



III Simposio Internacional “Avances en el mundo de Microbiomas”



Archivos Académicos USFQ

Número 37

Memorias del III Simposio internacional “Avances en el mundo de Microbiomas”

Editor general:

Pieter van 't Hof^{1,2}

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

²Instituto de Microbiología, Universidad San Francisco de Quito USFQ, Ecuador

Editora asociada:

Mariana de Jesús Gallardo Espinoza¹

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

Comité editorial:

Corné Pieterse¹, Jeroen Raes², Carmen Escudero Martínez³, Sonia Zapata Mena⁴, Mónica Garcés Ruiz⁵, Cristina Dorador⁶, Eria Rebollar Caudillo⁷, Antonio León-Reyes⁴, Viviane Cordovez⁸, Paulette Goyes⁴, Paúl Cárdenas⁴, Belén Prado⁴, Pieter van 't Hof⁴

¹Utrecht University (Países Bajos); ²Katholieke Universiteit Leuven (Bélgica); ³University of Dundee (RR.UU.); ⁴Universidad San Francisco de Quito USFQ (Ecuador); ⁵Université Catholique de Louvain (Bélgica); ⁶Universidad de Antofagasta (Chile); ⁷Universidad Autónoma Nacional de México (Mexico);

⁸Netherlands Institute of Ecology NIOO-KNAW (Países Bajos).

Expositores pósteres científicos:

Stalin Sarango Flores. Leiden University, Netherlands Institute of Ecology NIOO (Países Bajos).

Valentina Arévalo. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Pamela Chanco. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Andrea Molina. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Darío X. Ramirez-Villacis. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Claudia Zapata. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Jiayu Zhou. Utrecht University (UU, Países Bajos).

Cristian David Grisales. Universidad de Antioquia (UdeA, Colombia).

Caroline Sayuri Nishisaka. University of São Paulo (USP, Brazil).

Helio Danilo Quevedo. University of São Paulo (USP, Brazil).

Paulette Goyes. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Fausto Sebastián Cabezas-Mera. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador)

Alberto Hernández-Orta. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM, México).

Byron Díaz Cárdenas. Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL, Ecuador).

Brigitte León. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Arleth Gualle. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

Darío F. Cueva. (Clydent S.A., Ecuador).

Doménica Vargas-Arias. Universidad San Francisco de Quito (USFQ, Ecuador).

USFQ PRESS

Universidad San Francisco de Quito USFQ

Campus Cumbayá USFQ, Quito 170901, Ecuador

Octubre 2021, Quito, Ecuador

ISBNe: 978-9978-68-196-1

Catalogación en la fuente: Biblioteca Universidad San Francisco de Quito USFQ, Ecuador

Simposio Internacional “Avances en el mundo de Microbiomas” (3er : 2021 : Ecuador)
Memorias del III Simposio Internacional “Avances en el mundo de Microbiomas” / editores, Pieter van 't Hof y Mariana de Jesús Gallardo Espinoza ; [expositores], Stalin Sarango Flores ... [y otros]. – Quito : USFQ Press, 2021
p. cm. ; (Archivos Académicos USFQ, ISSN: 2528-7753 ; no. 37 (oct. 2021))

ISBNe: 978-9978-68-196-1

1. Microbiomas – Congresos, conferencias, etc. – 2. Microorganismos – Investigaciones. – 3. Microbiología. – 4. Bacterias. – I. Van 't Hof, Pieter, ed. – II. Gallardo Espinoza, Mariana de Jesús, ed. – III. Sarango Flores, Stalin, exp. – IV. Título. – V. Serie monográfica

CLC: QR 61 .S56 2021

CDD: 579

OBI-124

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: Van 't Hof, P., Gallardo Espinoza, M., (Ed.) (2021). Memorias del III Simposio internacional “Avances en el mundo de Microbiomas” 2021. Archivos Académicos USFQ, 37, 1-44.

Citación recomendada de un resumen: Sarango Flores, S., Oyserman, B., Cordovez, V., Stopnisek, N., Van 't Hof, P., Raaijmakers, J., (2021). The rhizosphere microbiome of wild tomato in the Andean mountains. Archivos Académicos USFQ, 37, p. 30.

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

Instituciones organizadoras:



Organizaciones auspiciantes:



Instituciones invitadas:



**Memorias del III Simposio internacional
“Avances en el mundo de microbiomas”**

Pieter van't Hof y Mariana de Jesús Gallardo Espinoza
Editores



Tabla de contenido

III Simposio internacional “Avances en el mundo de microbiomas”	8
Programa del III Simposio internacional “Avances en el mundo de microbiomas”	9
Trayectoria académica de los expositores	10
CORNÉ PIETERSE, Ph.D.	10
JEROEN RAES, Ph.D.	10
CARMEN MARÍA ESCUDERO MARTÍNEZ, Ph.D.	11
SONIA ZAPATA MENA, Ph.D.	11
MÓNICA GARCÉS RUIZ, Ph.D.	11
CRISTINA DORADOR, Ph.D.	12
ERIA REBOLLAR CAUDILLO, Ph.D.	12
ANTONIO LEÓN REYES, Ph.D.	12
VIVIANE CORDOVEZ, Ph.D.	13
PAULETTE GOYES, Blga.	13
PAÚL CÁRDENAS, Ph.D.	14
BELÉN PRADO, M.Sc.	14
PIETER VAN’T HOF, Ph.D.	14
Resúmenes de los expositores	16
The root microbiome and plant health	16
Quantitative microbiome profiling in health and disease	17
Mapeo de genes de la cebada asociados con la microbiota de la rizosfera	18
Fagoterapia una alternativa para el control de <i>Salmonella</i>	19
Comunidad de Hongos Micorrízicos Arbusculares presente en piscinas de petróleo(crudo) abandonadas en la Amazonía de Ecuador	20
Descifrando los factores que modulan el microbioma de la piel en salamandras .	21
Microbioma de los cultivos agrícolas del Ecuador	22
Resúmenes talleres académicos	23
Cultivo de hongos multipropósito:	24
¿Cómo interpretar estudios de microbioma utilizando Shotgun Metagenomics? 25	
Domesticación de cultivos explicado:	26
Resúmenes de posters	27
P2 Exploración e identificación del micobioma de la rizósfera del genus Inga en la Amazonía Ecuatoriana	28
P3 De Vuelta a las Raíces: Descifrando la diversidad taxonómica y funcional del microbioma de la raíz del tomate nativo y moderno en los Andes ecuatorianos	29
P4 El microbioma de la raíz modula la promoción del crecimiento inducida por bajas dosis de glifosato	30
P5 Caracterización y comparación del microbioma de plantas de banano sanas y	

enfermas con Sigatoka Negra (<i>Mycosphaerella fijiensis</i>) bajo manejo orgánico y convencional.....	31
P6 Interplay between Arabidopsis defense components and the beneficial rhizobacterium <i>Pseudomonas simiae</i> WCS417.....	32
P7 Metabiome: a flexible and modular pipeline for metagenomic analysis	33
P8 Impact of soil microbiome diversity on inoculant use in wheat.....	34
P9 Chemical interactions during invasion of the wheat rhizosphere microbiome by the pathogen <i>Bipolaris sorokiniana</i>.....	35
P10 Degradación de polietileno de Baja Densidad (LDPE) mediada por hongos aislados en tres bosques primarios del Ecuador	36
P11 Rol de los probióticos en tratamientos para vaginosis bacteriana: Un meta-análisis en red.	37
P13 Secuenciación de amplicones ARNr 16S para el análisis de la diversidad microbiana de alimentos de consumo masivo en Ecuador.....	39
P14 Bioactivity Determination and Citotoxicity Evaluation of Plant Extracts from Agro-Industrial Wastes	40
P15 Circular Bioeconomy, Circular Engineering, Industrial Symbiosis and Sustainable Manufacturing - Residual biomass Processing by Using Enzymes and Emerging Technologies to obtain high value-added bioproducts from agricultural and agro- industrial waste.....	41
P16 Utilización de residuos de cascara de banano para la obtención de bioetanol mediante hidrolisis y fermentación	42
NOTAS.....	43

III Simposio internacional “Avances en el mundo de microbiomas”

Siguiendo las exitosas ediciones en 2018 y 2019, y por la gran importancia actual del tema, el Instituto de Microbiología del Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales (COCIBA) de la Universidad San Francisco de Quito (USFQ) organizaron la tercera edición del **Simposio Internacional “Avances en el mundo de Microbiomas”, el mismo que se llevó a cabo el 17- 18 de junio de 2021, 100% de modo virtual.**

El acelerado crecimiento poblacional nos lleva a preguntarnos ¿cómo se alimentará el mundo de aquí al 2050? Según el Instituto de Tecnología de Massachusetts – MIT, **el microbioma vegetal podría aumentar un 10% de la producción de los cultivos agrícolas** en comparación con la actualidad y en formas más amigables con el medio ambiente, sin tantos pesticidas y fertilizantes artificiales.

Estudios recientes demuestran que más de 100 trillones de células microbianas que habitan en el organismo humano con su material genético incluido, forman parte del mismo. **Al igual que la microbiota intestinal de los humanos, las bacterias y hongos que tapizan la superficie de las raíces de plantas aumentan la capacidad para obtener nutrientes y la protegen frente a los microorganismos patógenos.** El microbioma vegetal tiene un rol fundamental en la nutrición de las plantas y en su defensa frente a las enfermedades.

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) ha presentado el Año Internacional de la Sanidad Vegetal (AISV) de las Naciones Unidas en 2020, cuyo objetivo era concienciar a nivel mundial sobre cómo la protección de la salud de las plantas puede ayudar a erradicar el hambre, reducir la pobreza, proteger el medio ambiente e impulsar el desarrollo económico. **Las plantas constituyen el 80 por ciento de los alimentos que comemos y producen el 98 por ciento del oxígeno que respiramos.** Sin embargo, se enfrentan a la amenaza constante y creciente de plagas y enfermedades.

El jueves 17 de junio, se dictaron cuatro Talleres interactivos (con una duración de 1.5 horas por encuentro) a cargo de investigadores especialistas en metodologías, estudios y funcionalidad de los microbiomas.

Mientras que el viernes 18 de junio de 2021, se ofrecieron de forma virtual ocho charlas magistrales a cargo de expertos nacionales e internacionales sobre varias problemáticas a nivel mundial, donde los microorganismos juegan un rol importante. La mayor parte de las charlas magistrales fueron dictadas en español.

El evento se dirigió a estudiantes, docentes, e investigadores en carreras afines a las ciencias de la vida, profesionales y personal técnico del laboratorio o del campo, y de las distintas instituciones vinculadas a las ramas como: microbiología, biología, biotecnología, medicina, y agronomía.

Un total de 13 expositores nacionales e internacionales provenientes de países como: Bélgica, Escocia, México, Chile, Ecuador y los Países Bajos compartieron durante estos dos días sus conocimientos y estudios de gran importancia.

Programa del III Simposio internacional “Avances en el mundo de microbiomas”

Hora: GTM-5 (Quito-Ecuador)

JUEVES 17 DE JUNIO 2021

Sesión de la mañana:

8:30-10:00 *CULTUROMICS: Establishing a microbial culture collection for exploring the diversity and functions of plant-associated microorganisms.*

Viviane Cordovez, Ph.D. (NIOO-KNAW – Netherlands Institute of Ecology, Países Bajos)

10:30-12:00 *Cultivo de hongos multipropósito: Un acercamiento a la adaptabilidad del micelio*

Paulette Goyes, Blga. (Laboratorio de Diseño D-Lab USFQ, Ecuador)

Sesión de la tarde:

14:00-15:30 *¿Cómo interpretar estudios de microbioma utilizando Shotgun Metagenomics?*

Paúl Cárdenas, Ph.D. & Belén Prado, M.Sc. (Universidad San Francisco de Quito, Ecuador)

16:00-17:30 *Domesticación de cultivos explicado: Implicaciones para el microbioma y sus aplicaciones en la agricultura*

Pieter van 't Hof, Ph.D. (Universidad San Francisco de Quito, Ecuador)

Sesión de la noche:

18:30-20:00 Presentación de grabaciones de todos los talleres académicos

VIERNES 18 DE JUNIO 2021

8:00-8:10 Apertura simposio

Patricio Rojas Ph.D. y Juan Manuel Guayasamin Ph.D. (Universidad San Francisco de Quito)

Sesión de la mañana

8:10-9:00 *The root microbiome and plant health*
Corné Pieterse, Ph.D. (Utrecht University, Países Bajos)

9:00-9:50 *Quantitative microbiome profiling in health and disease*

Jeroen Raes, Ph.D. (KU Leuven, Bélgica)

9:50-10:40 *Mapeo de genes de la cebada asociados con la microbiota de la rizosfera*

Carmen Escudero Martínez, Ph.D. (Universidad de Dundee, Reino Unido)

10:40-11:20 *Coffee Break.* Primera sesión de Posters (Plataforma Virtual: SpatialChat)

11:20-12:10 *Fagoterapia, una alternativa para el control de Salmonella.*

Sonia Zapata Mena, Ph.D. (Universidad San Francisco de Quito, Ecuador)

12:10-13:00 *Comunidad de Hongos Micorrízicos Arbusculares presente en piscinas de petróleo (crudo) abandonadas en la Amazonía de Ecuador.*

Mónica Garcés Ruiz, Ph.D. (UC Louvain, Bélgica)

Sesión de la tarde:

13:45-14:30 Segunda sesión de Posters (Plataforma Virtual: SpatialChat)

14:30-15:20 *Microbiomas y adaptaciones a ambientes poliextremos del Desierto de Atacama*

Cristina Dorador, Ph.D. (Universidad de Antofagasta, Chile)

15:20-16:10 *Descifrando los factores que modulan el microbioma de la piel en salamandras*

Eria Rebollar Caudillo, Ph.D. (Universidad Autónoma de México, México)

16:10-17:00 *Microbioma de los cultivos agrícolas del Ecuador*

Antonio León Reyes, Ph.D. (Universidad San Francisco de Quito, Ecuador)

17:00-17:15 Cierre del evento

Pieter van 't Hof, Ph.D. (Universidad San Francisco de Quito, Ecuador)

17:15-18:00 Drinks & Networking (Plataforma Virtual: SpatialChat)

Trayectoria académica de los expositores del III Simposio internacional “Avances en el mundo de microbiomas”

CORNÉ PIETERSE, Ph.D.



Corné Pieterse is professor in Plant-Microbe Interactions and scientific director of the Institute of Environmental Biology of the Faculty of Science. His research group investigates how the plant immune system protects plants against microbial pathogens and insect herbivores, and how beneficial microbes in the plant root microbiome stimulate plant growth and health. His current research is focused on plant-beneficial functions that are encoded by the root microbiome, the role of plant genes and metabolites (coumarins) that aid in maximizing profitable functions from the root microbiome, and crosstalk between plant defense hormones. With his research he aims to contribute to grand societal challenges, such as food security and sustainable agriculture. Corné Pieterse studied Plant Breeding and Plant Molecular Biology at the Wageningen University where he graduated cum laude in 1988. He performed his PhD research in Wageningen on the molecular basis of pathogenicity of the potato late blight pathogen *Phytophthora infestans*. After obtaining his Ph.D. degree in 1993, he moved to Utrecht University. First as a post-doctoral fellow, and between 1998 and 2004 as an assistant professor in molecular phytopathology at the department of Biology. In 2004 he was appointed as full professor in Plant-Microbe Interactions. In 2010, he was awarded an ERC Advanced Investigator grant by the European Research Council. His research group pioneered research on unravelling the rhizobacteria-induced systemic resistance signaling pathway and the role of phytohormone crosstalk in the regulation of plant immunity. In 2013, he was elected as a member of the Royal Netherlands Academy of Arts and Sciences (KNAW). Since 2014 he is an ISI Highly Cited Researcher (World's top 1% in the field). Besides heading the Plant-Microbe Interactions group at the Department of Biology, Corné Pieterse is scientific director of the Institute of Environmental Biology of the Faculty of Science at Utrecht University. Nationally and internationally, he fosters plant microbiome research.

JEROEN RAES, Ph.D.



Jeroen Raes is Vice director of the Center for Microbiology at the Vlaams Instituut voor Biotechnologie -VIB- (Belgium) since 2020. He has been Professor at KU Leuven (Belgium) since 2013 and VIB Group leader since September 2009. Jeroen is a full professor at KU Leuven (Belgium). He obtained his Ph.D. in the Department of Plant Systems Biology at Ghent University (Ghent, Belgium). Jeroen's research interests and of his Raes' Lab combine large-scale, next-generation sequencing with novel computational approaches to investigate the functioning and variability of the healthy human microbiome at the systems level and study its alteration in disease. They focus on the development of computational methods for the analysis of (next- generation) sequence data and the investigation of community properties from metagenomics, metatranscriptomics and meta-metabolomics data, which are applied in a wide range of environments (gut, ocean, etc.).

CARMEN MARÍA ESCUDERO MARTÍNEZ, Ph.D.

Carmen Escudero Martínez es investigadora postdoctoral en la Universidad de Dundee, donde estudia cómo la genética vegetal influye en el reclutamiento del microbioma asociado a los cultivos y las posibles consecuencias para el rendimiento. Estudió Ciencias Ambientales en la UCLM (España), incluido un año de Ciencias Agronómicas en la Universidad de Marche (Italia). Posteriormente obtuve una beca Leonardo da Vinci, y gracias a este programa trabajé como asistente de investigación en el INRA (Francia). Después, obtuvo una beca Erasmus Mundus en la Universidad de Gante (Bélgica) donde estudió una Maestría en Nematología. Sus intereses radican en diferentes aspectos moleculares de las plantas y su interacción con otros organismos, en particular, la microbiota asociada a los cultivos. Estas interacciones son importantes porque conducirán a formas nuevas y sostenibles de resistencia de las plantas, adquisición de nutrientes o

tolerancia al estrés abiótico.

SONIA ZAPATA MENA, Ph.D.

Sonia Zapata Mena tiene su formación en la Université de Reims (Francia), donde obtuvo su doctorado en Parasitología. Tiene un M.Sc. en Microbiología otorgado por la Universidad San Francisco de Quito (Ecuador), donde actualmente se encuentra como profesora y investigadora a tiempo completo. Fue directora del Instituto de Microbiología USFQ (Ecuador). Sonia Zapata ha tenido varias publicaciones y entre las más recientes se encuentran: High Occurrence of Multiresistant Salmonella Infantis in Retail Meat in Ecuador (2021), Salmonella grows massively and aerobically in chicken faecal matter (2019), Genomic epidemiology of *Salmonella Infantis* in Ecuador: from poultry farms to human infections (2020) y Oropouche virus cases identified in Ecuador using an optimised qRT-PCR informed by metagenomic sequencing (2020). Su principal interés se enfoca por un lado en el estudio de eucariotes unicelulares, conocidos comúnmente como parásitos, sus ciclos biológicos complicados y la intervención de vectores para su transmisión los hacen muy interesantes. Sin dejar de lado el apasionante mundo de las

bacterias y virus, que gracias a las técnicas moleculares podemos descifrar los secretos guardados en sus genomas.

MÓNICA GARCÉS RUIZ, Ph.D.

Mónica Garcés Ruiz se graduó como microbióloga de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE). Inició su trabajo en el área ambiental, donde desarrolló nuevas habilidades en el área de análisis químico y recolección de muestras en diferentes ecosistemas. Después de varios años de experiencia decidió regresar a los estudios y realizar una maestría en Microbiología Aplicada a la Biotecnología Industrial de la Universidad de Sevilla (España). Sus estudios de doctorado comenzaron en 2013 gracias a una colaboración entre la Universidad católica de Lovaina (Bélgica) y la PUCE (Ecuador). Mediante esta oportunidad adquirió nuevos conocimientos en el área de investigación y docencia universitaria. A partir de su tesis doctoral ha publicado cuatro artículos como primera autora. Al momento se encuentra dedicada 100% a la investigación en el Laboratorio de Micología de la Universidad Católica de Lovaina (UC Louvain) en Bélgica. Sus temas de investigación e intereses se encuentran en el Cultivo

in vivo e *in vitro* de hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y plantas, en el desarrollo de biofertilizantes a partir de la selección de cepas de HMA, en el estudio de la comunicación entre plantas a través de las redes micorrízicas, en la determinación y selección de cepas de HMA más eficientes para el uso en fitorremediación.

CRISTINA DORADOR, Ph.D.



Cristina Dorador es profesora asociada al departamento de Biotecnología de la Universidad de Antofagasta (Chile). Es subdirectora del programa Doctorado en Ciencias Aplicadas mención Sistemas Marinos Costeros en la Universidad Antofagasta (Chile). Obtuvo su grado de Doctor en Ciencias Naturales con Mención en Microbiología en la Universität zu Kiel (Alemania), y su pregrado en Licenciatura en Ciencias con mención Biología en la Universidad de Chile (Chile). Tiene experiencia en ecología microbiana, especialmente en extremófilos y ambientes extremos. Entre sus intereses de investigación están: la diversidad microbiológica, los ciclos biogeoquímicos y la producción de compuestos bioactivos. Entre sus publicaciones más relevantes se encuentran: Isolation and characterization of a novel *Acidithiobacillus ferrivorans* strain from the Chilean Altiplano: attachment and biofilm formation on pyrite at low temperature (2014), Microbial diversity and trophic components of two high altitude wetlands of the Chilean

Altiplano (2014), Identification and characterization of a psychrotolerant *Acidithiobacillus* strain from Chilean Altiplano (2013) y Bacterial and archaeal diversity in high altitude wetlands of the Chilean Altiplano (2013).

ERIA REBOLLAR CAUDILLO, Ph.D.



Eria Rebollar Caudillo ha publicado alrededor de 26 investigaciones en las cuales participa como autor principal o coautora con más de 600 citas. También ha sido coautora de 2 libros educativos de Biología y es autora de un capítulo del Libro “Quitridiomycosis en México”, con el capítulo titulado “Los microbiomas de anfibios y su relación con la quitridiomycosis”. Además, ha participado en varios Congresos Nacionales e Internacionales y ha publicado artículos científicos en las revistas: PlosOne, Applied and Environmental Microbiology, Animal Conservation, PeerJ, Molecular Ecology, Diseases of Aquatic Organisms, Frontiers in Microbiology, Microbial Ecology, STOTEN, ISME Journal, Proceeding of the Royal Society. Es editora asociada de Frontiers in Microbiology desde 2017 hasta la actualidad. Respecto a su experiencia en la docencia ha impartido clases a nivel de secundaria sobre Educación Ambiental y se ha destacado en la enseñanza universitaria de pregrado y

posgrado impartiendo cursos de Biología Molecular, Biología de Procariontes, Metagenómica, Evolución y Ecología Microbiana.

ANTONIO LEÓN REYES, Ph.D.



El Dr. Antonio León-Reyes estudió en la Universidad San Francisco de Quito en Ecuador, donde obtuvo una licenciatura en Ingeniería de Agronegocios y Química en 1999. Trabajó como gerente de cultivos de flores, siendo responsable del control de patógenos e insectos, nutrición suelo-planta y manejo post-cosecha en varias compañías de flores. Luego completó su maestría en fitomejoramiento y recursos genéticos en la Universidad de Wageningen antes de obtener un doctorado en interacciones planta-patógeno en la Universidad de Utrecht, trabajando bajo la dirección del Profesor Corné Pieterse en los Países Bajos en 2009. Antonio ocupó cargos de investigación en Utrecht Universidad (Países Bajos), Universidad Gent (Bélgica) y Universidad San Francisco de Quito, y como docente en Ecuador en la Universidad

de las Fuerzas Armadas-ESPE, la Universidad Central del Ecuador y la Universidad San Francisco de Quito. Su principal línea de investigación es el fortalecimiento del sistema inmune de la planta mediante el uso de elicitores de resistencia sistémica y encontrar parámetros moleculares que controlan la nutrición mineral para aumentar la autodefensa de la planta.

Trayectoria académica de los expositores de los talleres académicos

VIVIANE CORDOVEZ, Ph.D.



Dr. Viviane Cordovez is a scientist at the Department of Microbial Ecology at the Netherlands Institute of Ecology in Wageningen, The Netherlands. She is interested in exploring the diversity and functions of plant-associated microorganisms and the mechanisms underlying plant-microbe interactions. Currently, together with Danish and American academic partners, she investigates the microorganisms inhabiting the aerial surfaces and the internal tissues (the phyllosphere microbiome) of wheat plants for protection against pathogens. She is also involved in collaborative projects between NIOO and USFQ, where they investigate the impact of plant domestication on the microbiomes of wild and modern tomato plants grown in native and agricultural soils. Her areas of expertise are: Plant-microbe interactions, rhizosphere and phyllosphere microbiomes, microbial and plant chemical communication, biocontrol and plant growth promoting microorganisms. Among her selected publications are: Successive plant growth amplifies genotype-specific assembly of the tomato rhizosphere microbiome (2021), Volatiles from soil-borne fungi affect directional growth of roots (2021), Pathogen-induced activation of disease-suppressive functions in the endophytic root microbiome (2020) and Ecology and evolution of plant microbiomes (2019).

PAULETTE GOYES, Blga.



Paulette Goyes es bióloga con concentración en ecología aplicada. Ha dedicado gran parte de su carrera al estudio del Reino Fungi y sus aplicaciones en el campo de la biorremediación. Actualmente, desarrolla parte de sus investigaciones en degradación de compuestos con dos laboratorios de la USFQ y derramas de petróleo en colaboración con el equipo estadounidense CoRenewal. Miembro de diferentes organizaciones relacionadas al estudio de los hongos: International Mycological Association, South American Mycorrhizal Research Network, Micelio Latino, entre otros como la American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, Soil Science Society of America. Actualmente su carrera está direccionada al campo de la biorremediación y toxicología ambiental, haciendo uso de microorganismos. En la actualidad está desarrollando un proyecto denominado: “Degradación de toxinas encontradas en colillas de tabaco” y continúa con las investigaciones en torno a la degradación de plástico en colaboración al proyecto de vinculación “restauración de ecosistemas marinos.”

PAÚL CÁRDENAS, Ph.D.

Paúl Cárdenas es profesor e investigador a tiempo completo en el Instituto de Microbiología del Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales (COCIBA) de la Universidad San Francisco de Quito (Ecuador). Es director del Instituto de Bioinformática, USFQ (Ecuador), ha sido profesor adjunto del Departamento de Biología de University of North Carolina at Chapel Hill (EE. UU). Es médico graduado de la Universidad Central del Ecuador. Tiene un M.Sc. en Microbiología otorgado por la Universidad San Francisco de Quito (Ecuador). Adicionalmente, tiene otro M.Sc. en Medicinal Molecular del Imperial College of London (Reino Unido) y un Ph.D. en Medicina Genómica concedido por la misma universidad. Sus intereses de investigación se centran en el estudio del microbioma y su relación con la salud y la enfermedad en los humanos, mediante el uso de herramientas genómicas y bioinformáticas. Entre sus principales investigaciones está el estudio del microbioma a través de la "Hipótesis de la Higiene" y cómo se relaciona con el asma, las alergias y el autismo y, además, la relación de los probióticos y el microbioma. Tiene investigaciones en el campo de la epidemiología molecular y ha trabajado en el desarrollo de técnicas para identificar bacterias molecularmente sin necesidad de cultivar.

BELÉN PRADO, M.Sc.

Belén Prado es miembro del Centro de Bioinformática del Instituto de Microbiología USFQ (Ecuador). Tiene un pregrado en Bioquímica y Farmacia otorgado por la Universidad Técnica Particular de Loja (Ecuador) y un M.Sc. en Ciencias Biomédicas de la Universidad de las Américas (Ecuador). Su trabajo actual se enfoca en análisis bioinformáticos de microbiota metagenómica y análisis de genomas completos de patógenos de interés en la salud humana. Se encuentra en el equipo que estudia el secuenciamiento del Genoma del SARS-CoV-2 en el Ecuador. Entre sus publicaciones más relevantes están: A case of SARS-CoV-2 reinfection in Ecuador (2020), Metagenome of a Bronchoalveolar Lavage Fluid Sample from a Confirmed COVID-19 Case in Quito, Ecuador, Obtained Using Oxford Nanopore MinION Technology (2020), Duodenal microbiome in patients with or without *Helicobacter pylori* infection (2020), SARS-CoV-2 ORF3b Is a Potent Interferon Antagonist Whose Activity Is Increased by a Naturally Occurring Elongation Variant (2020), Effect of *Saccharomyces boulardii* CNCM I-745 as complementary treatment of *Helicobacter pylori* infection on gut microbiome (2020), Molecular typing of a large nosocomial outbreak of *Klebsiella pneumoniae* Carbapenemase-producing bacteria in the biggest public hospital of Quito, Ecuador (2019).

PIETER VAN'T HOF, Ph.D.

Pieter van 't Hof es profesor e investigador en el Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales de la Universidad San Francisco de Quito (Ecuador), forma parte del Instituto de Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito (Ecuador) y es docente en el campus USFQ-GAIAS en San Cristóbal, en las Islas Galápagos. Tiene un máster en Ecología, otorgado por la Universidad de Wageningen (Holanda) y otro en Biotecnología Vegetal de la misma Institución. Además, Pieter obtuvo su Ph.D. en Biología Vegetal y interacciones planta-microbios de la Universidad de Friburgo (Suiza). Su principal interés de investigación se enfoca en las asociaciones planta-microorganismos, integrando macroecología funcional con microbiología molecular y aplicada. En su actualidad como investigador en Ecuador, está desarrollando líneas de investigación tipo

multidisciplinario, con enfoque en microbiomas funcionales que pertenecen a especies emblemáticas de diversos ecosistemas como los páramos de los Andes, la selva amazónica y las islas Galápagos. Entre sus publicaciones más relevantes están: The sterolbinding activity of PATHOGENESIS-RELATED PROTEIN 1 reveals the mode of action of an antimicrobial protein (2017), Novel mutations detected in avirulence genes overcoming Tomato Cf resistance genes in isolates of a Japanese population of *Cladosporium fulvum* (2015), Sulfur Deprivation Modulates Salicylic Acid Responses via Nonexpressor of Pathogenesis-Related Gene 1 in *Arabidopsis thaliana* (2021), y Diversity of symbiotic root endophytes of the Helotiales in ericaceous plants and the grass, *Deschampsia flexuosa* (2005).

Resúmenes de los expositores

The root microbiome and plant health

Corné M.J. Pieterse, Giannis Stringlis, Ke Yu, Gilles Vismans, Song Yang, Ronnie de Jonge, Peter A.H.M. Bakker and Roeland L. Berendsen

Plant-Microbe Interactions, Department of Biology, Utrecht University, the Netherlands

Abstract

In nature, plants are attacked by a multitude of pathogens and pests that cause major crop losses in agriculture. To protect themselves, plants can activate a sophisticated immune system. Moreover, plants nurture a large community of root-associated microbiota, which provide them with essential services, such as enhanced nutrient uptake, growth promotion, and protection against pathogens. Research in the Plant-Microbe Interactions group at Utrecht University is focused on understanding plant-beneficial functions encoded by the root microbiome and the role of plant genes facilitating these functions.

Recently, we demonstrated that upon foliar pathogen infection, plant roots recruit a consortium of synergistic microbes to their rhizosphere that in turn trigger an immune response in the whole plant body. We also discovered that coumarins in root exudates play an important role in the chemical communication between plant roots and the root microbiome. With our research we aim to provide a rational basis for developing sustainable microbiome-based strategies for disease resistance in next-generation crops that produce more with less input of fertilizers or pesticides.

Quantitative microbiome profiling in health and disease

Jeroen Raes Ph.D.

University of Leuven, Department of Microbiology and Immunology, Leuven, Belgium

Abstract

Alterations in the gut microbiota have been linked to various pathologies, ranging from inflammatory bowel disease and diabetes to cancer. Although large numbers of clinical studies aiming at microbiome-based disease markers are currently being performed, our basic knowledge about the normal variability of the human intestinal microbiota and its determining factors remains limited. Here, I will discuss our findings studying a large-scale study (Flemish Gut Flora Project; n=3400) of the gut microbiome variation in a geographically confined region (Flanders, Belgium), in which analysis of microbiome variability in health identified the primary parameters associated to microbiome composition. In this presentation, I will discuss our experiences in large-scale microbiome monitoring, show how the development of dedicated computational approaches can assist in microbiome analysis and interpretation, and which confounders are essential for inclusion in microbiome disease research.

In addition I will show how Quantitative Microbiome Profiling (QMP; Vandeputte et al. Nature 2017), which combines microbiomics with flow cytometry-based cell counts, is profoundly changing our view on gut microbiota variation and allowed the identification of an inflammation-associated, cross-disease enterotype.

Mapeo de genes de la cebada asociados con la microbiota de la rizosfera

Carmen M. Escudero Ph.D.

Plant Sciences, School of Life Sciences, University of Dundee, Scotland, United Kingdom

Resumen

Aprovechar las funciones beneficiosas de las comunidades microbianas que prosperan en la interfaz raíz-suelo, la llamada microbiota rizósfera, es una estrategia prometedora para mejorar la producción agrícola sostenible. Anteriormente demostramos que los genotipos de cebada silvestre y domesticada albergan una microbiota diferente y que estas diferencias están moduladas, al menos en parte, por el genoma de la planta. Para determinar los mecanismos genéticos que sustentan el reclutamiento de la microbiota en la cebada, utilizamos la información metagenómica como un "fenotipo cuantitativo" en el mapeo de QTL usando una población segregante entre el cultivar de élite Barke y un progenitor silvestre. El mapeo genético, realizado a una profundidad de miles de SNP en el genoma de la cebada, resultó en la identificación de un locus, entre otros, en el cromosoma 3H asociado con el reclutamiento de bacterias taxonómicamente diversas, posiblemente representando un importante regulador de las interacciones planta-microbiota. Al extraer la información del recientemente publicado pangenoma, descubrimos que en Barke, el locus 3H abarca ~ 60 genes que codifican funciones implicadas en interacciones planta-microbiota, como por ejemplo, la remodelación de la pared celular y el reconocimiento inmunológico. A continuación, seleccionamos líneas de introgresión con alelos contrastantes, es decir, élite o salvaje, en el locus 3H. Sorprendentemente, el perfil metagenómico reveló que la introgresión en el locus 3H es suficiente para dar forma, al menos en parte, a la composición microbiana que valida el papel del locus 3H como regulador de la microbiota de la rizosfera. Actualmente estamos explorando la información transcriptómica obtenida de las raíces de nuestras líneas de introgresión para identificar genes expresados diferencialmente en la región de interés.

Fagoterapia una alternativa para el control de *Salmonella*

Sonia Zapata Mena Ph.D.

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

Resumen

Salmonella es una constante preocupación en la crianza de aves de corral, y para su control se ha empleado antibióticos importantes en el tratamiento de enfermedades humanas, lo que ha favorecido la emergencia de cepas de *Salmonella* multirresistentes.

En el marco de la reducción del uso de antibióticos en el ámbito veterinario, se está buscando alternativas para el control de patógenos, y una opción segura es el uso de bacteriófagos. Con estos antecedentes, se llevó a cabo un proyecto cuyo objetivo fue el aislamiento y caracterización de bacteriófagos contra *Salmonella* y su aplicación a nivel de granja para reducir la presencia de este patógeno en aves de corral.

Los cócteles de fagos se aislaron de aguas residuales. Se determinó el rango de hospedadores y el título de los cócteles de fagos y aquellos que presentaron actividad lítica específicamente contra *Salmonella* spp. se aplicaron en una granja avícola donde se llevaron a cabo las pruebas piloto. Las vías de aplicación fueron oral (con el agua de bebida) y aspersión.

Obtuvimos cócteles de fagos que mostraron actividad lítica *in vitro* frente al 83% de las cepas de *Salmonella* aisladas de granjas avícolas (serotipos Infantis, Braenderup y Saintpaul). Los cócteles de fagos con mayor espectro de actividad frente a nuestras cepas de *Salmonella* provinieron de ríos contaminados. Hubo resultados positivos (eliminación de *Salmonella* en el intestino de los pollos) cuando los fagos se aplicaron 48 horas antes del sacrificio de los animales y al combinar la administración por vía oral con la aspersión en los galpones, el efecto reductor de *Salmonella* permaneció por más tiempo.

En virtud de que las bacterias tienen mecanismos mediante los cuales pueden volverse inmunes al ataque de virus es necesario un monitoreo permanente de la efectividad de los cócteles disponibles.

Comunidad de Hongos Micorrízicos Arbusculares presente en piscinas de petróleo (crudo) abandonadas en la Amazonía de Ecuador

Mónica C. Garcés R. Ph.D.

Laboratorio de Micología, Universidad Católica de Lovaina (UC Louvain), Bélgica

Resumen

En Ecuador, la extracción de petróleo es una de las principales fuentes de ingresos económicos desde los años setenta; la exploración y explotación de hidrocarburos, así como el manejo inadecuado de sus residuos y derrames, han dañado y degradado los suelos y las aguas en una parte de la región Amazónica. Lamentablemente, la falta de una legislación ambiental, hasta principios de los años 90, ha dejado alrededor de 2550 pasivos ambientales, impactando la biodiversidad del bosque tropical. Sin embargo, con el tiempo, varios de estos pasivos han sido recolonizados naturalmente con plantas nativas. En general, las plantas han establecido una asociación mutualista con un sinnúmero de microorganismos (virus, bacterias, hongos). Entre estos microorganismos se encuentran los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), capaces de colonizar las raíces de alrededor del 72% de plantas terrestres. Los HMA tienen la capacidad de mejorar la nutrición mineral de la planta, aumentar la absorción de agua y mejorar la resistencia contra estreses bióticos y abióticos. Los HMA son ubicuos en la mayoría de ecosistemas naturales y antropizados y, a menudo se encuentran en ambientes contaminados. En el presente estudio la comunidad de HMA fue identificada mediante diferentes herramientas moleculares (Sanger y Next Generation Sequencing) en raíces micorrizadas de una diversidad de plantas nativas, colectadas en piscinas de hidrocarburos abandonadas, en el campo Charapa, provincia de Sucumbíos. Nuestro estudio demostró la presencia de HMA pertenecientes a los géneros *Acaulospora*, *Archaeospora*, *Rhizophagus*, *Glomus macrocarpum*-like, *Sclerocystis*, *Dominikia* y *Kamienskia*. Sin embargo, alrededor del 70% de las secuencias analizadas fueron atribuidas a especies no descritas. Estos resultados demuestran que existen géneros/especies de HMA con mejor habilidad de colonizar plantas en suelos altamente contaminados con hidrocarburos. Además, el alto número de secuencias que no pudieron atribuirse a especies conocidas sugiere la presencia de nuevos organismos con posible potencial para biorremediación.

Descifrando los factores que modulan el microbioma de la piel en salamandras

Eria Rebollar Caudillo Ph.D.

*Centro de Ciencias Genómicas,
Universidad Nacional Autónoma Nacional de México*

Resumen

El estudio de la microbiota de la piel en anfibios ha cobrado gran importancia debido a que algunos miembros de esta comunidad simbiote tienen la capacidad de inhibir el crecimiento de hongos patógenos y por ende son capaces de proteger a sus hospederos ante enfermedades emergentes como la quitridiomycosis. Esta enfermedad, causada por los hongos patógenos *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) y *Batrachochytrium salamandrivorans* (Bsal) ha causado extinciones y colapsos poblacionales en diversas especies de anfibios alrededor del mundo. México, que es uno de los países con mayor diversidad de anfibios en el mundo, no ha sido la excepción ante la quitridiomycosis.

En esta conferencia presentaré algunos de los proyectos que estamos realizando en mi laboratorio acerca de la diversidad, estructura y función de la microbiota de la piel en salamandras. Por un lado analizamos la influencia de diversos factores bióticos y abióticos sobre la microbiota de la piel de *Ambystoma altamirani*. Nuestros resultados muestran que la microbiota cutánea de *A. altamirani* está influenciada en mayor medida por el estadio de desarrollo y por los cambios estacionales. A pesar de la alta prevalencia del patógeno Bd en estas poblaciones, no se observaron diferencias en la diversidad y composición de la microbiota con respecto al estatus de infección del patógeno. Por otro lado, mediante un meta-análisis global comparando la microbiota de la piel en 28 especies de salamandras de todo el mundo, hemos encontrado que el microbioma de la piel está fuertemente influenciado por el hábitat (terrestre/acuático), variables bioclimáticas y la distancia filogenética entre las especies de hospederos.

Microbioma de los cultivos agrícolas del Ecuador

Antonio León-Reyes Ph.D.

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

Resumen

Los microorganismos que interactúan con las plantas juegan un papel fundamental en la nutrición, defensa, desarrollo, reproducción, y cumplen la función de reducir el estrés biótico y abiótico. El conjunto de microorganismos que viven juntos en un mismo ecosistema vegetal se llama microbioma. Este microbioma tiene una composición única para cada tejido vegetal entre los miembros que la componen (Bacterias, hongos, arqueas, virus, etc.), es así que los microorganismos que habitan en el suelo, son distintos de la rizósfera (raíz), endosfera (dentro de raíz o tejido) o filósfera (dentro de la hoja). El suelo es la mayor fuente de biodiversidad de microbios, siendo las plantas el ser vivo que mayormente interactúa con este enorme consorcio de microorganismos. El rol de los microorganismos y en los cultivos agrícolas se ha comenzado a esclarecer con la ayuda de técnicas de secuenciamiento de ADN de última generación, las cuales han ayudado revelar preguntas como ¿quiénes son los miembros de esta comunidad?, ¿cuántos son?, ¿qué función cumplen?, y así como entender sobre las posibles interacciones con la planta y entre individuos microbianos. En nuestro laboratorio, y usando el modelo vegetal *Arabidopsis thaliana*, elucidamos como las bajas dosis de glifosato inducen el crecimiento vegetal o hormesis, siendo este principalmente mediado por la estructura del microbioma. Por otro lado, también estudiamos el microbioma de suelo y rizósfera de algunos cultivos de relevancia económica del Ecuador. En el cultivo de la papa (*Solanum tuberosum*), hemos caracterizado el microbioma de papas nativas y mejoradas sembradas en suelo nativo y suelo agrícola, demostrando diferencias entre grupos de bacterias, hongos y expresión fenotípica de la planta frente la enfermedad foliar *Phytophthora infestans* o lancha. Para el cultivo de banano (*Musa paradisiaca*) hemos realizado el análisis de la diversidad de microorganismos entre fincas que fueron manejadas de manera orgánica y convencional, así como el microbioma de suelo, raíz, tallo y hojas de banano. El cultivo del rosal o rosa (*Rosa hybrida*) de exportación y estudiando la composición microbiana, hemos observado como el injerto, cambia el microbioma de la raíz, siendo el reclutamiento microbiano de la rizósfera del patrón, modulado por la variedad injertada en la parte foliar. Además, hemos estudiado como los microorganismos cambian cuando interactúan con la especie invasora o mora (*Rubus niveus*) en 4 islas de las Galápagos, encontrando aquí diferencias significativas entre el microbioma de la rizósfera de *R. niveus* entre islas analizadas. En esta charla, se expondrán los resultados más relevantes de lo expuesto anteriormente, trayendo así a la luz, los primeros hallazgos del estudio del microbioma en estos cultivos agrícolas en el Ecuador.

Resúmenes talleres académicos

CULTUROMICS: establishing a microbial culture collection for exploring the diversity and functions of plant-associated microorganisms

Viviane Cordovez Ph.D.

Department of Microbial Ecology, Netherlands Institute of Ecology, The Netherlands

Abstract

Microorganisms inhabiting plant roots and leaves provide several beneficial functions, such as plant growth promotion and protection against biotic and abiotic stresses. In this workshop, we will discuss the potential of microbial culture collections for studying these beneficial functions. In the first part of the workshop, the basic steps for the isolation, cultivation, storage, and characterization of plant-associated microorganisms will be introduced. Additionally, different in vitro and in vivo experimental set-ups will be explored to investigate the microbial functions for plant growth promotion and protection against pathogens. In the second part, we will review key microbiome studies to illustrate the power of this culture-dependent approach to validate specific microbial functions found with culture-independent approaches, such as 16S rRNA sequencing and Metagenomics.

**Cultivo de hongos multipropósito:
un acercamiento a la adaptabilidad del micelio**

Paulette Goyes Blga.

Laboratorio de diseño D-Lab USFQ, CoRenewal

Resumen

Los hongos son organismos eucariotas, considerados como unicelulares por no producir tejidos verdaderos, es decir, no poseen células diferenciadas o su diferenciación es reversible. Esta característica hace que podamos aislar micelio y obtener clones en medios de cultivo, en condiciones de laboratorio, y capaces de producir cuerpos fructíferos. La primera parte de este taller se enfoca en conocer cómo funcionan estos mecanismos a nivel celular y las diferentes herramientas utilizadas para la captura y aislamiento de hongos, seguido de los requerimientos alimenticios, los sustratos más comunes, y las condiciones ambientales requeridas. Dado que no todos pueden acceder a un laboratorio, se mostrará cómo se puede crear un espacio en casa con fines de cultivo.

Si bien no todos los hongos son cultivables, esto abre paso a tener los conocimientos suficientes para crear sistemas de prueba y error. Los hongos y su plasticidad nos han acompañado desde tiempos inmemoriales, sobretodo en la industria alimenticia con la fermentación y en la industria de la medicina con la producción de antibióticos. Conocer este reino también nos ha permitido ir aprovechando características como su crecimiento y la producción de enzimas en proyectos de nuevas ramas como la bioconstrucción y biorremediación. Seguir investigando y experimentando nos abrirá paso a conocerlos mejor. Los hongos son organismos relativamente fáciles de mantener y criar, por este motivo, el taller se presenta como una guía para establecer las bases de cultivo, y que los participantes puedan experimentar en sus propios proyectos que los lleven a aprovechar la versatilidad del Reino Fungi.

El taller incluye un ejercicio práctico fácil de llevar a cabo en modalidad online; mismo que permitirá la captura de esporas de un hongo para su futura reproducción. En este punto es importante mencionar la adecuada recolección de hongos silvestres para su conservación a largo plazo en los ecosistemas. Si bien no hay muchos hongos reportados dentro de listas rojas (por falta de estudios), siempre es importante tener un propósito concreto, un adecuado manejo y saber que la producción de cuerpos fructíferos tiene un costo energético que debilita el micelio.

¿Cómo interpretar estudios de microbioma utilizando Shotgun Metagenomics?

Paúl Cárdenas, Ph.D. & Belén Prado M.Sc.

Instituto de Microbiología, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales,

Universidad San Francisco de Quito, Ecuador

Resumen

El taller trata sobre la aplicación, ventajas y desventajas e interpretación de resultados de estudios de microbiomas provenientes de muestras ambientales, animales o humanos. Se enfocará en los puntos principales del análisis bioinformático de las secuencias generadas por medio de la metodología *Shotgun Metagenomics*. El pipeline de análisis incluye: Demultiplex de las secuencias crudas, evaluación de la calidad del secuenciamiento, análisis e interpretación de perfil taxonómico para el cual se usarán 2 programas con la finalidad de evaluar distintas bases de datos. Finalmente se realizará el análisis de Diversidad de las muestras. Dentro del taller se usarán herramientas bioinformáticas de acceso libre (on-line) para su procesamiento.

**Domesticación de cultivos explicado:
Implicaciones para el microbioma y sus aplicaciones en la agricultura**

Pieter van't Hof, Ph.D.

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

Resumen

Plantas están colonizadas por una alta cantidad de microorganismos, que revelan una relación íntima entre los microorganismos y su huésped. Se cree que los microorganismos asociados con las raíces, llamado la rizosfera, son parte del “fenotipo extendido” de las plantas (inglés: “*extended plant phenotypes*”), con funciones en hacer que los nutrientes del suelo estén más disponibles para las plantas, la producción de hormonas de crecimiento, y ayudarlas a ser más resistentes bajo diversas formas de estrés.

Sin embargo, la domesticación de los cultivos eventualmente provocó que las plantas silvestres, con su gran diversidad microbiana en la raíz bajo condiciones naturales, y su potencial de resistencia a estrés biótico y abiótico, se debilitaron. Pero el impacto específico de la mayoría de los microorganismos asociados a las plantas, a pesar de su relevancia ecológica y agrícola, ha sido poco estudiado.

Es evidente que, en los últimos años, ha habido un progreso sustancial en el estudio de la microbiota vegetal. El rápido desarrollo de técnicas moleculares nos ha permitido estudiar profundamente la correcta identificación de la comunidad microbiana que habita adentro o alrededor de las raíces de plantas, e investigar la parte funcional de estas relaciones complejas.

En el presente Taller Académico, se abordará el rol y la composición del microbioma vegetal para el bienestar de las plantas en general, y se explique en breve el proceso de la domesticación hacia los cultivos modernos. Además, en luz de la domesticación y el vínculo fuerte entre el fenotipo de la planta y su microbioma asociado, se discute la probabilidad de que los cultivos modernos perdieron (parcialmente) su capacidad de comunicación con su microbiota benéfica de la rizosfera, y se plantea la hipótesis que el manejo agrícola que no es compatible con el cuidado de las comunidades de microorganismos benéficas, o efectivamente cambia el balance de estas comunidades, puede afectar el desarrollo o el fenotipo del cultivo.

Este Taller se desarrolla de manera dinámica, interdisciplinario, y de manera participativa, para descubrir y juntos seguir construyendo, y donde el conocimiento de la vida del suelo sea parte de la visión común hacia una agricultura más sostenible.

Resúmenes de posters

P1 The rhizosphere microbiome of wild tomato in the Andean mountains

Stalin Sarango Flores^{1,2}, Ben Oyserman², Viviane Cordovez²,
Nejc Stopnisek², Pieter van 't Hof^{3,4}, Jos Raaijmakers^{1,2}

¹*Institute of Biology, Leiden University, Leiden, Netherlands*

²*Department of Microbial Ecology, Netherlands Institute of Ecology, Wageningen, Netherlands*

³*Colegio de Ciencias biológicas y Ambientales, Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador*

⁴*Instituto de Microbiología, Universidad San Francisco de Quito-USFQ, Quito, Ecuador*

Abstract

Domestication and breeding have substantially changed the genetic and phenotypic traits of plant species. How domestication affected the taxonomic and functional diversity of microorganisms living on and inside plant tissues is largely unknown for most species. To investigate if domestication of plants impacted the association with specific microbial taxa and beneficial microbial traits, we took a BackToRoots approach to first determine the taxonomic and functional composition of wild tomato plants growing in the arid lowlands of the Andes depression region between southern Ecuador and northern Peru, the center of origin of tomato. We specifically focused on taxonomic profiling of bacteria and fungi associated with tomato roots in three areas in the Low Andes. Three sites in Loja province (South of Ecuador) from 1400 to 200 masl (meters above sea level) were selected for sampling wild tomatoes. The sites resulted to be significantly different based on their environmental parameters which were clustered in a Principal Component Analysis-PCA (PERMANOVA sites: $r^2 = 0.18048$, $p = 0.0112$). The beta diversity analysis showed that for all three sites, the rhizosphere microbiome was significant different from that of the bulk soils both in bacteria (PERMANOVA soil type: $r^2 = 0.09567$, $p = 0.0001$) and fungi (PERMANOVA soil type: $r^2 = 0.08384$, $p = 0.0001$).

On the other hand, the latitude, percent organic matter and magnesium content of the soils were determinative factors in rhizobacterial and fungal community assembly. The differential abundance analysis on the microbial composition revealed that wild tomato rhizosphere is dominated by *Enterobacter*, *Lactococcus*, *Lechevalieria*, unidentified fungi, *Acrocalymma*, *Aspergillus* and *Fusarium*. To further reveal the functional diversity of the rhizosphere microbiome of wild tomatoes, we have initiated a metagenomic analysis. These and culture-based analyses will be conducted to resolve if the rhizosphere of wild tomato harbors yet unclassified microbial genera and microbial traits that were lost during domestication.

P2 Exploración e identificación del microbioma de la rizósfera del género *Inga* en la Amazonía Ecuatoriana

Valentina Arévalo^{1,2,†}, Aileen Hickey^{1,†}, Alejandro Valdivieso¹, María Belén Prado^{1,2}, Sonia Zapata Mena^{1,2}, Jessica Duchicela³, y Pieter van 't Hof^{1,2,*}

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

² Instituto de Microbiología, Universidad San Francisco de Quito-USFQ, Quito, Ecuador.

³ Departamento de Ciencias de la Vida y de la Agricultura, Universidad de las Fuerzas Armadas-ESPE, Av. Gral. Rumiñahui s/n, P.O.BOX. 171101, Sangolquí, Ecuador.

† These authors contributed equally to this work.

* For correspondence (e-mail: pvanthof@usfq.edu.ec)

Resumen

Uno de los ecosistemas más megadiversos del mundo es la Amazonía. En la Estación de Biodiversidad del Tiputini (TBS) de la USFQ en la Amazonía Ecuatoriana se han identificado dos principales Ecosistemas, el Bosque Parcialmente Inundable Várzea el cual se inunda por aguas de ríos de origen Andino que arrastran sedimentos ricos en nutrientes, y el Bosque Terra Firme que presenta suelos relativamente bien drenados y vegetación dividida verticalmente por estratos. En ambos ambientes se ha identificado que los árboles del género *Inga* son predominantes. Este género pertenece a la familia *Fabaceae*, la cual se caracteriza por formar asociaciones simbióticas con hongos formadores de micorrizas los cuales desempeñan papeles críticos en los procesos ecosistémicos como en el reciclaje de nutriente, en los ciclos biogeoquímicos y en la descomposición de la materia orgánica. Por lo que a través de la presente investigación se pretende generar información sobre la biodiversidad, composición y abundancia de comunidades de hongos endomicorrizales asociados a la rizosfera de plántulas de *Inga* en la TBS, del Parque Nacional Yasuní, en la Amazonía Ecuatoriana. Se realizó un análisis físicoquímico de las muestras de suelo asociado a la rizósfera de plántulas de *Inga*, en donde se identificó que el pH de Terra Firme fue de 4,92 y que los nutrientes con mayor abundancia fueron Nitrógeno, Molibdeno y Vanadio, mientras que en el Bosque Várzea fue de 4,65 y el Fosforo, Magnesio, Calcio, Cobre, Manganeso, Sodio, Cobalto y Bario fueron los nutrientes predominantes. A través de la tinción y evaluación de raíces de plántulas de *Inga* se lograron identificar estructuras micorrizales como arbusculos, hifas intraradicales y extraradicales, hifas absortivas, vesículas y esporas. Posteriormente, se realizaron los análisis moleculares en donde se amplificaron y secuenciaron las regiones ITS para el posterior análisis de las secuencias de hongos utilizando la plataforma QIIME2. La diversidad alfa no fue significativa. La diversidad beta permitió identificar agrupaciones para ambos ecosistemas. Se logró identificar que el microbioma estaba principalmente constituido por un 68,67% de hongos pertenecientes al filo Ascomycota, 18,59% del filo Basidiomycota, 7,36% de las secuencias no se encontraron identificadas y apenas el 1,42% de las secuencias pertenecieron a los hongos del filo Glomeromycota el cual engloba a los hongos micorrícicos arbusculares. Dentro del filo Glomeromycota se identificaron 13 familias, el 72,23% fueron de la familia *Glomeraceae*, el 26,52% no lograron ser asignadas y menos del 1% pertenecieron a la familia *Gigasporaceae* y *Acaulosporaceae*. Cabe recalcar que el presente estudio describe por primera vez el microbioma incluyendo a las micorrizas arbusculares asociadas a la rizósfera de las plántulas del género *Inga* en la Reserva de Biodiversidad Tiputini en la Amazonía del Ecuador. Además, se logra identificar que los factores abióticos como las condiciones edáficas del suelo y las condiciones climáticas del ambiente, junto con los factores bióticos como los seres vivos presentes en el suelo afectan la diversidad de las comunidades microbianas.

P3 De Vuelta a las Raíces: Descifrando la diversidad taxonómica y funcional del microbioma de la raíz del tomate nativo y moderno en los Andes ecuatorianos

Pamela Chanco¹, **Andrea Molina**¹, Stalin Sarango Flores^{1,2}, Mariana de Jesús Gallardo¹, Viviane Cordovez², Antonio León-Reyes^{3,5}, Ben Oyserman², Jos Raaijmakers^{2,4}, y Pieter van 't Hof^{1,5*}

1. *Department of Biological and Environmental Sciences, Universidad San Francisco de Quito (USFQ), Diego de Robles, Quito, Ecuador.*
2. *Department of Microbial Ecology, Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), P.O. Box 50, 6708 PB Wageningen, The Netherlands.*
3. *Agrobusiness Studies, Polytechnic Department, Universidad San Francisco de Quito (USFQ), Diego de Robles y Pampite, Quito, Ecuador.*
4. *Institute of Biology, Leiden University, Sylviusweg 72, 2333 BE, Leiden, The Netherlands.*
5. *Instituto de Microbiología, Universidad San Francisco de Quito-USFQ, Quito, Ecuador.*

**Corresponding author*

Resumen

Las plantas están colonizadas por una alta cantidad de microorganismos, que revelan una relación simbiótica íntima entre los microorganismos y su huésped. Sin embargo, la domesticación eventualmente provocó que las plantas silvestres con gran diversidad microbiana en la raíz y potencial de resistencia a estrés biótico y abiótico se debilitaran. Con esto se formuló la hipótesis de que los cultivos modernos probablemente perdieron su capacidad de comunicación con su microbiota benéfica de la rizosfera.

El presente estudio tiene como objetivo investigar a nivel fenotípico y molecular la diversidad taxonómica y funcional de los microbiomas de la raíz, que establecen asociaciones benéficas con tomates nativos *Solanum pimpinellifolium* y tomates domesticados *Solanum lycopersicum* cv. Moneymaker. Esto se realizó en una serie de experimentos de invernadero en condiciones controladas, cultivando ambos tipos de tomate en suelos nativos y modernos de los Andes ecuatorianos. Además, se empleó técnicas de microbiología y moleculares para la extracción del ADN rizosférico y, para la secuenciación se usó los genes 16s rRNA e ITS. Para procesar la información de la secuenciación se usó DADA2 y R (phyloseq package).

Se encontró que existe un mejor rendimiento del tomate nativo *Solanum pimpinellifolium* en el suelo nativo de Loja, aunque este presentó deficiencias nutricionales, es probable que al ser este suelo hábitat natural del este tomate contenga los microorganismos benéficos con los que la planta coevolucionó y estableció una comunicación íntima que impulsó el desarrollo del tomate nativo. No obstante, contrario a lo que se creía la diferencia de composición de los suelos no es influenciada por el tipo de tomate plantado en el suelo, pero por la composición inicial de este. Así mismos fue difícil el poder determinar la utilidad de los ASVs identificados dado a en la actualidad existen pocos estudios sobre la microbiota de la rizosfera de suelos de Ecuador y mucho menos sobre la población fungi.

P4 El microbioma de la raíz modula la promoción del crecimiento inducida por bajas dosis de glifosato

Dario X. Ramirez-Villacis^{1,2}, Omri M. Finkel², Isai Salas-Gonzalez², Connor R. Fitzpatrick², Jeffery L. Dangl², Corbin D. Jones², Antonio Leon-Reyes^{1,2}

¹*Laboratorio de Biotecnología Agrícola y de Alimentos-Ingeniería en Agronomía, Universidad San Francisco de Quito USFQ, Quito, Ecuador.*

²*Department of Biology, University of North Carolina at Chapel Hill, Chapel Hill, North Carolina, USA.*

Resumen

El glifosato es un herbicida muy comúnmente utilizado debido a que tiene un amplio espectro de acción. Sin embargo, en dosis subletales, el glifosato puede inducir el crecimiento de las plantas, un fenómeno conocido como hormesis. La mayoría de los estudios de hormesis del glifosato se han realizado en condiciones libres de microbios o de diversidad microbiana reducida; solo unas pocas se realizaron en sistemas abiertos o campos agrícolas, que incluyen una mayor diversidad de microorganismos del suelo. Aquí, investigamos cómo los microbios afectan la hormesis inducida por dosis bajas de glifosato. Con este fin, utilizamos *Arabidopsis thaliana* y una comunidad bacteriana sintética bien caracterizada de 185 cepas (SynCom) que imita el microbioma asociado a la raíz de *Arabidopsis*. Descubrimos que una dosis de 3.6×10^{-6} g equivalente de ácido / litro (dosis baja de glifosato o LDG) produjo un aumento de ~14% en el peso seco de los brotes (hormesis) de las plantas sin inocular. Inesperadamente, en plantas inoculadas con SynCom, LDG redujo el peso seco de los brotes en aproximadamente un 17%. Descubrimos que LDG enriqueció dos cepas de Firmicutes y dos de Burkholderia en las raíces. Se sabe que estas cepas específicas actúan como inhibidores del crecimiento de raíces (RGI) en ensayos de monoasociación. Probamos el vínculo entre RGI y la reducción del peso seco de los brotes en LDG mediante el ensamblaje de una nueva comunidad sintética que carece de cepas RGI. La eliminación de las cepas RGI de la comunidad restauró la inducción del crecimiento por LDG. Finalmente, mostramos que las cepas individuales de RGI de unos pocos filos específicos eran suficientes para cambiar la respuesta a LDG de la promoción del crecimiento a la inhibición del crecimiento. Nuestros resultados indican que la hormesis del glifosato era completamente dependiente de la composición del microbioma de la raíz, específicamente de la presencia de cepas inhibidoras del crecimiento de la raíz.

Palabras Clave: Glifosato, hormesis, microbioma

P5 Caracterización y comparación del microbioma de plantas de banano sanas y enfermas con Sigatoka Negra (*Mycosphaerella fijiensis*) bajo manejo orgánico y convencional

Claudia Zapata^{1+*}, Alejandra Paladines¹⁺, Dario X. Ramirez-Villacis¹, Esteban Espinosa¹, Antonio Leon-Reyes^{12*}.

¹Laboratorio de Biotecnología Agrícola y de Alimentos, Colegio de Ciencias e Ingenierías, Universidad San Francisco de Quito. Ecuador

²Department of Biology, University of North Carolina, Chapel Hill, NC 27599

+Los autores contribuyeron igual al trabajo.

*Autor de correspondencia: cgzapatar@estud.usfq.edu.ec ; aleon@usfq.edu.ec

Resumen

El hongo patógeno *Mycosphaerella fijiensis* causante de la mancha foliar de Sigatoka Negra provoca grandes pérdidas económicas para los países productores de banano y compromete la seguridad alimentaria. La mayoría de los cultivos de banano son estériles e inadecuados para el mejoramiento de líneas resistentes lo que hace que el control del patógeno sea principalmente el uso extensivo de fungicidas. La fertilización química es una de las prácticas más comunes que se utilizan para aumentar el rendimiento y la rentabilidad de los cultivos. Sin embargo, conduce a la degradación del ecosistema, aumenta las emisiones de gases de efecto invernadero y disminuye la calidad del agua. Para mitigar estos efectos adversos, se han propuesto varias prácticas, incluida la agricultura orgánica.

En los últimos años el estudio de microorganismos endófitos de plantas ha recibido mucha atención dado su papel esencial descrito en los agroecosistemas como importantes reguladores de enfermedades, sin embargo todavía tenemos un conocimiento limitado de la respuesta compleja de la diversidad y composición microbiana a los estreses bióticos y abióticos como enfermedad y manejo agrícola. En este estudio se evaluó la estructura, diversidad y riqueza de la comunidad microbiana de varios órganos de plantas de banano sanas y enfermas bajo manejo orgánico y convencional utilizando secuenciación de amplicones de la región V3-V4 del gen 16S rRNA para bacterias y la región ITS2 para hongos. Los resultados muestran que la fracción, es decir las diferentes partes de la planta, tuvo la mayor influencia sobre la diversidad microbiana y la composición de las comunidades seguido del tipo de manejo. En términos generales bajo un sistema de manejo convencional, la riqueza y uniformidad de la comunidad bacteriana y fúngica aumentó entre las muestras de suelo y rizosfera en comparación con el sistema de agricultura orgánica. Al evaluar el microbioma endófito de las hojas en presencia del patógeno se observó que en el manejo orgánico la diversidad disminuyó y en el convencional aumentó. Se encontró que el ASV correspondiente al género *Pseudomonas* sp. se encuentra aumentado en la hoja orgánica sana y se ubica dentro del clado de la especie *P. fluorescens*, un microorganismo benéfico para las plantas. Comprender cómo los sistemas de gestión de cultivos a largo plazo modifican la diversidad y la estructura microbiana a nivel de taxones microbianos individuales, como se presenta en esta investigación, puede ayudar a diseñar sistemas agrícolas que puedan mantener una alta rentabilidad de los cultivos de banano mediante la estimulación de bacterias promotoras del crecimiento y los responsables de la supresión de enfermedades transmitidas por el suelo.

P6 Interplay between Arabidopsis defense components and the beneficial rhizobacterium *Pseudomonas simiae* WCS417

Jiayu Zhou^{a, b}, Melissa Uribe Acosta^a, Corné M.J. Pieterse^a, and Ioannis A. Stringlis^{a*}

^a *Plant-Microbe Interactions, Department of Biology, Science4Life, Utrecht University, Utrecht, the Netherlands.*

^b *Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing, Jiangsu, China*

* *E-mail: i.stringlis@uu.nl*

Abstract

Plants interact in the soil with millions of pathogenic and beneficial microbes. Structural and chemical defense components are in place to help plants control colonization by these microbes. While existence and activation of different defense components is crucial to block infection by pathogens, their role in the establishment of beneficial associations remains largely uncharacterized. One well studied beneficial association is that between *Arabidopsis thaliana* and the beneficial rhizobacterium *Pseudomonas simiae* WCS417. Here using different Arabidopsis mutants in structural (suberin, lignin, cutin and callose) and chemical (glucosinolates, camalexin) defense components, we aim to characterize how WCS417 can maintain a beneficial association with its host plant. Wild type and mutant plants were grown *in vitro* in plates containing Hoagland growth medium and WCS417, and a number of morphological parameters were assessed as well as the root colonization dynamics of WCS417. In some of the mutants (suberin, cutin and callose deposition) there was decreased root colonization and less growth promoting effects compared to wild type plants. In other mutants (lignin, camalexin and glucosinolates) there was not growth-promoting effect in response to WCS417, but the bacterial amount on their roots was similar to wild type. We then tested whether exudates produced by the different mutants can affect the growth of WCS417. This experiment revealed that exudates produced by selected suberin and cutin mutants could negatively affect the growth of WCS417. It becomes apparent that selected mutations in defense components can affect the beneficial association between WCS417 and Arabidopsis, either affecting the establishment on the root or the promotion of plant growth by this bacterium. In our next experiments, we want to dissect the transcriptional changes in roots of different mutants following WCS417 colonization, but also bacterial processes affected by the exudates produced by wild type and mutant plants.

P7 Metabiome: a flexible and modular pipeline for metagenomic analysis

Cristian David Grisales^{a*}, Estefany Lorenzana^{a,b}, Juan Esteban Pérez Jaramillo^{a,b}, Juan Camilo Arboleda^{a,b,c}

^aUnidad de Bioprospección y Estudio de Microbiomas, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales

- PECET, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

^bSemillero de Investigación en Bioinformática - GenomeSeq, Seccional Oriente, Universidad de Antioquia.

^cGrupo de Fundamentos y Enseñanza de la Física y los Sistemas Dinámicos, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia UdeA, Medellín, Colombia.

**cristian.grisales@udea.edu.co*

Abstract

Analysis of metagenomic sequencing data is often a complex task that involves the use of a set of different bioinformatic software packages in order to go from raw reads to interpretable and useful information about a microbial community. Although these software packages can be integrated into bioinformatic pipelines to facilitate their use to the scientific community, most of the bioinformatic pipelines to date do not show much flexibility for their software options, and often require previous knowledge in different programming languages. Therefore, we present Metabiome, an easy-to-use, open-source metagenomics pipeline that performs preprocessing, functional and taxonomic profiling, genome assembly and binning of sequence reads obtained from NGS technologies. Metabiome is based on different standalone modules that allow flexibility to the user in terms of analysis, is easily installed through conda and can work with different GNU/Linux distributions. Likewise, one of the key features of the Metabiome pipeline is that the user is free to choose the options to run each of the bioinformatic software packages. It has been tested on a previous mouse gut microbiome study showing similar results. Metabiome will ease the work in metagenomic analysis for non-bioinformaticians, by providing an easy-to-use, module-based and customizable metagenomic pipeline.

P8 Impact of soil microbiome diversity on inoculant use in wheat

Caroline Sayuri Nishisaka ^{a,b}, Hélio Danilo Quevedo ^{a,b}, and Rodrigo Mendes ^{a *}

^a Laboratory of Environmental Microbiology, Embrapa Environment, Jaguariúna, SP, Brazil.

^b Luiz Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo (ESALQ/USP), Agricultural Microbiology Graduate Program, Piracicaba, SP, Brazil.

* E-mail: rodrigo.mendes@embrapa.br

Abstract

Wheat is the second most cultivated cereal in the world with an increase on its consumption every year. Considering the intensification of productive systems and the increasing dependence of pesticides, it is an urgent need to find sustainable alternatives specially for wheat crop management. In this context, the rhizosphere microbioma offers to the host plant beneficial functions including nutrient absorption, abiotic stress tolerance and defense against soil borne diseases. For instance, during a fungal pathogen invasion of the radicular system, specific bacterial families and certain microbiome functions are enriched in the rhizosphere, helping to prevent plant infection by the pathogen. Although this process was partially elucidated in previous studies, it is still a limited knowledge about how soil microbiome diversity impacts the interaction between rhizosphere microbiome and pathogen or antagonist inoculant in production systems.

Thus, this project aimed to evaluate the rhizosphere microbiome assembly and its impact on the protection of wheat plant inoculated with the soil pathogen *Bipolaris sorokiniana* and with an antagonist bacterial inoculant under a gradient of soil microbiome diversity. Our hypothesis is that the success of the soil inoculant establishment in the rhizosphere and its effect on the plant performance is also determined by the diversity and functionality of the soil microbiome that receives the inoculation.

To test this hypothesis, we conducted a bioassay using natural soil (positive control), autoclaved soil, and natured soil diluted in autoclaved soil at 10^{-1} , 10^{-3} and 10^{-6} . The inoculation with *Pseudomonas* sp. CMAA 1741 resulted in higher plant height and root dry mass, mainly in treatments “Natural soil” and “dilution 10^{-1} ” for root, and “Natural soil”, “dilution 10^{-1} ” and “dilution 10^{-6} ” for plant height showing the plant growth promotion potential of this inoculant. The severity disease index was higher across all treatments that received the fungal pathogen *Bipolaris sorokiniana*, mainly in the most diluted soil (“dilution 10^{-6} ” and “Sterilized soil”), showing that the pathogen is more deleterious in soils with low microbial diversity. In soils with lower microbial diversity, the antagonist inoculant is also more effective in protecting the plant. The next step will be to analyze the impact of fungal invasion and beneficial bacteria inoculation in the assembly of the rhizosphere bacterial and fungal communities to elucidate the patterns and correlations between the structure of the rhizosphere microbiome, with the soil microbiome diversity and establishment of the beneficial inoculant.

P9 Chemical interactions during invasion of the wheat rhizosphere microbiome by the pathogen *Bipolaris sorokiniana*

Helio Danilo Quevedo^{a,b*}, Caroline Sayuri Nishisaka^{a,b}, Célio F. F. Angolini^c, Rodrigo Mendes^a

^a *Laboratory of Environmental Microbiology, Embrapa Environment, Jaguariúna SP, Brazil.*

^b *Luiz de Queiroz College of Agriculture (ESALQ), University of São Paulo, Piracicaba, SP, Brazil.*

^c *Federal University of ABC (UFABC), Santo André, SP, Brazil.*

**Email – hdquevedo@usp.br*

Abstract

The knowledge of the dynamics of interactions that occur in the rhizosphere microbiome is still limited. The rhizosphere microbiome provides ecological services to the host including nutrition and protection against diseases. These services can be regulated by chemical signals from root exudation, which can select and shape the microbial community in the rhizosphere. Hence, this work seeks to elucidate the hypothesis that in face of the infection by a soil borne pathogen the plant changes the pattern of root exudation to access the resources provided by these microorganisms antagonistic to the plant pathogen, we tested the impact of beneficial inoculants in the disease onset to understand how the host plant and beneficial microbes communicate to fend off the soil borne pathogen *Bipolaris sorokiniana* from the rhizosphere. Using rhizosphere bacterial isolation, followed by in vitro screening, we selected three bacterial isolates, *Streptomyces* sp. CMAA 1738, *Paenibacillus* sp. CMAA 1739 and *Pseudomonas* sp. CMAA 1741, antagonistic to the pathogen, able to solubilize phosphorus, to fix atmospheric nitrogen and to produce indole acetic acid. In a bioassay, we tested the independent inoculation of the three bacterial isolates in wheat seedlings inoculated or not with the fungal pathogen. The disease severity index (DSI) was the highest (DSI=93%) in plants exclusively inoculated with the pathogen (control treatment). In plants inoculated with the antagonistic bacteria and with the pathogen the DSI ranged from 50 to 62%, showing a significant decrease in disease incidence as compared to the control treatment. Across treatments without the pathogen, but inoculated with each beneficial bacterium, the DSI was between 7 and 10%. As we also observed a certain level of disease (DSI=40%) in a treatment without pathogen or bacterial inoculation, we monitored the natural occurrence of the pathogen (plus the inoculated pathogen) in the soil using qPCR targeting the *CosA* gene. Interestingly, despite of the differences observed in DSI, the occurrence of the pathogen in the rhizosphere was similar across all treatments. The next steps will be to analyze the impact of fungal invasion and beneficial bacteria inoculation in the assembly of the rhizosphere bacterial and fungal communities and to analyze the plant metabolites to elucidate chemical interactions during invasion of the wheat rhizosphere microbiome by the soil borne pathogen.

P10 Degradación de polietileno de Baja Densidad (LDPE) mediada por hongos aislados en tres bosques primarios del Ecuador

Goyes P.^{1,2,3}, Alvarez-Barreto J.F.⁷, Ramírez-Villacís D.^{1,4,5}, León-Reyes A.^{1,4,5,6}

¹ *Laboratorio de Biotecnología Agrícola y de Alimentos, Universidad San Francisco de Quito*

² *Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Universidad San Francisco de Quito*

³ *Directorio de Investigación, PlastiCO. Project*

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

⁵ *Instituto de Microbiología, COCIBA, Universidad San Francisco de Quito*

⁶ *Instituto de Investigaciones Biológicas y Ambientales BIÓSFERA, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Universidad San Francisco de Quito*

⁷ *Colegio de Ciencias de Ingeniería, Ingeniería en Química, Universidad San Francisco de Quito*

E-mail: paulette.plastico@gmail.com – aleon@usfq.edu.ec

Resumen

La contaminación por plástico es un tema de preocupación global y la búsqueda de herramientas para mitigar el problema es una constante. Por este motivo, el presente estudio se enfoca en buscar hongos con potencial de degradación para el polietileno de baja densidad (LDPE), uno de los tipos de plástico más usados en Ecuador. De 180 muestras insertadas en suelo y árboles muertos en tres bosques primarios, cuatro hongos fueron aislados e identificados morfológica y genéticamente. La selección de candidatos se basó en los resultados de distintos análisis como: microscopía electrónica de barrido (MEB), análisis de espectroscopia de transmisión de infrarrojo con transformada de Fourier (FTIR), pérdida de peso y la posibilidad de ser cultivados; aquellas muestras de plástico que mostraron características de degradación después de la exposición en campo como rupturas, agujeros, mineralización y la formación de nuevos grupos de carbono, fueron escogidos. Posteriormente, los candidatos fueron inoculados en un medio minimal líquido con el plástico como única fuente de carbono durante 60 días a 28°C y 120rpm, para comprobar su acción. En estudios futuros esperamos identificar los mecanismos usados por los hongos y los metabolitos producidos durante el proceso.

Palabras clave: Contaminación plástica, Polietileno de baja densidad, degradación de plástico, biodegradación, SEM, FTIR.

**P11 Rol de los probióticos en tratamientos para vaginosis bacteriana:
Un meta-análisis en red.**

Fausto Cabezas-Mera^{a,†}, Alison Muñoz-Barreno^{a,†}, Eduardo Tejera^b, and António Machado^{a,*}

^a Instituto de Microbiología, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales (COCIBA), Universidad San Francisco de Quito (USFQ), Quito, Ecuador

^b Facultad de Ingeniería y Ciencias Agropecuarias Aplicadas, Grupo de Bioquimioinformática, Universidad de Las Américas, Quito (UDLA), Quito, Ecuador

[†] Authors contributed equally to this work.

*Email: amachado@usfq.edu.ec

Resumen

La vaginosis bacteriana (VB) es una disbiosis común del microbiota vaginal en las mujeres en edad reproductiva que se caracteriza por una reducción de las especies de *Lactobacillus*, como *L. crispatus*, *L. gasseri* y *L. jensenii*, siendo sustituidas por diversas bacterias anaerobias, entre las que se encuentran *Gardnerella vaginalis*, *Mycoplasma hominis*, *Atopobium vaginae*, *Peptostreptococcus* sp., *Prevotella* sp. y *Mobiluncus* species. Aunque la etiología no se ha comprendido del todo, hay muchos factores que pueden favorecer el desarrollo de esta disbiosis, como la edad, el embarazo, las relaciones sexuales y el uso de antibióticos o anticonceptivos. El tratamiento suele consistir en una terapia antibiótica mediante un gel intravaginal o un comprimido oral, siendo el metronidazol o la clindamicina los fármacos más comunes. Sin embargo, la tasa de curación clínica (CCR) de la VB puede variar mucho, y muchas mujeres experimentan una recaída en semanas o meses después del tratamiento inicial. En los últimos años, debido a la alta resistencia antimicrobiana de los patógenos de la VB, se observa una baja tasa de curación a largo plazo y se ha propuesto el uso de probióticos como tratamiento alternativo. Los lactobacilos son los probióticos más utilizados para tratar la VB. Varios estudios reportaron resultados positivos en ensayos clínicos, apoyando el uso de lactobacilos como alternativa o incluso como tratamiento conjugado junto con antibióticos para aumentar las CCRs. En el presente meta-análisis en red, se demuestra que una mayor variabilidad de CCR con los tratamientos probióticos, en comparación con los tratamientos antibióticos (derivados de 5-nitroimidazoles o clindamicina), debido a una mayor diversidad de lactobacilos. El número de especies de lactobacilos mostró diferencias estadísticamente significativas en los CCRs de los tratamientos, es decir, las terapias probióticas o combinadas que contenían uno o dos lactobacilos mostraron mayores CCRs que cuando contenían tres. Se evaluaron varias combinaciones de dos especies de lactobacilos entre los ensayos, siendo *L. rhamnosus*, *L. reuteri*, *L. acidophilus* y *L. gasseri* las especies más frecuentemente utilizadas, pero sin diferencias significativas entre combinaciones. Además, al analizar las especies de *Lactobacillus*, la ausencia de *L. gasseri* en la administración de probióticos y el uso conjunto de antibióticos con *L. acidophilus* revelaron las mayores CCRs en el tratamiento de la VB con diferencias estadísticamente significativas. No fue posible tomar una decisión clara sobre el mejor tratamiento de la VB debido a la alta heterogeneidad de los resultados reportados en los ensayos clínicos. Por último, las terapias combinadas con lactobacilos sugirieron la reducción de la concentración óptima de antibióticos, y los tratamientos de doble fase de antibióticos indicaron un aumento de las CCRs en la VB.

P12 Análisis longitudinal de bacterias cultivables de la piel de Axolotl *Ambystoma altamirani*

Hernández-Orta Alberto^a, Morales-Hernández Hugo^b, Tanya M. González-Martínez^c, Ávila-Akerberg Víctor Daniel^c, Rebollar-Caudillo Eria Alaide^{a*}

^a*Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Mor.*

^b*Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de México Toluca de Lerdo, Méx.*

^c*Instituto de Ciencias Agropecuarias y Rurales, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca de Lerdo, Méx.*

**Correo electrónico: rebollar@ccg.unam.mx*

Resumen

En los últimos años, se ha demostrado que algunas especies de bacterias simbiotas de la piel de los anfibios producen metabolitos secundarios que inhiben el crecimiento del hongo patógeno *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) protegiendo a los anfibios de la quitridiomycosis. Sin embargo, la estructura de la microbiota en anfibios es muy dinámica y depende tanto de factores bióticos y abióticos, como la ubicación geográfica y las diferentes condiciones ambientales a lo largo del tiempo. De este modo, el objetivo fue determinar la diversidad de especies de bacterias cultivables simbiotas de la piel del ajolote *A. altamirani* y analizar los cambios en la diversidad de bacterias en un contexto longitudinal. Se realizó cinco muestreos entre los meses de abril a septiembre de 2018 de un total de 40 individuos a partir del cual se aislaron bacterias simbiotas de la piel usando triptona al 5%. Se amplificó vía PCR el gen 16SrRNA y finalmente, se mandó a secuenciar vía Sanger para identificar las bacterias utilizando la base de datos de SILVA y realizar análisis filogenéticos y el agrupamiento de OTUs. Se procesó 255 cepas que corresponden a 171 OTUs perteneciente a 8 distintas clases bacterianas de las cuales alrededor del 50% corresponde a la clase Actinobacteria, siendo mayores predominantes en los primeros meses y en los últimos meses dominado por Gammaproteobacterias. Asimismo, no se observó diferencias significativas entre la riqueza en los cinco muestreos (Kruskal-Wallis Df = 4, $P = 0.139$). Sin embargo, sólo se compartió un género entre cinco muestreos y se percibió una alta dinámica en la presencia y recambio de géneros. Finalmente, se observó diferencias en la diversidad de OTUs por etapa de desarrollo (Kruskal-Wallis Df = 1, $P = 0.0558$), presentando una mayor diversidad de OTUs los individuos metamorfoseados.

P13 Secuenciación de amplicones ARNr 16S para el análisis de la diversidad microbiana de alimentos de consumo masivo en Ecuador

Byron Díaz Cárdenas^a, Enrique Salazar Llorente^a, Ganyu Gu^b, Xiangwu Nou^b, Johana Ortiz^c, Pedro Maldonado^d, Juan Manuel Cevallos-Cevallos^{a,e*}

^aEscuela Superior Politécnica del Litoral, ESPOL, Facultad de Ciencias de la Vida (FCV), Campus Gustavo Galindo Km. 30.5 Vía Perimetral, P.O. Box 09-01-5863, Guayaquil, Ecuador.

^bEnvironmental Microbiology and Food Safety Laboratory, USDA ARS, Beltsville, MD, United States.

^cDepartamento de Biociencias, Unidad de Investigación en Nutrición y Salud Alimentaria. Facultad de Ciencias Químicas, Universidad de Cuenca, Cuenca, Ecuador.

^dEscuela Politécnica Nacional. Departamento de Alimentos y Biotecnología (DECAB). P.O. Box 17-01-2759. Quito, Ecuador.

^eEscuela Superior Politécnica del Litoral, ESPOL, Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE), Campus Gustavo Galindo Km. 30.5 Vía Perimetral, P.O. Box 09-01-5863, Guayaquil, Ecuador.

*E-mail: jmceva@espol.edu.ec

Resumen

La calidad microbiológica de los alimentos en Ecuador actualmente es regulada a través de métodos microbiológicos convencionales basados en cultivos, sin embargo, estos poseen grandes limitaciones de precisión, escalabilidad y tiempo. En la presente investigación se utilizó la secuenciación de Illumina de alto rendimiento del gen ARNr 16S para evaluar la diversidad microbiana en 10 alimentos de consumo masivo y de alto riesgo, incluyendo bolones, encebollados, ceviches, salsas, rebanadas y ensaladas de frutas, jugos, quesos frescos, carne molida y pollo crudo, que se expenden de manera ambulante en 3 ciudades de Ecuador (Quito, Guayaquil y Cuenca).

La asignación taxonómica con la base de datos Silva 138.1 del flujo bioinformático DADA2 permitió identificar en las secuencias halladas un total de 1049 taxones bacterianos que se clasificaron en 11 filos, 113 familias, 279 géneros y 146 especies. Proteobacterias y Firmicutes fueron los filos más abundantes en el total de alimentos con una abundancia relativa (AR >) mayor al 50 %. A nivel de género, con una AR > 2 %, se identificaron: *Acinetobacter* (13.08 %), *Lactococcus* (12.08 %), *Vibrio* (8.33 %), *Weissell* (7.56 %), *Aeromonas* (6.51 %), *Photobacterium* (6.22 %), *Pseudomonas* (4.11 %), *Leuconostoc* (3.60 %), *Lactobacillus* (3.20 %) y *Cupriavidus* (2.98 %).

Los análisis de diversidad alfa y beta registraron en las muestras de frutas, pollo crudo, carne molida y quesos frescos los mayores índices de diversidad microbiana (ANOVA, $p < 0.05$) pertenecientes principalmente a las ciudades de Quito y Guayaquil, sugiriendo que los alimentos crudos definieron la variabilidad de las muestras entre ciudades, debido a la alta presencia de bacterias oportunistas y de descomposición. Adicionalmente, con una AR < 1% se clasificaron 6 especies bacterianas patógenas, entre estas *Campylobacter sp.*, *Campylobacter ureolyticus*, *Helicobacter pullorum*, *Clostridium perfringens*, *Acinetobacter baumannii* y *Vibrio cholerae*. Sin embargo, al no utilizarse un método de enriquecimiento previo de las muestras, los resultados deben tratarse con discreción. Se sugiere implementar tecnologías de secuenciación de tercera generación como método complementario para la identificación del microbioma de los alimentos en proyectos relacionados a inocuidad alimentaria.

P14 Bioactivity Determination and Citotoxicity Evaluation of Plant Extracts from Agro-Industrial Wastes

Lourdes Orejuela-Escobar^{1,2,3}, **Brigitte León**^{1,5}, Carolina Tituaña^{1,5}, Franklin Espinoza⁴, Sonia Zapata⁴, Patricio Rojas⁴, Arleth Gualle^{1,5}, Verónica Castañeda^{2,5}, E. Morales^{2,5}, Andrés Caicedo², Andrea Landázuri^{1,2,3}

¹ *Applied Circular Engineering Group, Department of Chemical Engineering, College of Science and Engineering, Universidad San Francisco de Quito USFQ.*

² *Instituto de Investigaciones en Biomedicina, iBioMed, USFQ.*

³ *Instituto Biosfera, USFQ.*

⁴ *Instituto de Microbiología, USFQ*

⁵ *Biotechnological Engineering Department of Biological and Environmental Sciences, USFQ.*

Abstract

The use of plant extracts as healing agents is known ancestrally, due to the phytochemicals present in flowers, leaves, roots, barks, stems, seeds and their health benefits [1]. Other important and useful metabolites can be obtained from plant wastes such as enzymes, exopolysaccharides, bioplastics and biofuels by applying conventional and emerging technologies for integral and sustainable plant waste management [2]. The constant attempt to minimize the emission of greenhouse gases and reduce waste has led to the incorporation of agro-industrial wastes into the value chain since they have biocompounds of industrial interest.[3]. Various studies have determined the bioactive potential of some of these wastes extracts in terms of producing natural pigments with antioxidant, antimicrobial, anti-inflammatory, and anticancer activities, among others [4]. From the Engineering, Applied Sciences & Simulation Group (GICAS - USFQ), the *Moringa oleifera* Lam. (moringa) leaves powder as well as *Ocotea quixos* (ishpingo), and *Persea americana* (avocado) seed extracts have been studied as potential antioxidants for biomedicine, industrial and environmental applications. It was found that moringa extracts contain antioxidant compounds (Trolox equivalents = 9.18nmol/μL in aqueous solvent) that could be applied in the food and health industries with no cytotoxic effect under 5 mg/mL when extracted with aqueous solvent [5]. In the case of ishpingo, it was determined a selective toxicity on *Leishmania mexicana* promastigotes (IC₅₀=7.87 μg/mL) [6]. Finally, the antioxidant capacities of the seed extracts of two avocado varieties were found to be 3980.33 (Fuerte) and 5980.33 (Hass) in copper reducing equivalents (CRE)/mL [7]. The antibacterial, anti-inflammatory, and anti-cancer activities of the previously mentioned agro-industrial materials as well as banana peel and cocoa pod husk extracts will be evaluated shortly.

P15 Circular Bioeconomy, Circular Engineering, Industrial Symbiosis and Sustainable Manufacturing - Residual biomass Processing by Using Enzymes and Emerging Technologies to obtain high value-added bioproducts from agricultural and agro-industrial waste

Lourdes Orejuela-Escobar^{1,2,3}, **Arleth Gualle**^{1,4}, Miguel Angel Mendez^{1,3}, Daniel Aguilera^{3,4}, Darío Cueva^{3,4}, Domenica Vargas^{3,4}, Andrés Lagos¹, Andrea Landázuri^{1,2}

¹ *Applied Circular Engineering Group, Department of Chemical Engineering, College of Science and Engineering, Universidad San Francisco de Quito USFQ.*

² *Instituto de Investigaciones en Biomedicina, iBioMed, USFQ.*

³ *Instituto Biosfera, USFQ.*

⁴ *Instituto de Microbiología, USFQ*

⁵ *Biotechnological Engineering Department of Biological and Environmental Sciences, USFQ.*

Abstract

The residual biomass from agriculture and agro industries is a potentially renewable resource that can be used as an alternative to reduce dependence on oil through the production of biofuels and other high value-added bioproducts to promote bioeconomy and circular engineering, as well as sustainable manufacturing and industrial symbiosis. Residual lignocellulosic biomass can be processed using second generation biorefining and zero waste technology for an integral solid waste management that leads to bioactive phytochemicals extraction, and natural biopolymers recovery; among the main steps for a biorefinery approach to biomass processing are: biomass pretreatment, hydrolysis and/or fermentation process, and isolation and purification of bioproducts. Within the hydrolysis process, the use of enzymes that can break the bonds of cellulose and lignin compounds abundant in plants is designed. They act as biological catalysts that accelerate a biochemical reaction. Enzymes can be extracted from fungi, yeasts or bacteria and can be used in a wide range of biomass conversion. For this reason, enzymatic hydrolysis could be the best alternative with potential for making large-scale improvements for biomass fragmentation. The use of cellulase enzyme allows the efficient decomposition of cellulose. They are used as an effective methodology for the breakdown of agroindustrial waste by depolymerizing the glucose monomers by cutting the beta 1,4 glycosidic bonds. Enzymes are an ecological option to avoid the use of chemical solvents and improve the performance of the process, few quantities are required for their application in addition to the possibility of reusing the enzyme. The application of enzymes or enzyme cocktails on a large scale is limited by their high cost or the presence of inhibitors in the substrate. The biomass pretreatment followed by enzymatic hydrolysis is a way to obtain polysaccharides due to the high selectivity of the enzymes. In the case of lignocellulosic biomass by means of enzymatic cocktails, the recalcitrant lignocellulose matrix can be degraded to obtain fermentable sugars and chemical substances of importance for the current market of our modern society. In this study, the degradation of the biomass of oil palm empty fruit bunch, moringa seed husk and banana peels will be investigated by using enzymes complexes, along with other emerging technologies such as deep eutectic solvents and autohydrolysis techniques.

P16 Utilización de residuos de cascara de banano para la obtención de bioetanol mediante hidrólisis y fermentación

Dario F. Cueva¹, Doménica Vargas-Arias^{1,2}, Daniel Aguilera-Pesantes¹, Lourdes Orejuela², Miguel A. Méndez^{2*}

¹Clydent S.A., Research and Development Department, Mirtos 617 y Ficus, Guayaquil, Ecuador.
²Universidad San Francisco de Quito, USFQ, Diego de Robles sn y Vía Interoceánica, 17-1200-841, Quito, Ecuador.
 *mmendez@usfq.edu.ec

Resumen

La principal problemática de la obtención de combustibles de segunda generación es la ruptura de los carbohidratos provenientes de la pared celular en azúcares utilizables para su conversión en etanol. Este proceso es complejo y cada tipo de biomasa requiere condiciones específicas para ser correctamente hidrolizado y a su vez ser aprovechados por los microorganismos durante la fermentación. En Ecuador, la industria de procesamiento de banano es muy importante y existe una oportunidad en la reutilización de la cáscara de la fruta, la cual es su principal desecho. Con el presente trabajo se pretende optimizar el proceso de obtención de bioetanol mediante pretratamientos ácidos seguidos de hidrólisis enzimática y su posterior fermentación. Se realizó un enfoque de optimización a través de la metodología de superficie de respuesta para los pretratamientos. Se realizaron 53 ensayos de hidrólisis con diferentes niveles de 7 factores: Tiempo de hidrólisis (1-4h), concentración del ácido (0.5-5%), temperatura (25°-121°C), tamaño de partícula (1-4mm), cantidad de biomasa en solución (5-10g), humedad de la biomasa (materia húmeda vs seca) y tratamiento ácido (ácido acético, ácido cítrico, ácido sulfúrico). Como variable de respuesta se cuantificó azúcares totales y azúcares reductores. Para la hidrólisis enzimática se realizó un tratamiento alcalino previo (5 – 15%) y se probaron diferentes concentraciones y tiempos de hidrólisis. En cuanto a los pretratamientos, los perfiles de azúcares analizados mediante cromatografía de alto rendimiento en capa fina (HPTLC) revelan un alto contenido de glucosa. Otros azúcares como manosa o arabinosa pudieron ser recuperados, y el tipo de azúcares recuperados de la cáscara de banano en los pretratamientos ácidos fue dependiente al pretratamiento utilizado. En la hidrólisis enzimática, la velocidad máxima de reacción fue de 0.049g/l/min, y una concentración de 10% de NaOH como pretratamiento fue adecuada para promover la remoción de lignina y facilitar la digestión enzimática. Para la fermentación, se colectó levaduras de diferentes fuentes y se realizó la prueba de MIC (Concentración inhibitoria mínima) para determinar aquellas levaduras con el mejor potencial de tolerancia al etanol. Finalmente, se optimizó las condiciones para la fermentación (pH, temperatura, tipo de fermentación e hidrolizado) y se obtuvo una concentración de etanol del 17,5g/L. Se espera que estos resultados sirvan como punto de partida para la producción de etanol de segunda generación a partir de cáscaras de banano.

Palabras Clave: Hidrólisis química, Fermentación, Diseño superficie de respuesta, optimización, Hidrólisis enzimática

Organizado por:



Con el apoyo de:



Instituciones invitadas:



ISBN: 978-9978-68-196-1



9 789978 681961

