina y la estabilidad de la barrera endotelial. En muestras placentarias de DGM controladas por dieta, la expresión génica y proteica de Ocludina están reducidas ( $p<0.05$ ); existe una menor presencia de Ocludina en la vasculatura placentaria ( $p<0.01$ ). A nivel epigenético, hubo un incremento de expresión de *miR-181a-5p* ( $p<0.05$ ). Sobre-expresión de *miR-181a-5p* en HUVEC demostró una regulación negativa de la expresión génica de Ocludina ( $p<0.01$ ) y una pérdida de estabilidad de la barrera endotelial ( $p<0.0001$ ). Las muestras placentarias de DGM controladas por metformina no presentaron ningún cambio de expresión. A pesar de un buen control de los niveles de glucosa, el control de DMG con dieta pueden no ser suficientes para prevenir alteraciones en la expresión de Ocludina y afecciones a la integridad de la barrera endotelial en la vasculatura placentaria.



Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador

**SEB**  
Sociedad Ecuatoriana  
de Biología

# CHARLAS MAGISTRALES

**XLIV** JORNADAS  
NACIONALES DE  
BIOLOGÍA

## **Dinámica forestal en un bosque amazónico de Yasuní**

Renato Valencia

Laboratorio de Ecología de Plantas. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Av. 12 de octubre 1076 y Roca.

En una hectárea de bosque Amazónico en Yasuní se encuentran en promedio 670 especies de árboles y arbustos ( $dap \geq 1$  cm), de las que apenas 10% de especies tienen más de 20 individuos, mientras 25% de las especies tienen apenas un individuo por hectárea. Para estudiar la dinámica poblacional y los cambios en la funcionalidad de estos bosques es, por tanto, necesario parcelas de gran tamaño. En este estudio se investigaron los cambios poblacionales y funcionales en una parcela de 25 hectáreas en el Parque Nacional Yasuní. Estudios previos sugieren que el cambio climático está afectando la composición de especies y la estructura de los bosques amazónicos. Por ejemplo, se piensa que las especies de bosques secundarios podrían volverse más importantes con el calentamiento climático global. Igualmente se ha anticipado que los bosques experimentarán sequías más intensas y frecuentes. Si esto está ocurriendo en Yasuní, se esperaría detectar ciertos cambios consistentes con estas predicciones. Así, las especies menos tolerantes a la sequía deberían volverse más comunes en ambientes que tienden a mantenerse más húmedos, como los valles atravesados por pequeños riachuelos y menos comunes en ambientes menos húmedos como las partes altas de las colinas. En este estudio se probaron estas hipótesis la parcela de estudio que ha sido censada en cuatro ocasiones, entre 1995 y 2017, lo que permite ver los cambios del bosque en tres intervalos de tiempo de 5, 6 y 9 años (~22 años). A través del tiempo la proporción de especies con cambios poblacionales significativos creció de 26.2% a 42.1% a través del tiempo, siendo 10% mayor en las colinas que en los valles. Muy pocas especies tuvieron cambios poblacionales direccionales, ya sea aumentando o disminuyendo su población a lo largo en todos los intervalos de tiempo (4.8% en la colina y 1.7% en el valle). Cambios constantes y direccionales en los dos hábitats al mismo tiempo fue muy bajo (<1%). En cuanto a los cambios en la composición funcional expresada en las características estudiadas parece responder a cambios cíclicos del bosque quizá asociados con el clima, todavía no detectados en Yasuní (ejemplo: frecuencia de vientos, sequías). Los resultados sugieren que algunas especies de bosque secundario se están volviendo más importante, pero no que las especies se están incrementando su población en los valles húmedos.

## **Desenredando fuentes de conflicto en filogenómica.**

Diego F. Morales-Briones

Department of Plant and Microbial Biology, University of Minnesota-Twin Cities, 1445 Gortner Avenue, St. Paul, MN 55108, USA

La exploración de conflicto o discordancia entre los árboles de genes se ha vuelto común en la era de la filogenómica y es esencial para comprender los procesos fundamentales que dan forma al árbol de la vida. El conflicto se puede dar por procesos evolutivos como la separación incompleta de linajes o hibridación, así como por errores en el procesamiento de datos, inferencia de ortología, y estimación filogenética. Un método único para inferir árboles de especies que pueda identificar y modelar todas las fuentes de conflicto simultáneamente no está disponibles, pero al combinar múltiples métodos se puede separar las fuentes alternativas de conflicto. Aquí, usando un análisis filotranscriptómico en combinación con genomas de referencia, probamos la hipótesis de hibridación ancestral dentro de la familia de plantas *Amaranthaceae s.l.* Examinamos la discordancia utilizando métodos de coalescencia para inferir árboles y redes de especies, análisis de conflicto de árboles de genes, pruebas de topología, análisis de sintenia y simulaciones. Descubrimos que una combinación de procesos podría haber generado los altos niveles de conflicto detectado en *Amaranthaceae s.l.* Además, encontramos evidencia de que tres ramas internas cortas y consecutivas producen árboles anómalos que contribuyen a conflicto. Los resultados sugieren que *Amaranthaceae s.l.* podría ser producto de una antigua y rápida diversificación que permanece, y probablemente permanecerá, sin resolver.

## **Phylocode: Un sistema para nombrar a los seres vivos en base a su evolución**

Omar Torres-Carvajal

Museo de Zoología, Escuela de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Avenida 12 de Octubre 1076 y Roca, Quito, [lotorres@puce.edu.ec](mailto:lotorres@puce.edu.ec)

Con la publicación de *Systema Naturae* hace 285 años, Carlos Linneo marcó el punto de partida formal de la nomenclatura biológica moderna basada en rangos, tales como familia, orden y clase. A falta de otras evidencias, los organismos se clasificaban inicialmente en base a similitudes fenotípicas. Sin embargo, gracias a importantes avances conceptuales desde mediados del siglo XIX, así como avances tecnológicos desde finales del siglo pasado, surgió el concepto moderno del árbol de la vida: todos los seres vivos estamos relacionados evolutivamente gracias a que compartimos ancestros comunes. Todos formamos parte de uno o más clados de una misma filogenia. Por lo tanto, los clados y las especies son las entidades que conforman el árbol de la vida. El sistema de nomenclatura de Linneo no fue diseñado para nombrar clados y no es el más adecuado para la taxonomía moderna. Como respuesta a este problema, un grupo de científicos desarrolló un nuevo sistema de nomenclatura llamado Phylocode, que provee reglas para nombrar clados en base a referencias explícitas a la filogenia. El Phylocode es un sistema libre de rangos para dar nombres a los organismos en base a sus relaciones evolutivas.

## **La ciencia en el control y la prevención de las enfermedades desatendidas: los Triatominos y la Enfermedad de Chagas**

Anita G. Villacís

Centro de Investigación para la Salud en América Latina (CISeAL), Escuela de Biología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito. [agvillacis@puce.edu.ec](mailto:agvillacis@puce.edu.ec)

La importancia de estudiar a los insectos hematófagos de la subfamilia Triatominae (Hemiptera: Reduviidae), radica principalmente por ser transmisores del protozoario *Trypanosoma cruzi*, agente causal de la enfermedad de Chagas. Esta enfermedad afecta aproximadamente a 8 millones de personas en todo el mundo, en especial a América Latina. En Ecuador, 200.000 personas se encuentran infectadas con el parásito, y al menos 6,2 millones están en riesgo de infección. Se registran 16 especies de triatominos distribuidos en 18 de las 24 provincias, siendo los principales vectores *Rhodnius ecuadoriensis* y *Triatoma dimidiata*. Para que una especie sea considerada como un vector eficiente, debe: i) distribuirse ampliamente a lo largo de una provincia, país o región, ii) ser capaz de colonizar los hábitats domiciliarios y peridomiciliarios, iii) ser abundantes en el ambiente silvestre, iv) exhibir un tiempo de corto de desarrollo (de huevo a adulto), v) ser un excelente transmisor, es decir que defeque durante o después de haberse alimentado, y vi) que pueda transportar y transmitir el parásito *T. cruzi*. Estudios de morfometría y análisis moleculares, han contribuido a incrementar el conocimiento de la estructura genética de los triatominos y generar información valiosa que ayuda a establecer estrategias de control contra la enfermedad de Chagas. Mientras que las acciones educativas y la participación de los miembros de las comunidades en zonas vulnerables han permitido fomentar la concientización, la vigilancia comunitaria y la prevención de esta enfermedad en el país.

## **Descifrando la vulnerabilidad de las especies marinas ecuatoriales frente a la acidificación oceánica a través del ciclo de vida**

Patricia Castillo-Briceño

Grupo Bioma Ecuatorial y Acidificación Oceánica – EBIOAC, Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí – ULEAM. Manta, Ecuador. [pat.castillo.briceno@gmail.com](mailto:pat.castillo.briceno@gmail.com)

El océano es clave para el clima de la Tierra, capta y redistribuye el calor y el CO<sub>2</sub> de origen natural y antrópico. También da soporte a los ecosistemas y servicios que estos prestan; es fuente de alimento, agua y energía; entre otros elementos necesarios para los Objetivos del Desarrollo Sustentable. La acidificación del océano es un componente del cambio climático, que representa uno de los mayores desafíos para los organismos marinos, en especial para especies con estructuras calcáreas y ecosistemas bajo influencia de aguas de surgencia. Los estudios en este campo se enfocan sobretudo en especies de países de aguas templadas, con escasa información para especies ecuatoriales. En este contexto, el camarón blanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*) es un interesante modelo de estudio desde una perspectiva socio-ecológica y biológica. El ciclo de vida de esta especie nativa de Ecuador ocurre entre aguas oceánicas y estuarinas, lo cual implica una capacidad de adaptación fisiológica ante cambios en el balance de iones en el agua; factor que se espera sea relevante para capacidad de adaptación frente a condiciones de acidificación oceánica, y la vulnerabilidad de la especie según la fase del ciclo de vida.

## **Características epidemiológicas, sociodemográficas y clínicas de la fase inicial de la epidemia de COVID-19 en Ecuador**

Esteban Ortiz-Prado

One Health Research Group, Faculty of Medicine, Universidad de Las Américas (UDLA), Quito 170103, Ecuador.

El virus SARS-CoV-2 se ha propagado rápidamente por todo el mundo. Sin embargo, existe información limitada que describe las características y los resultados de los pacientes con COVID-19 en América Latina. Por tal razón, realizamos un análisis transversal de 9.468 casos confirmados de COVID-19 notificados en Ecuador. Calculamos la incidencia global, la mortalidad, las tasas de letalidad, los años de vida ajustados por discapacidad, las tasas de mortalidad bruta y de ataque, así como el riesgo relativo y las probabilidades relativas de muerte, ajustadas por edad, sexo y presencia de comorbilidades. Se incluyeron en el análisis un total de 9.468 casos positivos de COVID-19 y 474 muertes. Los hombres representaron el 55,4% (n = 5, 247) de los casos y las mujeres el 44,6% (n = 4, 221). Encontramos la presencia de comorbilidades, ser hombre y ser mayor de 65 años fueron determinantes importantes de la mortalidad. Las regiones costeras fueron las más afectadas por COVID-19, con mayores tasas de mortalidad en comparación a tierras altas. Se informó fatiga en el 53,2% de los pacientes, seguida de cefalea (43%), tos seca (41,7%), ageusia (37,1%) y anosmia (36,1%). Presentamos el primer análisis de la carga de COVID-19 en Ecuador. Nuestros hallazgos muestran que los hombres tienen un mayor riesgo de mortalidad por COVID-19 que las mujeres, y el riesgo aumenta con la edad y la presencia de comorbilidades. También encontramos que los trabajadores manuales y los desempleados tienen un mayor riesgo de morir. Estas primeras observaciones ofrecen información clínica para la comunidad médica, para ayudar a mejorar la atención al paciente y para que los funcionarios de salud pública fortalezcan la respuesta de Ecuador al brote.

## ÍNDICE DE AUTORES

Los números corresponden al número de página, este índice se encuentra en orden alfabético

Aguilera V.	37	Coral M.	32
Alcocer I.	15	Coral-Almeida M.	31
Almeida-Reinoso D.	10	D'Elía G.	27
Almeida-Reinoso F.	10	Debut A.	35
Álvarez-Suárez J.M.	17,18,20,35	DeRango E.	39
Amador L.	27	Domenech J.	46
Ambuludí E.	18,3	Endara M.A.	12
Armendáriz-Castillo I.	45,46	Espinel-Ortiz D.	22
Armijos-Jaramillo V.	44	Fierro P.	37
Astorga D.	23,24	Fisher M.	10
Ballesteros I.	17,18,35	Fukushima E.O.	33
Baquero L.	28	Galán Soldevilla C.	9
Barba-Ostria C.	48	García Mozo H.	9
Barraza-Mendez J.	38	García-Cárdenas J.	46
Bastidas-Caldes C.	32,30,31,33,45	García-Medina I.	40
Batallas-Molina R.	41	Gómez A. M.	48
Bautista J.	48	Gonzalez M. F	16
Becilla I.	41	Granda G.	30
Benítez A.	24	Granizo-Martínez A.	48
Blanco J.	19	Guerrero S.	46
Blasco A.	15	Guevara Capelo D.	17
Borja-Borja E.	8	Guevara-Ramirez P.	46
Bosque E.	39	Hickerson M.	27
Boza Espinoza T.	26	Hidalgo P.	37
Brito J.	9	Indacochea A.	47
Bullón P.	17	Jehle R.	10
Burneo S.	9	Jervis P.	10
Cabrera M.	11	Kalaidzidis Y.	34
Cabrera-Andrade A.	48	Karlsdóttir B.	10
Calvache K.N.	22	Kessler M.	26
Calvopiña M.	32,33	Krauth K.	39
Camacho A.	23	Kuonqui A.	39
Campaña N.	32	Kyriakidis N. C.	48
Cantos J.	30	Lara E.	44
Cañarte-Bermudez E.	8	Leach L.	49
Carrión C.	23	Leaché A.	27
Castillo-Briceño P.	51	Ledesma Y.	30
Castro D.	40	León Cáceres Á.	48
Centeno F.	19	Leone P.	34
Cerna M.	38	Liria J.	25
Cerna-Cevallos M.	28	López K.	24
Cevallos-Robalino D.	48	López-Cortés A.	46
Clavijo K.	23	Lundell T.	15
Cobo R.	37	Maldonado M.	11
Coello D.	20	Mali T.	15

Manzano A. B.	23	Romoleroux K.	22,26
Marcos R.	46	Ron S.	10
Méndez M.Á.	44	Ruiz T.	19
Merino-Viteri A.	10	Runruil G.	46
Mites Cadena M.J.	9	Ruz P.	37
Mogrovejo A.	28	Salgado A.	8
Montaluisa B.	16	Salgado S.	31,45
Morales D.	19	Salvarría E.	41
Morales-Briones D.	52	Sánchez V.	38
Morales-Navarrete H.	34	Santamaría J.	44
Moreno S.	48	Schwarz J.	39
Munteanu C.R.	48	Segovia-Miranda F.	34
Muñoz-Conforme X.	8	Segura E.	11
Navarrete-Cedeño B.	8	Simbaña-Rivera K.	48
Navarro-Campoy A.	38	Tamayo D.	32
Oña E.P.	9, 54	Tejera E.	48
Oña-Sierra S.	33	Tierres J.	11
Ortiz-Prado E.	48	Toledo-Rodríguez M.	49
Páez J.	41	Torres-Carvajal O.	52
Palomeque M.	12	Torres-Yaguana J.P.	46
Pasquel D.	24	Troccoli L.	41
Paz-Miño C.	43	Valencia R.	51
Pérez-Castillo Y.	48	Vaca I.	18
Pérez-M G.	48	Varela N.	48
Pérez-Villa A.	46	Vasco D.	30
Pibaque P.	39	Vega S.	13
Piedrahita P.	11,12	Vela D.	43
Poveda A.	44	Vela L.	46
Proaño Y.	28	Veloz E.	15
Proaño S.	35	Vera G.	31
Proaño-Castro C.	48	Vera-Coello D.	8
Puig San Andrés L.	48	Victoriano P.	27
Quesada J.	13	Villacís A.	53
Quilachamin T.	30	Villacis M. J.	31,45
Quinchuela C.	18	Villacrés I.	20,32,33
Quiñones L. A.	48	Villacrés-Granda I.	17,18,35
Quitana C.	40	Villarreal A.	9
Ramón A.	12	Villota S.	49
Rivadeneira-Valenzuela M.	38	Viteri-Dávila C.	15
Rivas R.	11	Vizhñay J.	11
Rivera M.	15	Vizuite K.	35
Rivilla C.	44	Yumiceba V.	46
Rodríguez J.	12	Zambrano R.	37
Rodríguez-Riglos M.	15	Zambrano A.	46
Rojas E.	16	Zambrano-Cevallos R.	9
Romero F.	33	Zerial M.	34
Romero-Saltos H.	24		