



ARCHIVOS ACADÉMICOS USFQ



MEMORIAS

2do CONGRESO DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y AMBIENTALES

Archivos Académicos USFQ

Número 26

Memorias 2do Congreso de Ciencias Biológicas y Ambientales 2019

Editor:

Eduardo David Valencia G.¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Comité Editorial:

Verónica Barragán,¹ Esteban Suárez,¹ Eduardo David Valencia G.¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Expositores:

Juan Campaña, Pedro Martinez, Stefanie Proaño, Pacarina Asadobay, Josue Picho, Camila Gallardo, Xavier Chavarria, Raquel Chinchin, Stephany Guzman, Sebastian Ramos, Gabriela Zambrano, Lizeth Estévez, Cynthia Gordon, Melanie Valente, Andrés Suarez, Laura Rosado, Ligia Luna, Teresa Guerrero, Liseth Salinas.

Expositores de poster:

Karol Molina, Erika Villacreses, María Gonzalez, Andrea Alvarez, Adrian Robalino.

USFQ PRESS

Universidad San Francisco de Quito USFQ
Campus Cumbayá USFQ, Quito 170901, Ecuador
Febrero 2020, Quito, Ecuador

ISBN: 978-9978-68-156-5

Catalogación en la fuente. Biblioteca Universidad San Francisco de Quito

Congreso de Ciencias Biológicas y Ambientales (2° : 2019 : Quito, Ecuador)
Memorias 2do Congreso de Ciencias Biológicas y Ambientales 2019 / editor, Eduardo David Valencia G. ; expositores, Juan Campaña ... [y otros]. – Quito : USFQ Press, 2020.
p. cm. ; (Archivos Académicos USFQ, ISSN: 2528-7753 ; no. 26 (feb. 2020))

ISBN: 978-9978-68-156-5

1. Universidad San Francisco de Quito. Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales – Congresos, conferencias, etc. – I. Valencia Gonzaga, Eduardo David, ed. – II. Campaña, Juan, exp. – III. Título. – IV. Serie monográfica

CLC: QH 301 .C66 2020
CDD: 570.5

OBI-086



Esta obra es publicada bajo una [Licencia Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0 Internacional \(CC BY-NC 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

Citación recomendada de toda la obra: Valencia, E. (Ed.) (2019) Memorias del 2do Congreso de Ciencias Biológicas y Ambientales 2019. Archivos Académicos USFQ, 26, 1–32.

Citación recomendada de un resumen: Villacreses, E. Terán, M. Pozo, MJ. y Torres, ML (2019) Optimización de marcadores moleculares para estudiar la filogenética de *Gonatodes caudiscutatus*, una especie interesante de gekos del Ecuador. Archivos Académicos USFQ, 26, pp. 29.

Archivos Académicos USFQ

ISSN: 2528-7753

Editora de la Serie: Andrea Naranjo

Archivos Académicos USFQ es una serie monográfica multidisciplinaria dedicada a la publicación de actas y memorias de reuniones y eventos académicos. Cada número de *Archivos Académicos USFQ* es procesado por su propio comité editorial (formado por los editores generales y asociados), en coordinación con la editora de la serie. La periodicidad de la serie es ocasional y es publicada por USFQ PRESS, el departamento editorial de la Universidad San Francisco de Quito USFQ.

Más información sobre la serie monográfica *Archivos Académicos USFQ*:
<https://revistas.usfq.edu.ec/index.php/archivosacademicos/about>

Contacto:

Universidad San Francisco de Quito, USFQ
Att. Andrea Naranjo | Archivos Académicos USFQ
Calle Diego de Robles y Vía Interoceánica
Casilla Postal: 17-1200-841
Quito 170901, Ecuador

Organizaciones Auspiciantes:

Universidad San Francisco de Quito USFQ
Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA



Memorias 2do Congreso de Ciencias Biológicas y Ambientales 2019

Eduardo David Valencia G.
Editor



Tabla Contenido

Alta conectividad de tres especies de quitones con variable intensidad de extracción en Ecuador continental e insular.....	7
Historia evolutiva del ave no voladora más elusiva de las islas Galápagos: origen y filogeografía de <i>Laterallus spilonotus</i>	8
¿Qué efecto tiene la infección por <i>Helicobacter pylori</i> en el microbioma duodenal?.....	9
¿Cómo cuantificar la biomasa aérea y el stock de carbono en un Valle Seco Interandino de Pichincha?.....	10
Nueva enfermedad afecta a los cultivos de frutilla ¿el culpable ? Un hongo patógeno: <i>Neopestalotiopsis saprophytica</i>	11
El cerdo en zonas rurales, ¿un reservorio importante de leptospirosis?	12
Midiendo el estrés en leoncillos <i>Cebuella pygmaea</i>	13
Análisis del crecimiento de <i>Pistia stratiotes</i> en tres lagunas amazónicas en el sistema del Rio Napo, Ecuador.....	14
El Cedro: especie maderable muy cotizada, altamente amenazada y poco estudiada en Ecuador	15
Jóvenes Kichwas y la biodiversidad del Parque Nacional Yasuní: Conocimientos y actitudes	16
6 especies de geckos en una isla icónica ¿Cómo viven las especies endémicas e introducidas?	17
¡Leoncillos desaparecidos!... ¿debido a parásitos?	18
¿Cuántos perros abandonados hay en las calles de la Mitad del Mundo?	19
Una manera diferente de combatir <i>Salmonella</i> en aves de corral	20
Malaria en un ave andina: factores relacionados a la prevalencia y parasitemia.....	21
Maduración gonádica continua del quitón <i>Radsia goodallii</i> , en la Isla San Cristóbal, Galápagos.....	22
Filogeografía de <i>Eutoxeres aquila</i> en Ecuador	23
Relación clonal entre cepas de <i>E. coli</i> comensales aisladas de niños y animales domésticos.....	24
Eres lo que comes: Comportamiento alimenticio del Chichico del Napo	25
Huellas urbanas: el problema invisible de Quito	26
Optimización de marcadores moleculares para estudiar la filogenética de <i>Gonatodes caudiscutatus</i> , una especie interesante de geckos del Ecuador.....	27
Estudio de la adaptación de la mora silvestre (<i>Rubus niveus</i>) en las islas Galápagos y el continente.....	28
Selección de variedades de papa resistentes al cambio climático en la era de la genómica....	29
Supervivencia de espermatozoides en tejido testicular de borregos jóvenes luego de ser sometidos a bajas temperaturas.....	30

Congreso COCIBA 2019

El segundo Congreso de Ciencias Biológicas y Ambientales (COCIBA) se desarrolló el viernes 29 de noviembre de 2019, en el campus de la Universidad San Francisco de Quito. Fue un congreso científico en el que los estudiantes del Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales de la Universidad San Francisco de Quito (USFQ), presentaron los resultados de sus proyectos de investigación de fin de carrera a la comunidad universitaria y al público en general.

En esta segunda versión del congreso, tuvimos 19 conferencias presenciales y 5 presentaciones de posters. Adicionalmente el congreso contó con dos charlas magistrales de investigadores del COCIBA, Carlos Valle y Pedro aponte y la colaboración de varios profesores del COCIBA quienes moderaron las presentaciones.

El congreso se llevó a cabo gracias al apoyo del COCIBA, un grupo de estudiantes voluntarios, el Departamento de sistemas, el Instituto de Microbiología de la USFQ, el Instituto Biosfera, y el equipo de Planta Física de la universidad. Además, durante la clase de titulación contamos con el apoyo de la Biblioteca de la USFQ y varios profesores del COCIBA que apoyaron con sus conocimiento y retroalimentación a los estudiantes que presentaron sus proyectos finales.

En este volumen, recogemos los resúmenes de los trabajos que se presentaron en el Congreso, como un esfuerzo para visibilizar y difundir el trabajo de investigación colaborativa que se realiza en las carreras del Colegio de ciencias Biológicas y Ambientales de la USFQ.

Finalmente, agradecemos a Liliana Moncayo quien brindo su apoyo en la logística del evento, y a nuestros voluntarios, que apoyaron con el desarrollo del evento.

Alta conectividad de tres especies de quitones con variable intensidad de extracción en Ecuador continental e insular

Cynthia Gordon¹, Darío Cueva², Sarah Griffiths³, Jaime Chaves¹, Richard Preziosi³, Margarita Brandt¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Galápagos Science Center

²Ciudadela Entre Ríos, Mz L1 V10 PA, Samborondón, Guayas

³Manchester Metropolitan University, School of Science and the Environment

Resumen

Los quitones son invertebrados marinos de la clase Polyplacophora, presentes en todos los océanos del mundo. En el Archipiélago de Galápagos se han reportado 19 especies, de las cuales *Radsia goodallii* y *Radsia sulcatus* son endémicas y capturadas por pescadores artesanales por su gran tamaño. Por otro lado, en Ecuador continental, se ha reportado cinco especies, de las cuales *Chiton stokesii* es la más abundante; sin embargo, no existe evidencia de su explotación. En el presente estudio se analizó la diversidad y estructura genética de estas tres especies de quitones mediante el uso de marcadores moleculares microsatélites. Treinta y cinco marcadores fueron diseñados específicamente para *R. goodallii* utilizando información de su genoma mediante secuenciación en la plataforma Illumina. Luego de descartar los menos informativos, 21 fueron transferidos a las otras dos especies, marcados con fluoróforos y evaluados en 142 individuos de las tres especies a lo largo de 12 localidades; de 12-13 marcadores funcionaron para los análisis genéticos. Reflejados a través de la heterocigosidad, los análisis de diversidad genética mostraron niveles moderados (0.25-0.62), tanto para las especies explotadas (*R. goodallii*, *R. sulcatus*), como para *C. stokesii*; se detectó una sutil diferencia entre la heterocigosidad esperada con la observada, con valores más altos en la primera en todas las localidades (a excepción de Machalilla para *C. stokesii*). Por otro lado, se encontró poca estructura genética para las tres especies, con la excepción de *R. goodallii* para la localidad de Caamaño en Santa Cruz, en donde la mayoría de sus individuos mostraron admixture. Para ninguna de las tres especies de quitones los análisis de migración mostraron un patrón definido de flujo génico relacionado a las corrientes marinas o a la ubicación geográfica. Tomados en conjunto, estos resultados sugieren una alta conectividad entre todas las localidades, la cual es crucial, especialmente para especies que son explotadas por el ser humano.

Palabras clave: *canchalaguas, diversidad genética, microsatélites, pesca artesanal, estructura genética, conectividad, Ecuador.*

Historia evolutiva del ave no voladora más elusiva de las islas Galápagos: origen y filogeografía de *Laterallus spilonotus*

Pedro Martínez¹, Jaime Chaves¹

¹Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Laboratorio de Biología Evolutiva USFQ. Quito, Ecuador

Resumen

Los rálidos no voladores que habitan archipiélagos e islas son de gran interés a nivel evolutivo y ecológico, pues llama la atención conocer los procesos evolutivos que los llevaron a ocupar estos nichos de forma tan efectiva al poseer una pobre capacidad de dispersión. La polluela de Galápagos (*Laterallus spilonotus*) es un buen ejemplo de esto, pues es la única ave no voladora terrestre endémica de Galápagos distribuida en 7 islas del archipiélago. Actualmente, su presencia se ha reducido a las zonas altas y húmedas de ciertas islas lo que ha dificultado ampliar el conocimiento sobre su ecología, así como el estado actual de sus poblaciones (genética de poblaciones y censos) o sus relaciones filogenéticas y origen en relación con otras especies del género distribuidas en el continente y en otras islas. Esta información es vital para poder determinar su estado real de conservación en las islas y tomar medidas en el futuro para garantizar su preservación. Este estudio presenta por primera vez, datos genéticos que contribuyen a llenar algunos de estos vacíos. En base a información obtenida de marcadores mitocondriales (CytB – ND2) y nucleares (RAG-1) se determinó que las poblaciones de *L. spilonotus* poseen una baja diversidad haplotípica (3 haplotipos: CytB; 5 haplotipos: ND2; 2 haplotipos: RAG-1) en cuatro islas muestreadas. Por otro lado, el secuenciamiento del genoma mitocondrial obtenido por secuenciamiento de segunda generación (Next Generation Sequencing-NGS) sugiere que la especie hermana a *L. spilonotus* es *L. jamaicensis* del continente, las cuales se cree, divergieron hace aproximadamente 5 millones de años según el análisis Bayesiano basado en calibraciones fósiles de Rallidae y Gruiformes. Se sugiere que los datos presentados por este estudio, aparte de aclarar las relaciones filogenéticas de esta especie dentro de los rálidos, también puede ser usada como línea base para el desarrollo de programas de conservación que busquen incrementar la diversidad genética de *L. spilonotus* en las islas Galápagos.

Palabras clave: *L. spilonotus*; Galápagos, mitogenoma, filogenia, conservación, aves, Rallidae.

Exposiciones Orales

¿Qué efecto tiene la infección por *Helicobacter pylori* en el microbioma duodenal?

Andrés Eduardo Suárez Jaramillo¹, María Belén Prado Vivar¹, Marco Vinicio Fornasini Salvador², Henry Cohen Engelman³, Nancy Jeanneth Flores Lastra², Iván Rodrigo Salvador Chiriboga², Oswaldo Cargua Gracia², José Luis Realpe Aguirre², Manuel Eduardo Baldeón Tixe², Paúl Andrés Cárdenas Aldaz¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología. Quito, Ecuador

²Universidad Tecnológica Equinoccial UTE, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Centro de Investigación Biomédica. Quito, Ecuador

³Universidad de la República Uruguay UDELAR, Facultad de Medicina. Montevideo, Uruguay

Resumen

La infección por *H. pylori* está presente en el 44.3% de la población mundial. Sin embargo, 10 a 15% de los infectados desarrollan enfermedad. El desarrollo o no de patología depende de cómo *H. pylori* interactúa con el sistema inmune, los factores de virulencia y los cambios en el microbioma. No se conocen todos los detalles de cómo *H. pylori* modifica el microbioma duodenal. Por lo tanto, este estudio tuvo como objetivo analizar el microbioma duodenal (bacteriano y fúngico) de pacientes ecuatorianos infectados y no infectados por *H. pylori*. Para esto se secuenció el gen 16s rRNA (región V4) y la región ITS con Illumina Miseq. El análisis bioinformático se realizó con Qiime2 y MicrobiomeAnalyst. Se efectuó un análisis de abundancia diferencial con GNEISS, para determinar que taxones bacterianos fueron más abundantes en los positivos o negativos para infección por *H. pylori*. Se encontró que el género *Ralstonia* fue más abundante en los negativos para infección por *H. pylori*. *Ralstonia* está asociada a infecciones oportunistas, cáncer gástrico, obesidad e intolerancia a la glucosa. El hecho de que un potencial patógeno como *Ralstonia* aumente su abundancia en los no infectados sugiere que no necesariamente todas las interacciones de *H. pylori* con el microbioma dan un resultado perjudicial para la salud. *Haemophilus*, *Neisseria*, *Prevotella pallens*, *Prevotella 7*, *Streptococcus* y una bacteria (filo no definido) fueron más abundantes en los positivos para infección por *H. pylori*. Los géneros/especies más abundantes en los infectados pueden ser asociados con patologías como ulcera péptica, enfermedad hepatobiliar y riesgo cardiovascular. Con PICRUSt2 y DESeq2 se identificaron genes que probablemente se expresan más en los positivos para infección por *H. pylori*. Entre los genes encontrados, los más importantes fueron: *comB4*, *comB8*, *comB9*, tiamina difosfoquinasa, GMP-reductasa, fosfolipasas (A1 y A2) y asparaginasas. Todos estos genes están asociados con virulencia o adaptación bacteriana. Finalmente, se realizó una descripción del micobioma (hongos). Los taxones fúngicos identificados fueron Fungi (filo no definido), *Recurvomyces*, *Ascomycota* y *Xenoacremonium falcatum*. La descripción de estos hongos es importante debido a que no existen estudios previos sobre el micobioma duodenal.

Palabras clave: *Helicobacter pylori*, microbioma duodenal, micobioma duodenal.

¿Cómo cuantificar la biomasa aérea y el stock de carbono en un Valle Seco Interandino de Pichincha?

Gabriela Dayana Zambrano Torres¹, Fátima Lorena Benítez Ramirez¹ y , Gonzalo Francisco Rivas-Torres¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Resumen

Para poder mejorar los esfuerzos de conservación en los bosques tropicales del planeta, es importante generar información base que detalle cuál es la cantidad de biomasa y carbono que estos captan. Esto es aún más relevante para bosques tropicales remanentes, altamente amenazados y poco conocidos en su ecología, como es el caso de los Bosques de Valle Seco Interandino (BVSI). Por ello, la presente investigación buscó cuantificar la biomasa aérea y el stock de carbono en un último remanente de este tipo de Bosque para el Ecuador, mediante el establecimiento de transectos de 50 x 2 m. Después de establecer en total 20 transectos de este tipo, (5 por cuatro tipos de cobertura identificados en este Bosque), se midieron todos los individuos ≥ 2 cm de DAP o en la base, y una altura $\geq 1,30$ cm, y se calculó el porcentaje de cobertura de cada arbusto y la altura y DAP de cada individuo registrado en las unidades de muestreo. Una vez obtenidas estas medidas, se empleó una variación de las ecuaciones alométricas existentes para estas especies, para obtener la biomasa de cada individuo y cada transecto. Paralelamente, usando una imagen satelital Sentinel 2, se correlacionaron (mediante el algoritmo MaxEnt), variables obtenidas a partir de esta fotografía con la densidad de la vegetación, para así estimar un valor de biomasa que fue validado y contrastado con los valores obtenidos en campo. Este estudio permitió estimar que el total de carbono y biomasa es superior en el área denominada como “zona de restauración natural” analizada en este Bosque, con 71,88 toneladas de biomasa y 35,94 toneladas de carbono en 25,18 ha, mientras que la zona de “restauración nueva” (4,47 ha) presentó los valores más bajos de biomasa y carbono, con 46,06 y 23,03 toneladas respectivamente. En general se calculó que la vegetación de este Bosque presenta un stock de carbono de aproximadamente 2408 toneladas, cifra cercana a las 2294 toneladas registradas por la metodología de imagen satelital. Este estudio además de contrastar dos metodologías de utilidad, generó información fundamental para un Bosque amenazado y de gran importancia en el Ecuador.

Palabras clave: *biomasa aérea, stock de carbono, transectos, ecuaciones alométricas, imagen satelital, Valle Seco Interandino.*

Exposiciones Orales

Nueva enfermedad afecta a los cultivos de frutilla ¿el culpable ? Un hongo patógeno: *Neopestalotiopsis saprophytica*.

Juan Campaña¹, Noelia Barriga¹, Dario Ramirez¹, León-Reyes Antonio¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias e Ingeniería, Laboratorio de Biotecnología Agrícola USFQ. Quito, Ecuador

Resumen

Fragaria sp. Es una fruta muy apetecida por su sabor, beneficios organolépticos y funcionales. En el Ecuador, al cultivarla en sistemas agrícolas intensivos, los patógenos de suelo merman la producción de un 50 a 70%. En un estudio de microbioma mediante “Next Generation Sequencing” usando el marcador ITS, se observó que el hongo *Pestalotiopsis sp.* estuvo presente con mayor abundancia en plantas enfermas que en plantas sanas, y en relación con los demás hongos. Mediante revisión de literatura se encontraron reportes que indican que *Pestalotiopsis sp.* está relacionado con la aparición de una enfermedad que disminuye el ciclo de vida comercial de la planta, obteniendo sintomatologías similares a la encontradas en Ecuador: tejidos necrosados con manchas cafés en el cuello de la planta que coloniza raíces y además provoca el marchitamiento del follaje con tonalidades de color morado. En la investigación, a partir de 15 muestras de cuello de la frutilla, hongos similares a *Pestalotiopsis sp.* fueron aislados en medios de cultivo “Potato Dextrose Agar” (PDA). Posteriormente, se identificó morfológicamente mediante la descripción macroscópica y microscópica de conidias; se obtuvieron cultivos con micelio blanco y algodonoso, y al reverso amarillo y con acervulos negros distribuidos en círculos concéntricos. Los conidios fueron elipsoidales, multiseptados y con promedio de 25,03 μm . Se presentaron 3 apéndices superiores y 1 inferior, con un promedio de 26,55 μm . Mediante el uso de técnicas moleculares, se pudo caracterizar al hongo mediante la amplificación por PCR de las regiones “Internal Transcribed Spacer” (ITS) y “partial β -tubulin” (TUB), obteniendo secuencias con las cuales se pudo corroborar que se trataba de *Pestalotiopsis sp.* o *Neopestalotiopsis sp.* en el software “BLAST” del NCBI. Luego se usaron las secuencias para realizar el análisis filogenético alineándolas con MEGA y haciendo uso del software “Beast” y “Figtree” con las secuencias descritas de Maharachchikumbura et al, 2014. Mediante la realización del árbol concatenado con inferencia bayesiana de modelo GTR+G+I se determinó que el hongo patógeno de la frutilla de Ecuador es *Neopestalotiopsis saprophytica*. Ya con la identificación del patógeno, es posible elaborar planes futuros de manejo y control para reducir el uso de fungicidas y pesticidas de forma indiscriminada, evitando daños al ambiente y salud.

Palabras clave: *Fragaria sp.*, *Pestalotiopsis sp.*, *Neopestalotiopsis sp.*, microbioma, PCR, ITS, TUB, Blast, análisis filogenético.

Exposiciones Orales

El cerdo en zonas rurales, ¿un reservorio importante de leptospirosis?

Ligia Elizabeth Luna Jarrín¹, Eduardo Alfonso Díaz Alcazar² María Patricia Zambrano Gavilanes³, Talima Ross Pearson⁴, Verónica Alexandra Barragán Terán¹

¹Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología

²Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias de la Salud, Escuela de Medicina Veterinaria

³Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí

⁴Pathogen and Microbiome Institute, Northern Arizona University

Resumen

Históricamente la relación entre el hombre y los cerdos se ha descrito como muy cercana, lo que todavía se observa en zonas rurales donde son una parte integral de la comunidad. En países en vías de desarrollo la mitad de la producción de cerdos es tradicional, crianza que se lleva a cabo en el patio de casas (traspatio). Para las familias, la producción de cerdos de traspatio es más que una fuente de alimentación, es una fuente de ingresos económicos. Sin embargo, la falta de protocolos sanitarios podría representar un factor de riesgo para la transmisión de enfermedades como leptospirosis. Nuestro estudio se desarrolla en Manabí, provincia con alta incidencia de leptospirosis, donde la crianza de cerdos en traspacios es común en zonas rurales. Nuestro objetivo es entender el rol del cerdo en la transmisión de leptospirosis. Para esto, seleccionamos a Rocafuerte, zona con alta influencia agrícola y producción animal. Primero, identificamos la positividad de *Leptospira* en cerdos, colectando en el matadero riñones de cerdos de traspatio identificados según criterios de inclusión (capas oscuras, pelo largo, cola completa y machos enteros, entre otros). Se realizó qPCR para amplificar el gen *lipL32* (detección de *Leptospira* patógena) confirmando positividad en el 24% (41/171) de los cerdos. Estos resultados nos permitieron seleccionar 3 comunas y en cada comuna se seleccionó por conveniencia a dos casas, en las que se determinó la positividad de *Leptospira* en cerdos, ratas y suelos de espacios peridomésticos. Todas las casas seleccionadas contenían cerdos como animal predominante (entre 5 y 15) y sólo una casa tenía vacas. Los resultados obtenidos demuestran una alta positividad en los cerdos (25%, n=40) y ratas (100%, n=9) de las comunas seleccionadas. También se detectó *Leptospira* patógena en 4 de 105 de muestras de suelos colectados en espacios peridomésticos. Nuestros resultados sugieren que la cercanía del cerdo con el humano, y la presencia de ratas en zonas rurales, podrían ser factores de riesgo importantes para leptospirosis humana.

Palabras clave: *Leptospira*, rural, cerdos, ratas, traspatio, *lipL32*.

Exposiciones Orales

Midiendo el estrés en leoncillos *Cebuella pygmaea*

Lizeth Estévez¹, Stella de la Torre¹

¹Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales.
Quito, Ecuador

Resumen

El leoncillo es un primate altamente susceptible a cambios ambientales por su especificidad de hábitat y alimento. Las alteraciones en su ambiente generan estrés. Dados los potenciales efectos negativos que esta respuesta fisiológica tiene sobre la reproducción y el desarrollo de los individuos, en nuestro estudio evaluamos un método no invasivo para estimar el estrés utilizando como indicador la tasa de llamadas de alarma, un tipo de vocalización que los leoncillos emiten al detectar una amenaza. Entre junio y agosto de 2019, estudiamos dos grupos de leoncillos en hábitats diferentemente afectados por actividades humanas, la Reserva Privada Sacha Lodge y la comunidad Secoya de Sehuaya. Utilizamos muestreos focales de todos los individuos de cada grupo a diferentes horas del día para registrar el número de llamadas de alarma, así como la duración del comportamiento de vigilia. Registramos también el número de llamadas de alarma emitidas por hora por todo el grupo. Comparamos las tasas normalizadas de llamadas de alarma entre grupos, clases de edad y hora del día, así como las proporciones normalizadas del tiempo de vigilancia con ANOVAs multifactoriales. Realizamos también una correlación entre la proporción de tiempo de vigilia y la tasa de llamados de alarma. No encontramos diferencias significativas en la tasa de llamadas de alarma entre grupos ni clases de edad, pero sí entre horas del día, las tasas más altas de llamadas de alarma se registraron al medio día. La correlación entre la proporción del tiempo de vigilancia y la tasa de llamadas de alarma fue positiva, relativamente alta y significativa, sugiriendo que la tasa de llamadas de alarma podría ser usada como un indicador del nivel de estrés si los leoncillos que están más estresados pasan más tiempo vigilantes. Esto debe ser confirmado con futuras mediciones de cortisol fecal en estos dos grupos. Permiso de investigación 016-19 IC-FAU-DNB/MA para Stella de la Torre.

Palabras clave: *estrés, llamadas de alarma, leoncillos, Amazonía, Callitrichidae*

Exposiciones Orales

Análisis del crecimiento de *Pistia stratiotes* en tres lagunas amazónicas en el sistema del Rio Napo, Ecuador

Melanie Valente¹, Andrea Encalada^{1,2,4}, David Romo Vallejo^{1,5}, Valeria Ochoa Herrera², Andrea Tapia², Claudia Serrano², Javier Chamba⁶

¹Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales

²Universidad San Francisco de Quito, Laboratorio de Ecología Acuática USFQ. Quito, Ecuador

³Universidad San Francisco de Quito, Laboratorio de Ingeniería Ambiental USFQ. Quito, Ecuador

⁴Department of Geography, University of North Carolina, Chapel Hill, NC

⁵Universidad San Francisco de Quito, Estación de Biodiversidad Tiputini USFQ. Quito, Ecuador

⁶Ministerio del Ambiente del Ecuador MAE

Resumen

El objetivo del presente estudio fue determinar el crecimiento de *Pistia stratiotes* en tres lagunas amazónicas de aguas negras Cariyuturi, Añangucocha y Yanacocha ubicadas en la cuenca del río Napo. *Pistia stratiotes* o lechuga de agua es una planta acuática, nativa de Sudamérica y se encuentra presente en casi todas las cuencas tropicales y subtropicales. Es capaz de colonizar rápidamente sistemas lénticos debido a su capacidad de adaptación en ecosistemas alterados y a su reproducción rápida por semilla y reproducción vegetativa, es decir, mediante plantas hijas. Con esta propagación llegan a cubrir la superficie de lagos, estanques o humedales. Las plantas fueron estudiadas en su hábitat natural, para ello se colocaron 12 cuadrantes de PVC de 1m x1m dentro de cada laguna y por 2 meses se monitorio su crecimiento mediante fotografías. Se encontró que la mayor tasa de crecimiento ocurrió en las plantas de la laguna Añangucocha con (3,7985 g/m²/día), mientras que en Cariyuturi el crecimiento fue de (2,7945 g/m²/día), y Yanacocha no presentó crecimiento de lechuga de agua. Los resultados muestran que *Pistia stratiotes* se desarrolla bien en los hábitats que cuentan con factores ambientales óptimos para su crecimiento. En Añangucocha el agua tuvo mayor cantidad de nitratos, fosfatos y mayor temperatura que son los factores ambientales que permitieron un mayor crecimiento de lechuga de agua en esta laguna.

Palabras clave: *Pistia stratiotes*, nativa, planta acuática, lagunas amazónicas.

Exposiciones Orales

El Cedro: especie maderable muy cotizada, altamente amenazada y poco estudiada en Ecuador

Pacarina Elizabeth Asadobay Vintimilla¹, Walter Armando Palacios Cuenca², Janeth Patricia Santiana Cepeda², Juan Enrique Iglesias García², Karla Estefanía Rojas López³, María Paula Erazo García³, Diego Oswaldo Urquía Buenaño³, María de Lourdes Torres Proaño³ y Gonzalo Francisco Rivas-Torres¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

²Ministerio del Ambiente de Ecuador MAE. Quito, Ecuador.

³Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Laboratorio de Biotecnología Vegetal USFQ. Quito, Ecuador.

Resumen

Cedrela odorata L. (Meliaceae), es un árbol caducifolio nativo de América tropical, presente en pastizales y bosques, y con un rango altitudinal de 0 a 800 m.s.n.m. En Ecuador es conocido por ser un árbol maderable y de gran importancia económica. Por ello, la tala indiscriminada para obtener su madera representa la principal amenaza para la conservación de la especie, catalogada como vulnerable y CITES. El objetivo del presente estudio fue determinar la diversidad genética y estructura poblacional de *C. odorata* en el Ecuador continental –donde no existe esta información–, además de proveer datos para tomar medidas de manejo enfocadas a la conservación de la especie. Para cumplir este objetivo, se colectaron hojas de 33 individuos de 7 provincias de las 3 regiones del Ecuador continental para, posteriormente, extraer su ADN usando un protocolo para muestras recalcitrantes con el fin de amplificar 9 regiones microsatélites. Se identificaron un total de 99 alelos, con un promedio de 11 alelos por locus. La heterocigosidad global esperada alcanzó un valor de 0.814, lo que se considera una diversidad genética alta. La heterocigosidad esperada para la región Costa fue de 0.567, para la Sierra de 0.351 y para la Amazonía de 0.731. El índice F_{st} tuvo valores de 0.125 entre Costa y Amazonía, 0.211 entre Sierra y Amazonía y 0.348 entre Costa y Sierra, indicando que la Costa y la Amazonía son las regiones que potencialmente mantienen más flujo génico, mientras que la Sierra se presenta como un grupo más separado de los anteriores. Asimismo, (según un análisis STRUCTURE) se encontró una estructura poblacional definida para las 3 regiones en estudio ($K=2$): dos linajes se desprenden de esta estructura poblacional, uno que agrupa la Costa y la Amazonía y otro para la Sierra. En conclusión, *C. odorata* posee una alta diversidad genética global; los grupos de la Costa y Amazonía están más relacionadas genéticamente entre sí, mientras que la Sierra se muestra como un grupo separado. Debido a la distinta diversidad y conectividad genética encontrada en cada región analizada, se recomienda llevar a cabo medidas de manejo diferenciadas para cada una de ellas.

Palabras clave: *Cedrela odorata*, cedro, Ecuador, microsatélites, diversidad genética, estructura poblacional.

Exposiciones Orales

Jóvenes Kichwas y la biodiversidad del Parque Nacional Yasuní: Conocimientos y actitudes

Raquel Elizabeth Chinchin Talavera¹, David Romo¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Resumen

El presente estudio investiga el conocimiento y las actitudes de estudiantes de bachillerato entre 15 y 21 años, de la Comunidad del Edén, ubicada en la Reserva de Biosfera Yasuní. El objetivo es evaluar el nivel de conocimiento de estudiantes Kichwas en relación a componentes de biodiversidad más frecuentes de su entorno natural. El colegio ofrece la especialidad de guías turísticos naturalistas. Por esta razón se evaluó el conocimiento con relación a terminología básica que utilizan los guías, así como la capacidad de reconocer y dar información sobre especies típicas dentro de cinco grupos taxonómicos: plantas, mamíferos, aves, anfibios y reptiles. Se investigó a toda la población conformada por 25 estudiantes de primero, segundo y tercero de bachillerato, 13 mujeres y 12 hombres. El primer objetivo específico fue desarrollar un cuestionario usando como modelo la actividad de los guías nativos de la Estación de Biodiversidad Tiputini. A esta información se le añadió fotografías a color. Para el segundo objetivo, se aplicó el cuestionario en formato digital, la misma que incluyó 4 secciones con 65 preguntas de identificación. La encuesta se administró de forma individual. Nuestros resultados demuestran que el conocimiento de terminología está cubierto por el 53% de la población, la identificación correcta de plantas por el 28%, de mamíferos por el 63%, de aves por el 64%, de anfibios por el 7% y de reptiles por el 37%. El porcentaje total de identificación correcta de flora y fauna es del 45%. Los estudiantes parecen familiarizarse más con individuos que intervienen en las labores agrícolas familiares. Al investigar la actitud frente a las especies identificadas, la mayoría de jóvenes demuestran valorar la presencia de estas en la biodiversidad del bosque. En base a lo analizado, concluimos que hay diferencia en los aciertos de identificación de componentes de biodiversidad más frecuentes. Los estudiantes presentan comprensión intuitiva sobre la diversidad biológica y las relaciones entre organismos vivos. Sin embargo, los datos demuestran deficiencia en el currículo educativo y el nivel de enseñanza, más aún, cuando se espera que estos jóvenes estén listos para obtener licencias de guías naturalistas una vez concluido sus estudios.

Palabras clave: Yasuní, Kichwa, Comunidad, Conocimiento sobre biodiversidad.

Exposiciones Orales

6 especies de geos en una isla icónica ¿Cómo viven las especies endémicas e introducidas?

Sebastián Ramos Rojas¹, Carolina Reyes-Puig¹, Diego F. Cisneros-Heredia¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Resumen

Las islas Galápagos es una de las regiones geográficas más estudiadas del mundo. A pesar de esto, existen animales con escasa información, como es el caso de los geos. Este estudio pretende entender la dinámica poblacional de los geos endémicos e introducidos desde una perspectiva morfológica y ecológica. El área de estudio se restringe a San Cristóbal, Galápagos y los puertos principales de la costa ecuatoriana. Los muestreos fueron realizados entre junio y agosto del 2018 y 2019. En base a una metodología estandarizada, el área de estudio fue dividida en parcelas para zonas urbanas y transectos para zonas naturales y agrícolas. Donde fueron tomados datos de ecología, morfolología y peso. Registramos en San Cristóbal seis especies de geos, dos de ellos endémicos (*Phyllodactylus darwini*, *Phyllodactylus leei*). De los geos introducidos registrados, dos son especies nativas de la región costa del continente (i.e. *Phyllodactylus reissii*, *Gonatodes caudiscutatus*) y dos introducidas originarias de Asia, estas especies han sido exitosas en su introducción a nichos urbanos, considerándose un problema de conservación (i.e. *Hemidactylus frenatus*, *Lepidodactylus lugubris*). Especies introducidas como *H. frenatus* y *G. caudiscutatus* son las más abundantes y están asociadas a zonas con impacto antropogénico, como áreas urbanas y agrícolas. Si este tipo de actividades aumentarían, las especies introducidas podrían aumentar también. Mientras que las especies endémicas tienen una menor abundancia y están restringidas a zonas naturales, aunque también pueden estar en áreas urbanas en menor proporción. La especie endémica *P. darwini* es la de mayor tamaño corporal en comparación a las otras especies. Además, usando las especies más abundantes y las especies endémicas, encontramos agrupaciones principalmente por su morfolología, temperatura corporal y peso. En la región continental, documentamos una mayor abundancia de *H. frenatus* y solo un registro de la especie nativa. Al comparar las poblaciones de *H. frenatus* de San Cristóbal con las del continente, no encontramos diferencias morfológicas. Por lo que la especie podría presentar una alta plasticidad y posibles introducciones constantes.

Palabras clave: *Gecos, endemismo, morfolología y ecología comparada, plasticidad, impacto antropogénico, introducción constante.*

Exposiciones Orales

¡Leoncillos desaparecidos!... ¿debido a parásitos?

Stefanie Proaño Arias¹, Sonia Elizabeth Zapata Mena¹, Juan Daniel Mosquera Bolaños¹,
Stella de la Torre¹

¹Universidad San Francisco de Quito, USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y
Ambientales. Quito, Ecuador

Resumen

El leoncillo, *Cebuella pygmaea*, es un pequeño primate que habita en bosques de galería de la Amazonía alta. Su alimentación es muy especializada, basada principalmente en exudados y en presas animales. Su estado de conservación en Ecuador es Vulnerable, siendo su principal amenaza la deforestación. La creciente presencia de los seres humanos en el hábitat del leoncillo genera un mayor riesgo de transmisión de enfermedades para esta especie. Es poca la información registrada sobre las patologías que afectan a las poblaciones silvestres de leoncillos, pero en grupos en cautiverio se han registrado parásitos como *Cryptosporidium* spp. y *Giardia duodenalis*. En nuestro estudio realizamos una caracterización preliminar de los parásitos intestinales de un grupo silvestre de leoncillos que desapareció mientras estaba siendo estudiado en la Estación de Biodiversidad Tiputini. Para determinar la presencia de *Cryptosporidium* spp. y *G. duodenalis* analizamos el ADN extraído de muestras de heces. Para detectar *G. duodenalis* amplificamos el gen de la β -giardina, para *Cryptosporidium* spp. amplificamos la región 18S del ARN ribosomal; después de la amplificación realizamos electroforesis. Las muestras positivas fueron secuenciadas y comparadas con secuencias de referencia del GenBank. Todas las muestras fueron negativas para *G. duodenalis*, posiblemente porque la EBT no está muy afectada por actividades antropogénicas. El 29% de las muestras presentó una banda para *Cryptosporidium* spp. Sin embargo, los resultados de las secuencias indicaron la presencia de los hongos *Trechispora alnicola*, *Peniophora cinerea* y *Auricularia cornea*, que no habían sido reportados en leoncillos. Estos hongos, que se encuentran principalmente en madera, podrían haber sido ingeridos accidentalmente por los leoncillos al hacer los huecos en la corteza de los árboles para acceder a sus exudados. Si bien en este estudio preliminar no pudimos encontrar evidencia de que la desaparición del grupo de leoncillos se debió a parásitos, es importante continuar con este tipo de investigaciones para conocer en qué medida el parasitismo regula las poblaciones de este primate. Este estudio fue realizado bajo el Contrato Marco MAE_DNB_2015_0019 para Stella de la Torre.

Palabras clave: *Cebuella pygmaea*, parásitos intestinales, leoncillos, PCR, hongos.

¿Cuántos perros abandonados hay en las calles de la Mitad del Mundo?

Stephany D. Guzmán C.¹, Stella de la Torre¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito-Ecuador.

Resumen

Un perro callejero se define como un animal que ha sido abandonado o que tiene dueño, pero deambula libremente, sin ningún control, por las áreas públicas, lo que conlleva a un gran problema social, cultural y ambiental. El primer paso para solucionar este problema es conocer el estado de la población de perros abandonados por lo que, en nuestro estudio, buscamos aportar con esta información realizando censos para estimar la población de perros abandonados en la parroquia San Antonio de Pichincha, conocida como Mitad del Mundo, una de las parroquias rurales del Distrito Metropolitano de Quito. Para los censos, dividimos a la parroquia en seis zonas utilizando el mapa de las zonas censales del Instituto Nacional de Estadísticas y Censos (INEC). En cada zona definimos un transecto de 4 km. El censo fue realizado simultáneamente por seis equipos de censadores, previamente capacitados, el día 13 de julio del 2019, en la mañana y tarde. Los datos del censo fueron registrados con la aplicación Survey123 para ArcGIS. Encontramos un total de 268 perros abandonados en 28 km recorridos. La densidad promedio de perros abandonados entre las zonas fue de 4 ind/ha. El radio personas:perros abandonados en la parroquia fue 1:98 (un perro cada 98 personas). Registramos más individuos en la tarde que en la mañana, más machos que hembras (1:0.23), y más animales de tamaño mediano. La mayor parte de los perros registrados se encontraron en los perímetros del domicilio lo que sugiere que estos tienen dueños o personas que los alimentan, pero se encuentran en las calles sin control. Estos resultados son una línea base para futuros censos poblacionales y una herramienta para diseñar, implementar y evaluar medidas de control como campañas de esterilización y campañas de educación para la ciudadanía para una tenencia responsable.

Palabras claves: *perros callejeros, densidad, radio de sexo, tamaño, San Antonio de Pichincha.*

Exposiciones Orales

Una manera diferente de combatir *Salmonella* en aves de corral

Esthela Teresa Guerrero Villegas¹, Sonia Elizabeth Zapata Mena¹

¹Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología. Quito, Ecuador

Resumen

Los serotipos zoonóticos de *Salmonella* son agentes etiológicos de enfermedades transmitidas por alimentos (ETAs), que afectan a millones de personas anualmente a nivel mundial. Los principales alimentos implicados son los de origen aviar, por lo que la detección y reporte de *Salmonella* en estos productos es obligatoria, y la presencia de este patógeno puede causar importantes pérdidas económicas a la industria alimentaria. Por otro lado, la resistencia bacteriana a los antibióticos constituye un grave problema de salud pública y, considerando que el 75% de la producción de antimicrobianos va dirigida al ámbito veterinario, el principal factor para la diseminación de genes de resistencia ha sido el uso de antibióticos como promotores de crecimiento o agentes profilácticos en la crianza de animales. Los fagos son una prometedora alternativa para combatir patógenos causantes de ETAs por la seguridad que proporciona su uso, al ser virus que infectan exclusivamente a bacterias y causan la muerte rápida de su hospedadora. Nuestro objetivo fue aplicar fagos aislados de muestras ambientales para combatir a *Salmonella* en plantel avícolas, en sustitución de los antibióticos. Las muestras de donde aislamos cocteles (mezclas) de fagos fueron: agua de río, camas de aves y aguas residuales de plantas de faenamiento y procesamiento avícola. En el laboratorio hicimos ensayos *in vitro* para determinar la capacidad lítica de los fagos aislados contra *Salmonella* de origen aviar, y el coctel que eliminó a la mayor cantidad de cepas de *Salmonella in vitro*, fue aplicado a nivel de granja a los pollos con el agua de bebida, y por aspersión en los galpones. Así logramos eliminar el 100% de *Salmonella* del intestino de las aves administrando fagos 48 horas antes de su sacrificio. Como se ha descrito en la literatura el desarrollo de resistencia a fagos en bacterias, el siguiente paso será monitorear la aparición de cepas de *Salmonella* resistentes y buscar nuevos cocteles de fagos que las ataquen.

Palabras clave: *Salmonella*, fagos líticos, aves de corral, plantel avícola.

Exposiciones Orales

Malaria en un ave andina: factores relacionados a la prevalencia y parasitemia

Xavier Bernardo Chavarría Bayot¹, Ibeth Paola Alarcón Vásquez², Héctor Fernando Cadena Ortiz³, Nicolás Peñafiel Loaiza³, Elisa Angélica Bonaccorso Sánchez^{1,3}

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Laboratorio de Biología Evolutiva. Quito, Ecuador

²Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales

³Universidad Tecnológica Indoamérica, Centro de Investigación de la Biodiversidad y Cambio Climático

Resumen

La malaria aviar es una enfermedad infecciosa que afecta a la mayoría de taxa de las aves. Esta es causada por los géneros cosmopolitas *Plasmodium* y *Haemoproteus* de la familia Haemosporida, dos parásitos apicomplejos intracelulares obligados que infectan los glóbulos rojos y hepatocitos de los huéspedes. Comprender la ecología de estas infecciones puede proveer información importante sobre cómo manejar la conservación de las aves o como se verán afectadas debido a procesos como el cambio climático. En el presente estudio se escogió como organismo al *Geospizopsis plebejus*, un tráupido que habita en los Andes, del que no se han reportado investigaciones sobre infecciones haemosporidias. El objetivo de nuestra investigación fue detectar los linajes moleculares de los parásitos infectando al huésped en un ecosistema de bosque arbustal semidecuido de los Andes y determinar los factores abióticos y bióticos relacionados al estado de infección y parasitemia mediante una serie de Modelos Generalizados Lineales. Se utilizó como marcador una secuencia codificante parcial del citocromo b de los parásitos, que fue amplificado de muestras de sangre mediante PCR. El sitio de estudio fue elegido por representar un ecosistema neotropical de baja complejidad y fue utilizado para comparar los resultados con estudios similares en aves de otras regiones neotropicales. Encontramos que la prevalencia y la parasitemia no siguieron una conocida tendencia del resto del Neotrópico de presentar mayor incidencia en infecciones de *Plasmodium* que en *Haemoproteus*. La prevalencia de *Haemoproteus* fue de 58% y la de *Plasmodium* fue de 13%. La parasitemia promedio fue mayor en *Haemoproteus* con 82 células infectadas por cada 10 mil eritrocitos, mientras que la de *Plasmodium* fue de 22. Nuestros modelos lineales generalizados solo sugirieron una relación positiva entre la presencia de ácaros en las plumas y el estado de infección. Encontramos cinco linajes de parásitos infectando al hospedero, dos de *Plasmodium* y tres de *Haemoproteus*, de los cuáles uno es un nuevo linaje.

Palabras clave: *Plasmodium*, *Haemoproteus*, *Malaria aviar*, *Geospizopsis plebejus*, *Citocromo b*, *Parasitemia*, *Prevalencia*, *Bosque Protector Jerusalem*

Exposiciones Orales

Maduración gonádica continua del quitón *Radsia goodallii*, en la Isla San Cristóbal, Galápagos

Camila Gallardo-Duran¹, Quetzalli Yasu Abadia-Chanona², Omar Hernando Avila-Poveda^{3,4}, Cristina Patricia Vintimilla-Palacios⁵, Margarita Brandt^{1,5,6}

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Quito, Ecuador.

²Universidad Autónoma de Durango (UAD), Sede Mazatlan, Sinaloa, México

³Facultad de Ciencias del Mar (FACIMAR), Universidad Autónoma de Sinaloa (UAS), Mazatlan, Sinaloa, México

⁴Dirección de Cátedras-CONACYT, CONACYT, Ciudad de México, México

⁵Universidad San Francisco de Quito USFQ, Galápagos Science Center (GSC), Galápagos, Ecuador

⁶Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto Biósfera, Quito, Ecuador.

Resumen

En las Galápagos existen 19 especies de quitones, siete de las cuales son endémicas y una de ellas lo "suficientemente" abundante para soportar una pesquería con potencial económico: la canchalagua lisa, *Radsia goodallii*. Esta especie está incluida en el calendario pesquero de la Reserva Marina Galápagos, sin embargo, no presenta regulación específica para su captura debido a la falta de conocimiento de su biología. Por medio de análisis histológico (con tinción tricrómica) e índices reproductivos (índice de madurez microscópico e índice gonadosomático "GSI"), este estudio caracterizó el ciclo reproductivo y la temporada reproductiva de una población adulta de *R. goodallii* en la Isla San Cristóbal, Galápagos. Desde febrero del 2018 hasta febrero del 2019 fueron recolectados mensualmente y al azar 30 quitones adultos (longitud mayor a 50 mm). Los quitones fueron relajados y fijados siguiendo un protocolo de cuidado animal. La población de *R. goodallii* presentó los cinco estadios de desarrollo gonádico (EDG) a lo largo del periodo de muestreo y en términos generales, mostró actividad reproductiva continua. Para ambos sexos, el índice de madurez microscópico pondera que la población se encuentra madura todo el año, con una frecuencia sincrónica de hembras y machos en el EDG maduro durante marzo (60-76%), junio-julio-agosto (45-67%), octubre (40-84%), diciembre-enero-febrero (50-81%). La intensidad reproductiva (valor de GSI) osciló entre el 3 y el 6% con estacionalidad de cinco meses entre diciembre y abril (GSI promedio de 3.5) y mostrando un pico en marzo (GSI=6.0). En síntesis, esta peculiaridad reproductiva (baja intensidad, amplia estacionalidad y alta frecuencia) definen la principal temporada reproductiva de *R. goodallii* entre diciembre y abril, por lo que se podría sugerir una veda durante estos cinco meses.

Palabras clave: *Radsia goodallii*, gónada, temporada reproductiva, ciclo reproductivo, índice gonadosomático, desove, madurez.

Filogeografía de *Eutoxeres aquila* en Ecuador

Laura Joycé Rosado Llerena^{1,2}, Elisa Angélica Bonaccorso Sánchez²

¹Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales

²Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológica y Ambientales,
Laboratorio de Biología Evolutiva. Quito, Ecuador

Resumen

Eutoxeres aquila, también es denominado “colibrí pico de hoz” debido su pico característicamente curvo. Presenta tres subespecies, de las cuales dos se distribuyen en Ecuador, *Eutoxeres aquila aquila* en Oriente y *Eutoxeres aquila heterura* en Occidente. Muchas de sus localidades de presencia a nivel nacional se encuentran dentro de áreas protegidas. Sin embargo, también existen poblaciones en zonas amenazadas por actividades humanas, y en zonas no estudiadas como el sur del país, donde podría darse una confluencia entre las poblaciones del Oriente y el Occidente debido a la existencia de una menor altitud de la cordillera en esa latitud. Por ello, este estudio pretende comprender la relación existente entre las diferentes poblaciones de la especie, mediante el uso de morfología estándar, morfometría geométrica y filogenética molecular. En los análisis biométricos se obtuvieron diferencias significativas en la forma y ancho del pico entre ambas subespecies, además, las topologías obtenidas de análisis filogenéticas también demostraron la separación de las mismas. Estos análisis sugieren, que las subespecies en estudio se encuentran geográficamente aisladas, indicando que no existe flujo génico entre individuos de las poblaciones de Oriente y Occidente al menos en Ecuador. Asimismo, se recomienda estudiar las poblaciones presentes en el norte de los Andes Colombianos debido a que existe una posible zona de contacto entre las subespecies de *Eutoxeres aquila*.

Palabras clave: *Eutoxeres aquila*, filogeografía, morfometría geométrica, filogenética molecular.

Exposiciones Orales

Relación clonal entre cepas de *E. coli* comensales aisladas de niños y animales domésticos

Liseth Alexandra Salinas Toledo¹, Paúl Andrés Cárdenas Aldaz¹, María Fernanda Loayza Villa¹, Jay P. Graham², Timothy Johnson^{3,4}, Gabriel Trueba¹

¹Instituto de Microbiología, Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador

²Environmental Health Sciences Division, University of California, Berkeley, California, USA

³Department of Veterinary and Biomedical Sciences, University of Minnesota, Saint Paul, Minnesota, USA

⁴Mid Central Research & Outreach Center, Willmar, Minnesota, USA

Resumen

La resistencia a antibióticos constituye una amenaza clínica y económica creciente para la salud a nivel mundial. *Escherichia coli* (*E. coli*) es considerada una de las principales causas de infecciones hospitalarias y comunitarias, además las cepas de *E. coli* que presentan resistencia a múltiples antibióticos (multirresistentes) han sido asociadas con hospitalizaciones prolongadas, así como con un incremento en los niveles de morbilidad y mortalidad; por lo que es de suma importancia identificar las posibles fuentes de transmisión de *E. coli* multirresistentes, así como de sus genes de resistencia, considerando la interacción de los seres humanos con los animales domésticos, en los que se ha encontrado alta prevalencia de resistencia a antibióticos. En el presente estudio, se caracterizó fenotípica y genéticamente la resistencia a antibióticos, así como la relación clonal, basada en el genoma core, de cepas de *E. coli* comensales resistentes a ceftriaxona, aisladas a partir de muestras de heces fecales de 21 niños, 20 perros y 18 pollos de la parroquia Yaruquí ubicada al noreste de la ciudad de Quito. La comparación del genoma core de los aislados, obtenido a partir del secuenciamiento de genoma completo (WGS), identificó 24 relaciones clonales: 6 entre dos pollos, 5 entre dos perros, 3 entre dos niños, 4 entre un perro y un niño, 3 entre un perro y un pollo y 3 entre un pollo y un niño; un caso de cada una de las relaciones clonales interespecie se observó entre individuos habitantes de la misma casa. Entre los clones de *E. coli* compartidos, no se observó en todos los casos un patrón en cuanto perfiles fenotípicos de resistencia, genes de resistencia o replicones, indicio del movimiento de elementos genéticos móviles y genes. Se realizó también con el genoma core, un árbol filogenético de los aislados, que mostró que su cercanía genética no tiene agrupamiento por especie animal. Estos hallazgos indican que existe un intercambio de cepas comensales de *E. coli*, y sus genes de resistencia a antibióticos, entre humanos y animales domésticos de una misma comunidad.

Palabras clave: *E. coli*, resistencia a antibióticos, relación clonal, humanos, animales domésticos, comunidad.

Eres lo que comes: Comportamiento alimenticio del Chichico del Napo

Josue Dario Picho-Paucar¹ y Stella de la Torre¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Resumen

Conocer el comportamiento alimenticio de especies Vulnerables como el chichico del Napo, *Leontocebus nigricollis graellsii*, es clave para diseñar acciones efectivas de conservación. Entre mayo y agosto de 2019, estudiamos el comportamiento alimenticio de tres grupos silvestres de esta especie en la reserva privada Sacha Lodge. Utilizamos el método de muestreo focal para registrar la duración de los eventos de alimentación, los tipos de alimento consumidos y el tiempo utilizado en consumir cada tipo alimento. Comparamos la proporción normalizada del tiempo de alimentación por focal entre grupos y clases de edad con un ANOVA de dos vías. Para la evaluación de la frecuencia de uso y la preferencia por especie de alimento utilizamos una prueba de Ji Cuadrado. El tiempo total de observación directa fue de 6,396 minutos. Los chichicos de los grupos de estudio dedicaron entre un 20 y un 30% de su tiempo a alimentarse. No encontramos diferencias significativas en el tiempo de alimentación entre clases de edad y grupos. Sin embargo, encontramos diferencias significativas en la cantidad de ítems consumidos por muestreo focal entre individuos adultos y no adultos ($X^2= 4.0755$, $df = 1$, $p = 0.04351$). La moda de los adultos fue 3 ítems consumidos y de los no adultos fue 1 ítem consumido por focal. Identificamos 24 especies vegetales consumidas, siendo las más usadas *Philodendron* sp. (Araceae), *Protium* sp. (Burseraceae) y *Pouteria* spp. (Sapotaceae). Los tipos de alimento más frecuentemente consumidos fueron frutos y exudados. Encontramos diferencias significativas en la frecuencia de uso de las especies consumidas como frutos ($X^2= 35.775$, $df = 23$, $p= 0.04349$) y exudados ($X^2=6.1056$, $df=2$, $p=0.04723$). Se registró por primera vez para esta especie el consumo de flores del género *Philodendron* sp. (Araceae) y de lagartijas *Anolis* sp. (Dactyloidae). Por su importancia en la dieta de los chichicos, las especies de plantas registradas como alimento deben ser protegidas y, eventualmente, utilizadas en programas de reforestación y restauración. Permiso de investigación: 011-18IC-FAU-DNB-MA para Stella de la Torre.

Palabras clave: *Leontocebus nigricollis graellsii*, preferencias alimenticias, ecología alimenticia, Amazonía ecuatoriana

Huellas urbanas: el problema invisible de Quito

Adrian Robalino¹, Stella de la Torre¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales. Quito, Ecuador

Resumen

El Distrito Metropolitano de Quito tiene gran cantidad de perros abandonados. Este es un problema que tiene consecuencias sociales asociadas a salud pública por transmisión de enfermedades y medioambientales relacionadas a impactos en la población de aves y mamíferos nativos de Quito. Este es un problema que tiene que ser resuelto desde varias disciplinas y sectores. Uno de los sectores que debe involucrarse es el científico y este es precisamente el propósito de este trabajo. En noviembre de 2019, se realizó un censo de perros abandonados en una muestra de dos parroquias urbanas y dos rurales realizando un censo de perros abandonados. En cada parroquia se recorrió un transecto de 5 km de 08h00 a 11h00. Para cada perro encontrado en la calle se registró su ubicación, la distancia animal-observador, además del estado (solitario o en grupo), sexo, tamaño y lugar donde se encontraba el animal. Se hizo también una encuesta a las personas del sector sobre patrones de tenencia. Estimamos la densidad poblacional en cada parroquia usando el método de King. Posteriormente, con la superficie y población proyectada de las parroquias al 2019 estimamos el radio personas:perros. Finalmente, hicimos correlaciones de Spearman entre la densidad poblacional y el porcentaje de perros esterilizados y de perros que salen a la calle con supervisión con base en las encuestas. Las parroquias urbanas mostraron un menor número de perros por habitante en comparación con las parroquias rurales. Al comparar el radio personas:perros estimado en el 2018 con el actual, encontramos que en el 2019 el radio de las parroquias es menor. Estos resultados sugieren que la población de perros abandonados en el DMQ ha crecido en el último año; sin embargo, es necesario considerar que, si bien los censos se hicieron en los mismos transectos en los dos años, la metodología para calcular el tamaño poblacional es distinta y podría ser responsable de parte de las diferencias. Aunque las correlaciones entre la densidad de perros abandonados y los patrones de tenencia no fueron significativas, posiblemente por el bajo tamaño de muestra, los resultados apuntan a que el número de perros en las calles está negativamente relacionado con el porcentaje de esterilización y positivamente relacionado con la salida de los perros a la calle sin supervisión.

Palabras clave: *DMQ, perros abandonados, censo, tenencia responsable.*

Exposición de Posters

Optimización de marcadores moleculares para estudiar la filogenética de *Gonatodes caudiscutatus*, una especie interesante de geckos del Ecuador

Erika Villacreses¹, Martín Terán¹, María José Pozo¹, María de Lourdes Torres¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Laboratorio de Biotecnología Vegetal USFQ. Quito, Ecuador

Resumen

Gonatodes caudiscutatus es una especie de gecko que habita en las tres regiones del Ecuador continental y ha sido introducida en las Islas Galápagos. La distribución de esta especie en el territorio ecuatoriano fue descrita anteriormente mediante el estudio de características morfológicas y morfométricas. Actualmente, el desarrollo de métodos moleculares que analizan las secuencias de nucleótidos de ADN, ARN o aminoácidos son utilizados para entender mejor la filogenia de diversos grupos de especies. Estudios previos describen relaciones evolutivas del género *Gonatodes* mediante el uso de marcadores moleculares mitocondriales y nucleares. El objetivo de esta investigación fue estandarizar las condiciones de amplificación mediante PCR para las regiones 16S y 12S de ADN mitocondrial y siete regiones de los genes nucleares C-mos, ACM-4, Rag2 y NT3 en muestras de geckos. Es importante establecer las condiciones óptimas de amplificación del ADN para obtener patrones confiables y reproducibles de los productos de PCR. Se realizó la extracción de ADN genómico de 5 muestras de geckos y posteriormente se amplificaron las regiones mitocondriales y nucleares previamente mencionadas utilizando primers específicos para cada región, de acuerdo a las condiciones reportadas en la literatura. Para dos regiones, 12S y C-mos, fue necesario optimizar las condiciones de PCR, por lo que se incrementó la temperatura de hibridación y se disminuyó la concentración de iones divalentes (MgCl₂). Las condiciones reportadas para la amplificación de las regiones 16S, ACM-4, Rag2 y NT3 rindieron buenos resultados sin tener que modificar los protocolos establecidos. Los marcadores moleculares son útiles para llevar a cabo estudios filogenéticos y completar aquellos basados únicamente en características morfológicas y morfométricas. La modificación de ciertos parámetros en las reacciones de amplificación del ADN permite obtener productos de PCR de buena calidad, libres de inespecificidades y en cantidades suficientes. La optimización de las condiciones de amplificación de los marcadores moleculares analizados será la base para llevar a cabo la investigación: "Efecto de las barreras geográficas en la estructura genética de *Gonatodes caudiscutatus*" que incluirá muestras recolectadas en las provincias de Esmeraldas, Santo Domingo, Bolívar, Los Ríos, Manabí, Guayas y Galápagos.

Palabras clave: *Marcadores moleculares, Geckos, PCR, Gonatodes caudiscutatus, 16S, 12S, C-mos, ACM-4, Rag2 y NT3.*

Exposición de Posters

Estudio de la adaptación de la mora silvestre (*Rubus niveus*) en las islas Galápagos y el continente.

Karol Molina-Vargas^{1,3}, Antonio León-Reyes^{3,4}, Jennifer Pett-Ridge², Noelia Barriga³, Gonzalo Rivas¹

¹Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales
COCIBA

²University of California, Group Leader, Environmental Isotope Systems Science Lead,
DOE Genomic Sciences Soil Microbiome SFA

³Universidad San Francisco de Quito, Laboratorio de Biotecnología Agrícola y de
Alimentos

⁴Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias de Ingeniería, Ingeniería en
Agronomía

Resumen

La mora silvestre o *Rubus niveus* es una especie que fue introducida en las islas Galápagos en la década de los 60. Su introducción en la zona ha causado grandes problemas ecológicos desplazando la flora endémica y llegando a invadir alrededor de 30 mil hectáreas en el archipiélago. Otro gran problema es que esta planta tiene una adaptabilidad fácil al medio ambiente y su forma de dispersión es muy rápida. En este estudio se analizaron factores físico-químicos y biológicos del suelo asociados a su adaptabilidad. Por consiguiente, se colectó muestras de suelo de la rizósfera de la mora, donde se analizó pH, conductividad eléctrica, nitrógeno total y color de suelo (tablas de Munsell) y además se realizó extracciones de DNA de suelos mediante el kit Power Soil DNA, estas serán posteriormente enviadas a secuenciar obtener datos del microbioma entendiendo si los microorganismos están favoreciendo a la invasión y adaptación de esta planta invasora. En cuanto a los resultados se obtuvo que los suelos de la mora para el Continente y Galápagos presentan valores de pH dentro de los rangos óptimos de crecimiento vegetal, es decir se mostraron valores de 5,01 – 6,87 en la mayoría de los casos. En cuanto a la conductividad se puede ver que en Galápagos la mayoría de valores van de 400 – 1000 us, lo que nos dice que hay una gran concentración de sales en los suelos de las islas en comparación con los bajos encontrados en el continente. De la misma forma para nitrógeno total se reflejan altos porcentajes que llegan hasta el 9% en comparación a los bajos porcentajes del continente. Por último, la coloración de los suelos permitió obtener valores y código específico de calidad, matiz y pureza, siendo en su gran mayoría colores marrones de diferentes tonalidades. Finalmente, se logró identificar varias diferencias entre los resultados del continente y Galápagos, pero principalmente se identificó que los suelos en Galápagos son más ricos en materia orgánica y minerales por lo que están favoreciendo efectivamente la adaptación de la mora en las islas. No obstante, se esperan los futuros resultados de microbioma para entender si los microorganismos también están ayudando a su adaptación.

Palabras clave: *Rubus niveus*, invasiva, microbioma, factores físicos, factores químicos, conductividad, pH.

Exposición de Posters

Selección de variedades de papa resistentes al cambio climático en la era de la genómica

Ma. del Cisne González¹, Antonio León-Reyes^{1,2}, Enrique Fernández-Northcote³, Xavier Cuesta⁴, Enrique Ritter⁵, Esteban Espinosa^{1,2}, Dario X. Ramirez^{1,2}

¹Laboratorio de Biotecnología Agrícola y de Alimentos, Ingeniería en Agronomía, Colegio de Ciencias e Ingenierías, Universidad San Francisco de Quito USFQ, Quito, Ecuador

²Colegio de Ciencias e Ingenierías, Universidad San Francisco de Quito USFQ, Campus Cumbayá, Diego de Robles y Vía Interoceánica, 17-1200-841, Quito, Ecuador

³Instituto de Biotecnología, IBT, Universidad Nacional Agraria La Molina, Campus Lima, Perú

⁴Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias, INIAP, Quito, Ecuador

⁵Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, NEIKER, Vitoria-Gasteiz, España

Resumen

La papa (*Solanum tuberosum*) es el tercer cultivo más importante del mundo; la mayoría de cultivares de papa no están adaptados a las amenazas del cambio climático, situación que pone en riesgo la seguridad alimentaria. Los recursos del germoplasma de las especies silvestres de *Solanum tuberosum* son la fuente de genes más relevante para los análisis de resistencia o susceptibilidad a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico. Caracterizar este germoplasma ha sido posible gracias a herramientas genómicas que han permitido detectar los genes candidatos correlacionados con características relevantes, el estudio de la diversidad alélica y su forma de expresión fenotípica, ha logrado seleccionar las combinaciones de alelos más eficaces y el desarrollo de marcadores moleculares para esos rasgos de interés agronómico. Características como: el peso promedio del tubérculo (ATW), daño a heladas (FD), área infectada por *Phytophthora infestans* (AUD), número de tubérculos (NT) y rendimiento (Y), fueron analizadas a nivel fenotípico en las siguientes variedades; Victoria, Libertad, Cecilia, Superchola, 11-9-172 y 12-4-145, de forma que los resultados obtenidos facilitaron la clasificación en genotipos tolerantes y susceptibles para cada uno de los caracteres. Dicha información en conjunto de los datos del banco de germoplasma, los cuales fueron utilizados para la selección de genes candidatos a través de la técnica molecular RARSeq (Restriction Site Associated RNA Sequencing), estos fueron la base para los análisis bioinformáticos realizados, y determinaron las combinaciones alélicas sugerentemente implicadas en la expresión de las características de interés, las cuales fueron utilizadas para la generación de cebadores específicos o Allele Specific Primers (ASP). Hasta el momento, los resultados moleculares no son congruentes con el análisis fenotípico, pues no existe distinción de presencia o ausencia de bandas de alelos, implicados en la expresión de las características de interés en relación al fenotipo. Sin embargo, el estudio abre la oportunidad de seguir analizando genes posiblemente implicados en las mismas y así continuar con el desarrollo de programas de mejoramiento genético de esta especie de importancia mundial.

Palabras clave: *Solanum tuberosum*, biótico, abiótico, RARSeq, Allele Specific Primers.

Exposición de Posters

Supervivencia de espermatozoides en tejido testicular de borregos jóvenes luego de ser sometidos a bajas temperaturas

Andrea Christina Álvarez Gutierrez¹, Pedro Manuel Aponte Garcia^{1,2}

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, USFQ, Quito, Ecuador

²Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Investigaciones en Biomedicina.

Resumen

La ultracongelación consiste en emplear temperaturas bajo cero como un mecanismo para la conservación de células, tejidos y órganos. Este método tiene como objetivo principal prolongar la vida del material biológico y mantener lo más intacto posible el metabolismo celular. La criopreservación de células sexuales en animales domésticos es un tipo de biotecnología reproductiva que permite almacenar material genético valioso para su futura propagación, a través de la reproducción asistida para la preservación de las especies o almacenamiento de gametos con genes de interés. Por tal motivo, este mecanismo resulta adecuado combinado con técnicas de reproducción como la inseminación artificial, fecundación in vitro o inyección intracitoplasmática de espermatozoides, con el fin de realizar un mejoramiento genético para aumentar la producción y calidad de los productos. Con el propósito de comparar la viabilidad espermática en el material biológico, antes y después de emplear bajas temperaturas, el desarrollo del proyecto se llevó a cabo con cortes de tejidos del epidídimo y de las gónadas de tres ovinos machos prepuberales (3-4 meses de edad) sometidos a -196°C con una solución criopreservante (DMSO + sacarosa). La evaluación microscópica de la viabilidad espermática antes y después de la ultracongelación se realizó empleando una tinción con azul tripán. Los resultados obtenidos, por un lado, reflejaron que estadísticamente no hubo diferencia significativa entre los tejidos empleados (epidídimo y gónada). Por otro lado, los tejidos presentaron porcentajes superiores de viabilidad de células espermáticas pre-congelación ($> 80\%$). Por lo tanto, a pesar de que con el método de criopreservación desarrollado la viabilidad espermática disminuyó en un 50%, los porcentajes obtenidos son comparables con aquellos de semen comercial, pudiendo entonces ser empleado para la preservación espermática de esta especie. No obstante, se recomienda aumentar el número de ejemplares empleados para obtener resultados más contundentes.

Palabras clave: *criopreservación, ovinos, testículos, gónadas, epidídimo, espermatozoides, prepuberal, criopreservantes.*

