



ARCHIVOS ACADÉMICOS
USFQ

Memorias del
PRIMER SIMPOSIO DE
GENÉTICA Y GENÓMICA
EN EL ECUADOR



Archivos Académicos USFQ

Número 25

Memorias del primer Simposio de Genética y Genómica en el Ecuador

Editores:

Mario Caviedes¹, María Gabriela Albán¹, José Luis Zambrano²

¹Universidad San Francisco de Quito - USFQ, Colegio de Ciencias e Ingenierías, Quito, Ecuador, ²Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias – INIAP, Quito, Ecuador;

Comité Editorial:

Spiros Agathos¹, Roberto Arias¹, Ana del Hierro², Denisse Benitez³, Mario Caviedes⁴, José Luis Zambrano⁵, Carlos Yáñez⁵, Fabián Aguilar Mora⁶.

¹Universidad de Investigación de Tecnología Experimental - YACHAY TECH, Urcuquí, Ecuador; ²Instituto Nacional de Biodiversidad – INABIO, Quito, Ecuador; ³Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública – INSPI, Quito, Ecuador; ⁴Universidad San Francisco de Quito - USFQ, Colegio de Ciencias e Ingenierías, Quito, Ecuador; ⁵Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias – INIAP, Quito, Ecuador; ⁶Universidad de las Américas – UDLA, Quito, Ecuador.

Expositores:

Spiros Agathos

Denisse Benítez

Paúl Cárdenas

José Antonio Castillo

Raúl Castillo

Mario Caviedes

Patricia Falconí

Lucia Fiallos

Fernando Gonzales

María Cristina Guamán

Cosme Hidalgo

Catalina López-Correa

Sully Márquez

Edie Gabriel Molina

Leandro Patiño

Gabriela Repetto

Luis F. Rodríguez

Claudia Segovia

Marcelo Vallejo

Mario Yáñez

José L. Zambrano

USFQ PRESS

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

ISBN: 978-9978-68-155-8

Catalogación en la fuente. Biblioteca Universidad San Francisco de Quito

Simposio Ecuatoriano de Genética y Genómica (1° : 2019 : Quito, Ecuador)
Memorias del I Simposio Ecuatoriano de Genética y Genómica / editores, Mario Caviedes, María Gabriela Albán, José Luis Zambrano ; expositores, Spiros Agathos ... [y otros]. – Quito : USFQ Press, 2020. p. cm. ; (Archivos Académicos USFQ, ISSN: 2528-7753 ; no. 25 (feb. 2020))

ISBN: 978-9978-68-155-8

1. Genética – Ecuador – Congresos, conferencias, etc. – 2. Genómica – Ecuador – Congresos, conferencias, etc. – I. Caviedes, Mario, ed. – II. Albán, María Gabriela, ed. – III. Zambrano, José Luis, ed. – IV. Agathos, Spiros, exp. – V. Título. – VI. Serie monográfica

CLC: QH 426 .S56 2020
CDD: 576

OBI-084

Esta obra es publicada bajo una [Licencia Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0 Internacional \(CC BY-NC 4.0\)](#).



Citación recomendada de toda la obra: Caviedes, M. Albán, M.G., Zambrano, J.L. (Ed.) (2020) Memorias del I Simposio Ecuatoriano de Genética y Genómica. Archivos Académicos USFQ, 25, 1-41.

Citación recomendada de un resumen: Fiallos, L. (2020) Comparación del microbioma intestinal de niños residentes de Uyumbicho, Guayabamba (provincia de Pichincha) y Cuenca (provincia del Azuay). Archivos Académicos USFQ, 25, pp. 22.

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*:

<http://archivosacademicos.usfq.edu.ec>

Contacto:

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

TABLA DE CONTENIDOS

Presentación	4
Agenda	5
Resumen de Hojas de Vida de Expositores	8
Resúmenes de ponencias.....	19
Democratización de la genómica	19
Comparación del microbioma intestinal de niños residentes de Uyumbicho, Guayabamba (provincia de Pichincha) y Cuenca (provincia del Azuay)	20
Resistencia primaria de VIH I a los antiretrovirales en dos hospitales de la ciudad de Quito	21
Oropuche, A new risk for Ecuador?	22
Desarrollo e implementación de una nueva técnica de bajo costo para el diagnóstico y detección del virus del ZIKA	23
Herramientas moleculares y genómicas para el estudio de parásitos de las tortugas de Galápagos a humanos	24
Caracterización de microalgas del Ecuador con fines biotecnológicos	25
Herramientas genómicas para descubrir la historia de los bosques de <i>Polylepis</i>	26
Conservación y mejoramiento genético de plantas en el INIAP	27
Avances de la academia en el desarrollo de nuevas variedades de plantas: caso maíz negro	28
Procesos de obtención de variedades de caña de azúcar en CINCAE.....	29
Mejoramiento genético en rosas	31
Mejoramiento genético de especies bovinas en el INIAP	32
Cuyes nativos del Ecuador.....	34
Mejoramiento genético en porcinos, bovinos y equinos.....	35
Dinámica evolutiva de las proteínas de la cubierta de esporas de <i>Bacillus</i> basado en múltiples análisis genómicos	36
Diseminación de enterobacterias multirresistentes de prioridad crítica en animales de estimación de la provincia de Imbabura, Ecuador	37
Enfermedades raras en Latinoamérica: desafíos y oportunidades	38
Foro: Acceso a recursos genéticos para investigación.....	39

I Simposio Ecuatoriano de Genética y Genómica

Fortaleciendo las redes de conocimiento

Presentación

El Ecuador es considerado uno de los países más mega diversos del mundo. Esta diversidad biológica se debe en gran medida a la diversidad genética y genómica que poseen los humanos y diferentes especies de plantas y animales. Esta diversidad no ha sido suficientemente estudiada, por lo que se requiere profundizar los estudios en este importante campo de la investigación en nuestro país.

El objetivo de la Red Ecuatoriana de Genética y Genómica (ReGG), fundada en abril de 2018, es estimular la investigación y fomentar la interacción entre investigadores e instituciones públicas y privadas que trabajan en torno a la genética y la genómica, lo que permitirá generar nuevos conocimientos en los campos de la fitogenética, zoogenética, microbiología y genética humana. La investigación en estos campos ofrecerá generar nuevos conocimientos científicos, desarrollar nuevos medicamentos y nuevas estrategias para la conservación biológica de las especies.

El I Simposio Ecuatoriano de Genética y Genómica en el Ecuador se realizó el 25 y el 26 de abril de 2019 en la Universidad San Francisco de Quito USFQ, en conmemoración al día mundial del ADN. La bienvenida al evento estuvo a cargo de Ximena Córdova, Vicerrectora de la USFQ y la inauguración a cargo de Soledad Álvarez, Subsecretaria de Ciencia Tecnología e Innovación de la Secretaría de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación; y el presidente de la ReGG, Spiros Agathos, quien agradeció la participación de expositores y asistentes al simposio.

Durante los dos días del evento, se presentaron 19 conferencias en cuatro áreas temáticas: medicina, biodiversidad, agricultura y ganadería y eco-genómica y bio-economía, además de dos charlas magistrales de reconocidas científicas a nivel mundial en genómica y genética humana: Catalina López y Gabriela Repetto. Así mismo se realizó un foro de discusión con expertos en acceso a recursos genéticos con fines de investigación, en el que participaron como panelistas: María Lourdes Torres (USFQ), Santiago Zambrano (UDLA), Spiros Agathos (YACHAY TECH), Lenin Nuñez (INABIO) y César Tapia (INIAP). Al evento asistieron 143 participantes de diversas instituciones nacionales e internacionales, cumpliéndose con el objetivo de la REEG difundir los conocimientos generados en fitogenética, zoogenética, microbiología, salud humana y eco-genómica; además de fomentar la investigación y la interacción entre docentes e investigadores a nivel nacional e internacional.

Agenda

Jueves 25 de abril de 2019

SECCIÓN: APERTURA DEL EVENTO. Moderador: Mario Caviedes

Hora	Presentación	Ponente
08h00	Registro	
08h30	Bienvenida	Autoridad USFQ
08h40	Inauguración	Spiros Agathos, presidente ReGG Autoridad SENESCYT
09h00	Genómica en países en desarrollo	Catalina López-Correa, Chief Scientific Officer y Vice President Genome BC
10h00	Refrigerio	

SECCIÓN: MEDICINA. Moderador: Fabián Aguilar

Apoyo: Cristian Cartuche

Hora	Presentación	Ponente
10h30	Estudios de microbioma humano en Ecuador	Paúl Cárdenas, USFQ
11h00	Comparación del microbioma intestinal de niños residentes de Uyumbicho, Guayllabamba y Cuenca	Lucia Fiallos, USFQ
11h30	Resistencia primaria de VIH I a los antiretrovirales en dos hospitales de la ciudad de Quito	Cosme Hidalgo, INSPI
12h00	Oropuche ¿Un nuevo riesgo para el Ecuador?	Sully Marquez, USFQ
12h30	Desarrollo e implementación de una nueva técnica de bajo costo para el diagnóstico y detección del virus del ZIKA	Denisse Benítez, INSPI
13h00	Resistencia primaria de VIH I a los antiretrovirales en dos hospitales de la ciudad de Quito.	Tatiana Sivisaca, INSPI
13h30	Almuerzo Libre	

SECCIÓN: BIODIVERSIDAD. Moderador: Sulma Romero

Apoyo: José Luis Zambrano

Hora	Presentación	Ponente
14h30	Taxonomía Integrativa como herramienta para la conservación de pequeños invertebrados	Mario Yáñez, INABIO

15h00	Herramientas moleculares y genómicas para el estudio de parásitos de las tortugas de Galápagos a humanos	Leandro Patiño, INSPI
15h30	Caracterización de microalgas del Ecuador con fines biotecnológicos	María Cristina Guamán-Burneo, UDLA
16h00	Herramientas genómicas para descubrir la historia de los bosques de Polylepis	María Claudia Segovia, ESPE
16h30	Refrigerio	
17h00	Reunión Anual de la ReGG (miembros e interesados)	Directiva ReGG
18H00	Cierre	

Viernes 26 de abril de 2019

SECCIÓN: AGRICULTURA Y GANADERÍA. Moderador: Carlos Fernando Yáñez G. Apoyo: Ana del Hierro

Hora	Presentación	Ponente
08h00	Registro	
08h30	Conservación y mejoramiento genético de plantas en el INIAP	José Luis Zambrano Mendoza, INIAP
09h00	Avances de la academia en el desarrollo de nuevas variedades de plantas	Mario Caviedes Cepeda, USFQ
09h30	Mejoramiento genético en especies bovinas en el INIAP.	Luis Fernando Rodríguez, INIAP
10h00	Refrigerio	
10h30	Mejoramiento genético en caña de azúcar	Raúl Castillo Torres, CINCAE
11h00	Mejoramiento genético en rosas.	Marcelo Javier Vallejo Loaiza, DE RUITER
11h30	Banco Genético del cuy nativo ecuatoriano	Patricia Falconí, ESPE
12h00	Mejoramiento genético de cerdos, equinos y bovinos	Gabriel Molina Cuasapaz, BIOGENSA, UTC
12h30	Almuerzo libre	

SECCIÓN: ECOGENÓMICA Y BIOECONOMÍA. Moderador: Roberto Arias.**Apoyo: Andrea Benítez**

Hora	Presentación	Ponente
14h00	Dinámica evolutiva de las proteínas de la capa de esporas de Bacillus basadas en múltiples análisis del genoma	José Antonio Castillo Morales, Yachay Tech
14h30	Dispersión y prevalencia de enterobacterias resistentes a antibióticos clínicamente significativos en animales de estimación, en la Provincia de Imbabura (Ecuador)	Fernando Alexis Gonzales Zubiate, Yachay Tech
15h00	Meta genómica en ecosistemas naturales y de ingeniería.	Spiros N. Agathos, Yachay Tech
15h30	Genómica y Enfermedades Raras	Gabriela Repetto; Universidad del Desarrollo, Chile
16h30	Refrigerio	
17h00	Foro: Acceso a recursos genéticos para investigación.	Panelistas invitados
17h45	Clausura y entrega de certificados	Directiva de la ReGG

Resumen de Hojas de Vida de Expositores

CHARLA MAGISTRAL DE APERTURA

Nombre: Catalina Lopez-Correa

Contacto: clopez@genomebc.ca

Institución: Genome BC, Canadá.

Profesión: M.D.

Área de Trabajo: Chief Scientific Officer y Vice Presidenta, Genome BC

Con más de 20 años de experiencia internacional tanto en el sector académico como en el privado. El profundo conocimiento de la genética y la genómica que la Dra. Catalina Lopez-Correa posee, le ha permitido incentivar a líderes científicos e industriales a colaborar con el objetivo de resolver algunos de los más grandes desafíos mundiales. Antes de unirse a Genome BC, Catalina fue la CSO y Vice Presidenta de Asuntos Científicos de Genome Quebec, donde tuvo un papel clave en el desarrollo de equipos competitivos para investigación tanto a nivel nacional como provincial, elevando el perfil de la genómica canadiense a un nivel global.

Título de la ponencia: Genómica en países en desarrollo.



SECCIÓN: MEDICINA

Expositor 1

Nombre: Paul Cárdenas

Contacto: pcardenas@usfq.edu.ec

Institución: Universidad San Francisco de Quito (USFQ)

Profesión: M.D.

Área de Trabajo: Genómica, Microbiología, Bioinformática
Profesor Investigador del Instituto de Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito y Profesor Adjunto del Departamento de Biología Universidad de Carolina del Norte en Chapel Hill, EEUU. Es Doctor en Medicina y Cirugía por la Universidad Central del Ecuador, Master en Microbiología Universidad San Francisco de Quito, Master en Medicina Molecular y Ph.D. en Genómica Médica por el Imperial College of Science, Technology and Medicine de Londres, Reino Unido. Fogarty Fellow de los Institutos Nacionales de Salud (NIH) de EEUU.

Título de la ponencia: Estudios de microbioma humano en Ecuador.



Expositor 2

Nombre: Lucía Fiallos

Contacto: fiallos.lucia@gmail.com

Institución: Universidad San Francisco de Quito (USFQ)

Profesión: Bióloga

Área de Trabajo: Microbiología

Bióloga graduada en la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, obtuvo su maestría en Microbiología en la Universidad San Francisco de Quito. Trabajó en la investigación de levaduras milenarias de cerveza, vino y chicha. Actualmente trabaja como profesora adjunta de biología y en el análisis de la microbiota gastrointestinal de niños en Ecuador. Sus intereses de investigación se relacionan al análisis de resistencia microbiana y los patrones de interacción y asociación de la microbiota humana.

Título de la ponencia: Comparación del microbioma intestinal de niños residentes de Uyumbicho, Guayllabamba (provincia de Pichincha) y Cuenca (provincia de Azuay).



Expositor 3

Nombre: Cosme Hidalgo

Contacto: chidalgo@inspi.gob.ec

Institución: Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública Dr. Leopoldo Izquieta Pérez (INSPI)

Profesión: Biotecnólogo

Área de Trabajo: Vigilancia Epidemiológica

Profesional con sólidos conocimientos y experiencia en procesos de Vigilancia Epidemiológica, tiene una licenciatura en laboratorio clínico y una maestría en biotecnología molecular, ha trabajado en la implementación de técnicas especializadas, aplicación de niveles de bioseguridad y contención biológica apropiados para la ejecución de diversas pruebas de laboratorio de biología molecular. Profesional con la capacidad para ejecutar exámenes y procedimientos en Laboratorio Clínico General y de Especialidad, cumpliendo las normas y estándares de calidad, brindando una adecuada atención a los usuarios internos y externos. Con experiencia en docencia universitaria, conocimientos teórico-práctico en las áreas de Inmunología, Microbiología Médica, y Biología Molecular aplicada al Laboratorio Clínico.

Título de la ponencia: Resistencia primaria de VIH I a los antiretrovirales en dos hospitales de la ciudad de Quito.



Expositor 4

Nombre: Tatiana Sivisaca

Contacto: tatita-861@hotmail.com

Institución: Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública Dr. Leopoldo Izquieta Pérez (INSPI)

Profesión: Biotecnóloga

Área de Trabajo: Vigilancia Epidemiológica

Profesional con sólidos conocimientos y experiencia en procesos de Vigilancia Epidemiológica, tiene una licenciatura en laboratorio clínico y una maestría en biotecnología molecular, ha trabajado en la implementación de técnicas especializadas, aplicación de niveles de bioseguridad y contención biológica apropiados para la ejecución de diversas pruebas de laboratorio de diagnóstico médico. Profesional con la capacidad para ejecutar exámenes y procedimientos en Laboratorio Clínico General y de Especialidad, cumpliendo las normas y estándares de calidad, brindando una adecuada atención a los usuarios internos y externos.

Título de la ponencia: Resistencia primaria de VIH I a los antiretrovirales en dos hospitales de la ciudad de Quito.



Expositor 5

Nombre: Sully Márquez

Contacto: smarqueza@usfq.edu.ec

Institución: Universidad San Francisco de Quito (USFQ)

Profesión: Microbióloga

Área de Trabajo: Virología, Microbiología y Cultivo Celular

Docente investigadora de la Universidad San Francisco de Quito. Se graduó como Ingeniera en Biotecnología en la Escuela Politécnica del Ejército, obtuvo su masterado en Microbiología en la Universidad San Francisco de Quito. Ha publicado sobre enfermedades transmitidas por Zika y Oropuche. Actualmente es Coordinadora del área de virología del instituto de microbiología y cultivo celular. En su trayectoria como investigadora ha trabajado en diagnóstico de influenza en muestras de porcinos y su proyecto en marcha es sobre la Co-circulación de dengue y zika en Esmeraldas, en colaboración con USFQ, Universidad de Berkley, NIH, Universidad Central e INSPI-Quito).

Título de la ponencia: Oropuche ¿Un nuevo riesgo para el Ecuador?



Expositor 6

Nombre: Andrea Denisse Benítez

Contacto: abenitez@inspi.gob.ec

Institución: Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública Dr. Leopoldo Izquieta Pérez (INSPI)

Profesión: Bioinformática

Área de Trabajo: Vectores artrópodos transmisores de enfermedades arbovirales, Análisis y manejo de bases de datos. Investigadora del INSPI, con experiencia en biología molecular, microbiología, biología computacional y bases de datos. Se graduó como Licenciada en Biología en la Universidad Católica del Ecuador y obtuvo su título de Maestría en Bioinformática en el Instituto de Tecnología de Rochester en New York. Ha participado en proyectos de investigación en el área de virología con bacteriófagos y arbovirus. Actualmente es analista del Centro de investigación de Vectores Artrópodos – CIREV del INSPI.

Título de la ponencia: Desarrollo e implementación de una nueva técnica de bajo costo para el diagnóstico y detección del virus del ZIKA.



SECCIÓN: BIODIVERSIDAD

Expositor 1

Nombre: Mario Yáñez

Contacto: mario.yanez@biodiversidad.gob.ec

Institución: Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO)

Profesión: Herpetólogo

Área de Trabajo: Biología de la conservación, taxonomía de reptiles y anfibios

Investigador del Instituto Nacional de Biodiversidad, posee una maestría en Ciencias de la conservación. Sus intereses de investigación giran en torno a la biología de la conservación, patrones de alfa-beta diversidad, biogeografía, taxonomía de anfibios y reptiles y manejo de colecciones científicas e información asociada. Ha descubierto y descrito 29 especies nuevas de anfibios y reptiles. A su vez, tiene a su haber tiene 100 publicaciones científicas, 76 informes técnicos y 35 resúmenes de congresos de biología.

Título de ponencia: Taxonomía Integrativa como herramienta para la conservación de pequeños invertebrados.



Expositor 2

Nombre: Leandro Darío Patiño

Contacto: lpatino@inspi.gob.ec

Institución: Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública Dr. Leopoldo Izquieta Pérez (INSPI)

Profesión: Biotecnólogo

Área de Trabajo: Genómica, Enfermedades Transmisibles

Responsable de Investigación de Enfermedades Transmisibles del INSPI, tiene interés en promover el uso de la genómica para la investigación y vigilancia de enfermedades transmisibles en el Ecuador. Obtuvo su título de Biólogo y de Magister en Biotecnología en la Universidad de Guayaquil, y de PhD, en la Universidad de Leeds (Reino Unido). Ha participado en proyectos de investigación de alto perfil, entre los que destacan: “Creación de capacidad local y determinación de enfermedades que amenazan la fauna endémica de Galápagos” donde fue responsable del laboratorio de biología molecular y contribuyó a establecer el primer laboratorio de investigación de enfermedades de vida silvestre en las Islas Galápagos; e “Investigación de arbovirus de importancia epidemiológica en Ecuador”, donde lideró la implementación de análisis serológicos y moleculares para este grupo de virus. Su proyecto de investigación de doctorado en el Reino Unido incluyó el uso de la tecnología de secuenciación masiva para investigar la evolución de las comunidades de nematodos gastrointestinales, de las tortugas gigantes de Galápagos.

Título de ponencia: Herramientas moleculares y genómicas para el estudio de parásitos de las tortugas de Galápagos a humanos.



Expositor 3

Nombre: María Cristina Guamán Burneo

Contacto: mcguaman@gmail.com

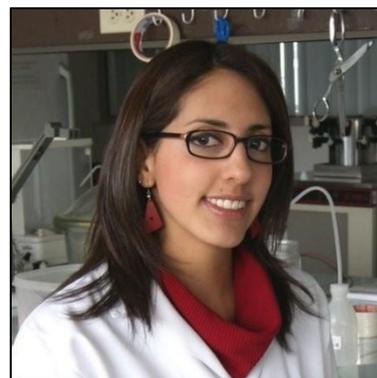
Institución: Universidad de las Américas (UDLA)

Profesión: Microbióloga Industrial

Área de Trabajo: Microalgas y bioprospección y taxonomía microbiana.

Docente investigadora de la Universidad de las Américas-UDLA, tiene experiencia en proyectos de conservación, innovación, bioprospección y biología molecular. Se graduó como Licenciada en Biología en la Universidad Católica del Ecuador, obtuvo su especialidad en Microbiología industrial en la Universidad Federal de Minas Gerais de Brasil. Ha publicado sobre la producción de compuestos a partir de fermentación de levaduras, describiendo el primer microorganismo de las Islas Galápagos; así también ha contribuido a publicaciones científicas y capítulos de libros en Croacia. En su trayectoria como investigadora escribió un libro de descripción de especies de microalgas del Ecuador. Actualmente se encuentra en el periodo de secuenciación de microalgas con potencial de biorremediación.

Título de ponencia: Caracterización de microalgas del Ecuador con fines biotecnológicos.



Expositor 4

Nombre: María Claudia Segovia

Contacto: mcsegovia@espe.edu.ec

Institución: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

Profesión: Bióloga de la conservación, Doctora en genética de la conservación de especies endémicas

Área de Trabajo: Genética de la conservación del género *Polylepis* Ecuador, Genética de población y análisis filogenéticos.

Claudia obtuvo su licenciatura en Biología en la Pontificia Universidad Católica del Ecuador y su maestría en ciencias en biología ambiental y vegetal en la Universidad de Ohio.

En 2014, recibió su Ph.D. en Biología con un certificado de postgrado en Conservación y Desarrollo Tropical (TCD) en la Universidad de Florida. Además es miembro activo de WISE-UF, cofundadora de UF-Ph.D.-Moms y facilitadora de talleres participativos de mujeres profesionales en ciencias ambientales y sostenibilidad. Actualmente, trabaja como profesora asociada en la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE coordinando el grupo de investigación BIOCEMP y es la Coordinadora y cofundadora de la Red Ecuatoriana de Mujeres en la Ciencia (REMCI).

Título de ponencia: Herramientas genómicas para descubrir la historia de los bosques de *Polylepis*.



SECCIÓN: AGRICULTURA Y GANADERÍA

Expositor 1

Nombre: José Luis Zambrano Mendoza

Contacto: jose.zambrano@iniap.gob.ec

Institución: Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP)

Profesión: Ingeniero Agropecuario

Área de Trabajo: Genética, Fitomejoramiento

Ingeniero Agropecuario, graduado en la Escuela Politécnica del Ejército ESPE - IASA. Realizó su Maestría en Fitomejoramiento y Recursos Genéticos en “Wageningen University” y obtuvo su PhD en el Departamento de Horticultura y Cultivos Extensivos en

“The Ohio State University, especialidad Genética y Fitomejoramiento. Durante su carrera profesional ha desarrollado dos variedades de maíces Amiláceos para la sierra del Ecuador y un híbrido de maíz para la Región Litoral del País y ha dirigido varios proyectos de resistencia genética a plagas y calidad nutricional del maíz. Fue Profesor de Genética y Fitomejoramiento en el IASA II (Sede Santo Domingo de los Tsáchilas) y Director de Investigaciones del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias – INIAP. Actualmente es Investigador Principal del Programa de Maíz en la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

Título de ponencia: Conservación y mejoramiento genético de plantas en el INIAP.



Expositor 2

Nombre: Mario Caviedes Cepeda

Contacto: mcaviedes@usfq.edu.ec

Institución: Universidad San Francisco de Quito (USFQ)

Profesión: Ingeniero Agrónomo

Área de Trabajo: Genética, Fitomejoramiento

Ingeniero Agrónomo graduado en la Universidad Central del

Ecuador, Maestría en Ciencias del Colegio de Posgraduados-

México. Ph.D., en Agronomía en la Universidad de Sao Paulo-

Brasil. Se ha desempeñado como: Director de Investigaciones

del INIAP (1990 - 1993) y (2002 - 2003); Coordinador Nacional

del Programa de Mejoramiento del Maíz (1998 - 1999);

Subdirector General del INIAP (1999 - 2000), director de la

Estación Experimental Santa Catalina del INIAP (1993-1994). Docente de Pregrado y Post

grado en varias Universidades del país. Ha dirigido proyectos de caracterización morfológica

y molecular de bancos de germoplasma, desarrollo de poblaciones, híbridos y variedades de

maíz en la costa y sierra del Ecuador y coinvestigador en Proyectos en las áreas de Ingeniería

de Alimentos e Ingeniería Química. También ha sido consultor de la Organización de las

Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) en el área de semillas.

Actualmente ocupa la posición de Director de la Carrera de Ingeniería en Agronomía

Universidad San Francisco de Quito.

Título de ponencia: Avances de la academia en el desarrollo de nuevas variedades de plantas.



Expositor 3

Nombre: Raúl Castillo Torres

Contacto: rcastillo@cincae.org

Institución: Centro de Investigación de la Caña de Azúcar en Ecuador (CINCAE)

Profesión: Ingeniero Agrónomo

Área de Trabajo: Genética, Fitomejoramiento, Agronomía

Ingeniero Agrónomo graduado en la Universidad Central del

Ecuador con un doctorado (PHD) en la Universidad de Madison-

Winsconsin en fitomejoramiento, manejo y conservación de

recursos fitogenéticos. Fue líder Nacional del Departamento de

Recursos fitogenéticos y biotecnología del INIAP desde 1982

hasta 1997. Miembro del Consejo de la Crop Science Society of

America, vicepresidente de la Sociedad Internacional de Investigadores en Caña. Actualmente

es Director General del Centro de Investigación de la Caña de Azúcar en Ecuador.

Título de ponencia: Mejoramiento genético en caña de azúcar.



Expositor 4

Nombre: Marcelo Javier Vallejo Loaiza

Contacto: marcelo.vallejo@deruiter.com

Institución: De Ruiter Ecuador Roses S.A.

Profesión: Ingeniero Agropecuario

Área de Trabajo: Genética, Fitomejoramiento

Ingeniero Agropecuario graduado en la en la Escuela Politécnica del Ejército – ESPE - IASA. Tiene un MBA en el Instituto de Desarrollo Empresarial (IDE). Ha participado en el desarrollo y liberación de más de una decena de variedades de rosas en Latinoamérica, Europa y África. Actualmente es Gerente Comercial de De Ruiter Ecuador Roses S.A.

Título de ponencia: Mejoramiento genético en rosas.



Expositor 5

Nombre: Luis Fernando Rodríguez

Contacto: luis.rodriguez@iniap.gob.ec

Institución: Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP)

Profesión: Ingeniero Zootecnista

Área de Trabajo: Zootecnia y Mejoramiento Genético Animal

Ingeniero Zootecnista, graduado en la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Investigador del Programa de Ganadería de leche y Pastos de la Estación Experimental Santa Catalina del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) desde 1980. Como parte del equipo de investigadores ha

realizado trabajos sobre Nutrición y Alimentación, Sanidad/Salud, Manejo, Reproducción y Mejoramiento en bovinos de leche. Coordinador Nacional de Investigación Pecuaria del INIAP del 2013 a la presente. Coordinador de proyecto “Mejoramiento de los sistemas de producción animal con énfasis en la ganadería de leche en la Región Andina dentro del contexto de Cambio Climático” y del “Proyecto para escalar investigación regional y las innovaciones de los pequeños agricultores en la cadena de valor del cuy”. Actualmente es Director de la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

Título de ponencia: Mejoramiento genético en especies bovinas en el INIAP.



Expositor 6

Nombre: Patricia Ximena Falconí Salas
Contacto: pxfalconi@espe.edu.ec
Institución: Universidad de la Fuerzas Armadas, ESPE.
Profesión: Ingeniero Zootecnista
Área de Trabajo: Producción y Mejoramiento Genético Animal.

Ingeniera zootecnista con una larga experiencia profesional en la cría de cuyes y otras especies menores. Es docente investigadora de la Universidad de las Fuerzas Armadas (ESPE) en Ecuador, en el Departamento de Ciencias de la Vida, Facultad de Ciencias Agropecuarias IASA y especialista en desarrollo rural. Ha trabajado durante más de 25 años investigando en el área de piensos alternativos para conejillos de indias y ha dirigido varios proyectos de investigación en estas áreas, además de capacitar a mujeres rurales para criar a este animal. Dirige el banco genético del cuy nativo ecuatoriano.
Título de ponencia: Banco genético del cuy nativo ecuatoriano.



Expositor 7

Nombre: Edie Gabriel Molina Cuasapaz
Contacto: edie.molina7278@utc.edu.ec
Institución: Universidad Técnica de Cotopaxi y PRODUBIOGENSA.

Profesión: Veterinario
Área de Trabajo: Mejoramiento genético animal y biotecnología de la reproducción.

Médico Veterinario graduado en la Universidad Central del Ecuador. Máster en mejora genética animal y biotecnología de la reproducción de la Universidad Autónoma de Barcelona y la Universidad Politécnica de Valencia, España. Trabajó como investigador en el INIA de España (2017-2018) identificando genes de fertilidad en bovinos. En la actualidad es Director de Selección Genética en PRODUBIOGENSA Cia. Ltda. y docente de la Universidad Técnica de Cotopaxi en la carrera de medicina veterinaria.

Título de ponencia: Mejoramiento genético en bovinos, porcinos y equinos



SECCIÓN: ECOGENÓMICA Y BIOECONOMÍA

Expositor 1

Nombre: José Antonio Castillo Morales

Contacto: jcastillo@yachaytech.edu.ec

Institución: Universidad Yachay Tech

Profesión: Microbiólogo

Área de Trabajo: Interacción planta-microbio

Profesor de genética y microbiología en la Universidad Yachay Tech. Obtuvo su doctorado en microbiología en la Universidad de Chile y luego realizó un entrenamiento postdoctoral en la Universidad de Chicago, EE. UU., trabajando en la interacción planta-patógeno en el laboratorio de Jean T. Greenberg. Desde entonces, ha trabajado en microbiología molecular, evolución bacteriana y diversidad de bacterias asociadas a plantas y suelos durante varios años. Su interés de investigación se centra principalmente en la microbiología para mejorar la agricultura.

Título de ponencia: Dinámica evolutiva de las proteínas de la capa de esporas de *Bacillus* basadas en múltiples análisis del genoma.



Expositor 2

Nombre: Fernando Alexis Gonzales Zubiarte

Contacto: fgonzales@yachaytech.edu.ec

Institución: Universidad Yachay Tech

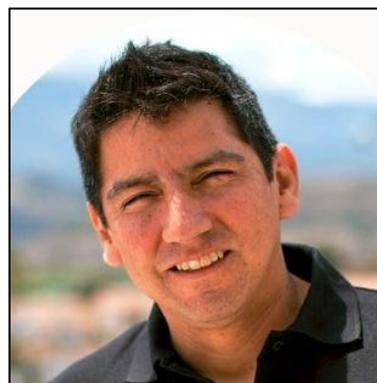
Profesión: Biólogo/Bioquímico

Área de Trabajo: *Saccharomyces cerevisiae*, RNA, localización de proteínas, enterobacterias.

Profesor investigador en la Universidad Yachay Tech, realizó sus estudios de maestría y doctorado en bioquímica y biología molecular en la Universidad de São Paulo, Brasil. Así como también postdoctorados en la Universidad de California - Los Ángeles (UCLA), en la Universidad de Aarhus en Dinamarca y en la Universidad de São Paulo.

Durante sus posdoctorados dirigió proyectos de investigación estudiando el procesamiento y maduración de diversos RNAs (rRNAs, mRNAs, snoRNAs). Intereses de investigación: Estudio del transporte y localización de proteínas en la célula y su involucramiento en enfermedades; prevalencia de enterobacterias super resistentes a antibióticos en animales de estimación; expresión génica durante la infección del parásito *Leishmania*; control y detección de pesticidas en Ecuador.

Título de ponencia: Dispersión y prevalencia de enterobacterias resistentes a antibióticos clínicamente significativos en animales de estimación, en la provincia de Imbabura (Ecuador).



Expositor 3

Nombre: Spiros N. Agathos

Contacto: sagthos@yachaytech.edu.ec

Institución: Universidad Yachay Tech

Profesión: Bio-Ingeniero

Área de Trabajo: Ingeniería Biológica y Biotecnología para el Desarrollo Sostenible.

Ingeniero Químico y Bioquímico, realizó su Maestría en Ingeniería Química en la Universidad McGill (Montréal, Canadá) y obtuvo su PhD en Ingeniería Bioquímica en el Instituto Tecnológico de Massachusetts (MIT). Fue Profesor en la Universidad de Western Ontario (Canadá), en la Universidad Rutgers (New Jersey, EE. UU.) y en la Universidad Católica de Lovaina (Bélgica). Desde 2015 es el Primer Decano de la Escuela de Ciencias Biológicas e Ingeniería de la Universidad Yachay Tech. Cuenta con más de 220 publicaciones, ha supervisado 27 investigadores postdoctorales, 25 tesis doctorales y 84 tesis de maestría y es reconocido internacionalmente con muchos premios por sus contribuciones en biotecnología sintética y ambiental. También ha sido consultor de varios gobiernos, organizaciones internacionales y de la industria. En enero de 2019 fue nombrado Fellow de la Academia Americana de Microbiología (AAM), un grupo de liderazgo honorífico de la Sociedad Americana de Microbiología (EE. UU.), siendo el primer académico en Ecuador y el cuarto en Bélgica en recibir esta distinción.

Título de ponencia: Metagenómica en ecosistemas naturales y de ingeniería.



CHARLA MAGISTRAL DE CIERRE

Nombre: Gabriela Repetto

Contacto: grepetto@udd.cl

Institución: Centro de Genética y Genómica de la Facultad de Medicina, Universidad del Desarrollo

Profesión: M.D

Área de Trabajo: Genética Humana

Académica del Centro de Genética y Genómica de la Facultad de Medicina, realiza actividades de docencia, investigación, atención clínica (en Clínica Alemana y Hospital Padre Hurtado) y extensión. Trabaja en la integración de la genética y genómica a la docencia de la Medicina, como un eje transversal a lo largo de pre y post grado. Investiga sobre enfermedades poco frecuentes, que son en su mayoría de causa genética y causan discapacidad y muerte precoz, sobre todo en niños.

Título de ponencia: Genómica y Enfermedades Raras.



RESÚMENES DE PONENCIAS

Democratización de la genómica

Catalina López-Correa

Genome BC

Correo electrónico: clopez@genomebc.ca

Resumen

En la actualidad existe una marcada reducción en el costo de secuenciación del ADN. Hace veinte años costaba cien mil dólares el secuenciar un individuo, mientras que hoy en día el costo bordea los mil dólares. Al 2025 se espera que clientes secuencien su genoma, intercambien DNA en el mercado y existan personas editadas genéticamente producto de gametos o embriones editados por CRISPR. En países desarrollados la genómica tiene aplicaciones en varios campos, siendo la medicina de precisión o fármaco-genómica (droga correcta, dosis adecuada, paciente indicado, según perfil genético de cada paciente) el aspecto más desarrollado; lo que está mejorando, entre otros aspectos, el diagnóstico y tratamiento de pacientes con cáncer. La genómica también se aplica en el diagnóstico, análisis y trazabilidad de patógenos y productos orgánicos, en la bioremediación de suelos, en la exploración, evaluación y monitoreo de la biodiversidad y en el desarrollo de bioproductos (enzimas) que permitirían reducir desechos orgánicos y emisiones de metano. Existen barreras para la implementación de la genómica clínica en países en desarrollo: a) falta de herramientas computacionales y bioinformática, bases de datos con información clínica, acceso, manejo y almacenamiento; b) falta de profesionales clínicos capacitados que integren la información genómica y clínica del paciente; c) limitaciones de recursos físicos y falta de financiamiento; d) falta de reconocimiento de la salud genómica como prioridad de los gobiernos; e) pobre colaboración internacional; y, d) aspectos éticos relacionados con el consentimiento y privacidad de la información del paciente.

Palabras clave: *Biodiversidad, CRISPR, Edición génica, Fármaco-genómica, Medicina de precisión.*

Comparación del microbioma intestinal de niños residentes de Uyumbicho, Guayabamba (provincia de Pichincha) y Cuenca (provincia del Azuay)

Lucia Fiallos

Universidad San Francisco de Quito USFQ

Correo electrónico: fiallos.lucia@gmail.com

Resumen

Este es un trabajo realizado en conjunto con la Universidad Central del Ecuador y la Universidad de Cuenca y financiado por CEDIA. Se presentan los resultados del análisis y comparación de la microbiota intestinal de niños de 6 a 8 años de edad de tres localidades del Ecuador (Uyumbicho y Guayllabamba en la provincia de Pichincha y Cuenca provincia de Azuay), mediante la secuenciación del gen que codifica para el 16S ARNr, obtenido de muestras de heces, con tecnología MiSeq Illumina y también analizamos diferentes factores ambientales que podrían influir en la microbiota intestinal con el programa bioinformático Qiime2.org versión 2018.11. Los resultados mostraron que la ubicación geográfica y la presencia de *Entamoeba coli* e *histolytica* tienen un efecto en la beta diversidad, igualmente la distancia geográfica afectó la abundancia relativa de la microbiota pues se observó el incremento de géneros como *Prevotella* y frente a la infección con *Entamoeba* se observó el incremento de la abundancia relativa de la familia Ruminococcaceae., sin embargo, no se observó ninguna diferencia en alfa diversidad.

Palabras clave: *Entamoeba histolytica*, *Entamoeba coli*, *Microbiota intestinal*, MiSeq Illumina, *Prevotella*.

Resistencia primaria de VIH I a los antiretrovirales en dos hospitales de la ciudad de Quito

Cosme Hidalgo y Tatiana Sivisaca

Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública

Correo electrónico: chidalgo@inspi.gob.ec

Resumen

La fármaco-resistencia del virus de la inmunodeficiencia humana (FRVIH) constituye un factor de fracaso terapéutico en el monitoreo clínico del paciente infectado, es por ello que la vigilancia de la FRVIH permitirá detectar la circulación de cepas resistentes en las primeras etapas de la infección y adoptar medidas relacionadas con la política de uso de antirretrovirales (ARV) y manejo de casos en nuestro país. Con el propósito de detectar resistencia genotípica del VIH-1 a inhibidores de la retrotranscriptasa (RTI) se procesaron 10 muestras de plasma de pacientes sin exposición previa al tratamiento antirretroviral (Naïve). Se realizó extracción del ácido ribonucleico (ARN) viral el cual fue amplificado por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y sometido a la técnica pirosecuenciación en la Plataforma de Secuenciación de ADN Junior 454-GS de Roche. La identificación de mutaciones, el subtipo viral y el nivel de resistencia a los ARV se efectuó con la aplicación DeepChek®. Un total de 48 mutaciones fueron detectadas en el gen de la retrotranscriptasa viral, de las cuales 3 se asocian con resistencia a los inhibidores de la retrotranscriptasa (RTI). Se identificó las mutaciones: K103N que causa resistencia de alto nivel a los medicamentos de la clase NNRTI: Nevirapina (NVP) y Efavirenz (EFV), F77L que sola tiene significado clínico incierto; y S68N/G que en combinación con K65R restablece parcialmente el defecto de replicación viral (fitness viral). Las mutaciones restantes no confieren resistencia conocida. El subtipo B predominó en este grupo de muestras, seguido por subtipo C, y la variante genética CRF28_BF. Los resultados expuestos sugieren la presencia de virus resistentes a los RTI que se están transmitiendo a los pacientes, lo cual puede tener implicaciones importantes en el manejo de la política antirretroviral en el país y enfatiza la necesidad de implementar un sistema de monitoreo constante de la resistencia transmitida del VIH a los ARV en el país.

Palabras clave: *Fármaco-resistencia, FRVIH, Polimerasa, Retrotranscriptasa, VIH-1.*

Oropouche, A new risk for Ecuador?

Oropouche ¿Un nuevo riesgo para el Ecuador?

Sully Márquez

Universidad San Francisco de Quito USFQ

Correo electrónico: smarqueza@usfq.edu.ec

Resumen

Oropouche virus was identified in a serum sample of a febrile patient from Esmeraldas province using metagenomics. This new tool which has proven to be very useful for viral identification since most of the febrile patients have an unknown diagnosis. With this, it is possible to massively sequence all segments of DNA or RNA present in a blood sample and filter in silico (bioinformatic alignment of RNA or DNA sequences) that have similarity to the genomes of hundreds of viruses associated with these febrile diseases. Then Oropouche virus was isolated from patient serum by using cell culture with Vero cells. Phylogenetic analysis showed the Ecuadorian strain to be similar to a strain from Peru. Isolation was confirmed by using real-time reverse transcription. Knowing the virus sequence, new primers were designed to detect Ecuador's strain in serum samples since the standard diagnostic test didn't work. With this modification in the real-time reverse transcription, 6 serum samples were positive. Oropouche virus should be included in the screening for febrile patients. The next steps are to study the virus circulation and to identify the vector responsible for its transmission in this location.

Palabras clave: *DNA, Metagenomics, Oropouche, Phylogenetic analysis, Serum sample.*

Desarrollo e implementación de una nueva técnica de bajo costo para el diagnóstico y detección del virus del ZIKA

Varsovia Cevallos y Denisse Benítez

Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública

Correo electrónico: abenitez@inspi.gob.ec

Resumen

La epidemia emergente provocada por el virus del Zika (ZIKV) en las Américas ha sido considerada un problema de gran importancia para la salud pública. La correlación existente entre el incremento de casos provocados por el ZIKV y el desarrollo de complicaciones neurológicas en la población llevó a la Organización Mundial de la Salud (OMS), a declarar un estado de emergencia, recalando la necesidad de nuevas técnicas diagnósticas de bajo costo que sean rápidamente desarrolladas y distribuidas en las regiones afectadas. El presente proyecto tiene el objetivo de desarrollar un sistema digital de micro fluidos en combinación con técnicas moleculares para la detección del virus de ZIKA en muestras de pacientes e insectos, generando una herramienta diagnóstica de bajo costo, de fácil manejo y que se pueda aplicar en diferentes contextos de salud en el Ecuador y en todas las áreas afectadas por el virus del ZIKA. En este sistema digital se han considerado sensores que han sido diseñados para la detección de los virus de ZIKA, DENGUE y CHIKUNGUNYA, los cuales serán incluidos en una plataforma digital desarrollada para el diagnóstico rápido de estos virus. Esta plataforma será validada con muestras humanas en Colombia, Brasil y Ecuador.

Palabras clave: *Dengue, Chikungunya, Microfluidos, OMS, Zika.*

Herramientas moleculares y genómicas para el estudio de parásitos de las tortugas de Galápagos a humanos

Leandro Patiño

Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública

Correo electrónico: lpatino@inspi.gob.ec

Resumen

Los estudios de diversidad, abundancia y distribución de organismos y los factores que determinan estos patrones son esenciales en ecología. En mi tesis doctoral investigué estos aspectos en los hemoparásitos, garrapatas del género *Amblyomma*, y helmintos gastrointestinales de las tortugas Galápagos (*Chelonoidis* spp). Análisis microscópicos y filogenéticos revelaron hemoparásitos del género *Hepatozoon* = *Bartazoon*, como el único parásito sanguíneo de estas tortugas, se encontraron dos haplotipos, uno en 37 muestras sanguíneas de tortugas de los volcanes Alcedo y Wolf y el otro en una tortuga del volcán Darwin. Uno de los haplotipos fue detectado también en dos garrapatas. Análisis filogenéticos de las garrapatas revelaron la presencia de tres especies, una infestando tortugas de los volcanes Alcedo y Wolf (100 % prevalencia), otra infestando tortugas de Santiago y otra infestando tortugas de Pinzón (20 % y 55% de prevalencia respectivamente). Previamente se habían reportado solo dos especies: *A. unsingeri* en Alcedo y Wolf, y *A. pilosum* en Santiago y Pinzón. Métodos de secuenciación masiva de ADN revelaron la presencia de siete familias de Nematodos, la mayoría se detectó en todo el archipiélago sugiriendo un reducido efecto de la colonización del huésped en su distribución, tres géneros se encontraron sólo en una o dos islas sugiriendo una potencial adquisición local. Los métodos de secuenciación masiva de ácidos nucleicos, pueden utilizarse también para estudios de diversidad, abundancia, distribución y vigilancia epidemiológica de agentes infecciosos. En la actualidad estoy usando estas herramientas para investigar virus transmitidos por artrópodos (arbovirus). El fin de este proyecto es incorporar el uso de la genómica en Ecuador para el estudio de agentes infecciosos.

Palabras clave: *A. unsingeri*, *A. pilosum*, *Diversidad*, *Haplotipos*, *Hemoparásitos*.

Caracterización de microalgas del Ecuador con fines biotecnológicos

María Cristina Guamán-Burneo, Nory González, Isabel ballesteros, Paulina Terán, Rafaela Holguín, Alejandra Cruz, José Miguel Álvarez.

Universidad De Las Américas

Correo electrónico: maria.guaman@udla.edu.ec

Resumen

La diversidad climática del Ecuador da lugar a la gran riqueza y abundancia de especies, entre ellas, las microalgas. Estos microorganismos fotosintéticos son un extenso grupo con alto potencial biotecnológico, principalmente por ser fuentes naturales de compuestos bioactivos con importantes propiedades biológicas. El objetivo principal del presente estudio es la identificación de microalgas presentes en Áreas Protegidas y conservadas de los Andes del Ecuador. Para ello, se han analizado muestras de 32 lagos de diez Áreas Protegidas (Parques Nacionales Cotopaxi, Sangay, Llanganates y Cajas; Reservas Ecológicas del Antisana, Los Ilinizas, Cayambe-Coca, El Ángel, Cotacachi-Cayapas y Reserva Faunística del Chimborazo) y un área conservada (lago Chinchillas). Basándonos en análisis morfológicos mediante microscopía óptica se han identificado 92 géneros de microalgas correspondientes a 19 cianobacterias, 37 de algas verdes, 30 diatomeas, 2 euglenoides y uno de eustigmatophyta, synurophyta, dinoflagelados y glaucophyta respectivamente. A partir de estas muestras ambientales se han aislado cultivos de microalgas que dan lugar a la colección de Ficología de la UDLA, la cual está siendo caracterizada microscópica y molecularmente con el fin de analizar regiones variables del gen 18S rRNA (Clorophytas) y 16S rRNA (cianobacterias). El análisis de las secuencias obtenidas indica que los aislados se agrupan en 20 tipos moleculares que se han definido como Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs). La comparación de las distintas secuencias con bases de datos genéticas (Genebank) muestra que la Colección de Ficología-UDLA, se encuentra conformada principalmente por aislados de *Chlorella sorokiniana* y *Coelastrella* spp. El crecimiento de los aislados identificados de microalgas forman parte de la primera colección de microalgas del Ecuador, lo cual ampliará el conocimiento de nuestra biodiversidad, así como el desarrollo de nuevos proyectos de investigación con potencial uso en la industria cosmetológica, farmacéutica, alimenticia y biomédica. De esta manera, se podrá impulsar el uso sostenible de nuestros recursos para la elaboración de productos con potencial biotecnológico.

Palabras clave: *Ficología, Genebank, Microalgas, OTUs, Rrna.*

Herramientas genómicas para descubrir la historia de los bosques de *Polylepis*

Claudia Segovia

Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE

Correo electrónico: mcsegovia@espe.edu.ec

Resumen

Los bosques de *Polylepis* se distribuyen desde Venezuela hasta el Sur de Chile y Argentina. Estos bosques cumplen un rol ecológico fundamental para los ecosistemas altoandinos. Sin embargo, en las últimas décadas la reducción de su hábitat los ha convertido en uno de los ecosistemas boscosos más amenazados del mundo. En este contexto, esta investigación trata de descifrar la historia evolutiva de estos bosques en Ecuador con herramientas filogenómicas, citogenéticas y genéticas. Se presenta la técnica de Hyb Seq con 256 genes ortólogos para este género usando sondas generadas para frutilla. El resultado es una filogenia con mayor resolución que refleja la compleja evolución de este grupo de especies. Para analizar la poliploidia, se presentan conteos cromosómicos de las especies ecuatorianas y se reporta la presencia de citotipos para la especie *P. racemosa* introducida desde Perú. Adicionalmente, se analiza con marcadores microsatélites, la posibilidad de hibridación entre especies nativas e introducidas del mismo género. Toda esta información se la presenta dentro de un contexto histórico de las comunidades andinas.

Palabras clave: *Ecosistemas Alto Andino, Filogenómica, Microsatélites, Polylepis, Poliploidia.*

Conservación y mejoramiento genético de plantas en el INIAP

José L. Zambrano

Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias

Correo electrónico: jose.zambrano@iniap.gob.ec

Resumen

La humanidad enfrenta una seria amenaza, ya que debido al incremento de la población la demanda de alimentos se incrementará en un 70% en los próximos 30 años. Independientemente de que si en la actualidad existe o no suficiente alimento para toda la población, las proyecciones de producción de maíz y trigo, los principales alimentos en el mundo, no podrán satisfacer la demanda futura. A esta amenaza se suma el tema de cambio climático y las consecuencias que este tendrá sobre el rendimiento de los cultivos. Hasta la fecha el fitomejoramiento (mejoramiento genético de plantas) ha contribuido en forma decisiva al incremento de la producción agrícola tanto en los países desarrollados como en los países en desarrollo. Durante la revolución verde fueron esenciales las variedades de alto rendimiento de arroz y trigo, que hicieron posible un aumento significativo de la producción de alimentos en el mundo. Más de la mitad del adelanto en la productividad de los cultivos se atribuye a mejoras genéticas en el maíz, la soya y el trigo. Desde 1959 el mejoramiento genético de plantas en el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) ha sido una de las principales líneas de investigación, generando a la fecha 274 nuevas variedades de gran impacto en el país, sobre todo en arroz, palma y granos andinos. La base de los programas actuales de mejoramiento genético en el INIAP son la conservación y estudio de la agrobiodiversidad, ya que se constituye en la mayoría de los casos en el punto de partida para desarrollar nuevas variedades. En la actualidad el INIAP conserva alrededor de 30 mil accesiones en su banco de germoplasma. La mayoría de las variedades han sido desarrolladas mediante técnicas convencionales de fitomejoramiento, como selección clonal, pedigree, hibridación, retrocruzamientos, selección recurrente, medios hermanos y mutaciones; sin embargo, existen programas como el de fréjol y papa que emplean frecuentemente técnicas de selección asistida por marcadores moleculares. En cuanto a estudios genéticos, se han desarrollado estudios de resistencia a enfermedades en banano, papa, granos andinos, cereales y fréjol. Recientemente se han realizado estudios para identificar regiones del genoma asociados a caracteres de interés agronómico o QTL (quantitative trait loci) en trigo, cebada y maíz; y se realizan análisis del transcriptoma del cacao y de la quinua para calidad sensorial y producción de saponina, respectivamente.

Palabras clave: *Agrobiodiversidad, Fitomejoramiento, INIAP, QTL, Transcriptoma.*

Avances de la academia en el desarrollo de nuevas variedades de plantas: caso maíz negro

Mario Caviedes

Universidad San Francisco de Quito USFQ

Correo electrónico: mcaviedes@usfq.edu.ec

Resumen

Los maíces de color negro tienen limitada presencia en los mercados y su consumo ha disminuido en la población ecuatoriana; la presencia de antocianinas en este tipo de maíz hace que sea un producto de gran potencial para el suministro de colorantes y antioxidantes naturales. La presente investigación se ejecutó en un periodo de 12 años para la generación de dos variedades sintéticas de maíz negro incluyendo producción de semillas y pruebas agroindustriales. Las variedades mejoradas A y B se generaron a partir de diferentes fuentes de germoplasma, siendo los progenitores de la variedad A líneas S2 derivadas de individuos segregantes de maíz negro obtenidos de una cruce interpoblacional de dos “pooles genéticos” provenientes del CIMMIT – México y la variedad B se generó con base de líneas S2 derivadas de genotipos de maíz negro colectados en la Parroquia del Quinche, Provincia Pichincha – Ecuador. Las dos variedades han sido desarrolladas y evaluadas en el periodo 2006-2018 en la Granja Experimental del Departamento de Ingeniería en Agronomía de la Universidad San Francisco de Quito. Así mismo en las 24 líneas S2 se realizaron análisis y estimaciones de depresión por endogamia, diversidad alélica y distancia genética. Los resultados de la evaluación agronómica y molecular permitieron a través de cruzamientos dialélicos generar la F1 y F2 de la variedad A (cruza de las 6 líneas S2) y de la B (18 línea S2). Para la producción de semilla de las dos variedades se utilizó un sistema de selección de medios hermanos. En los ciclos agrícolas 2017-2018 y 2018-2019 se realizaron cruzamientos dirigidos entre la variedad B utilizada como progenitor femenino y dos poblaciones de origen peruano de coloración negra y rojiza como progenitores masculinos, con la finalidad de mejorar la textura del grano de esta variedad; se generaron 80 cruza F1 de las cuales se seleccionaron 25 y se evaluaron a través de un experimento bajo un diseño de DBCA con dos repeticiones y 25 tratamientos. Los resultados de este proceso muestran mejoras importantes en la textura del grano e incrementos en el rendimiento del material experimental evaluado.

Palabras clave: *Antocianinas, Cruzas F1, Dialélicos, Maíz Negro, Variedades sintéticas.*

Procesos de obtención de variedades de caña de azúcar en CINCAE

Raúl Castillo T. y Edison Silva C.

CINCAE

Correo electrónico: rcastillo@cincae.org

La caña de azúcar es un organismo que forma parte de un grupo o “pool” genético amplio, dentro de las *Poaceas*, género *Saccharum* L., con seis especies de diferente ploidía o número de cromosomas (2n): *S. spontaneum* (silvestre): 40–128, *S. robustum* (silvestre): 60–200; *S. officinarum* (noble): 80; *S. barberi* (híbrido primitivo): 111-120; *S. sinense* (híbrido primitivo): 80 - 124; *S. edule* (silvestre): 60–80. También tuvieron un aporte genético los géneros *Erianthus* y *Miscanthus*. Las variedades comerciales cultivadas actualmente son híbridos, de número cromosómico variable, entre *S. officinarum* y mayormente *S. spontaneum* conocido como el complejo de híbridos *Saccharum*. En las islas de Java y Barbados se inició en los años 1890 el proceso de cruzamientos dirigidos, mediante cruza recurrentes hacia *S. officinarum*, denominándose “nobilización de las cañas”. Fisiológicamente, la caña de azúcar pertenece al grupo de plantas C-4, que se caracteriza por una alta tasa fotosintética en sus hojas, provocando altas producciones de biomasa/hectárea/año en condiciones ideales de cultivo. Estas tasas de fotosíntesis pueden variar entre 22 a 63 micromoles (μm) de $\text{CO}_2/\text{m}^2/\text{seg}$. Dada la condición de planta C-4, la caña de azúcar aumenta la capacidad fotosintética cuando la intensidad de la luz solar se incrementa, sin que existan mayores diferencias entre plantas de hojas erectas o semi-erectas. Una radiación solar en ambientes tropicales de buena luminosidad con un promedio de 22 a 25 megajoules por metro cuadrado por día ($\text{MJ}/\text{m}^2/\text{día}$) es considerado normal para una adecuada fotosíntesis ($1 \text{ MJ}/\text{m}^2/\text{día}=0.01157 \text{ kW}/\text{m}^2$; y, una hora de sol brillante proporciona $3.6 \text{ MJ}/\text{m}^2$). Si la caña de azúcar realiza una fotosíntesis normal y rápido crecimiento, en caña planta acumulará $1.7 \text{ g}/\text{MJ}/\text{m}^2$, y en caña soca $1.59 \text{ g}/\text{MJ}/\text{m}^2$. La temperatura promedio óptima para la caña de azúcar es relativamente alta de alrededor de 33°C ; temperaturas por debajo de los 25°C y superiores a los 38°C pueden reducir la capacidad fotosintética de la planta. Temperaturas superiores pueden reducir la producción de materia seca ya que disminuye la tasa fotosintética y se incrementa la respiración; a su vez, disminuye la concentración de sacarosa, cuya molécula se disocia en fructuosa y glucosa durante la maduración. Periodos con temperatura media menor de 21°C , retardan el crecimiento de los tallos y aumenta la concentración de sacarosa. La oscilación térmica entre las temperaturas medias diurnas y nocturnas mayor a 8°C , ayudan a acumular azúcares, siempre y cuando no se presenten factores que limiten el rendimiento.

En CINCAE, el fitomejoramiento de la caña de azúcar se basa en los procesos tradicionales de cruzamiento de dos variedades (híbridos) combinando características de alto contenido de sacarosa (azúcar), alta producción de caña, resistencia a las principales enfermedades presentes en Ecuador, baja floración, resistencia al vuelco, entre otras. Se inicia con la inducción de la floración de progenitores en casa de fotoperiodo o en campo abierto, que dura cerca de un año. Las cañas florecidas se cruzan en forma de hermanos completos (biparental) o de medios hermanos con una madre y polen de diferentes plantas (poli-cruzamientos). Las semillas obtenidas de alrededor de 300 cruzamientos se siembran en invernadero, bajo condiciones controladas de temperatura, para luego trasplantar a gavetas. Alrededor de 25.000 plantas con buen sistema radicular se trasplantan a campo cada año, que constituye la población de selección anual o primera fase (estado I). Aquí, durante el primer año (caña planta) se identifican las mejores familias por contenido de azúcar, en el rebrote o primera soca, se seleccionan los mejores individuos (clones). En estado II se evalúan alrededor de 1.000 clones

seleccionadas de estado I, en surcos de 7 m cada una, y se seleccionan los mejores en contenido de azúcar y resistencia a enfermedades. Las siguientes fases de selección (III y IV), se evalúa producción de caña (TCH), contenido de azúcar (pol %), producción de azúcar (TAH), adaptación y estabilidad en distintos ambientes o localidades en dos o tres años. Luego de 11 años, pocos clones seleccionados (3 o 4) se siembran en parcelas grandes o semicomerciales (más de 1.000 m²) por dos años, con el mismo manejo de cultivo comercial. A los 12 años, los mejores clones serán entregados como nuevas variedades. Durante todas las fases se realizan evaluaciones fitosanitarias y análisis de calidad de la caña en laboratorio, determinando el contenido de sacarosa (pol %), fibra, humedad, etc. Con el sistema de selección antes descrito, hasta el 2017 se han conformado 20 series de selección (1998 a 2017), de las cuales se han liberado ocho variedades; ECU-01 (serie 1998) en el 2007, EC-02 (serie 2000) en el 2009, EC-03 y EC-04 (serie 2000) en el 2011, EC-05 y EC-06 (serie 2001) en el 2013, EC-07 (serie 2000) y EC-08 (serie 2002) en el 2016. Estas variedades actualmente ocupan el 47 % del área en los ingenios COAZÚCAR, San Carlos y Valdez, mismas que han ayudado a incrementar la producción de caña y azúcar en los últimos años.

Palabras clave: *Caña de azúcar, CINCAE, Híbridos, Fitomejoramiento, Productividad.*

Mejoramiento genético en rosas

Marcelo Vallejo

De Ruiter

Correo electrónico: marcelo.vallejo@deruiter.com

Resumen

La floricultura es la industria de exportación más importante del país en la región de la sierra. El mejoramiento genético en rosas es muy importante para el Ecuador ya que, al tener la mejor calidad de flores en el mundo por nuestras condiciones geográficas, se desarrollan nuevas variedades de rosas con mejores características para los importadores y el consumidor final. Para lograrlo se realiza un proceso que puede llevar varios años, que incluye: 1) diseño e hibridación, el departamento de hibridación en Holanda anualmente selecciona padres y madres para el proceso, dependiendo de las necesidades que tengan la empresa y los consumidores finales (mercado). El plan de hibridación incluye la selección de genotipos de todo el mundo que tengan un valor genético agregado y buena capacidad de combinación; 2) germinación, se realiza en un ambiente controlado bajo parámetros pre-establecidos y estándares favorables para dicho proceso: sanidad, temperatura, CO₂, humedad, luz, etc.; 3) selección inicial, una vez germinada la semilla en bandeja, se realiza una primera selección de las plántulas más fuertes. El cuidado de la planta es sumamente importante ya que únicamente contamos con una sola planta que lleva su propio contenido genético. Una vez florecida, el departamento de hibridación en Holanda, determina a qué destino se enviará el material genético a ser propagado asexualmente para su posterior evaluación *in situ* en todas las agencias de *De Ruiter* en el mundo; 4) selección y evaluación final, se recibe el material genético en yemas para ser propagado mediante injertación en campo, sobre el patrón seleccionado en cada país; y 5) registro y comercialización, se registra la variedad en los países donde se va a comercializar la flor y se registra el nombre comercial de la misma en todo el mundo para su posterior comercialización.

Palabras clave: *Evaluación in situ, Hibridación, Injertación, Floricultura, Variedades de Rosas.*

Mejoramiento genético de especies bovinas en el INIAP

Francisco Esteban Clavijo¹, Luis Fernando Rodríguez^{1*}, Ivan Yáñez¹, German Arturo Godoy¹, Juan Pablo Garzón¹, Luis Pinargote¹, Carlos Molina¹, Diego Andres Galarza², Pablo Roberto Marini³

¹INIAP; ²Universidad de Cuenca; ³Universidad Nacional de Rosario

*Correo electrónico: luis.rodriguez@iniap.gob.ec

Resumen

Región Andina o Sierra

El objetivo de esta investigación fue evaluar parámetros productivos y reproductivos de dos genotipos bovinos lecheros: Holstein Friesian puro (HF) y un cruce entre ½ Brown Swiss y ½ Holstein Friesian (BS*HF). Se realizó en la Estación Experimental Santa Catalina del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) ubicado en el cantón Mejía, de la provincia de Pichincha. Se utilizaron 20 vacas multíparas, con una condición corporal entre 2,5 a 3,5, clínicamente sanas, dispuestas en dos grupos por genotipo, C1: HF (n=10), y C2: BS*HF (n=10), y se evaluaron los parámetros individuales reproductivos y productivos de cada animal durante 7 años (2007 al 2014). Al analizar las variables reproductivas se observó diferencias significativas ($P < 0,05$) únicamente en número de servicios por preñez ($2,5 \pm 0,26$ vs. $1,8 \pm 0,10$; para HF y BS*HF, respectivamente); sin embargo, en intervalo de parto (IPP), días abiertos (DBA) y edad al primer parto (EPP) no se encontraron diferencias. No obstante, en el análisis de las variables productivas, se observó diferencias significativas ($p < 0,05$) sólo en peso al nacimiento ($37,7 \pm 0,63$ vs. $40,1 \pm 0,85$ Kg, para HF y BS*HF, respectivamente), en producción por lactancia (kg) y producción de leche/vaca/día (litros) no se encontraron diferencias. En conclusión, el comportamiento de los parámetros reproductivos y productivos son iguales en los dos genotipos, excepto en número de servicios por preñez y peso de ternero al nacimiento. Esto nos da una pauta para fortalecer los estudios con más número de entrecruces.

Región Litoral o Costa

Con el objeto de evaluar los efectos del cruzamiento para la producción de leche y carne en el trópico ecuatoriano, el Programa de Ganadería de la Estación Experimental Tropical Pichilingue del INIAP ha realizado trabajos de cruzamiento, teniendo como base genética la raza Brahman con el fin de conseguir a la adaptabilidad a las condiciones del trópico, y de esta manera puedan expresar su potencial genético. Como razas productoras de leche se consideraron la Holstein Friesian y Brown Swiss, donde toros Holstein realizaban montas controladas en vaconas Brahman, para el caso del cruce con Brown Swiss se utilizó inseminación artificial e inseminación artificial a tiempo fijo (IATF) en vaconas Brahman. Se obtuvieron vacas resultado de esa cruce con una producción de 8 litros/ vaca/día. Para el cruzamiento de bovinos productores de carne, en primer lugar se realizó un repoblación de la base genética Brahman y selección de la misma según su desempeño a pastoreo; y a su vez, el cruzamiento con Aberdeen Angus para la obtención de Brangus, con la utilización de herramientas biotecnológicas como lo es la transferencia de embriones obtenidos mediante lavado convencional de las donantes (TE) y fertilizados in vitro – aspiración folicular (FIV). Mediante la selección según su desempeño a pastoreo se obtuvo animales con una ganancia diaria de peso de 700 gramos/ día, peso ajustado hasta los 24 meses de edad. En el caso de cruzamientos de bovinos productores de carne es necesario realizar cruzamientos con distintas razas productoras de carnes, siempre manteniendo la base Brahman y estas razas son: Angus, Charolais, Simental, Hereford. A más de brindar adaptabilidad a las condiciones tropicales la

raza Brahman nos permite realizar cruzamientos con las razas mencionadas y obtener cruza sintéticas: Brangus Charbray, Simbrah, Bradford.

Palabras clave: Brahman, Brown Swiss, Holstein Friesian, INIAP, *Producción de leche, producción de carne.*

Cuyes nativos del Ecuador

Patricia Falconí

Universidad de las Fuerzas Armadas - ESPE

Correo electrónico: pxfalconi@espe.edu.ec

Resumen

La crianza de cuy *Cavia porcellus* en el Ecuador representa una de las principales actividades rurales, destinado para el autoconsumo de las familias y su excedente para las ventas en mercados locales. Este animal es considerado como un símbolo en la cosmovisión de los pueblos andinos, lo que ha dado lugar que en ciertas regiones de nuestro país los campesinos sean los que han conservado las líneas nativas que presentan características únicas: coloración, forma de pelo y fenotipo diferente a las líneas peruanas mejoradas. En la investigación Determinación de parámetros zootécnicos, organolépticos y moleculares de siete líneas de cuyes (*Cavia porcellus*), que fue organizada en cuatro fases: 1. Recolección y adaptación de los animales encontrados en diferentes zonas de la sierra central, 2. Determinación de parámetros zootécnicos, 3. Determinación de parámetros organolépticos y composición de carne, y 4. Determinación de parámetros moleculares. Se obtuvieron los siguientes resultados: Peso de la hembra al empadre, post parto y destete la línea nativa Tipo IV tuvo el mejor peso 1150 g, 1479,17 g, 1525 g, número de camada al nacimiento y destete los mejores resultados obtuvieron los nevados con 3,4 y 2,5 crías promedio por parto, peso de crías nacimiento y destete el mejor promedio fue para los cuyes de color negro con 171 g y 360,8 g. Por último, para la Ganancia de peso en machos y hembras hasta la octava semana, el tipo IV fue el mejor con un promedio de 800 g y 756,25 g. En la parte organoléptica, el cuy negro tuvo el mejor puntaje general con 3,78/5; así mismo, esta línea tiene el mayor contenido de proteína con 21,18 g/100g de carne. Para la fase de genética con la obtención de muestra de pelo de los cuyes, se obtuvo una media de ADN genómico de 31,26 ng/ul con un índice pureza de 1,6. En base a los resultados del análisis de ADN con 10 marcadores microsatélites, la medición de la diversidad genética reveló una riqueza alélica de 81 alelos identificados, que osciló entre 6 y 13 alelos por locus, una heterocigosidad observada entre 0,29 y 0,71, una heterocigosidad esperada de 0,64 a 0,83 y un PIC promedio de 0,71. Las tasas de relación entre individuos de la misma línea y entre las líneas fueron de 84 % y 16 %, respectivamente. Las distancias genéticas entre poblaciones variaron entre 0,34 a 0,56. Esta investigación demostró que los microsatélites son útiles para la caracterización genética de cuyes, y que el fenotipo IV es un animal promisorio que debe ser investigado y mejorado en el área genética.

Palabras clave: ADN, *Caracterización molecular, Cuy, Fenotipo, Líneas nativas.*

Mejoramiento genético en porcinos, bovinos y equinos

Edie G. Molina

PRODUBIOGENSA, Universidad Técnica de Cotopaxi

Correo electrónico: edie.molina7278@utc.edu.ec

La selección genética en las especies de producción se ha llevado a cabo mediante procesos estadísticos que estiman los valores genéticos (*breeding value*) de los reproductores de la siguiente generación; como consecuencia se han mejorado los caracteres seleccionados en las distintas especies. Sin embargo, esta metodología demanda información genealógica y fenotípica, por lo tanto, los programas exitosos de mejoramiento genético en todo el mundo se basan en la organización de los ganaderos con un soporte técnico y científico adecuado. En el Ecuador, no existe un programa nacional de mejora genética de bovinos, por el contrario, lo que se practica es introducir material genético de diversos orígenes, sin considerar la interacción genotipo ambiente, con resultados que no pueden ser evaluados por la carente organización y la falta de información. No obstante, es necesario conocer los valores genéticos que presentan en el Ecuador los bovinos que se utilizan como reproductores, con el fin de establecer un programa de mejoramiento genético bovino adaptado a las condiciones ambientales locales. Por otro lado, el mejoramiento genético en porcinos es llevado a cabo en su mayoría por empresas privadas, utilizando la variabilidad genética entre y dentro de razas, a través de un sistema piramidal que consta de tres fases: selección, multiplicación y nivel comercial. Sin embargo, en el Ecuador aproximadamente un 30% de la cría de porcinos se realiza fuera de este sistema, con limitadas condiciones en sanidad, manejo y nutrición. No obstante, los porcinos criados en las condiciones mencionadas han desarrollado resiliencia, la cual podría ser utilizada en combinación con los objetivos de selección de los caracteres de interés en un programa de mejora genética en porcinos adaptado al sistema de crianza tradicional. Por el contrario, en la mejora genética en equinos se establecen objetivos de selección específicos determinados por los criadores, por lo tanto, existe gran variabilidad en los criterios de selección de acuerdo con la raza, actividad, región, entre otros. En el Ecuador, se está trabajando en fijar los caracteres necesarios, con el fin de establecer el caballo de paso del Ecuador, como la primera raza del país. En fin, dadas las necesidades de mejoramiento genético que presenta el Ecuador en las diferentes especies animales, PRODUBIOGENSA ha desarrollado diversos procesos que incluyen entre otros: investigación, capacitación, asesoría y difusión genética mediante biotecnologías de la reproducción; encaminados a preservar la variabilidad genética de las especies animales adaptadas a las condiciones ambientales del Ecuador.

Palabras clave: *Biotecnología de la reproducción, Mejora genética, Producción animal, Valores genéticos, Variabilidad genética.*

Dinámica evolutiva de las proteínas de la cubierta de esporas de *Bacillus* basado en múltiples análisis genómicos

José A. Castillo

Escuela de Ciencias Biológicas e Ingeniería, Universidad Yachay Tech, Ecuador

Correo electrónico: jcastillo@yachaytech.edu.ec

Resumen

Varias especies del orden Bacillales son capaces de formar endosporas, que son estructuras que permiten a las bacterias sobrevivir a condiciones poco favorables. Cuando las condiciones ambientales se tornan favorables, las endosporas promueven la germinación bacteriana. La cubierta de la endospora está formada por varias proteínas (~80) de gran complejidad bioquímica. Mutaciones inducidas en varias de estas proteínas de cubierta no reducen ni afectan las propiedades normales de la espora (flexibilidad, resistencia, germinación). Por tanto, ¿por qué se requieren tantas proteínas para la cubierta de la espora? Aunque las capas de cubierta de las endosporas son ubicuas en diversas especies sus componentes proteicos no se conservan, en general. ¿Podemos descubrir un conjunto de proteínas que, en combinación, proporcionen un "nivel mínimo de complejidad bioquímica" que se necesita para lograr las funciones necesarias para la endospora? ¿Se necesita alguna variación significativa en la composición de las proteínas de la cubierta para la adaptación en la naturaleza? Inicialmente se ha realizado una catalogación de las proteínas de cubierta en varios géneros del orden Bacillales que son formadores de esporas. Se han identificado bioinformáticamente 91 genes, que intervienen en la formación y germinación de endosporas en el genoma de *Bacillus subtilis* 168 y en genomas de 140 diferentes especies y géneros formadores de endosporas. Los resultados sugieren que los genes más conservados en distintas especies capaces de formar endosporas, tienen un papel predominante en el ensamblaje de la cubierta y confieren cierta adaptación a nichos ecológicos específicos. Analizamos las fuerzas de selección que operan sobre las proteínas de cubierta como una aproximación para entender la dinámica evolutiva y la relación con la adaptación a hábitats naturales. Los resultados muestran que algunos genes que codifican proteínas de cubierta están fuertemente sujetos a selección positiva y otros, a selección negativa. Por último, se han construido árboles filogenéticos para identificar grupos internos dentro del género *Bacillus* los cuales son útiles también para indagar sobre eventos de transferencia horizontal de los genes que codifican para proteínas de cubierta de la endospora. Pocos genes parecen provenir de eventos de transferencia horizontal. Esto respalda la idea de que la capacidad de formar esporas en Bacillales es una característica ancestral. Se discute la implicancia de estos hallazgos.

Palabras clave: *Bacillus, Bioinformática, Endosporas, Proteínas de cubierta, Transferencia Horizontal.*

Diseminación de enterobacterias multirresistentes de prioridad crítica en animales de estimación de la provincia de Imbabura, Ecuador

Fernando Gonzales-Zubiate

Universidad Yachay Tech

Correo electrónico: fgonzales@yachaytech.edu.ec

Resumen

Según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS), el número de bacterias resistentes a antibióticos ha aumentado exponencialmente causando en la actualidad cerca de 700.000 muertes por año. El uso exacerbado de antibióticos utilizados en el tratamiento de infecciones humanas y veterinarias ha contribuido para el apareamiento y diseminación de cepas multirresistentes, tornando los antibióticos obsoletos y contribuyendo para el pronóstico desfavorable de muchas infecciones. Actualmente, el problema más crítico para la salud pública es el creciente número de bacterias resistentes a los antibióticos β -lactámicos como penicilinas, cefalosporinas, cefamicinas y carbapenémicos, usados ampliamente en medicina humana y veterinaria. De hecho, enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) han sido clasificadas como patógenos de prioridad crítica por la OMS. El objetivo de nuestra investigación fue identificar la presencia de enterobacterias multirresistentes productoras de BLEE en animales de estimación (canes) atendidos en una clínica veterinaria de la provincia de Imbabura. La caracterización molecular y genómica ha sido direccionada para identificar el resistoma, viruloma y clones circulando en el grupo de estudio, con el objetivo de elucidar el potencial zoonótico/zoo-antroponótico de estos patógenos, así como el posible origen en estos animales. Nuestros resultados preliminares confirman el apareamiento y diseminación de enterobacterias multirresistentes de prioridad crítica en animales de estimación de la provincia de Imbabura, destacándose la alta prevalencia de cepas productoras de BLEE, alertando así sobre este problema de salud pública y salud única (One Health) mundial, que viene siendo reportado en toda América Latina.

Palabras clave: *Caracterización molecular y genómica, Enterobacterias, Resistencia microbiana, BLEE, Multirresistentes.*

Enfermedades raras en Latinoamérica: desafíos y oportunidades

Gabriela Repetto

Clínica Alemana Universidad del Desarrollo

Correo electrónico: gretto@udd.cl

Resumen

Las enfermedades poco frecuentes, también llamadas enfermedades raras, minoritarias o huérfanas son aquellas que afectan a menos de uno en 2.000 personas. Existen alrededor de 8.000 enfermedades poco frecuentes descritas y el 80% de ellas tienen origen genético. El 50% de las enfermedades poco frecuentes afectan niños y muchas causan discapacidad o muerte precoz. En Latinoamérica existen aproximadamente 40 millones de personas viviendo con una enfermedad rara (prevalencia de 6 %), como por ejemplo: fibrosis quística, hemofilia, microdelección 22q11.2*, telangiectasia hemorrágica hereditaria (THH), entre otras. La genómica ha acelerado el descubrimiento de genes involucrados en enfermedades. El genoma humano contiene aproximadamente 20.000 genes codificantes de proteínas y aproximadamente 5.000 de ellos están involucrados en enfermedades raras. Para detectar enfermedades de origen genético no es necesario secuenciar todo el genoma humano, que está compuesto por alrededor de 6 mil millones de pares de nucleótidos; es suficiente con secuenciar el exoma (conjunto de exones – segmento de ADN que codifica proteínas), que representa aproximadamente el 1,5% del genoma y contiene aproximadamente el 80% de las mutaciones causantes de enfermedades. Lamentablemente estas enfermedades no son fáciles de diagnosticar en Latinoamérica y muchas pasan por múltiples diagnósticos errados que no conducen a un tratamiento adecuado de la dolencia. La aplicación de técnicas genómicas para el diagnóstico y tratamiento de este tipo de enfermedades en la región enfrenta varios desafíos: a) falta de información genómica de referencia requerida para desarrollar y aplicar medicina de precisión o fármaco-genética; b) recursos escasos para diagnóstico, terapias e investigación en enfermedades raras y pocos genetistas clínicos y laboratorios de diagnóstico molecular (escasa cobertura de salud con políticas ineficientes o inexistentes); c) insuficiente conocimiento en genómica de profesionales de la salud, investigadores y público en general. Estos desafíos se convierten en oportunidades para fomentar y desarrollar el uso de la genómica en la medicina, donde el apoyo gubernamental y el trabajo en redes nacionales e internacionales permitirá acortar las brechas existentes en la región con respecto a países desarrollados.

Palabras clave: *Enfermedades genéticas, Exoma, Genoma, Fármaco-genética, Secuenciamiento,*

Foro: Acceso a recursos genéticos para investigación

Protocolos y normativas en el Ecuador

Los panelistas invitados al foro fueron: María Lourdes Torres (USFQ), Santiago Zambrano (UDLA), Spiros Agathos (YACHAY TECH), Lenín Nuñez (INABIO) y César Tapia (INIAP), quienes en una primera intervención explicaron a los participantes, de una manera muy general, el estado legal y la normativa de acceso a los recursos genéticos con fines de investigación y el Protocolo de Nagoya para distribución de beneficios.

El reglamento nacional al régimen común sobre acceso a los recursos genéticos tiene como objeto el establecimiento de las normas para el acceso a los recursos genéticos en todo el territorio nacional, así como también:

- a) Promover la conservación y uso sostenible de la diversidad biológica y de los recursos biológicos, garantizando la estabilidad de ecosistemas y los derechos de la naturaleza para el buen vivir;
- b) Determinar las autoridades encargadas de la inscripción de solicitudes, el registro público de las mismas y el control de los expedientes respecto a los Contratos Marco y Contratos de Acceso a Recursos Genéticos;
- c) Prever y asegurar condiciones para una participación justa y equitativa en los beneficios derivados del acceso a los recursos genéticos;
- d) Asegurar el acceso y transferencia de tecnologías apropiadas para la conservación y utilización sostenible de la diversidad biológica o que utilicen recursos genéticos y no causen daños al medioambiente;
- e) Promover la consolidación y desarrollo de capacidades científicas, tecnológicas y técnicas a nivel local y nacional, a partir de los recursos genéticos que contribuyan a la realización del Buen Vivir, la satisfacción de las necesidades básicas, la conservación del patrimonio natural y cultural e impulse la diversificación productiva del país;
- f) Garantizar el principio del consentimiento fundamentado previo del Estado para otorgar la autorización del acceso a los recursos genéticos; y,
- g) Garantizar el principio de consentimiento fundamentado previo de las comunidades locales, respecto de sus conocimientos tradicionales asociados a los recursos genéticos.

El Protocolo de Nagoya es un tratado internacional sobre la participación justa y equitativa de los beneficios derivados de la utilización de los recursos genéticos. Estos principios se basan en que los posibles usuarios de recursos genéticos obtengan el consentimiento fundamentado previo del país en que se encuentra el recurso genético antes de acceder a este, y que negocien y acuerden los términos y condiciones del acceso y la utilización de este recurso por medio del establecimiento de condiciones mutuamente acordadas. El Protocolo de Nagoya pretende ofrecer mayor seguridad jurídica y transparencia tanto a los proveedores como a los usuarios de recursos genéticos y ayudará a garantizar la participación en los beneficios, en particular cuando los recursos genéticos salen del país que proporciona los recursos.

Las preguntas del foro abordaron:

¿De qué manera el estado debería determinar las condiciones a través de las cuales se fomente la innovación social y que esta sea éticamente responsable, en lo referente al acceso de los recursos genéticos? y ¿Cuál cree que son los desafíos a superar en nuestro país, en lo referente

a términos legales, para que Ecuador implemente acuerdos internacionales, como el de Nagoya, en lo concerniente al acceso de recursos genéticos?

Del consenso de la discusión se concluyó que el país dispone de una normativa que protege los recursos y el patrimonio genético del país, aunque existieron discrepancias entre si ésta debería ser una normativa más flexible, o más rígida; ya que a pesar de que la normativa existe en el país, esta no se cumple o no se aplica en la mayoría de los casos, y los recursos siguen siendo utilizados y explotados sin que exista un beneficio para el país. Existió un debate en que si la sobre regulación realmente beneficia al país, o por el contrario fomenta aún más el tráfico o uso ilegal de los recursos genéticos. En el consenso general, estuvo claro que con la normativa actual y el poco recurso que se recibe para investigación, difícilmente el Protocolo de Nagoya y otras normativas nacionales obtendrá beneficios para el país. En el Ecuador es muy difícil realizar investigación con las normativas y políticas vigentes.



Organizado por:

Red Ecuatoriana de Genética y Genómica – ReGG.

Instituciones socias coorganizadoras del evento:

Universidad San Francisco de Quito – USFQ

Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias – INIAP

Instituto Nacional de Biodiversidad – INABIO

Instituto de Investigación en Salud Pública – INSPI

Universidad de Investigación de Tecnología Experimental YACHAY TECH

Secretaría de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación

Organización de Estados Iberoamericanos - OEI

ISBN: 978-9978-68-155-8



9 789978 681558

