

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR  
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES  
ESCUELA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

Diversidad de hongos endófitos asociados al género *Polylepis* en el ecosistema del Páramo  
Andino en los Andes del Norte

Tesis previa a la obtención del título de  
Magíster en Biología de la Conservación

CAROLINA ELIZABETH PORTERO PICO

QUITO, 2013

“be strong and courageous, do not be afraid or discouraged.

For the LORD your God is with you wherever you go.”

Joshua 1:9

## **AGRADECIMIENTOS**

Quisiera agradecer a Dios, que es la roca en mi vida.

Este proyecto se realizó con el financiamiento otorgado por la PUCE (Proyectos 2012 y 2013), a la cual expreso mis más sinceros agradecimientos.

A Alexandra Narváez, por su ayuda brindada para la elaboración de este trabajo; por su amistad, por impulsarme a salir adelante durante muchas etapas de mi vida y darme la oportunidad de romper las barreras de mi mente.

A María Eugenia Ordoñez y Susana León, por las oportunas correcciones realizadas a este trabajo.

A mi hijo, que es la alegría de mi vida y quien ha sido mi apoyo incondicional; este trabajo no hubiera sido posible sin él.

A mi mamá, hermana y hermano, quienes han sido un apoyo en todo el momento, gracias por su compañía, ánimos, oraciones y por demostrarme que a pesar de todo siempre tendré un hogar con ustedes. También agradezco de manera especial a mi hermana Nathaly, por ayudarme con la edición de algunas figuras de la tesis. A mi primo Francis, que jugó un rol

fundamental, pues su apoyo fue excepcional. A mis tíos y tías: Amelita, Elsita, Carlos, Marcelito quienes siempre me alentaron a seguir adelante. A mis primos Lincoln, Caluca, Diego, Marcelito.

A mis grandes amigos y compañeros de laboratorio. A Stephy por darme ánimos cuando no los tenía, su amistad incondicional, ayuda en procedimientos del laboratorio, su alegría, templanza. A Eliana y Fernando, por devolver la alegría al laboratorio y por su amistad, perseverancia y compañerismo. Una mención especial a Eliana y Stephany por las invaluable revisiones del manuscrito. A Esteban, quien ha sido un ejemplo, me ha inspirado esperanza, y ha sido fundamental en mi vida. ¡Gracias amigos!

A Carito Castro, Verónica Méndez, Vicky Mena, Sofía Amores por su amistad y colaboración en el laboratorio.

A mis compañeros de la maestría en especial a Daniela Cevallos y Jessica Pacheco por animarme durante la carrera.

Finalmente, a Esteban Orellana, Pedro Barba, Javier Serrano y nuevamente a Stephany Villota por su ayuda brindada para las colecciones de campo.

## TABLA DE CONTENIDO

<b>1</b>	<b>RESUMEN .....</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>ABSTRACT .....</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>INTRODUCCION .....</b>	<b>3</b>
<b>3.1</b>	<b>ECO REGIÓN PÁRAMO .....</b>	<b>3</b>
3.1.1	GENERALIDADES .....	3
<b>3.1</b>	<b>GENERALIDADES DE PÁRAMOS ECUATORIANOS Y SUS SUBREGIONES...</b>	<b>4</b>
<b>3.2</b>	<b><i>Polylepis</i> (RUIZ &amp; PAV.) .....</b>	<b>6</b>
3.2.1	<i>Polylepis incana</i> (KUNTH) .....	7
<b>3.3</b>	<b>GENERALIDADES DE HONGOS ENDÓFITOS.....</b>	<b>8</b>
<b>3.4</b>	<b>DIVERSIDAD DE HONGOS TROPICALES Y ESTADO DE LOS HONGOS ENDÓFITOS EN ECUADOR.....</b>	<b>9</b>
<b>3.5</b>	<b>RELACIONES ENDÓFITO HOSPEDERO EN PÁRAMOS .....</b>	<b>10</b>
<b>4</b>	<b>OBJETIVOS .....</b>	<b>13</b>

<b>4.1 OBJETIVO GENERAL.....</b>	<b>13</b>
<b>4.2 OBJETIVO ESPECÍFICOS.....</b>	<b>13</b>
<b>5 METODOLOGÍA.....</b>	<b>15</b>
<b>5.1 SITIOS DE MUESTREO Y COLECCIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS .....</b>	<b>15</b>
<b>5.2 AISLAMIENTO DE HONGOS ENDÓFITOS.....</b>	<b>17</b>
<b>5.3 OBTENCIÓN DE CULTIVOS PUROS Y CARACTERIZACIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS.....</b>	<b>18</b>
<b>5.4 IDENTIFICACIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS.....</b>	<b>18</b>
5.4.1 ESTABLECIMIENTO DE MORFOTIPOS .....	18
5.4.2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR, EXTRACCIÓN DE DNA .....	19
5.4.3 REACCIÓN EN CADENA DE POLIMERASA (PCR) Y SECUENCIAMIENTO. .....	20
5.4.4 ANÁLISIS DE SECUENCIAS E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LOS ENDÓFITOS .....	21
5.4.5 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR BASADA EN FILOGENIA CON MÁXIMA VEROSIMILITUD PARA UN GEN .....	22
5.4.6 DETERMINACIÓN DE UNIDADES TAXONÓMICAS OPERACIONALES (OTU) 25	

<b>5.5 ANÁLISIS DE LA COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE ENDÓFITOS DENTRO DE LA ECO REGIÓN PÁRAMO .....</b>	<b>25</b>
<b>5.6 HONGOS ENDÓFITOS AISLADOS EN <i>P. incana</i> Y SU COMPARACIÓN ENTRE SUBREGIONES .....</b>	<b>26</b>
5.6.1 ESTADÍSTICOS DE DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS AISLADOS EN <i>P. incana</i> .....	26
5.6.2 COMPARACIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS GENERALISTAS ENTRE DOS SUBREGIONES.....	27
<b>5.7 ESPECIFICIDAD DE ENDÓFITOS EN BOSQUES DE <i>Polylepis</i>.....</b>	<b>28</b>
<b>6 RESULTADOS .....</b>	<b>29</b>
<b>6.1 IDENTIFICACIÓN DE LOS HONGOS ENDÓFITOS POR ANÁLISIS MOLECULAR.....</b>	<b>29</b>
6.1.1 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR BASADA EN FILOGENIA CON MÁXIMA VEROSIMILITUD PARA UN GEN .....	30
6.1.2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR BASADA EN LA DESIGNACIÓN DE UNIDADES TAXONÓMICAS OPERACIONALES (OTU) .....	34
<b>6.2 ANÁLISIS DE LA COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE ENDÓFITOS DENTRO DE LA ECO REGIÓN PÁRAMO .....</b>	<b>34</b>

<b>6.3 DIFERENCIACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS EN LA SUBREGIÓN NORTE Y SUBREGIÓN SUR: EL CASO DE <i>Polylepis incana</i></b> .....	<b>36</b>
6.3.1 ANÁLISIS DE DIVERSIDAD .....	36
6.3.2 COMPARACIÓN ENTRE SUBREGIONES A NIVEL DE PREDOMINANCIA DE ESPECIES GENERALISTAS .....	38
<b>6.4 ESPECIFICIDAD DE ENDÓFITOS EN BOSQUES DE <i>Polylepis</i></b> .....	<b>39</b>
<b>7 DISCUSIÓN</b> .....	<b>41</b>
<b>7.1 AISLAMIENTO DE ENDÓFITOS, MORFOTIPOS E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR</b> .....	<b>41</b>
<b>7.2 DIVERSIDAD DE ENDÓFITOS EN EL PÁRAMO</b> .....	<b>46</b>
<b>7.3 DIFERENCIACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS EN LA SUBREGIÓN NORTE Y SUBREGIÓN SUR: EL CASO DE <i>Polylepis incana</i></b> .....	<b>48</b>
<b>7.4 ESPECIES GENERALISTAS EN AMBAS SUBREGIONES</b> .....	<b>52</b>
<b>7.5 ESPECIFICIDAD DE HOSPEDERO EN SISTEMAS DE ALTA DENSIDAD: <i>P. incana</i></b> .....	<b>53</b>
<b>7.6 CONSIDERACIONES EN A NIVEL DE CONSERVACIÓN</b> .....	<b>56</b>
<b>8 LITERATURA CITADA</b> .....	<b>59</b>

## LISTAS DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Morfotipos de hongos endófitos aislados de <i>Polylepis</i> en dos páramos ecuatorianos.....	85
<b>Figura 2.</b> Árbol filogenético de máxima verosimilitud para especies de hongos endófitos aislados en hospederos del género <i>Polylepis</i> en dos páramos ecuatorianos, basados en la secuencia de la región genómica ITS.....	87
<b>Figura 3.</b> Árbol filogenético de máxima verosimilitud para especies de hongos endófitos aislados en hospederos del género <i>Polylepis</i> en dos páramos de la subregión norte y sur del Ecuador, basados en la secuencia de la región genómica 18Sr ARN.....	94
<b>Figura 4.</b> Árbol filogenético de máxima verosimilitud sin etiquetas para especies de hongos endófitos, aislados de hospederos del género <i>Polylepis</i> en dos páramos ecuatorianos, basados en la secuencia de la región genómica ITS.....	95
<b>Figura 5.</b> Árbol filogenético de máxima verosimilitud sin etiquetas para especies de hongos endófitos aislados en hospederos del género <i>Polylepis</i> en dos páramos ecuatorianos, basados en la secuencia de la región genómica 18Sr ARN.....	97
<b>Figura 6.</b> Clases de endófitos aislados dentro de hospederos del género <i>Polylepis</i>	98

en Páramos ecuatorianos.....	
<b>Figura 7.</b> Clases de endófitos aislados dentro de hospederos del género <i>Polylepis</i> en Páramos ecuatorianos.....	99
<b>Figura 8.</b> Comparación de familias de hongos endófitos en base al número de especies de hongos endófitos encontrados en <i>Polylepis</i> .....	100
<b>Figura 9.</b> Comparación de especies de hongos endófitos en base al porcentaje de individuos aislados, en las plantas hospederas del género <i>Polylepis</i> para las dos localidades. ....	101
<b>Figura 10.</b> Abundancia de especies de endófitos aislados en <i>P. incana</i> para dos páramos.....	102
<b>Figura 11.</b> Curvas de abundancia de endófitos aislados para <i>P. incana</i> en dos páramos ecuatorianos.....	103
<b>Figura 12.</b> Análisis de Correspondencia entre especies de hongos endófitos y plantas hospederas del género <i>Polylepis</i> en dos páramos ecuatorianos.....	104

## LISTAS DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Cebadores utilizados para la identificación molecular de hongos endófitos asociados a <i>Polylepis</i> .....	106
	107
<b>Tabla 2.</b> Localización geográfica y altitudinal de las localidades de colección de las tres especies de <i>Polylepis</i> .....	108
<b>Tabla 3.</b> Identificación de los endófitos aislados de <i>Polylepis</i> en dos localidades de páramos ecuatorianos.....	120
<b>Tabla 4.</b> Características morfológicas utilizadas para categorizar los morfotipos de hongos endófitos.....	123
<b>Tabla 5.</b> Análisis molecular de secuencias mediante la herramienta BLAST.....	137
<b>Tabla 6.</b> . Parámetros de los análisis filogenéticos para la identificación taxonómica de los hongos endófitos. Filogenia basada en Máxima Verosimilitud...	143
<b>Tabla 7.</b> Patrones de diversidad de endófitos entre el páramo de la Virgen y del Cajas.....	

<b>Tabla 8.</b> Especies de endófitos compartidas entre <i>Polylepis</i> de dos páramos correspondientes a la subregión norte y sur de los Andes ecuatorianos.....	144
<b>Tabla 9.</b> Índices de similitud de endófitos en plantas hospederos del género <i>Polylepis</i> .....	147

## 1 RESUMEN

El Ecuador ha sido reconocido como un país megadiverso, a pesar que una posee gran diversidad florística en la región Andina, no se ha estudiado acerca de sus microorganismos asociados. Los hongos endófitos son microorganismos simbiotes que colonizan tejidos vegetales asintómicamente y confieren múltiples beneficios adaptativos a las plantas hospedadas, factor que podría ser importante en zonas andinas de páramo donde las condiciones ambientales son adversas. Se tomó a *Polylepis incana* como un representante del ecosistema páramo y se estudió la diversidad de sus hongos endófitos, así como la de dos de sus especies simpátricas, en dos páramos de la subregiones norte y sur de los Andes ecuatorianos. Adicionalmente se analizó si existía una relación localidad/hospedero en los hongos endófitos de *P. incana*. Se encontraron 98 especies de hongos endófitos dentro de 240 aislados. A un nivel macro, los páramos ecuatorianos presentaron una composición de hongos endófitos similar a los bosques templados de zonas septentrionales. Al comparar a *P. incana* en ambas subregiones, la subregión norte presentó una baja diversidad de endófitos posiblemente en función a la altitud, historia evolutiva de los andes y diferencias genéticas del hospedero, además de la presencia de hongos patógenos y generalistas. Adicionalmente, se encontró que la distribución de endófitos en *P. incana* posiblemente se dio en función de la localidad y no del tipo de hospedero. Los resultados enfatizan la necesidad de conservar las comunidades de hongos endófitos en estos ecosistemas.

**Palabras clave:** Endófito, *Polylepis*, páramo, diversidad.

## 2 ABSTRACT

Ecuador has been recognized as a megadiverse country; even though it possesses a great floristic diversity in the Andean region there has not been studies about their associated microorganism. The endophytes are symbiotic microorganisms that colonize plants asymptotically and confer multiple adaptive benefits. This characteristic could be important in the Andean paramo region, where the environmental conditions are adverse. *Polylepis incana* was taken as a representative of this ecosystem and their fungal endophyte diversity was analyzed in two paramos from different subregions of Ecuadorian Andes: the northern and southern. Two sympatric *Polylepis* species were included in the study as well. Additionally, it was determined whether there was a relationship host/locality in endophyte fungi of *P. incana*. From the 240 isolates, 98 endophyte species were found. In a macro level, the Ecuadorian paramos presented a similar endophyte composition to temperate forests in northern areas. When both subregions were compared, the northern subregion presented a lower diversity of fungal endophytes, possibly due to altitude, andean evolutionary history and genetic differences in the host and also presented pathogenic and generalist fungi. Furthermore, it was found that the distribution of endophytes in *P. incana* is possible related to the locality and not to the type of host. These results emphasize the need to conserve the fungal endophyte communities in this ecosystem.

Key words: endophyte, *Polylepis*, paramo, diversity

### 3 INTRODUCCION

#### 3.1 ECO REGIÓN PÁRAMO

##### 3.1.1 GENERALIDADES

El Ecuador se ubica en latitudes bajas y presenta una variedad de hábitats a lo largo de gradientes altitudinales (Brehm *et al.*, 2008), lo que ha favorecido a la abundancia de especies y su reconocimiento como un país megadiverso. Por ejemplo en el caso de las plantas, se han descrito 15.306 plantas nativas (Jørgensen y León-Yáñez, 1999) de las cuales 4.500 son endémicas (León-Yáñez *et al.*, 2011).

Una gran diversidad florística se encuentra en la región Andina (Jørgensen y León-Yáñez, 1999), la cual es atribuida a características como: variedad de climas, amplios rangos altitudinales, diferentes tipos de suelos, humedad diferencial y una estructura geológica y geomorfológica compleja (Valencia *et al.*, 1999). Esta multiplicidad de factores ha originado una diversidad de ecosistemas complejos con vegetación característica, usualmente con distribución restringida, lo que ha ocasionado un alto grado de vulnerabilidad de estas regiones (Brehm *et al.*, 2008; Jørgensen y León-Yáñez, 1999).

En el límite de este rango altitudinal, desde los 3000 hasta los 4500 msnm, existe una eco región única llamada páramo (Hofstede *et al.*, 2003; Jørgensen y León-Yáñez, 1999). Esta es

un área ecológica y geográficamente definida que contiene especies de plantas y microorganismos adaptados a condiciones ambientales extremas, tales como: alta incidencia de radiación UV, elevados niveles de precipitación (precipitación anual >900mm), temperaturas diarias fluctuantes, que van desde 20°C durante el día hasta temperaturas bajo 0 en la noche (Anthelme y Dangles, 2012; Mena-Vásconez y Medina, 2003; Podwojewski *et al.*, 2002; Sklenář, 2010). Los páramos son por lo tanto sitios con alta diversidad y endemismo. Adicionalmente, presentan atributos ecológicos, geográficos y socioeconómicos que le dan un alto valor estratégico; entre los cuales se destaca su rol en la regulación hídrica (Hofstede, 2004).

### **3.1 GENERALIDADES DE PÁRAMOS ECUATORIANOS Y SUS SUBREGIONES**

El mayor complejo de páramos andinos no interrumpidos se encuentra en Ecuador (Hofstede *et al.*, 2003). Se ubican dentro de la región conocida como Andes del Norte, extendiéndose desde Venezuela hasta el norte de Perú (Parson, 1982). Cruzando en sentido norte sur hasta los 3°S de latitud, los Andes ecuatorianos se organizan en dos cadenas de montañas paralelas: la cordillera Oriental y Occidental, las cuales forman un tramo de 150-180 km de ancho, que se extiende por alrededor de 600 km (Clapperton y Clapperton, 1993; Coltorti y Ollier, 2000) y da lugar a una serie de valles interandinos que presentan una altura sobre los 2.000 m de altitud (Josse *et al.*, 2011).

En la latitud 3°S, al sur de valle Paute–Cuenca–Girón, los Andes del Norte presentan una menor elevación, ocasionalmente alcanzan los 4000 msnm. (Josse *et al.*, 2011; Podwojewski *et al.*, 2002). Estas condiciones diferencian a los Andes ecuatorianos en dos subregiones, norte y sur, siendo el valle Paute - Girón la marca del límite natural entre ambas subregiones. Las condiciones hídricas difieren entre los páramos ubicados en cada subregión, los páramos de la subregión norte son generalmente más secos (<600 mm precipitación anual) que los de la subregión sur (>900mm precipitación anual) (Josse *et al.*, 2011; Podwojewski *et al.*, 2002).

Una diferencia en la composición florística también ha sido reportada entre las dos subregiones (Emck *et al.*, 2006, Jørgensen y Ulloa Ulloa 1994, Valencia *et al.*, 1999). Inclusive, se ha observado heterogeneidad en especies que se encuentran en ambos tipos de páramos; en el sur, diversos tipos de vegetación son encontrados a altitudes menores que sus contrapartes en la subregión norte (Valencia *et al.*, 1999). Igualmente parece haber una diferenciación genética de las poblaciones de una misma especie, como es el caso de *Caesalpinea spinosa* (Calvo, 2008) para la cual los estudios de ecología molecular sugieren una diferenciación genética de las poblaciones distribuidas en los valles interandinos al norte y al sur del nodo Girón-Paute.

### 3.2 *Polylepis* (RUIZ & PAV.)

Actualmente las partes altas de los Andes son dominadas por páramos de pajonales (Ridbäck, 2008), dentro de esta formación vegetal se encuentran parches de árboles andinos perteneciente al género *Polylepis* (Sklenář y Jørgensen, 1999). Este género de árboles tiene la mayor distribución altitudinal en los Andes y se encuentra altamente adaptado a condiciones ambientales adversas, los troncos presentan una corteza gruesa y rugosa que le sirve de protección contra heladas nocturnas, las hojas se encuentran cubiertas con pelos o cera, adicionalmente presenta una reducción de las estructuras florales (Fjeldså *et al.*, 1996). En altitudes entre 3500 y 4000 m, *Polylepis* es el único recurso maderable (Fjeldså *et al.*, 1996).

*Polylepis* presenta una distribución altamente fragmentada, los bosques se encuentran en parches, lo cual es probablemente una consecuencia de acciones humanas prolongadas como el uso para leña y materiales de construcción, así como para la producción de carbón (Fjeldså *et al.*, y Kessler, 1996; Kerr, 2004; Renison *et al.*, 2006). Actualmente, es considerado como un ecosistema en peligro de extinción (Fjeldså *et al.*, 1996; United Nations Environment Programme-CMCM, 2004) y 14 de las 27 especies de *Polylepis* están listadas como Vulnerables (IUCN, 2011).

### 3.2.1 *Polylepis incana* (KUNTH)

En Ecuador, el género *Polylepis* comprende siete especies de árboles nativos (Kessler y Schmidt-Lebuhn, 2006; Romoleroux, 1994), las cuales cubren un amplio rango de distribución geográfica, pues se los encuentra desde la provincia del Carchi, que se ubica al extremo norte del Ecuador, hasta la provincia ubicada más al sur, Loja (Kessler y Schmidt-Lebuhn, 2006; Missouri Botanical Garden, 2013). La distribución de especies de este género es a menudo determinada por condiciones micro climáticas como: valores máximos de temperatura, humedad ambiental y precipitación (Kessler, 2002). *Polylepis incana* es la única especie ecuatoriana que se encuentra en un amplio rango altitudinal que va desde 3000 a 4500 msnm y tienen poblaciones en la subregión norte y sur de los Andes del norte (Cierjacks *et al.*, 2008; Romoleroux, 1992). En regiones húmedas de la cordillera Occidental de los Andes ecuatorianos, *P. incana* es simpátrico a *P. pauta*, *P. sericea* y *P. lanuginosa* (Kessler y Schmidt-Lebuhn, 2006).

Las condiciones ambientales extremas en el páramo requieren que la especies de plantas exhiban varias adaptaciones fisiológicas que van desde defensas mecánicas a químicas (Alonso-Amelot, 2008; Hofstede *et al.*, 2003). Por ejemplo, la mayoría de las especies de *Polylepis* exhiben pelos y tricomas como defensas mecánicas (Kessler y Schmidt-Lebuhn, 2006), mientras *P. incana* difiere de la mayoría de sus congéneres en el aspecto que no presenta pelos y produce un exudado resinoso (Simpson, 1979). Esas adaptaciones sugieren

una adaptación química. En muchas ocasiones las adaptaciones químicas pueden ser provistas o ayudadas por microorganismos simbióticos, llamados endófitos (Brehm *et al.*, 2008).

### **3.3 GENERALIDADES DE HONGOS ENDÓFITOS**

Los hongos endófitos son un grupo polifilético de microorganismos que tienen la habilidad de colonizar asintóticamente el interior de los tejidos vegetales (Arnold, 2007; Khan *et al.*, 2010). La interacción entre plantas - endófitos presentan una variedad de relaciones que va desde mutualista o simbiótica a antagonista o ligeramente patogénica (Schulz y Boyle, 2005; Arnold, 2007). Generalmente, las plantas hospederas pueden beneficiarse de este tipo de relaciones mutualistas (Shankar Naik *et al.*, 2008); por ejemplo, se ha reportado que los endófitos pueden incrementar el nivel de alcaloides en hojas produciendo resistencia a la herbivoría (Owen y Hundley, 2004), y producen otros metabolitos secundarios que contribuyen con la tolerancia a temperaturas extremas (Redman *et al.*, 2002), drogas como el polietilenglicol (Hubbard, 2013), presencia de metales pesados (Li *et al.*, 2012), patógenos (Ganley *et al.*, 2008), y radiación UV-B (Newsham, 1999). A pesar de su amplia distribución son un grupo considerablemente inexplorado (Khan *et al.*, 2010) y factores como el rango de sus hospederos, su distribución geográfica y su diversidad son ampliamente desconocidos (Arnold y Lutzoni, 2007; Arnold, 2007).

### 3.4 DIVERSIDAD DE HONGOS TROPICALES Y ESTADO DE LOS HONGOS ENDÓFITOS EN ECUADOR

Una alta diversidad de endófitos fúngicos se ha reportado para distintos biomas desde bosques tropicales hasta bosques boreales e incluso en comunidades polares (ártico/antártico) (Carroll y Carroll, 1978; Arnold y Lutzoni, 2007), no obstante pocos estudios se han desarrollado en ecosistemas tropicales (Rodríguez *et al.*, 2009). Adicionalmente, se debe considerar el beneficio potencial de sus compuestos bioactivos (Arnold y Herre, 2003) adecuados para aplicaciones médicas (Khan *et al.*, 2010) industriales y agrícolas (Strobel, 2006).

Hay pocos estudios publicados sobre endófitos en el Ecuador, generalmente enfocados en el área de bioprospección. En el campo del biocontrol se ha buscado e identificado molecularmente hongos endófitos en *Teobroma gileri* con potencial uso contra enfermedades del cacao (Evans *et al.*, 2003; Thomas *et al.*, 2008). En el área de biorremediación se ha reportado acerca de una cepa de *Pestalotia microspora*, procedente del parque Nacional Yasuní, capaz de degradar poliuretano (Russell *et al.*, 2011). En biomedicina, aislados de endófitos de algunas plantas medicinales mostraron interacción antagónica contra bacterias patógenas (Ramírez *et al.*, 2006).

Estudios de diversidad de endófitos en páramos ecuatorianos no han sido realizados; sin embargo, recientemente Miles y colaboradores (2012) reportó la diversidad y el potencial de biocontrol de endófitos asociados con el complejo *Espeletia* en páramos de Colombia.

Para obtener información acerca de los endófitos asociados a las plantas en páramos ecuatorianos se analizó la diversidad de endófitos en *Polylepis incana*, dado que es un elemento florístico clave en la eco región (Kerr, 2004) que se distribuye en las dos subregiones de los Andes ecuatorianos, lo que nos permite compararlos.

### **3.5 RELACIONES ENDÓFITO HOSPEDERO EN PÁRAMOS**

Es similarmente importante entender los roles ecológicos de los microorganismos endófitos, ya que son ampliamente desconocidos (Arnold, 2007). Estudios ecológicos han sido relegados, a pesar que estos endosimbioses pueden jugar un rol importante en las adaptaciones de las plantas (Malinowski *et al.*, 2004). Esta característica puede ser determinante en los Andes tropicales, especialmente en páramos, considerando que los cambios producidos por el calentamiento global incrementarían las condiciones extremas de estas zonas (Anderson *et al.*, 2011)

Las relaciones ecológicas entre el endófito y sus hospederos han sido poco documentadas para los trópicos (Unterseher, 2011). El estudio de Arnold y Lutzoni, 2007, describe que hay una

alta diversidad de endófitos por unidad de tejido vegetal en las plantas muestreadas en un ecosistema de bosque tropical en Barro Colorado, Panamá; no obstante, la densidad de cada tipo de endófito es baja (Arnold *et al.*, 2000; Gamboa *et al.*, 2002), entonces, la baja densidad de hospederos de una especie limitaría los sitios de colonización de sustratos adecuados para la persistencia de poblaciones de hongos que necesitan un hospedero específico (Gilbert y Sousa, 2002).

Así se ha planteado que en sistemas con una alta diversidad de plantas, como es el caso de los bosques tropicales, sobre todo los de tierras bajas, se favorecería un estilo de vida generalista. El género *Polylepis* puede considerarse como un interesante modelo para evaluar esta hipótesis pues los parches de bosques de *Polylepis* tienen una alta densidad de una sola especie o, cuando hay especies simpátricas, generalmente hay predominancia de una de ellas. Adicionalmente, en este escenario la vegetación del sotobosque no es altamente diversa y usualmente presenta otras plantas endémicas (Servat *et al.*, 2002).

La hipótesis que se plantea en este estudio es: Ho: Los endófitos de *P. incana* presentan una alta especificidad endófito/hospedero, debido a la predominancia de este hospedero en su hábitat. H1: Los endófitos de *P. incana* son generalistas y por lo tanto no hay una relación de especificidad con esta planta, a pesar de la predominancia de este hospedero en su hábitat.

Para probar esta hipótesis, se analizó la diversidad de endófitos asociados a tres especies de *Polylepis*, con énfasis en *P. incana*, en dos subregiones de los Andes del Norte en el Ecuador, las cuales presentan diferencias altitudinales y climáticas (Josse *et al.*, 2011). Se prioriza y enfatiza el estudio de la riqueza y abundancia de especies de hongos endófitos asociados a la especie *P. incana* pues es la única de las tres especies de *Polylepis* estudiadas con una distribución en la subregión Norte y subregión sur de los páramos del Norte de los Andes. De esta manera se facilita hacer una diferenciación de la composición de las especies de hongos endófitos en estas dos subregiones.

## 4 OBJETIVOS

### 4.1 OBJETIVO GENERAL

Contribuir a la conservación de los hongos endófitos ecuatorianos asociados a *Polylepis incana*, mediante el estudio de su diversidad y ecología

### 4.2 OBJETIVO ESPECÍFICOS

Analizar la diversidad de hongos endófitos en el ecosistema de páramo en tres especies del género *Polylepis* con énfasis en *P. incana*, mediante su identificación basada en taxonomía molecular.

Determinar si hay una diferenciación geográfica en la composición de comunidades de hongos endófitos en el ecosistema de páramo basado en el cálculo de índices de diversidad y diferenciación.

Determinar posibles preferencias por hospedero en el ecosistema de páramo mediante comparaciones de la diversidad de endófitos asociados a *Polylepis incana*, en dos páramos de dos subregiones en el Ecuador.

Contribuir a la conservación del ecosistema de páramos mediante el aporte del conocimiento sobre la biodiversidad de los hongos endófitos.

## 5 METODOLOGÍA

### 5.1 SITIOS DE MUESTREO Y COLECCIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS

Los dos sitios de estudio se seleccionaron tomando en cuenta que *Polylepis incana* se encuentre en ambas subregiones y que tenga una asociación simpátrica con otras especies de mismo género: *P. lanuginosa* en la subregión sur y *P. pauta* en la subregión norte. Ambos sitios están separados geográficamente por aproximadamente 297 Km y tienen una diferenciación altitudinal. En la subregión sur, el estudio se localizó dentro del Parque Nacional Cajas en la provincia del Azuay (2.8058S\_79.3194W) a una altitud de 3359 m.s.n.m. El sitio en la subregión norte fue el páramo de la Virgen en la provincia de Napo (0.31937S\_78.20924W) a una altitud de 4032 m.s.n.m. La ubicación específica de los parches en el páramo del Cajas se determinó con base a los estudios de Romoleroux, 1996; y en el páramo de la virgen según Villota, 2012, quien realizó estudios de flujo génico en híbridos de *P. incana* de la zona. En ambas localidades se buscaron parches en donde se encontraron en simpatria las especies de *Polylepis* a analizar.

Los hongos endófitos se aislaron de hojas colectadas de *Polylepis incana*, así como de las dos especies simpátricas, *P. lanuginosa* y *P. pauta*, en los dos sitios.

Las especies de *Polylepis* fueron identificadas mediante la clave taxonómica de Romoleroux, 1996 y Kessler y Schmidt-Lebuhn, 2006; teniendo la precaución de no colectar individuos con características fenotípicas híbridas descritas en Romoleroux, 1996 y Villota, 2012.

Arnold y Lutzoni (2007), reportaron una metodología estandarizada para comparar abundancia de endófitos en gradientes latitudinales en Centro y Norte América. Aunque se encontraron patrones claros de diversidad, al observar las curvas de acumulación de especies se evidenció la necesidad de un aumento de muestreo para sustentar este estudio.

En base a la metodología de Arnold y Lutzoni (2007) en cada sitio de muestreo se identificaron al azar dos árboles de *Polylepis incana* y se colectaron cuatro hojas por cada rama de tal manera que se muestrearon un total de cuatro ramas por árbol. Con el objetivo de minimizar variaciones ambientales como incidencia de irradiación solar la colecta se realizó en sentido este-oeste y se obtuvo al final un total de 16 hojas por árbol, es decir mayor número de hojas que lo propuesto por Arnold y Lutzoni (2007) en un menor número de árboles. La variación con respecto al número de árboles se basó en el criterio de que el ecosistema de páramo difiere al de los bosques tropicales de tierras bajas en el sentido de que en el primero hay una menor diversidad de especies mientras la densidad de ellas es mayor. La colección de las hojas de las especies de *Polylepis* simpátricas a *P. incana*, siguió la misma metodología mencionada anteriormente, con la diferencia de que únicamente se muestreo un árbol.

## 5.2 AISLAMIENTO DE HONGOS ENDÓFITOS

Hojas sanas, sin síntomas visibles de alguna enfermedad, se colectaron y conservaron en fundas herméticas de poliuretano para su posterior procesamiento en el Laboratorio de Biotecnología Vegetal de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE) en Quito. Dentro de las 144 horas posteriores a su colecta, se procedió al aislamiento de los hongos endófitos, para lo cual las hojas se esterilizaron siguiendo la metodología descrita por Arnold (2007). Como método de control, para verificar si el método de desinfección fue exitoso, las hojas esterilizadas se impregnaron sobre una placa de cultivo durante 10 segundos antes de colocarlas en el medio definitivo (Suryanarayanan *et al.*, 2002).

Cada hoja esterilizada se cortó en fragmentos de 3x3mm y se colocaron tres segmentos por placa en un medio de cultivo con extracto de malta al 2% (MEA). Las placas se incubaron a temperatura ambiente y se revisó diariamente su crecimiento. Se aislaron los hongos endófitos en un medio rico de nutrientes mediante la técnica de la hifa terminal (Strobel *et al.*, 2001).

### **5.3 OBTENCIÓN DE CULTIVOS PUROS Y CARACTERIZACIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS**

Los hongos endófitos en caja Petri se observaron con un estereomicroscopio para verificar el estado del cultivo. En el caso de observar contaminación con otros hongos y/o bacterias, los hongos aislados se subcultivaron mediante estriamiento en un medio de bajos nutrientes (Agar Agua), hasta que se obtuvieron cultivos puros. Se documentó fotográficamente el desarrollo del hongo en la placa Petri y se describieron las características morfológicas (Lacap *et al.*, 2003). A todos los endófitos aislados se les asignó un número de accesión y posteriormente se ingresaron a la colección de hongos endófitos crioconservados CEQCA, que es mantenida por el Laboratorio de Biotecnología Vegetal, de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE) desde el 2010.

### **5.4 IDENTIFICACIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS**

#### **5.4.1 ESTABLECIMIENTO DE MORFOTIPOS**

Debido a que la estimación de la diversidad basada en caracteres morfológicos presenta algunas dificultades por la presencia de factores del medio que afectan su morfología, como el tipo y edad del medio (Suryanarayanan, 2011). La identificación taxonómica no se basó en el uso de características morfológicas de los hongos endófitos aislados sino mediante técnicas

estandarizadas de taxonomía molecular. Con el fin de optimizar la identificación molecular, los endófitos aislados primeramente se agruparon en morfotipos siguiendo la propuesta de Lacap *et al.*, (2003). Con la finalidad de limitar la heterogeneidad por factores no controlados, todos los hongos endófitos clasificados en morfotipos fueron cultivados en PDA 1X (papa-dextrosa-agar) 1X y tenían la misma edad (15 días). Cada morfotipo fue asignado considerando las siguientes características en placa: forma de la colonia, color en la parte superior e inferior, elevación (que es la descripción de la forma desde un plano lateral), textura, micelio (aéreo/dentro del agar), borde, densidad del micelio y efecto del medio. Se seleccionó al menos un representante de cada morfotipo para la determinación de la taxonomía molecular; dado que uno de los objetivos de este estudio implicaba la comparación entre varios hospederos, si un morfotipo se encontró para dos árboles, al menos una secuencia de cada hospedero se analizó (Lacap *et al.*, 2003).

#### 5.4.2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR, EXTRACCIÓN DE DNA

Se realizaron dos procedimientos para la extracción de DNA. La lisis celular para PCR de colonias completas (Bascom-Slack *et al.*, 2012), mediante la cual, en condiciones estériles, se extrajo aproximadamente 50 mg de micelio de cultivos con una edad menor a una semana, mediante raspado de la placa y se re suspendió en 200ul de agua destilada. Posteriormente se calentó a 93°C por 3 minutos y se colocó la muestra en frío por 3 minutos. Seguido se

centrifugó por 1 minuto a 3000 rpm y el sobrenadante se utilizó en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Si la muestra no produjo un producto de PCR durante dos ocasiones, se procedió a extraer el ADN mediante un kit comercial de extracción: Dneasy Plant Mini Kit (QIAGEN) siguiendo las instrucciones del fabricante.

#### 5.4.3 REACCIÓN EN CADENA DE POLIMERASA (PCR) Y SECUENCIAMIENTO.

Un aislado de cada morfotipo clasificado para cada planta hospedera se seleccionó y la identificación molecular se realizó por secuenciamiento directo del producto de PCR de la región del espaciador interno transcrito (ITS) (Bascom-Slack *et al.*, 2012) usando los cebadores eucarióticos universales ITS1/ITS4 (White *et al.*, 1990).

Adicionalmente, un segundo par de cebadores (SR7R/NS4) que amplifica para una región de la subunidad 18SrARN (White *et al.*, 1990), se usó en dos ocasiones diferentes. Una, si no se obtuvo amplificación por dos ocasiones consecutivas para la región ITS1/ITS4 sin importar el método de extracción utilizado y dos, con el fin de comprobar la posibilidad de una especie nueva, cuando los algoritmos mostraron un nivel de homología menor al 95%, al comparar la secuencias obtenidas con las reportadas en la base de datos del NCBI, en GenBank, si dos secuencias de ITS presentaron una homología menor al 95% en BLAST y compartían una similaridad del 100% entre ellas, solo una de estas fue escogida para realizar la segunda amplificación.

La reacción de amplificación por PCR de estas dos regiones se realizaron siguiendo el mismo protocolo; los cebadores usados se registran en la Tabla 1 (White *et al.*, 1990). El volumen de reacción total fue de 50ul y cada reacción consistió de concentraciones finales de: Buffer 1x (Promega), 2,5mM MgCl<sub>2</sub> (Promega), 0,2mM dNTPs (Promega), 1,5μM de cada uno de los cebadores F y R (Invitrogen), 1unidad de *Taq* ADN polimerasa (GoTaq Flexi® Promega) y 5ul del templado. Las reacciones de amplificación se realizaron siguiendo el protocolo: denaturación inicial de 95°C por 1 min, seguido de 30 ciclos de 95°C por 30s, 55°C por 30s y 72°C por 1 min, finalmente una extensión final de 72°C por 1 min (Bascom-Slack *et al.*, 2012). Como control negativo se incluyó un tubo de mezcla de reacción sin ADN al cual se le sometió también al protocolo de PCR. Los productos de PCR se detectaron en geles de agarosa al 2% teñidos con Syber Gold (Invitrogen). La secuencia de nucleótidos de ambas cadenas para cada producto PCR se obtuvieron por la empresa MACROGEN (Macrogen Inc., Seoul, South Korea) y por el Laboratorio KECK de la universidad de YALE (Yale Keck Sequencing Facility, New Haven, CT, USA).

#### 5.4.4 ANÁLISIS DE SECUENCIAS E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LOS ENDÓFITOS

Los estudios de diversidad de endófitos son desafiantes, debido a que hay una falta de investigación a nivel taxonómico, especialmente para especies tropicales (Gazis *et al.*, 2011),

por lo que un procedimiento para el reconocimiento efectivo de especies de endófitos no está disponible (Arnold, 2008). Dos metodologías han sido usadas en este estudio, filogenia con máxima verosimilitud para un gen (Gazis *et al.*, 2011) y asignación de Unidades Taxonómicas Operacionales (OTUs) basados en la similaridad entre secuencias (Arnold *et al.*, 2007).

#### 5.4.5 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR BASADA EN FILOGENIA CON MÁXIMA VEROSIMILITUD PARA UN GEN

Una primera asignación taxonómica a nivel de orden se realizó por homología directa mediante la herramienta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), comparando las secuencias obtenidas para los endófitos de este estudio con las secuencias reportadas en la base de datos GenBank del NCBI (National Center for Biotechnology Information); esta comparación se basó en el uso de la secuencia de uno y/o los dos genes amplificados (Bascom-Slack *et al.*, 2012). Se ensambló una secuencia consenso a partir de las secuencias sentido y antisentido usando el programa GAP4 (The GAP Group, 2012). Las secuencias de los endófitos se alinearon con organismos presentes en la base de datos GenBank en el período de noviembre 2012 a Julio de 2013 mediante la opción nucleótido del BLAST (BLASTn) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/GenBank/index.html>). Los alineamientos resultantes de BLAST que presentaron más del 99% de identidad con una especie previamente reportada en el GeneBank se las identificó positivamente como el mismo orden o familia (Arnold, 2007).

Adicionalmente, debido a que los apareamientos de BLAST se basan en un criterio no evolutivo y pueden estar sujetos a errores (Arnold y Lutzoni, 2007) se realizó la comprobación de la identificación taxonómica a nivel de orden mediante análisis filogenéticos individuales. Así, los hongos endófitos con secuencias con una identidad menor al 99% se seleccionaron para que, mediante un análisis filogenético individual, se asignara una nueva identificación tentativa a nivel de orden o se corroborara la primera identificación.

Para este análisis se utilizaron los resultados de la herramienta BLAST, es así como se escogieron 100 secuencias del GenBank que se seleccionaron por dicha herramienta, las cuales se incluyeron en un archivo con formato FASTA, se excluyeron las secuencias que no se encontraban identificadas al menos al nivel de género. Posteriormente, mediante el comando Phyutility (Smith y Dunn, 2008) en el documento se añadieron los espacios necesarios para que sea reconocida por el programa de alineamiento (Muscle). En este archivo se añadió la secuencia del endófito a analizar. Las secuencias se alinearon utilizando el programa Muscle (Robert, 2004), y el alineamiento se visualizó con el programa Jalview (Waterhouse *et al.*, 2009), asegurándose que todas las secuencias estuvieran en el mismo sentido (5' - 3').

La herramienta Phyutility (Smith *et al.*, 2008) eliminó las secuencias de nucleótidos del alineamiento, para los cuales el 50% de los individuos o menos no se hallaban representados (umbral de 0,5), los nucleótidos eliminados no se tomaron en cuenta en los análisis

posteriores. Finalmente, se obtuvieron los árboles filogenéticos mediante el programa RAxML (Stamatakis, 2006) con el método de máxima verosimilitud: “Maximum Likelihood-based Phylogenetic Analyses with Thousands of Taxa and Mixed Models” utilizando el modelo –m GTRCAT (Gazis *et al.*, 2011).

Una vez obtenidas las identificaciones moleculares, todas las secuencias se agruparon por orden y región secuenciada, posteriormente se realizaron nuevos análisis filogenéticos, para asignar la identificación definitiva. En estos análisis se incluyeron los grupos de secuencias antes mencionados y accesiones del GenBank para ese orden, y región genómica, es así como se incluyeron a todas las secuencias, inclusive las que su orden fue determinado por homología directa. Este proceso se realizó para verificar si los endófitos aislados pertenecían a la misma unidad taxonómica e identificarlas a niveles taxonómicos más bajos. Los árboles filogenéticos se obtuvieron con la misma metodología descrita anteriormente, y con la modificación de que el modelo –m GTRCAT incluyó un grupo externo que se determinó por su uso en otros árboles filogenéticos reportados en la literatura, que enraizó el árbol, y un análisis bootstrap que se llevó con 100 iteraciones.

Finalmente, la información se resumió en un árbol enraizado para cada región del genoma (ITS o 18SrARN), con todos los endófitos analizados, etiquetados con la información resultante de la identificación definitiva. Esos árboles se obtuvieron con la misma metodología antes mencionada, pero el número de iteraciones se incrementó a 1000.

#### 5.4.6 DETERMINACIÓN DE UNIDADES TAXONÓMICAS OPERACIONALES (OTU)

Un problema con los análisis filogenéticos con un solo gen, es que la decisión de los límites entre las especies es subjetiva (Taylor *et al.*, 2000), por esta razón se utilizó un umbral de 99% de similaridad para describir las Unidades Taxonómicas Operacionales (OTU), que son grupos cercanos al nivel de especies (Gazis *et al.*, 2011).

Se usó el programa Sequencher 5.1 para designar los OTUs. Para ello se utilizaron dos archivos que incluyeron secuencias consenso de los endófitos aislados en este estudio para cada región (ITS o 18SrARN). Los parámetros utilizados fueron 99% de similaridad entre los miembros de los grupos y un solapamiento  $\geq 40\%$ . El umbral de 99% se escogió teniendo en cuenta las sugerencias de Gazis y colaboradores (2011) y el porcentaje de solapamiento con base en Arnold y colaboradores, 2007. Los resultados de la identificación por filogenia y las asignaciones de OTUs se compararon.

### 5.5 ANÁLISIS DE LA COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE ENDÓFITOS DENTRO DE LA ECO REGIÓN PÁRAMO

Usando las identificaciones de phylum, clase, orden y familia determinadas por la asignación filogenética de especies, se construyó una base de datos, establecida por la clasificación

propuesta en la base de datos Mycobank (Robert *et al.*, 2005). Se analizó el porcentaje de hongos endófitos aislados y especies determinadas en cada uno de estos niveles taxonómicos para todas las plantas de este estudio (Arnold y Lutzoni, 2007). Se obtuvieron estos datos para hacer una comparación a un nivel macro con otras zonas del mundo.

## **5.6 HONGOS ENDÓFITOS AISLADOS EN *P. incana* Y SU COMPARACIÓN ENTRE SUBREGIONES**

### **5.6.1 ESTADÍSTICOS DE DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS AISLADOS EN *P. incana***

Para determinar si existían diferencias de diversidad en hongos endófitos aislados en *P. incana* al comparar las dos subregiones, se utilizó el estadístico de Fisher  $\alpha$ , el cual se define con la fórmula  $S = a \times \ln\left(1 + \frac{n}{a}\right)$  donde S es el número de taxa y n el número de individuos (número de aislados) y a es el índice Fisher  $\alpha$  (Arnold y Lutzoni, 2007).

Otro índice que se utilizó para evaluar la riqueza y densidad de especies es la incidencia de la infección de endófitos (IC), que se define como el porcentaje de segmentos de tejido que contienen endófitos (Arnold, 2007; Huang *et al.*, 2008; Khan *et al.*, 2010).

Se realizaron curvas de acumulación para medir la diversidad, este relaciona los aislados encontrados (eje de las x) con las especies (eje de las y) (Arnold y Lutzoni, 2007), se utilizaron intervalos de confianza del 95% para la curva de acumulación y se calcularon estimativos de riqueza inferidos con bootstrap en el programa EstimateS Ver 8.2 (Arnold y Lutzoni, 2007). Las curvas de acumulación proveen una herramienta importante para evaluar el esfuerzo de muestreo y comparan la riqueza entre especies (Unterseher, 2011).

#### 5.6.2 COMPARACIÓN DE HONGOS ENDÓFITOS GENERALISTAS ENTRE DOS SUBREGIONES

Por otro lado, para determinar la diferencia entre los páramos de la subregión norte y sur a nivel de composición de especies de hongos endófitos se puso especial énfasis en los hongos endófitos en común entre individuos de ambas subregiones, las cuales se compararon con las especies de la base de datos CEQCA, que es mantenida por el laboratorio de Biotecnología Vegetal de la Pontificia Universidad Católica (PUCE) y tiene en colección cerca de 3000 hongos endófitos representantes de diferentes ecosistemas, incluyendo los ecosistemas muestreados. La comparación con las especies de la base de datos permite conocer si las especies de hongos endófitos aislados de los páramos son específicas para esta ecoregión o si fueron ya identificadas en otras regiones geográficas del país y/o con relación a otro hospedero.

## 5.7 ESPECIFICIDAD DE ENDÓFITOS EN BOSQUES DE *Polylepis*

Para determinar si las especies de endófitos identificadas están distribuidas en función de la región geográfica o tienen una relación específica con la especie del hospedero del cual fueron aisladas, se utilizaron dos estadísticos: Índices de similaridad y análisis de correspondencia para hacer comparaciones entre *P. incana* en la subregión norte y sur, así como de dos de sus especies simpátricas, *P. pauta* y *P. lanuginosa*.

Se utilizaron dos índices de similaridad, el de Morisita-Horn (1988) que se basa en la frecuencia y el de Jaccard (2005) que utiliza datos de presencia/ausencia. En ambos índices 0 indica la falta de especies en común y 1 solapamiento de especies (Arnold y Lutzoni, 2007).

El análisis de Correspondencia Principales (Murali *et al.*, 2006) es un estadístico que reduce la multidimensionalidad, apropiado para datos categóricos, como son los de este estudio, relaciona a las especies de hongos endófitos encontradas con las diferentes combinaciones de localidades/hospederos. El análisis se realizó basado en la distancia de chi cuadrado con el software PASW Statistics 18.

## 6 RESULTADOS

Un total de seis individuos de *Polylepis* se colectaron en los dos sitios de muestreo establecidos, los códigos y coordenadas de las plantas se registran en la Tabla 2. Hongos endófitos se aislaron de todas las plantas de las tres especies de hospedero: *P. incana*, *P. lanuginosa* y *P. pauta*. Aproximadamente 8640mm<sup>2</sup> de hojas sanas se examinaron para la presencia de endófitos y el 20% de los fragmentos (IC) presentaron colonización de estos endosimbiontes. Las placas control no presentaron crecimiento microbiano durante un tiempo de almacenamiento de seis meses, mostrando la efectividad de los métodos de esterilización utilizados.

### 6.1 IDENTIFICACIÓN DE LOS HONGOS ENDÓFITOS POR ANÁLISIS MOLECULAR

Con la finalidad de determinar la taxonomía molecular de los hongos endófitos aislados en *Polylepis*, primeramente se realizó un asignamiento de morfotipos y posteriormente se realizó la identificación molecular. Un total de 240 endófitos se aislaron, 87 de éstos se agruparon en 12 morfotipos y los 153 se analizaron de forma individual (Tabla 3). Las características de los morfotipos se observan en la Tabla 4 y Figura 1, donde el 56,3% perteneció al morfotipo 4 y el 10,4% al morfotipo 10. Los 153 aislados individuales y al menos un representante de cada

morfotipo (22 en total) se secuenciaron para la región ITS (Tabla 3, Tabla 4). Así, se realizaron 175 amplificaciones por PCR de las cuales se obtuvieron 149 productos de PCR para la región ITS. En 26 ocasiones no se logró la amplificación del ITS y se amplificaron para la región 18SrARN, en donde se obtuvieron 26 productos amplificados (Tabla 3). En total 175 hongos endófitos aislados se secuenciaron y se obtuvieron 117 secuencias para la región ITS, 26 para la región 18s y 32 para las dos regiones.

#### 6.1.1 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR BASADA EN FILOGENIA CON MÁXIMA VEROSIMILITUD PARA UN GEN

Se realizó en primera instancia un análisis de secuencia por homología directa. Las secuencias obtenidas para la región ITS y 18SrARN se compararon, mediante la herramienta BLAST, con las secuencias reportadas en GenBank del NCBI. Secuencias de 62 endófitos aislados presentaron altos niveles de homología (>99%) (Tabla 5) con una sola accesión del GenBank, por lo que se obtuvo la identificación directa al menos a nivel de familia para estos endófitos. El resto de hongos endófitos (113) se identificaron utilizando análisis filogenéticos para cada secuencia, sea de la región ITS o 18SrARN. Adicionalmente, 78 de estas 113 secuencias mostraron una homología mayor al 95%, mientras que 35 secuencias de la región ITS resultaron en una homología menor al 95% (Tabla 5). En este último caso se amplificó una segunda región (18SrARN) para 32, dado que tres de las 35 secuencias presentaron un porcentaje de 100% de similaridad con otra de las secuencias utilizadas (CEQCA-A1586,

CEQCA-P2436, CEQCA-P2442). El análisis de las dos regiones en el mismo endófito permitiría confirmar la posibilidad de especies nuevas, estas secuencias también se analizaron con análisis filogenéticos para cada una.

Los análisis filogenéticos incluyeron la secuencia del endófito a analizar y las accesiones más similares del Gene Bank según los resultados obtenidos con la herramienta BLAST. Como resultado de este análisis se obtuvieron un total de 145 árboles no enraizados.

Después de tener las identificaciones a nivel de clases o familias, se realizó un segundo análisis filogenético para asignar las identificaciones taxonómicas definitivas. Los aislados se agruparon por la región amplificada (ITS o 18SrARN) y los órdenes a los que pertenecían, debido a que a este nivel se trabajaba con un número manejable de muestras, dentro de estos órdenes, si el número de muestras era alto, se realizaron árboles con niveles taxonómicos inferiores. Se realizaron 35 árboles filogenéticos, con 100 iteraciones de bootstrap para cada clado y secuencias de GenBank relacionadas a los clados (Tabla 6).

Para resumir la información generada por los análisis filogenéticos se construyeron dos árboles enraizados con 1000 iteraciones bootstrap uno para la región del ITS (Figura 2) y otro para la región 18SrARN (Figura 3).

Estos dos árboles incluyeron solo las secuencias de los endófitos utilizados en este estudio, los cuales se etiquetaron con la identificación asignada en el segundo análisis filogenético descrito en el párrafo anterior. Para el árbol de la región ITS se utilizó como grupo externo a la accesión gi\_310771028 (*Acaulospora*) y para el árbol del 18SrARN la accesión gi 158121160 perteneciente a *Acaulospora leavis*. La selección de los grupos externos se basó en los trabajos de Williams, 2011; Entwistle *et al.*, 2013, que publicaron filogenias para el grupo Dikarya, el cual incluye a Basidiomycota y Ascomycota, y utilizaron esta especie como grupo externo.

El árbol de ITS presentó 150 nodos de los cuales el 50,6% presentó valores bootstrap >70 (Figura 2), mientras que el árbol del 18SrARN presentó 26 nodos de los cuales el 28,1% presentó valores mayores al 70% (Figura 3). Se observa que en el árbol de ITS existen clados definidos que agrupan las clases taxonómicas de endófitos, con excepción de dos órdenes, uno de Dothidemycetes (Capnodiales) y otro de Sordariomycetes (Diaporthales) cuya topología no coincide (Figura 4).

Las secuencias analizadas para la subunidad 18SrARN, se observan en la Figura 3 y 5, los cuales se agruparon por clases taxonómicas, con excepción de tres secuencias de Sordariomycetes (*Xylaria* sp1 CEQCA- A1458, *Nemania* sp3 CEQCA A1535, *Nemania* sp1 CEQCA A1615). En la Figura 2 se observa en un recuadro los endófitos que fueron secuenciados solamente para esta región de los cuales diez se ubican en los mismos clados de especies del árbol de ITS y 16 se asignaron como siete especies diferentes.

Para las muestras que obtuvieron secuencias de las dos regiones, solamente en el caso de un endófito (CEQCA-A1508) se encontró discrepancia entre los dos árboles, pues el ITS lo cataloga como *Xylaria* y el 18SrARN como *Nemania*, sin embargo la identificación final se basó en los datos del ITS, pues en el 18SrARN la familia Xylareaceae no se resolvió y se observan politomías e incongruencias (Figura 3).

Las identificaciones moleculares se resumen en la Tabla 3 en donde se indica las regiones utilizadas para la identificación. El análisis filogenético dio como resultado un total de 98 especies identificadas a partir de 175 hongos endófitos analizados. Dado el nivel de resolución de las regiones analizadas, el 69,4% de las especies se identificaron al menos a nivel de género. El 30,6% restante se identificó a niveles taxonómicos mayores.

Todos los morfotipos fueron diferentes entre sí, y en los casos en los cuales se había amplificado más de un individuo por morfotipo se encontró que las secuencias pertenecían a la misma especie. Así, el análisis de 43 secuencias correspondientes a hongos que no se habían asignado a un morfotipo, resultaron ser la misma especie que alguno de los morfotipos (Tabla 3).

Basados en los análisis filogenéticos y los valores de similaridad con las secuencias del GenBank, se observó que al menos tres endófitos pudieran ser especies nuevas (*Muscodor* sp.1, *Nemania* sp1 y *Nemania* sp3) (Tabla 3, Figura 3 y 4).

#### 6.1.2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR BASADA EN LA DESIGNACIÓN DE UNIDADES TAXONÓMICAS OPERACIONALES (OTU)

Para corroborar la asignación taxonómica obtenida con los análisis filogenéticos, se asignaron OTU's basados en un nivel de homología del 99%, con el programa Sequencher lo cual dio como resultado a 99 OTUs identificados para ITS y 19 para 18SrARN, similares a las especies obtenidas por filogenia, que son 90 en ITS y 29 para 18SrARN . En la Figura 2 y 3 se observa la comparación entre los OTUs y las identificaciones taxonómicas obtenidas por filogenia. La determinación final de las identificaciones taxonómicas moleculares se realizó con base en los resultados de los análisis filogenéticos.

#### 6.2 ANÁLISIS DE LA COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE ENDÓFITOS DENTRO DE LA ECO REGIÓN PÁRAMO

Una vez que se obtuvo la identificación taxonómica definitiva basada en los análisis filogenéticos se elaboró una base de datos con la información de phylum, clase, orden y

familia. Tomando en cuenta todos los endófitos aislados (240), la mayoría de ellos perteneció al phylum Ascomycota (95%) y solo el 5% fue del phylum Basidiomycota.

Los endófitos se distribuyeron en seis clases, (Figura 5) donde solo la clase Agaricomycetes perteneció al phylum Basidiomycota. La clase más abundante fue Sordariomycetes (59,6% de los 240 aislados) que contó con el mayor número de especies (64), seguido por Pezizomycetes (21,7%) (Figura 6a). Sordariomycetes también presentó el mayor número de especies (64), seguido de Dothideomycetes con 12 (Figura 6b).

Veintiuna familias se describieron, siendo Xylariaceae la más abundante y diversa pues presentó el 30% de los aislados (Figura 7) y 39 especies (Figura 8), seguida por la familia Pyronemataceae que abarcó el 20,38% de los aislados (Figura 7) y únicamente dos especies (Figura 8).

De las 98 especies identificadas molecularmente a partir de 240 aislados, la mayoría (26,7% de los aislados) se encontraron por una sola ocasión (singletons), seguidos de la especie Pyronemataceae sp.1 (20,4%) (Figura 9), la cual no pudo ser identificada a nivel de género, pues a pesar de que se trató de llegar al menor nivel taxonómico posible, el nivel de resolución de la región genómica utilizada (18SrARN) fue insuficiente para diferenciarla, debido a que su secuencia fue similar a varios géneros de esta familia.

### **6.3 DIFERENCIACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS EN LA SUBREGIÓN NORTE Y SUBREGIÓN SUR: EL CASO DE *Polylepis incana***

#### **6.3.1 ANÁLISIS DE DIVERSIDAD**

El análisis de los hongos endófitos asociados a *P. incana* permite una diferenciación entre subregiones de la eco región de páramo en el Ecuador debido a que es la única especie presente en los dos sitios estudiados. Por lo tanto se hace una descripción detallada de los hongos endófitos asociados a esta especie, la diferenciación de éstos en un contexto biogeográfico y la comparación inter específica con las otras dos especies simpátricas.

En *P. incana* se encontraron un total de 116 aislados clasificados en 59 especies (Figura 10), agrupadas en 15 familias, siendo Xylariaceae y Pyronemetraceae las más abundantes, con 22 especies en la familia Xylariaceae una sola de Pyronemetraceae, Pyronemetraceae sp1, la cual también constituyó la especie de endófito aislado con mayor recurrencia para esta especie (Figura 10).

Un mayor número de hongos endófitos se aislaron de los hospederos (*P. incana*) del páramo del Cajas que del páramo de la Virgen (Figura 10), lo cual se refleja en un mayor valor de incidencia de infección de endófitos (IC) para la primera zona mencionada (Tabla 7).

El mayor valor de los índices de Shannon (H) y Fisher  $\alpha$  calculados para el páramo del Cajas para *P. incana*, en comparación a los valores de estos índices determinados para el páramo de La Virgen, demuestran una mayor diversidad de hongos endófitos en la subregión Sur que para la subregión Norte. Sobre todo se destaca que el valor del índice de diversidad Fisher  $\alpha$ , que es casi el doble del en el páramo del Cajas vs. el páramo de la Virgen (Tabla 7).

Aunque en ambos sitios se realizó el mismo esfuerzo de muestreo, la curva de abundancia de especies de hongos endófitos, que relaciona el número de especies de endófitos con el número de aislados, mostró un muestreo estadísticamente completo para *P. incana* en el páramo de la Virgen, mientras que en el caso del páramo de Cajas la curva de abundancia de especies presenta una pendiente positiva lo cual indica que si se incrementara el esfuerzo de muestreo se encontrarían más especies; en contraste con la curva asintótica que presenta la curva de abundancia para los endófitos aislados de *P. incana* en el páramo de la Virgen, que sugiere que todas las posibles especies se encontraron (Figura 11). Adicionalmente, el estimador de diversidad bootstrap se encontró dentro de los rangos de intervalos de confianza (95%) de la curva de abundancia de especies, lo que implica que la riqueza observada es igual a la estimada y que el muestreo fue completo en esta zona (Figura 11).

Al incluir a los endófitos aislados de las especies simpátricas *P. pauta* y *P. lanuginosa* en el análisis, se observa un patrón similar que el descrito para *P. incana* (Tabla 7). En general, las

plantas hospederas del género *Polylepis* en el páramo del Cajas presentaron una mayor riqueza de endófitos que en el páramo de la Virgen.

En el páramo del Cajas, donde *P. incana* se encuentra en simpatria con *P. lanuginosa*, se obtuvieron 188 aislados en total correspondientes a 82 especies identificadas; mientras que en el páramo de la Virgen, en donde la especie simpátrica es *P. pauta*, únicamente se aislaron 52 endófitos, clasificados en 28 especies. Igualmente, la frecuencia de colonización (IC), los valores de los índices de Shannon (H) y de Fisher  $\alpha$  fueron mayores en el páramo del Cajas (subregión Sur) que en el páramo de la Virgen (subregión Norte) (Tabla 7).

### 6.3.2 COMPARACIÓN ENTRE SUBREGIONES A NIVEL DE PREDOMINANCIA DE ESPECIES GENERALISTAS

El análisis de las especies de endófitos aisladas del género *Polylepis* muestra diez especies compartidas entre las dos subregiones, ocho de ellas pertenecen al género *Nigrospora* o a la familia *Xylariaceae*, citados como generalistas (Langenfeld *et al.*, 2013; Brunner y Petrini, 1992) o se reportaron en la base de datos CEQCA para otras localidades y hospedero (*Diaphorte phaseolorum* y *Phialemonium curvatum*) (Tabla 8). No obstante, dos hongos endófitos pudieron presentar posibles relaciones con el hospedero. En *P. lanuginosa* del páramo del Cajas y *P. pauta*, de la Virgen, se presentó una posible especie nueva de *Muscodor* (Tabla 7), basado en un bajo porcentaje de homología para la región ITS y 18SrARN (96%) en

la identificación directa con la base de datos GenBank (Tabla 4) y no se agrupó con ninguna especie del género *Muscodor* reportada en los análisis filogenéticos. Un segundo endófito encontrado en las dos localidades fue *Preussia* sp1 (Tabla 7), que se aisló en *P. incana* del páramo del Cajas y *P. pauta* del páramo de la Virgen, aunque no es una especie nueva, no ha sido registrada anteriormente para otra localidad u hospedero según los análisis comparativos con la base de datos del CEQCA.

#### **6.4 ESPECIFICIDAD DE ENDÓFITOS EN BOSQUES DE *Polylepis***

Los índices de similaridad indican que los hongos endófitos no tienen una asociación fuerte con la especie de planta hospedera ya que las especies de endófitos fueron más similares dentro de las localidades geográficas, que entre hospederos de la misma especie (Tabla 6). Al comparar los endófitos aislados en *P. incana* entre las dos subregiones y con sus especies simpátricas, la comparación de *P. incana* entre las dos localidades presentó el menor valor para los índices de Jaccard y Morisita – Horn (Tabla 6), mientras que los endófitos de *P. incana*, fueron más similares a las especies simpátricas.

En el análisis de correspondencia el componente 1 explicó el 42,4% de la variación y separa a los endófitos del páramo del Cajas del páramo de la Virgen (Figura 12). El segundo componente, que explicó el 33% de la variación total, separa a *P. incana* del páramo de la Virgen del resto de hospederos, sin considerar la ubicación geográfica de las especies. Un

análisis de las identificaciones taxonómicas de los hongos endófitos aislados en esta especie en esta localidad indica que la mayoría corresponden a especies generalistas (Tabla 8) y patógenas (Tabla 3)

En el páramo del Cajas Pyronemataceae sp1, presentó una frecuencia similar en las dos especies hospederas simpátricas, 0,28 para *P. incana* y 0,23 para *P. lanuginosa*, mientras que en el páramo de la Virgen, *Bulgaria sp.* (Bulgariaceae) fue la especie más abundante y solamente se aisló de *P. pautia* ( $f=0,23$ ), mientras que en *P. incana* un endófito diferente fue el más recurrente, *Nigrospora oryzae* (Incertae sedis) ( $f=0,30$ ) (Figura 7).

## 7 DISCUSIÓN

### 7.1 AISLAMIENTO DE ENDÓFITOS, MORFOTIPOS E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR.

Se aisló un total de 240 hongos endófitos asociados a tres especies de *Polylepis* (Tabla 3), se confirmó que se trataban de hongos endosimbiontes debido a que en los controles negativos del método de esterilización no presentaron crecimiento, lo que implica que microorganismos que viven fuera de la hoja no se aislaron (Reiher, 2011).

Hasta el momento la mayoría de estudios relacionados al aislamiento, identificación y valoración de diversidad de endófitos siguen métodos aún en procesos de estandarización (Gamboa *et al.*, 2002); entre ellos las investigaciones realizadas por Arnold y Lutzoni (2007) son las que han puesto mayor énfasis en proponer la uniformidad en métodos de muestreo y aislamiento.

En este estudio se siguió los métodos propuestos por Arnold y Lutzoni (2007), sin embargo es importante enfatizar que los estudios de éste grupo de investigadores se realizan en ecosistemas tropicales de tierras bajas en donde la densidad de cada especie es baja. Considerando que el páramo corresponde a un ecosistema particular dentro de los trópicos, en donde la densidad de una especie tiende a ser alta mientras la diversidad total es baja

(Jørgensen y León-Yáñez, 1999), se realizó una modificación en el muestreo en el cual se priorizó el aislamiento de endófitos en cada árbol hospedero aumentando el número de hojas colectadas y a la vez se restringió el número de árboles que se muestrearon. Para *P. incana*, en el páramo de la Virgen, las curvas de saturación, son asíntotas, sugiriendo que el muestreo para cada árbol fue estadísticamente completo (Figura 11), lo cual es una excepción en los estudios de diversidad de endófitos, donde difícilmente se llega a un obtener muestreo estadísticamente completo (Unterseher *et al.*, 2013). En el caso de *P. incana* en la localidad sur basado en las curvas de saturación (Figura 10) el muestreo fue incompleto, es decir que probablemente si se aumenta el número de hojas colectadas también aumentaría el número de endófitos aislados sin embargo con la información generada en este estudio se puede establecer una línea base de diversidad de hongos endófitos en este ecosistema y en este grupo taxonómico.

Para el análisis de diversidad de endófitos la correcta identificación taxonómica es esencial. Generalmente, el estudio de hongos y la identificación basada en características morfológicas está limitado por la necesidad de contar con expertos en la rama (Sun y Guo, 2012). Adicionalmente es altamente demandante de tiempo pues en muchas ocasiones se requiere la descripción del ciclo vital del hongo o de la identificación en un estado particular, sea este sexual o asexual (Gamboa *et al.*, 2002). La taxonomía basada en la secuenciación de regiones genómicas específicas es una herramienta útil pues brinda al investigador la posibilidad de

realizar la identificación basada en homología con secuencias reportadas en varias bases de datos.

En este estudio se eligió la comparación con las accesiones del GenBank del NCBI debido a que muchos investigadores que trabajan con hongos endófitos han sometido sus secuencias a este banco de datos (Arnold, 2007) y por lo tanto brinda la posibilidad de una amplia cobertura en el análisis por homología directa a través de la herramienta BLAST. Este tipo de análisis generalmente se usa como una aproximación a la identificación taxonómica pues no está basado en un modelo evolutivo ni hace consideraciones evolutivas; además las bases de datos del GenBank para organismos cuyo genoma no ha sido extensamente estudiado no cuenta con una depuración de las secuencias (Miles *et al.*, 2012) y puede ser una fuente de error para las identificaciones taxonómicas únicamente basadas en homología directa. Así, todas las secuencias fueron sometidas a análisis filogenéticos pues son métodos más robustos para la identificación taxonómica de endófitos (Gazis *et al.*, 2011); aun así se debe recalcar que en muchos de los casos no se llega a establecer una identificación hasta nivel de especie debido a que aún hay mucho que aportar en el campo de la diversidad de estos microorganismos. Se eligió trabajar con Máxima Verosimilitud en el programa RAXML, debido a es un método robusto que ha reportado resultados congruentes con otros métodos filogenéticos, como análisis bayesianos (Gazis *et al.*, 2011), con la ventaja que su algoritmo reduce el tiempo para realizar los análisis, lo que fue especialmente importante teniendo en cuenta la cantidad de árboles filogenéticos realizados.

El primer paso en la determinación de la identificación molecular fue la correcta asignación de morfotipos. El uso de morfotipos ha sido extensamente debatido, debido a que los hongos cambian su apariencia según el medio en el que son cultivados y la edad del cultivo (Lacap *et al.*, 2003). Algunos estudios sugieren que existe una estrecha relación entre el número de morfotipos y el probable número de especies (Arnold *et al.*, 2000; Lacap *et al.*, 2003). En este estudio la determinación de morfotipos fue correcta ya que cada uno de los 12 morfotipos fueron identificados como una especie distinta al analizar a sus representantes por método moleculares; adicionalmente, en el caso de que se haya obtenido secuencias de dos aislados para un morfotipo, las dos concordaron en la identificación. Por el contrario, en el caso del análisis de las secuencias de los individuos que no se asignaron a morfotipos 43 de 153 correspondieron a la identificación de alguno de los morfotipos (Tabla 3). Esto sugiere que el uso de asignación de morfotipos es una práctica confiable para optimizar el número de amplificaciones y secuencias a realizar, pues si el investigador tiene experiencia en el manejo de los cultivos de hongos y se limitan las variaciones fenotípicas al mantener condiciones homogéneas de cultivo y temporales para la descripción de las características morfológicas, los morfotipos son un buen indicador de la diversidad. Este procedimiento ha sido probado en los estudios de Lacap y colaboradores (2003), donde se utilizó la misma metodología realizada en este estudio para clasificar morfotipos, y se encontró que al compararlos con los resultados de las secuencias de nucleótidos de ITS y la subunidad 5.8S, existía una similaridad alta (91.63-99.53%), validando el uso de morfotipos. Adicionalmente el establecimiento de

morfotipos por medio de esta metodología ha sido usado en otros estudios de diversidad como: Suryanarayanan y Thennarasan (2004); Wang y colaboradores (2005); Wei y colaboradores (2007); Unterseher y Schnittler (2009); Phoulivong y colaboradores (2010); Su y colaboradores (2010); Scholtysik y colaboradores (2013); Unterseher colaboradores (2013).

La utilización de la región ITS presenta algunas ventajas ya que puede distinguir, al menos para algunos taxa, diferencias a niveles taxonómicos inferiores a especies, que pueden presentar una relación con el hospedero (Agrios, 2005; Petrini 1991; Arnold, 2007). Sin embargo en este estudio en muchos casos no se llegó a la identificación a nivel de especies (Tabla 3), debido en parte a la escasa información disponible en bases de datos para referencia y además, una de las limitaciones del uso del ITS está en que la estimación molecular basada en esta región puede oscurecer los límites de especies y exhibir diferentes tasas de evolución entre los linajes fúngicos (Jacobs y Rehner, 1998; Lieckfeldt y Seifert, 2000).

La determinación de la identidad de especies para un sub conjunto de muestras dio resultados similares con las filogenias independientes de los dos genes utilizados (Figura 3) así como en la comprobación con la asignación de OTUs mediante el programa Sequencher (Figura 2 y 3), lo que soporta la identificación realizada. Así, los análisis filogenéticos permitieron determinar si un aislado pertenecía a un mismo grupo taxonómico y establecer una similitud entre hospederos y localidades y de esta manera aportar en el conocimiento de la diversidad de

endófitos ecuatorianos, que al igual que otras zonas tropicales, hasta ahora está escasamente documentada (Cannon y Simmons, 2002).

Para identificar especies nuevas, se aumentó el número de genes analizados y se respaldó este tipo de análisis mediante el secuenciamiento de una segunda región con una tasa de evolución más lenta, la subunidad menor del ribosoma, la cual ha sido usada en estudios filogenéticos de hongos (Spatafora *et al.*, 2007; Sung *et al.*, 2007). Basados en el conjunto de información obtenida, secuencia de ITS, secuencia de 18srARN y de identificación por homología directa en el GenBank, al menos tres especies de endófitos podrían ser especies nuevas, sin embargo se requieren estudios morfológicos para confirmar este hallazgo preliminar.

## **7.2 DIVERSIDAD DE ENDÓFITOS EN EL PÁRAMO**

Los páramos ecuatorianos muestran un considerable nivel del endemismo a nivel de plantas (Buytaert, 2006). Sin embargo, la riqueza de especies es menor a la encontrada en bosques tropicales ecuatorianos de zonas bajas (1.000 y 2.000 m.s.n.m) (Jørgensen y León-Yáñez, 1999; Van Der Werff y Consiglio, 2004; Pitman *et al.*, 2002). Las características específicas que exhiben los páramos podrían brindar nichos que favorezcan una diversidad distinta de hongos endófitos que los reportados previamente para bosques tropicales. De hecho, la mayoría de estudios sobre diversidad de endófitos se han realizado en zonas tropicales con menor elevación (Arnold y Lutzoni, 2007), y ninguna en ecosistemas ecuatorianos por lo cual

la diversidad de estos microorganismos es en gran parte desconocida y más aún escasean estudios que reporten sobre endófitos asociados a sistemas alto-andinos (ref). Los resultados obtenidos en este estudio de hongos endófitos asociados a *Polylepis* en los páramos ecuatorianos tienen un patrón similar a lo reportado para bosques templados del hemisferio norte por Arnold y Lutzoni (2007). Estos autores, con base en el hallazgo de tres clases de endófitos en el ecosistema de bosque tropical de tierras bajas en Barro Colorado, proponen que el número de clases decrece a medida que las localidades se acercan a los trópicos. Tomando como referencia esta hipótesis, y al ser el páramo un ecosistema de altura en una latitud tropical, se consideraría que con respecto a la diversidad de hongos endófitos sería más similar a lo encontrado para los trópicos. Sin embargo, la distribución de los endófitos asociados a *Polylepis* en seis clases, sugiere que el ecosistema de páramo se parecería más a los bosques templados y boreales (Figura 6). La clase predominante reportada para Barro Colorado es Sordariomycetes (aproximadamente el 75% de los aislados) al igual que para este estudio y otros (Arnold y Lutzoni, 2007), sin embargo en los páramos Ecuatorianos es menos dominante (59% de los aislados), con un patrón similar al visto en bosques templados (Figura 6). Adicionalmente la incidencia de infección (IC) por parte de hongos endófitos en las plantas hospedadas de los páramos es menor (19,98%) a lo reportado para otros hospedados en diferentes zonas tropicales (IC: >95%); (Arnold y Lutzoni, 2007; Arnold *et al.*, 2001, Cannon y Simmons, 2002), lo que es similar a lo encontrado en bosque templados.

Aunque se han establecido patrones generales como la relación inversamente proporcional entre el número de clases de hongos endófitos y la cercanía al trópico y la relación directa entre riqueza de endófitos (IC) y cercanía al trópico (Arnold y Lutzoni, 2007), los mecanismos subyacentes que determinan estos patrones son desconocidos (Arnold, 2007). Los páramos ecuatorianos presentan un patrón diferente a lo esperado para bosques tropicales, un estudio más detallado de este ecosistema, podría ayudar a entender estos mecanismos que pueden influir a escala global.

### **7.3 DIFERENCIACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE HONGOS ENDÓFITOS EN LA SUBREGIÓN NORTE Y SUBREGIÓN SUR: EL CASO DE *Polylepis incana***

El número de especies, frecuencias de colonización, índices de diversidad (Shannon y Fisher  $\alpha$ ) y curvas de acumulación determinados para *P. incana* indican que la diversidad de hongos endófitos en el páramo del Cajas es mayor que en el páramo de la Virgen. De hecho, la riqueza de especies encontrada en el páramo del Cajas es ocho veces mayor que en el páramo de la Virgen (Tabla 7, Figura 8). La diferencia en las características de las curvas de acumulación de especies de los endófitos asociados a *P. incana* en los páramos de las dos subregiones indican que aunque se incrementara el esfuerzo de muestreo difícilmente se alcanzaría a saturar la curva de acumulación en el páramo del Cajas (Figura 11); más bien, lo observado en el páramo de la Virgen es una condición excepcional en cuanto a lo reportado comúnmente en

estudios de diversidad de endófitos (Unterseher *et al.*, 2013). El mismo patrón se observa al incluir a *P. lanuginosa* y *P. pauta* (Tabla 7).

Varios factores pueden influenciar para que exista diferencia en la frecuencia de colonización y riqueza de especies de hongos endófitos entre dos sitios: la latitud (Arnold y Lutzoni, 2007), aislamiento geográfico, tamaño de isla (Helander *et al.*, 2007), ambiente urbano y no urbano (Jumpponen y Jones, 2010), elevación (Cordier *et al.*, 2012, U'Ren *et al.*, 2012), temperatura y posición geográfica (U'Ren *et al.*, 2012), identidad del hospedero (Unterseher *et al.*, 2007, Sun *et al.*, 2012, Unterseher *et al.*, 2013 ) y estacionalidad (Jumpponen and Jones 2010).

La evolución del ecosistema páramo fue totalmente dependiente de la orogenia andina y solo pudo desarrollarse una vez que los Andes había llegado a una altura suficiente. Se ha estimado que los Andes del norte llegaron a 40% de su elevación actual a mediados del Mioceno/Plioceno temprano y que su levantamiento a sus alturas actuales fue a través de un rápido levantamiento definitivo sólo alrededor de hace 2,7 millones de años (Gregory-Wodzicki, 2000; Mora *et al.*, 2010). Los Andes del norte alcanzaron la altitud de la moderna línea de árboles que marca el límite inferior de la vegetación de páramo cerca del final del Plioceno hace 2.588 millones de años (Van der Hammen y Hooghiemstra, 2000). Por lo tanto, éstas son las fechas aproximadas en las que se establecieron las condiciones adecuadas para el desarrollo ecosistema del páramo. En este ecosistema el patrón actual de la vegetación ha resultado de migraciones altitudinales alternantes de especies individuales, de manera similar a

la formación de islas. Conjuntamente con las especies vegetales podría haberse dado una colonización diferencial de las especies de endófitos. Por lo tanto, la variación en la diversidad de especies encontrada en las dos subregiones de páramo podría responder a evidencias de patrones evolutivos antiguos, ya que se descarta una diferenciación debido al tamaño del área de muestreo, que es un factor que se ha visto que afecta la diversidad de endófitos en islas (Helander *et al.*, 2007), puesto que las dos localidades fueron similares en este aspecto (Mena-Vásquez y Medina, 2003)

Otro factor que podría influenciar en la diferenciación es el grado de conservación (Jumpponen y Jones, 2010) ya que se asumiría un mayor número de endófitos en zonas mejor conservadas, en este sentido también las dos localidades están dentro de parques nacionales y presentan niveles similares de conservación (Hofstede *et al.*, 2002).

Los factores climáticos y ambientales si presentan variación entre las dos subregiones, diferencias establecidas por su posición geográfica, delimitada por el Valle de Girón-Paute. Entre los factores de variación está una mayor precipitación en el páramo de la Virgen que la vista en el páramo del Cajas (Josse *et al.*, 2011). La subregión norte tiene la influencia de la zona de convergencia intertropical (ITCZ) (Vuille *et al.*, 2000), debido a su cercanía a la línea ecuatorial, en contraste la subregión sur que está influenciada por la masa de aire de la Amazonía ecuatoriana y de la Corriente fría de Humbolt (Luteyn, 1999). Sin embargo, para minimizar la diferencia a causa de la precipitación las colecciones se realizaron en meses en

los cuales la diferencia en precipitación era baja según los registros del INHAMI (2013). Algunos estudios sugieren que la riqueza de especies es directamente proporcional a un alto régimen de precipitación (Suryanarayanan *et al.*, 2002), en este estudio, la localidad con menor riqueza fue la que presenta mayor precipitación, entonces es posible que este no sea el factor que está determinando esta diferencia.

Las localidades presentan diferencias en la composición de la flora (Sklenář y Jørgensen, 1999), con un nivel de endemismo alto (16%) (Buytaert *et al.*, 2006; Sklenář y Jørgensen, 1999), debido a la divergencia de la historia volcánica entre las dos subregiones (Hall, 1977). Inclusive, se ha encontrado diferenciación genética en plantas de valles interandinos en las dos subregiones (Calvo, 2008), y se ha documentado diferencias genéticas en poblaciones de *P. incana* dentro de la subregión norte, las cuales están relacionadas con la distancia geográfica (Troya, 2006), lo que sugiere que posiblemente existe una diferenciación genética entre *P. incana* en ambas localidades. Entonces, uno de los factores que podría estar afectando a la diversidad de endófitos en los dos sitios podría deberse a diferencias genéticas de los hospederos.

Otro factor que pudo influenciar en la diferencia de riqueza de los endófitos asociados a *P. incana* en las dos subregiones es la altitud. En los Andes tropicales a medida que la altura incrementa factores como la temperatura (Buytaert *et al.*, 2006), la radiación solar (UV) y la presión del aire aumentan (Luteyn, 1999). Entre el páramo de la Virgen y el del Cajas hay una

diferencia altitudinal de 700 m, siendo el primero el de mayor elevación. Aunque el efecto del gradiente de altura en la diversidad microbiana ha sido poco documentado (Unterseher, 2013), algunos estudios en zonas templadas sugieren que la abundancia relativa y la presencia/ausencia de especies varían significativamente a lo largo de estos gradientes (Cordier *et al.*, 2012). En estribaciones orientales de los Andes Peruanos, se encontraron diferencias de riqueza de endófitos con respecto a la altura, sin embargo, debido a que se utilizaron diferentes hospederos a lo largo de la gradiente sus resultados no son concluyentes (Unterseher *et al.*, 2012). Hay evidencia que sugiere que la altura tiene un efecto en el hospedero, donde el número de inflorescencias, semillas y la altura promedio de los árboles disminuye (Cierjacks *et al.*, 2008), el reclutamiento y la diversidad genética decrecen con un incremento de altitud también (Hensen *et al.*, 2012). Todo esto sugiere que la reducción de diversidad en el páramo de la Virgen en ambas especies de *Polylepis* podría ser en función de la altura, pero son necesarios más estudios para confirmar la observación.

#### **7.4 ESPECIES GENERALISTAS EN AMBAS SUBREGIONES**

Se realizó un análisis con las especies de endófitos en común entre ambas subregiones, comparándolas con la base de datos CEQCA y literatura para determinar su naturaleza generalista o si una posible especificidad del hospedero pudo ser hallada. Las especies en común encontradas fueron solo diez de las cuales ocho fueron reportadas en otros ecosistemas para otros hospederos (Tabla 8).

Es interesante notar que dos de las especies de endófitos se compartieron en las dos subregiones entre los dos páramos y hasta la fecha, no han sido documentadas en otras localidades u hospederos ecuatorianos. Se encontró un hongo posiblemente nuevo *Muscodor* y una especie perteneciente al género *Preussia*; a pesar que el rol ecológico para el género *Muscodor* no ha sido establecido, se cree que, debido a su fuerte actividad anti patogénica, puede presentar alguna relación con el hospedero (Morath *et al.*, 2012), por otro lado puede ayudar en las adaptaciones para el clima de este ecosistema

#### **7.5 ESPECIFICIDAD DE HOSPEDERO EN SISTEMAS DE ALTA DENSIDAD: *P. incana***

Se ha sugerido que los sistemas con una alta diversidad de hospederos hay una menor especificidad entre endófitos y hospederos, debido a que en estos sistemas hay una densidad baja para cada especie, haciendo poco probable este tipo de interacciones May (1991). Los parches de *Polylepis* presentan una alta densidad de cada individuo, por lo que, con referencia a lo reportado por Gilbert y Wayne, 2002, se esperaría encontrar mayor número de endófitos específicos. Esta hipótesis no se sustenta en este estudio, pues se observa una distribución y diferenciación de endófitos determinada por la ubicación geográfica y no por el hospedero (Tabla 9). Este patrón se observó también en el estudio de Miles, *et al.*, 2012 quienes evaluaron la diversidad de hongos endófitos asociados a dos especies de *Espeletia*, en páramos

Colombianos. En este caso, también hay una alta densidad de cada especie, similar al caso de *Polylepis*, y al igual que en este estudio, al parecer no existe especificidad de los endófitos a nivel de especies. Por lo tanto estos dos estudios, que representan los únicos realizados hasta la fecha en un ecosistema altoandino, sugieren que en este ecosistema la densidad de la planta no es un factor que por sí solo determina la especificidad de los hongos endófitos. Sin embargo sería útil examinar la comunidad de endófitos de especies filogenéticamente distantes simpátricas a *P. incana* para confirmar esta conclusión.

El patrón general observado, de mayor cercanía entre especies simpátricas, basados en las especies de hongos endófitos que poseen, fue claro en el páramo del Cajas (Figura 12), sin embargo no fue evidente para el páramo de la Virgen. En esta localidad *Polylepis incana* presentó una comunidad de endófitos diferente al resto de hospederos o localidades e incluyó mayoritariamente a especies patógenos y géneros cosmopolitas (Tabla3). La presencia de géneros cosmopolitas podría deberse a que los hongos de la superficie externa de las hojas, en condiciones ambientales extremas, colonizan las estructuras internas de la planta (Arnold, 2007); los páramos presentan condiciones ambientales extremas, antes mencionadas, que son más marcadas con el incremento de altitud, como es el caso del páramo de la Virgen. Por otro lado, se ha postulado que en escenarios de calentamiento global, donde las especies de plantas migran a zonas más altas, la cantidad de patógenos en las plantas de montaña pueden incrementarse, este patrón fue observado para plantas de papayas de altura en Perú, en este estudio el 46% de los hongos aislados para *P. incana* en el páramo de la Virgen fueron

patógenos, representados por *Nigrospora oryzae*, *Nigrospora sphaerica* and *Epicoccum nigrum*. Sin embargo, al momento de la colecta, los árboles de *Polylepis* aparentaban estar sanos.

La falta de congruencia en la mayor cercanía entre especies simpátricas en el páramo de la Virgen, posiblemente se debe a factores adicionales que han afectado la composición y diversidad de *P. incana* en esta zona, como el calentamiento global o enfermedades. Uno de los factores que han sido propuestos que están cambiando con el calentamiento global, es el aumento de la irradiación natural, especialmente los rayos ultra violeta (UV). Se ha documentado que este factor afecta a las poblaciones naturales en páramos como es el caso de algunas especies de ranas (Ron *et al.*, 2003); y de plantas como *Loricaria colombiana* para la cual se ha reportado, quemaduras en la epidermis (Anderson *et al.*, 2011). A pesar de la adaptación de *Polylepis* a estas condiciones ambientales se podría pensar en que este aumento de rayos UV podría afectar de manera negativa a la diversidad y densidad de las comunidades naturales de microorganismos endófitos, probablemente propiciando un desequilibrio en el cual se favorecería la supervivencia de organismo con capacidades de cambiar su estilo de vida desde uno de simbiosis balanceado a uno de patogenicidad. Así mismo, podría favorecer a especie patógenas más agresivas que al no encontrar especies antagónicas, puedan colonizar tejidos internos.

Adicionalmente en el Parque Nacional Samaja, en Bolivia, que se encuentra ubicado entre 4100-4200 msnm, en *Polylepis tarapacana* se ha reportado un aumento de patogenicidad (37% de infección a 54%), desde el 2007 hasta el 2012, ellos señalan que la probable causa de este aumento de patogenicidad sea debido a los cambio de las condiciones climáticas que ha reportado esta zona, que son efecto del cambio climático (Coca-Morante, 2012).

## 7.6 CONSIDERACIONES EN A NIVEL DE CONSERVACIÓN

El páramo presenta la tasa de evolución más rápida del mundo, las especies que en el habitan, ocupan gradientes altitudinales, que pueden cambiar en función de los cambios en la temperatura, y por lo tanto son organismo ideales para modelar efectos de cambios históricos y potenciales cambios futuros (Madriñan *et al.*, 2013).

Las proyecciones climáticas en los Andes bajo un escenario de cambio climático global, predicen un incremento de temperatura, siendo este más pronunciado a elevaciones altas (sobre 4000 m.s.n.m) (Solman *et al.*, 2008; Marengo *et al.*, 2009; Urrutia y Vuille 2009); Hay evidencias que sugieren que las predicciones son apropiadas, pues ya se ha visto un incremento de temperatura, cambios en el balance hídrico, incremento de irradiación solar, movimiento en la distribución altitudinal de animales, especialmente aves y plantas como *Pleurodema*, *Telmatobius*, *Liolaemus*, *Diuca speculifera* y cambios altitudinales en los sitios de cultivo (Anderson *et al.*, 2011).

El incremento de temperatura resultará en el movimiento de las especies de plantas a altitudes mayores (Anderson *et al.*, 2011), lo que originaría una posible pérdida de biodiversidad (Cuesta, 2007), especialmente en la línea de bosque en páramos, formada por plantas de género *Polylepis* (Macek *et al.*, 2009). Las poblaciones en zonas de ecotonos como las de *P. incana* en el páramo de la Virgen, que están ubicadas en una mayor elevación, están pre-adaptadas a un nivel fisiológico de estrés diferente a las poblaciones core (Young y León, 2007, Hole *et al.*, 2011). La baja riqueza de endófitos y la alta carga de patógenos en *P. incana* en el páramo de la Virgen, podría ser una muestra de cómo el cambio climático puede afectar a los endófitos encontrados en esta especie. Un estudio de diversidad de endófitos asociados a un gradiente de altitud en *P. incana* en esta zona, esclarecería si los patrones observados están dados en función de este gradiente y podría ayudarnos a entender como el calentamiento global afectaría a esta especie.

Con la pérdida de bosques y plantas, los organismos asociados como los endófitos también desaparecen (Tomita, 2003). El cambio climático, es solo una de las amenazas para esta especie, de hecho las actividades humanas han destruido más del 95% de los bosques de *Polylepis* (Kessler y Schmidt-Lebuhn, 2006, Ochoa *et al.*, 2008). Este género, tiene una historia etnobotánica, longevidad inusual y vive en condiciones extremas, lo que aumenta la probabilidad de encontrar compuestos activos útiles para el hombre en los endófitos asociados (Strobel, 2002; Miles *et al.*, 2012). Un ejemplo de esto es la especie de *Muscodor* reportada en

este estudio, cuyo género es conocido por su bioactividad. En adición aunque el esfuerzo de muestreo no fue suficiente para abarcar la diversidad de endófitos en *P. incana*, al menos tres especies podrían ser nuevas. En consecuencia la pérdida de este hospedero implicaría que especies de endófitos potencialmente no descritas desaparezcan y que nuevas moléculas beneficiosas para el ser humano, como el taxol usado como antitumoral (Strobel *et al.*, 1997), nunca sean halladas.

## 8 LITERATURA CITADA

- Agrios, G.N. 2005. *Plant Pathology*. 5th ed. Elsevier Academia Press. Oxford, Inglaterra.
- Alonso-Amelot, M. 2008. High altitude plants, chemistry of acclimation and adaptation. *Studies in natural products chemistry* 34: 883– 982.
- Anderson, E.P., Marengo, J., Villalba, R., Halloy, S., Young, B., Cordero, D., Gast, F., Jaimes, E., y Ruiz, D. 2011. Consequences of Climate Change for Ecosystems and Ecosystem Services in the Tropical Andes. En: *Climate Change and Biodiversity in the Tropical Andes* (S.K. Herzog, R. Martínez, P.M. Jørgensen y H. Tiessen, eds) pp. 1–18. MacArthur Foundation, Inter-American Institute for Global Change Research (IAI), Scientific Committee on Problems of the Environment (SCOPE).
- Anthelme, F., y Dangles, O. 2012. Plant–plant interactions in tropical alpine environments. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 14 (5): 363–372.
- Arnold, A.E., Maynard, Z., y Gilbert, G.S. 2001. Fungal endophytes in dicotyledonous neotropical trees: patterns of abundance and diversity. *Mycological Research* 105 (12): 1502-1507.

- Arnold, A.E., y Herre, E.A. 2003. Canopy Cover and Leaf Age Affect Colonization by Tropical Fungal Endophytes: Ecological Pattern and Process in *Theobroma cacao* (Malvaceae). *Mycologia* 95 (3): 388-398.
- Arnold, A.E. 2007. Understanding the diversity of foliar endophytic fungi: progress, challenges, and frontiers. *Fungal Biology Reviews* 21 (2): 51–66.
- Arnold, A.E., y Lutzoni, F. 2007. Diversity and host range of foliar fungal endophytes: are tropical leaves biodiversity hotspots?. *Ecology* 88 (3): 541–549.
- Arnold, A.E., Henk, D.A., Eells, R.L., Lutzoni, F., y Vilgalys, R. 2007. Diversity and phylogenetic affinities of foliar fungal endophytes in loblolly pine inferred by culturing and environmental PCR. *Mycologia* 99 (2): 185-206.
- Bascom-Slack, C.A., Arnold, A.E., y Strobel, S.A. 2012. Student-directed discovery of the plant microbiome and its products. *Science* 338 (6106): 485-486.
- Brehm, G., Fiedler, K., Häuser, C.L., y Dalitz, H. 2008. Methodological challenges of a megadiverse ecosystem. En: *Gradients in a Tropical Mountain Ecosystem of Ecuador* (J. Bendix y I. Kottke, eds) pp. 41-47. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Germany.

- Brunner, F., y Petrini, O. 1992. Taxonomy of some *Xylaria* species and xylariaceous endophytes by isozyme electrophoresis. *Mycological research* 96: 723-733.
- Buytaert, W., Célleri, R., De Bièvre, B., Cisneros, F., Wyseure, G., Deckers, J., y Hofstede, R. 2006. Human impact on the hydrology of the Andean páramos. *Earth-Science Reviews* 79 (1): 53-72.
- Calvo, A. 2008. Estudio poblacional del guarango (*Caesalpinia spinosa* (Kuntze) en la sierra ecuatoriana mediante marcadores moleculares (AFLPS). Tesis Licenciatura, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador.
- Cannon, P.F., y Simmons, C.M. 2002. Diversity and host preference of leaf endophytic fungi in the Iwokrama Forest Reserve, Guyana. *Mycologia* 94 (2): 210–20.
- Carroll, G.C., y Carroll, F. 1978. Studies on the incidence of coniferous needle endophytes in the Pacific northwest. *Can J Bot* 56:3 034–3043.
- Cierjacks, A., Rühr, N.K., Wesche, K., y Hensen, I. 2008. Effects of altitude and livestock on the regeneration of two tree line forming *Polylepis* species in Ecuador. *Plant Ecology* 194 (2): 207-221.

- Clapperton, C.M., y Clapperton, C. 1993. Quaternary geology and geomorphology of South America. Amsterdam: Elsevier – Academic Press.
- Coca-Morante, M. 2012. Assessment of *Leptosphæria polylepidis* Decline in *Polylepis tarapacana* Phil. Trees in District 3 of the Sajama National Park, Bolivia. En: New Advances and Contributions to Forestry Research (Oteng-Amoako A.A., eds). pp. 147-158. In Tech. Rijeka, Croacia.
- Coltorti, M., y Ollier, C.D. 2000. Geomorphic and tectonic evolution of the Ecuadorian Andes. *Geomorphology* 32 (1): 1-19.
- Cordier, T., Robin, C., Capdevielle, X., Fabreguettes, O., Desprez-Loustau, M.L., y Vacher, C. 2012. The composition of phyllosphere fungal assemblages of *European beech* (*Fagus sylvatica*) varies significantly along an elevation gradient. *New Phytologist* 196 (2): 510-519.
- Cuesta Camacho, F. 2007. Efectos del cambio climático en el rango de distribución de especies en los Andes del Norte, Curso GLORIA, La Paz, Bolivia.
- Emck, P., Moreira-Muñoz, A., y Richter, M. 2006. El clima y sus efectos en la vegetación. En: *Botánica Económica de los Andes Centrales*. Botánica Económica de los Andes

- Centrales (R.M. Moraes, B. Øllgaard, L.P. Kvist, F. Borchsenius y H. Balslev, eds) pp. 11-36. Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.
- Entwistle, E.M., Zak, D.R., y Edwards, I.P. 2013. Long-Term Experimental Nitrogen Deposition Alters the Composition of the Active Fungal Community in the Forest Floor. *Soil Sci. Soc. Am. J.* 77: 1648–1658.
- Evans, H.C., Holmes, K.A., y Thomas, S.E. 2003. Endophytes and mycoparasites associated with an indigenous forest tree, *Theobroma gileri* in Ecuador and a preliminary assessment of their potential as biocontrol agents of cocoa diseases. *Mycological Progress* 2 (2): 149-160.
- Fjeldså, J., Kessler, M., Engblom, G., y Driesch, P. 1996. Conserving the biological diversity of *Polylepis* woodlands of the highland of Peru and Bolivia: a contribution to sustainable natural resource management in the Andes, Copenhagen, Nordeco.
- Gamboa, M.A., Laureano, S., y Bayman, P. 2002. Measuring diversity of endophytic fungi in leaf fragments: does size matter?. *Mycopathologia* 156 (1): 41–5.

- Ganley, R.J., Sniezko, R.A., y Newcombe, G. 2008. Endophyte-mediated resistance against white pine blister rust in *Pinus monticola*. *Forest Ecology and Management* 255 (7): 2751–2760.
- Gazis, R., Rehner, S., y Chaverri, P. 2011. Species delimitation in fungal endophyte diversity studies and its implications in ecological and biogeographic inferences. *Molecular Ecology* 20 (14), 3001-3013.
- Gilbert, G.S., y Sousa, W.P. 2002. Host Specialization among Wood-Decay Polypore Fungi in a Caribbean Mangrove Forest. *Biotropica*, 34 (3), 396-404.
- Gregory-Wodzicki, K.M. 2000. Uplift history of the Central and Northern Andes: a review. *Geological Society of America Bulletin* 112 (7): 1091-1105.
- Hall, M.L. 1977. El volcanismo en el Ecuador, Escuela Politécnica Nacional, Facultad de Geología, Quito.
- Helander, M., Ahlholm, J., Sieber, T.N., Hinneri, S., y Saikkonen, K. 2007. Fragmented environment affects birch leaf endophytes. *New Phytologist* 175 (3): 547-553.

- Hensen, I., Cierjacks, A., Hirsch, H., Kessler, M., Romoleroux, K., Renison, D., y Wesche, K. 2012. Historic and recent fragmentation coupled with altitude affect the genetic population structure of one of the world's highest tropical tree line species. *Global Ecology and Biogeography* 21 (4): 455-464.
- Hofstede, R., Copus, R., Vásquez, P.M., Segarra, P., Wolf, J., y Sevink, J. 2002. El estado de conservación de los páramos de pajonal en el Ecuador. *Ecotropicos* 15 (1): 3-18.
- Hofstede, R. 2004. Health state of Páramos: an effort to correlate science and practice. *Lyonia* 6 (1): 61-73.
- Hole, D.G., Young, K.R., Seimon, A., Gomez, C., Wichtendahl, D.H., Páez, K.S., Sanchez, S., Muchoney, D., Grau, H.R., y Ramirez, E. 2011. Adaptive management for biodiversity conservation under climate change. En: *Climate Change and Biodiversity in the Tropical Andes* (S.K. Herzog, R. Martínez, P.M. Jørgensen y H. Tiessen, eds) pp. 348. MacArthur Foundation, Inter-American Institute for Global Change Research (IAI), Scientific Committee on Problems of the Environment (SCOPE).
- Huang, W., Cai, Y., Hyde, K., Corke, H., y Sun, M. 2008. Biodiversity of endophytic fungi associated with 29 traditional Chinese medicinal plants. *Fungal Diversity* 33 (1560–2745): 61–75.

Hubbard, M., Germida, J.J., y Vujanovic, V. 2013. Fungal endophytes enhance wheat heat and drought tolerance in terms of grain yield and second generation seed viability. *Journal of applied microbiology* (2013): 1365-2672.

IUCN. 2011. International Union for Conservation of Nature (IUCN) Red List of Threatened Species [en línea]. <<http://www.iucnredlist.org>> [consultado: julio 2012].

Jacobs, K.A., y Rehner, S.A. 1998. Comparison of cultural and morphological characters and ITS sequences in anamorphs of *Botryosphaeria* and related taxa. *Mycologia* (1998): 601-610.

Jørgensen, P.M., y León-Yáñez, S. 1999. Catalogue of the vascular plants of Ecuador. *Monogr. Syst. Bot. Missouri Bot. Gard, Missouri*.

Jørgensen, P.M., y Ulloa-Ulloa, C. 1994. Seed plants of the high Andes of Ecuador: a checklist, 34. AAU Rep, Dinamarca.

Josse, C., Cuesta, F., Navarro, G., Barrena, V., Becerra, M.T., Cabrera, E., y Naranjo, L.G. 2011. *Physical Geography and Ecosystems in the Tropical Andes. Climate Change and Biodiversity in the Tropical Andes* Inter-American Institute for Global Change

Research (IAI) and Scientific Committee on Problems of the Environment (SCOPE), São José dos Campos.

Jumpponen, A.R.I., Jones, K.L., David Mattox, J., y Yaeger, C. 2010. Massively parallel 454-sequencing of fungal communities in *Quercus* spp. ectomycorrhizas indicates seasonal dynamics in urban and rural sites. *Molecular Ecology* 19 (s1): 41-53.

Kerr, M. 2004. A phylogenetic and biogeographic analysis of Sanguisorbeae (Rosaceae), with emphasis on the pleistocene radiation of the high Andean genus *Polylepis*. Tesis de Doctorado, University of Maryland, College Park, USA.

Kessler, M. 2002. The “*Polylepis* problem”: Where do we stand?. *Ecotropica* 8 (2): 97-110.

Kessler, M., y Schmidt-Lebuhn, A. 2006. Taxonomical and distributional notes on *Polylepis* (Rosaceae). *Organisms Diversity & Evolution* 6 (1): 1–10.

Khan, R., Shahzad, S., y Choudhary, M. 2010. Communities of endophytic fungi in medicinal plant *Withania somnifera*. *Pak. J. Bot* 42 (2): 1281–1287.

- Kim, S.H., y Breuil, K., 2001. Common nuclear ribosomal internal transcribed spacer sequences occur in the sibling species *Ophiostoma piceae* and *O. quercus*. *Mycological Research* 105: 331–337.
- Lacap, D., Hyde, K., y Liew, E. 2003. An evaluation of the fungal “morphotype” concept based on ribosomal DNA sequences. *Fungal Divers* 12: 53–66.
- Langenfeld, A., Prado, S., Nay, B., Cruaud, C., Lacoste, S., Bury, E., Hachette F., Hosoya, T., y Dupont, J. 2013. Geographic locality greatly influences fungal endophyte communities in *Cephalotaxus harringtonia*. *Fungal biology* 117 (2): 124-136.
- León-Yáñez, S., Valencia, R., Pitman, N., Endara, L., Ulloa-Ulloa, C., y Navarrete, H. 2011. Libro rojo de las plantas endémicas del Ecuador, segunda ed. Publicaciones del Herbario QCA, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito.
- Li, H.Y., Li, D.W., He, C.M., Zhou, Z.P., Mei, T., y Xu, H.M. 2012. Diversity and heavy metal tolerance of endophytic fungi from six dominant plant species in a Pb–Zn mine wasteland in China. *Fungal Ecology* 5 (3): 309-315.
- Lieckfeldt, E., y Seifert, K.A. 2000. An evaluation of the use of ITS sequences in the taxonomy of the Hypocreales. *Studies in Mycology* 45: 35–44.

- Lodge, D.J., Fisher, P.J., y Sutton, B.C. 1996. Endophytic fungi of *Manilkara bidentata* leaves in Puerto Rico. *Mycologia*: 733-738.
- Luteyn, J.L. 1999. Páramos: A Checklist of Plant Diversity, Geographical Distribution, and Botanical Literature. The New York Botanical Garden Press, New York, USA.
- Macek, P., Macková, J., y de Bello, F. 2009. Morphological and ecophysiological traits shaping altitudinal distribution of three *Polylepis* treeline species in the dry tropical Andes. *Acta Oecologica* 35 (6): 778-785.
- Madriñán, S., Cortés, A.J., y Richardson, J.E. 2013. Páramo is the world's fastest evolving and coolest biodiversity hotspot. *Frontiers in genetics* (4): 192.
- Malinowski, D.P., Zuo, H., Belesky, D.P., y Alloush, G.A. 2004. Evidence for copper binding by extracellular root exudates of tall fescue but not perennial ryegrass infected with *Neotyphodium* spp. endophytes. *Plant and soil* 267 (1-2): 1-12.
- Marengo, J.A., Jones, R., Alves, L.M., y Valverde, M.C. 2009. Future change of temperature and precipitation extremes in South America as derived from the PRECIS regional climate modeling system. *International Journal of Climatology* 29 (15): 2241-2255.

May, R.M. 1991. A fondness for fungi. *Nature* 352: 475-476.

Mena-Vásquez, P., y Medina, G. 2003. Ecuador. En: *Los Páramos de Ecuador. Particularidades, Problemas y Perspectivas* (V.P. Mena, G. Medina y R. Hofstede, eds) pp. 27-52. Editorial Abya Yala, Quito, Ecuador.

Miles, L.A., Lopera, C.A., González, S., de García, M.C., Franco, A.E., y Restrepo, S. 2012. Exploring the biocontrol potential of fungal endophytes from an Andean Colombian Paramo ecosystem. *BioControl* 57 (5): 697-710.

Missouri Botanical Garden. 2013. Tropicos.org. Missouri Botanical Garden [en línea]. <<http://www.tropicos.org>> [consultado: noviembre 2013].

Mora, A., Baby, P., Roddaz, M., Parra, M., Brusset, S., Hermoza, W., y Espurt, N. 2010. Tectonic History of the Andes and Sub-Andean Zones: Implications for the Development of the Amazon Drainage Basin. *Amazonia: Landscape and Species Evolution: A look into the past* (2010): 38-60.

Morath, S.U., Hung, R., y Bennett, J.W. 2012. Fungal volatile organic compounds: a review with emphasis on their biotechnological potential. *Fungal Biology Reviews* 26: 76-83

- Murali, T., y Suryanarayanan, T.S., y Geeta, R. 2006. Endophytic *Phomopsis* species: host range and implications for diversity estimates. *Canadian journal of Microbiology* 52 (7): 673–680.
- Newsham, K.K. 1999. *Phialophora graminicola*, a dark septate fungus, is a beneficial associate of the grass *Vulpia ciliata* ssp. *ambigua*. *New Phytol.* 144: 517–524.
- Ochoa, V., Segovia-Salcedo, C., Jiménez, P., y Proaño, K. 2008. Genética poblacional de *Polylepis incana* y *Polylepis pauta* en los páramos de Papallacta y los Ilinizas mediante ISSRs. Tesis de Ingeniería, Escuela Politécnica Nacional del Ecuador, Sangolqui, Ecuador.
- Owen, N.L., y **Hundley**, N. 2004. Endophytes the chemical synthesizers inside plants. *Science Progress* 87 (2): 79-99.
- Parsons, J.J. 1982. The northern Andean environment. *Mountain Research and Development*: 253-264.
- Petrini, O. 1991. Fungal endophytes of tree leaves. En *Microbial ecology of leaves* (J.H. Andrews y S.S. Hirano, eds) pp. 179-197. Springer, New York. USA.

- Phoulivong, S., Cai, L., Chen, H., McKenzie, E.H., Abdelsalam, K., Chukeatirote, E., y Hyde, K.D. 2010. *Colletotrichum gloeosporioides* is not a common pathogen on tropical fruits. *Fungal Diversity* 44 (1): 33-43.
- Pitman, N.C., Jørgensen, P.M., Williams, R., León-Yáñez, S., y Valencia, R. 2002. Extinction-rate estimates for a modern neotropical flora. *Conservation Biology* (16):1427–1431.
- Podwojewski, P. 2002. Overgrazing effects on vegetation cover and properties of volcanic ash soil in the páramo of Llangahua and La Esperanza (Tungurahua, Ecuador). *Soil Use and Management* 18 (1): 45-55.
- Ramírez, J.Y., Delgado, E., Rodolfi, M., y Solveig, T. 2006. Actividad antagónica de hongos endófitos de plantas medicinales del Ecuador sobre bacterias patógenas. *Boletín Micológico* (21): 49 – 53.
- Redman, R.S., Sheehan, K.B., Stout, R.G., Rodriguez, R.J., y Henson, J.M. 2002. Thermotolerance generated by plant/fungal symbiosis. *Science* 298 (5598): 1581.
- Reiher, A. 2011. Leaf-inhabiting endophytic fungi in the canopy of the Leipzig floodplain forest. Tesis de Doctorado, Leipzig University, Leipzig, Alemania.

- Renison, D., Hensen, I., Suarez, R., y Cingolani, A.M. 2006. Cover and growth habit of *Polylepis* woodlands and shrublands in the mountains of central Argentina: human or environmental influence?. *Journal of Biogeography* 33 (5): 876-887.
- Ridbäck, U. 2008. A floristic study of *Polylepis* forest fragments in the central Andes of Ecuador. Tesis de Doctorado, Universidad de Gotland University. Suiza.
- Robert, E.C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research* 32 (5): 1792-97.
- Robert, V., Stegehuis, G., y Stalpers, J. 2005. The MycoBank engine and related databases [en línea]. <<http://www.mycobank.org>> [consultado: julio 2013].
- Rodríguez, R.J., White, J.F., Arnold, A.E., y Redman, R.S. 2009. Fungal endophytes: diversity and functional roles. *The New phytologist* 182 (2): 314–30.
- Romoleroux, K. 1992. Rosaceae in the Páramo of Ecuador. En: *Páramo: An Andean Ecosystem under Human Influence* (H. Balslev y J.L. Luteyn, eds) pp. 85-94. Academic Pr., San Diego, CA, USA.

- Romoleroux, K. 1994. The family Rosaceae in Ecuador. Tesis de doctorado, University of Aarhus, Aarhus, Dinamarca.
- Romoleroux, K. 1996. Rosaceae. En: Flora of Ecuador, 56 (G. Harling y L. Anderson, eds). pp 71-89. Council for Nordic Publications in Botany, Copenhagen, Denmark.
- Ron, S.R., Duellman, W.E., Coloma, L.A., y Bustamante, M.R. 2003. Population decline of the Jambato toad *Atelopus ignescens* (Anura: Bufonidae) in the Andes of Ecuador. *Journal of Herpetology* 37 (1): 116-126.
- Russell, J.R., Huang, J., Anand, P., Kucera, K., Sandoval, A.G., Dantzler, K.W., Hickman, D., Jee, J., Kimovec, F.M., Koppstein, D., Marks, D.H., Mittermiller, P.A., Núñez, S.J., Santiago, M., Townes, M.A., Vishnevetsky, M., Williams, N.E., Vargas, M.P., Boulanger, L., Bascom-Slack, C. y Strobel, S.A. 2011. Biodegradation of Polyester Polyurethane by Endophytic Fungi. *Appl. Environ. Microbiol.* (77): 17, 6076-6084.
- Scholtysik, A., Unterseher, M., Otto, P., y Wirth, C. 2013. Spatio-temporal dynamics of endophyte diversity in the canopy of European ash (*Fraxinus excelsior*). *Mycological Progress* 1-14.

- Schulz, B., y Boyle, C. 2005. The endophytic continuum. *Mycological Research* 109 (6): 661-686.
- Servat, G., Mendoza, W., y Ochoa, J.A. 2002. Flora y fauna de cuatro bosques de *Polylepis* (Rosaceae) en la Cordillera del Vilcanota (Cusco, Perú). *Ecología Aplicada* 1: 25-35.
- Shankar Naik, B., Shashikala, J., y Krishnamurthy, Y.L. 2008. Diversity of fungal endophytes in shrubby medicinal plants of Malnad region, Western Ghats, Southern India. *Fungal Ecology* 1 (2): 89–93.
- Sklenář, P., y Jørgensen, P.M. 1999. Distribution patterns of páramo plants in Ecuador. *Journal of Biogeography* 26 (4): 681-691.
- Sklenář, P., y Jørgensen, P.M. 1999. Distribution patterns of páramo plants in Ecuador. *Journal of Biogeography* 26 (4): 681-691.
- Sklenář, P., Kučerová, A., Macek, P., y Mackova, J. 2010. Does plant height determine the freezing resistance in the páramo plants?. *Austral Ecology* 35 (8): 929-934.
- Simpson, B.B. 1979. A revision of the genus *Polylepis* (Rosaceae: Sanguisorbeae). *Smithsonian contributions to botany* 43: 1-62.

- Smith, S.A., y Dunn, C.W. 2008. Phyutility: a phyloinformatics tool for trees, alignments, and molecular data. *Bioinformatics* 24 (5): 715-716.
- Smith, S.A, Tank, D.C., Boulanger, L-A., Bascom-Slack, C.A., Eisenman, K., Kingery, D., Babbs, B., Fenn, K., Greene, J.S., Hann, B.D., Keehner, J., Kelley-Swift, E.G., Kembaiyan, V., Lee, S.J., Li, P., Light, D.Y., Lin, E.H., Ma, C., Moore, E., Schorn, M., Vekhter, D., Nunez, P.V, Strobel, G.A, Donoghue, M.J., y Strobel, S.A. 2008. Bioactive endophytes warrant intensified exploration and conservation. *PloS one* 3 (8): e3052.
- Solman, S.A., Nunez, M.N., y Cabré, M.F. 2008. Regional climate change experiments over southern South America. I: present climate. *Climate Dynamics* 30 (5): 533-552.
- Spatafora, J.W., y Sung, G.H., Sung, J. M., Hywel-Jones, N. L., y White, J. F. 2007. Phylogenetic evidence for an animal pathogen origin of ergot and the grass endophytes. *Molecular Ecology* 16 (8): 1701-1711.
- Stamatakis, A. 2006. "RAxML-VI-HPC: Maximum Likelihood-based Phylogenetic Analyses with Thousands of Taxa and Mixed Models". *Bioinformatic* 22 (21): 2688-2690.

- Strobel, G.A., Hess, W.M., Li, J.Y., Ford, E., Sears, J., Sidhu, R.S., y Summerell, B. 1997. *Pestalotiopsis guepinii*, a taxol-producing endophyte of the wollemi pine, *Wollemia nobilis*. Australian Journal of Botany 45 (6): 1073-1082
- Strobel, G.A., Dirkse, E., Sears, J., y Markworth, C. 2001. Volatile antimicrobials from *Muscodor albus*, a novel endophytic fungus. Microbiology (Reading, England) 147 (11): 2943-50.
- Strobel, G.A. 2002. Rainforest endophytes and bioactive products. Critical reviews in biotechnology 22 (4): 315-333.
- Strobel, G.A. 2003. Endophytes as sources of bioactive products. Microbes and infection 5 (6): 535-544.
- Strobel, G.A. 2006. Harnessing endophytes for industrial microbiology. Current opinion in microbiology 9 (3): 240-4.
- Strobel, G.A. 2011. *Muscodor* species-endophytes with biological promise. Phytochemistry Reviews 10 (2): 165-172.

- Su, Y.Y., Guo, L.D., y Hyde, K.D. 2010. Response of endophytic fungi of *Stipa grandis* to experimental plant function group removal in Inner Mongolia steppe, China. *Fungal Diversity* 43 (1): 93-101.
- Sun, X., y Guo, L.D. 2012. Endophytic fungal diversity: review of traditional and molecular techniques. *Mycology* 3 (1): 65-76.
- Sun, X., Ding, Q., Hyde, K.D., y Guo, L.D. 2012. Community structure and preference of endophytic fungi of three woody plants in a mixed forest. *Fungal Ecology* 5 (5): 624-632.
- Sung, G.H., Sung, J.M., Hywel-Jones, N.L., y Spatafora, J.W. 2007. A multi-gene phylogeny of Clavicipitaceae (Ascomycota, Fungi): Identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. *Molecular phylogenetics and evolution* 44 (3): 1204-1223.
- Suryanarayanan, T.S., Murali, T.S., y Venkatesan, G. 2002. Occurrence and distribution of fungal endophytes in tropical forests across a rainfall gradient. *Can. J. Bot.* 80 (8): 818–826.

- Suryanarayanan, T.S., y Thennarasan, S. 2004. Temporal variation in endophyte assemblages of *Plumeria rubra* leaves. *Fungal Diversity* 15: 197-204.
- Suryanarayanan, T.S. 2011. Diversity of fungal endophytes in tropical trees. En: *Endophytes of forest trees* (A.M. Pirttilä y C. Frank, eds.) pp. 67-80. Springer Netherlands.
- Unterseher, M., Reiher, A., Finstermeier, K., Otto, P., y Morawetz, W. 2007. Species richness and distribution patterns of leaf-inhabiting endophytic fungi in a temperate forest canopy. *Mycological Progress* 6 (3): 201-212.
- Unterseher, M., y Schnittler, M. 2009. Dilution-to-extinction cultivation of leaf-inhabiting endophytic fungi in beech (*Fagus sylvatica* L.)-different cultivation techniques influence fungal biodiversity assessment. *Fungal Biology* 113 (5): 645-654.
- Unterseher, M., Gazis, R., Chaverri, P., Guarniz, C.F.G., y Tenorio, D.H.Z. 2013. Endophytic fungi from Peruvian highland and lowland habitats form distinctive and host plant-specific assemblages. *Biodiversity and Conservation*: 1-18.
- Taylor, J. W., Jacobson, D.J., Kroken, S., Kasuga, T., Geiser, D.M., Hibbett, D.S., y Fisher, M.C. 2000. Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. *Fungal genetics and biology* 31 (1): 21-32.

- The GAP Group. 2012. GAP Groups, Algorithms, and Programming. Version 4.5.5 [en línea].  
< <http://www.gap-system.org> > [consultado: junio 2013].
- Thomas, S.E., Crozier, J.M. Aime, C., Evans, H.C., y Holmes, K.A. 2008. Molecular characterisation of fungal endophytic morphospecies associated with the indigenous forest tree, *Theobroma gileri*, in Ecuador. *Mycological Research* 112 (7): 852-860.
- Tomita, F. 2003. Endophytes in Southeast Asia and Japan: their taxonomic diversity and potential applications. *Fungal Diversity* 14: 187-204.
- Troya-Zuleta, A.M. 2006. Diversidad genética de poblaciones de *Polylepis incana* KUNTH en el centro-norte del Ecuador mediante AFLP's: Una aproximación de su manejo y conservación. Tesis Licenciatura, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito, Ecuador.
- U'Ren, J.M., Lutzoni, F., Miadlikowska, J., Laetsch, A.D., y Arnold, A.E. 2012. Host and geographic structure of endophytic and endolichenic fungi at a continental scale. *American Journal of Botany* 99 (5): 898-914.

- Unterseher, M. 2011. Diversity of Fungal Endophytes in Temperate Forest tree. En: Endophytes of Forest Trees: Biology and Applications, Forestry Sciences (A.M. Pirttil y A.C. Frank, eds.) pp 31-46. Springer Netherlands.
- Urrutia, R., y Vuille, M. 2009. Climate change projections for the tropical Andes using a regional climate model: temperature and precipitation simulations for the end of the 21st century. *Journal of Geophysical Research: Atmospheres* (1984–2012): 114 (D2).
- Valencia R., Cerón C., Palacios W., y Sierra R. 1999. Las formaciones naturales de la Sierra del Ecuador. En: Propuesta preliminar de un sistema de clasificación de vegetación para el Ecuador continental (R. Sierra eds) pp. 79-108. Proyecto INEFAN/GERF-BIRF y Ecociencia, Quito, Ecuador.
- Van der Hammen, T., y Hooghiemstra, H. 2000. Neogene and Quaternary history of vegetation, climate, and plant diversity in Amazonia. *Quaternary Science Reviews* 19 (8): 725-742.
- Van der Werff, H., y Consiglio, T. 2004. Distribution and conservation significance of endemic species of flowering plants in Peru. *Biodiversity & Conservation* 13 (9): 1699-1713.

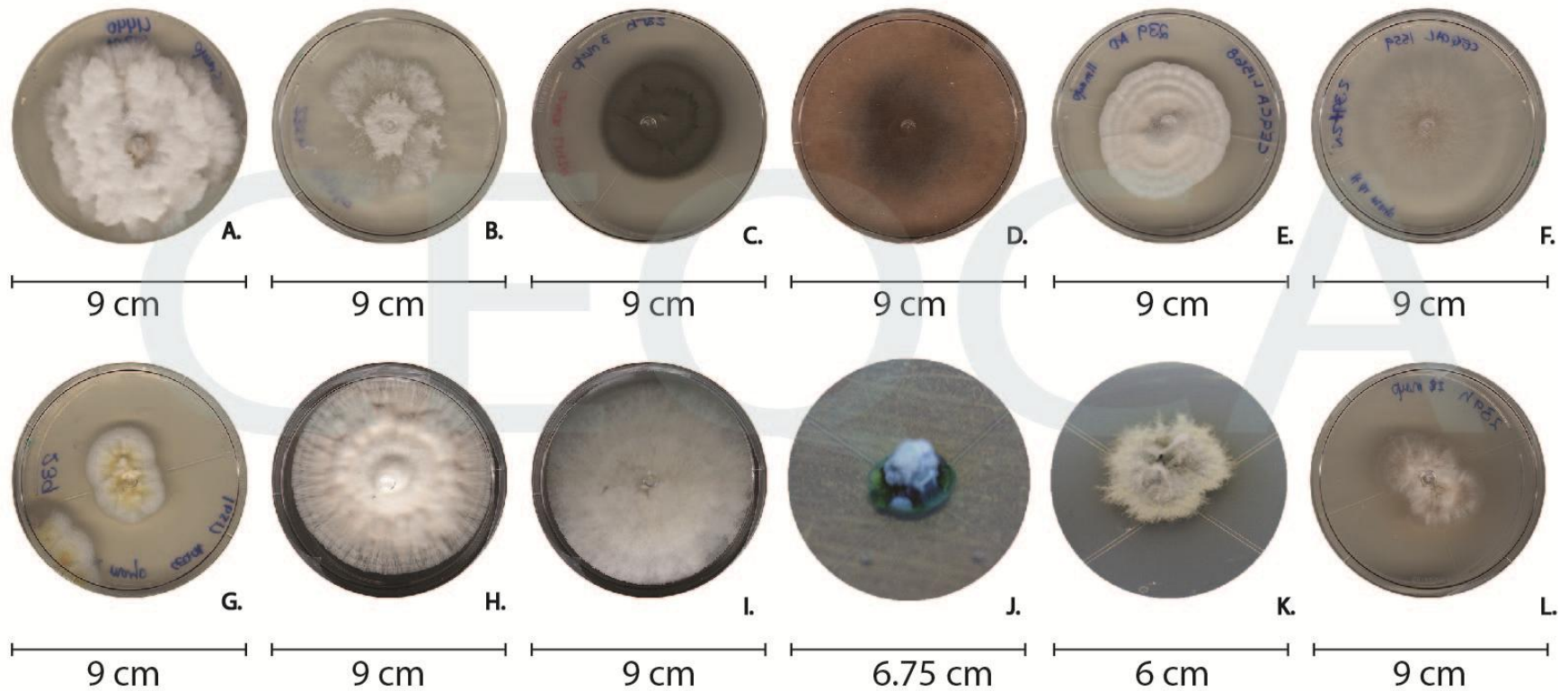
- Villota, S.D. 2012. Evaluación de la dinámica poblacional en especies simpátricas de *Polylepis* en el páramo de la Virgen, provincia de Napo y Pichincha mediante marcadores moleculares. Tesis Licenciatura, Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Quito, Ecuador.
- Vuille, M., Bradley, R.S., y Keimig, F., 2000. Climate variability in the Andes of Ecuador and its relation to tropical Pacific and Atlantic sea surface temperature anomalies. *Journal of Climate* 13: 2520–2535.
- Wang, Y., Guo, L.D., y Hyde, K.D. 2005. Taxonomic placement of sterile morphotypes of endophytic fungi from *Pinus tabulaeformis* (Pinaceae) in northeast China based on rDNA sequences. *Fungal Divers* 20: 235-260.
- Waterhouse, A.M., Procter, J.B., Martin, D.M., Clamp, M., y Barton, G.J. 2009. Jalview Version 2—a multiple sequence alignment editor and analysis workbench. *Bioinformatics* 25 (9): 1189-1191.
- Wei, Y. K., Gao, Y. B., Zhang, X., Su, D., Wang, Y. H., Xu, H., Feng, L., Ren, A.Z., Chen, L., y Nie, L. Y. 2007. Distribution and diversity of *Epichloë/Neotyphodium* fungal endophytes from different populations of *Achnatherum sibiricum* (Poaceae) in the Inner Mongolia Steppe, China. *Fungal Diversity* 24: 329-345.

White, T.J., Bruns, T., Lee, S., y Taylor., J.W. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics En: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications (M.A. Innis, D.H. Gelfand, T.J. Sninsky y T.J White, eds) pp. 315-322. Academic Press, Inc., New York, U.S.A.

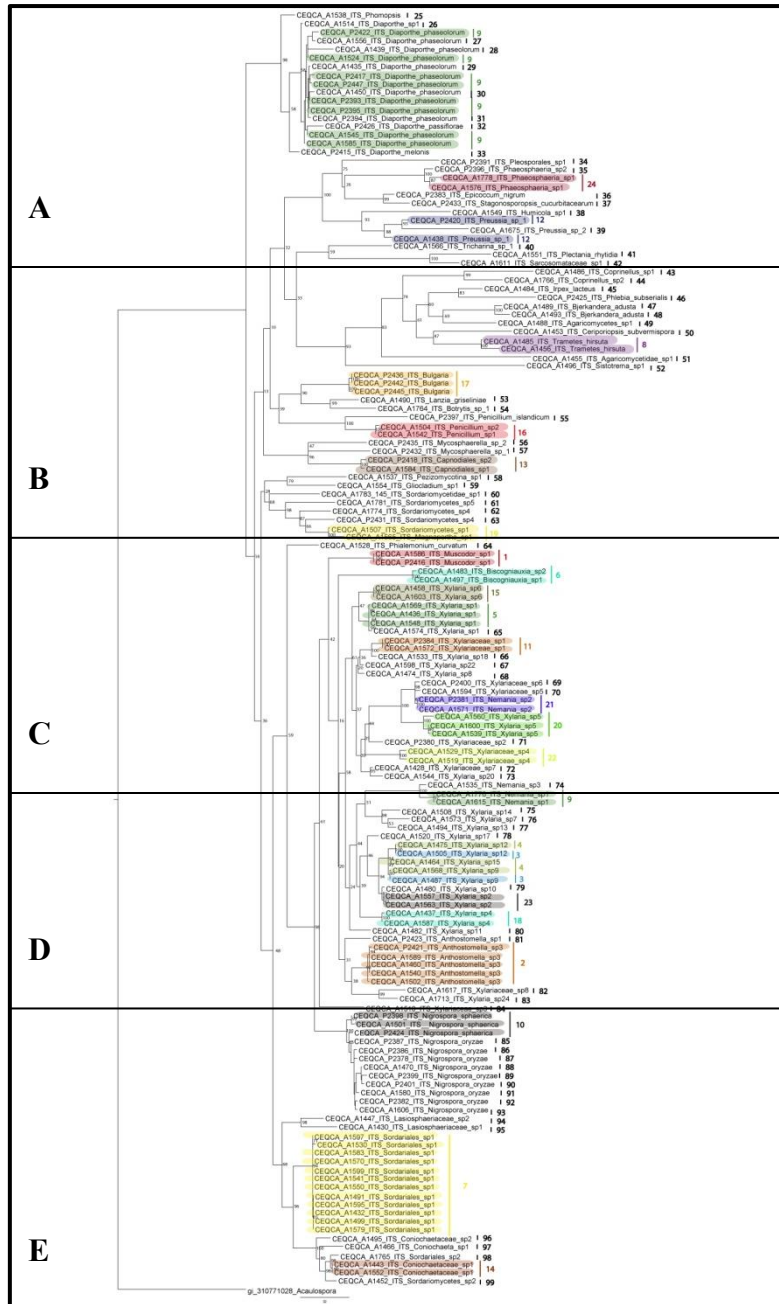
Williams, T.C. 2011. The Microflora of the Huhu Grub. Tesis de Doctorado, Universidad de Waikato, Nueva Zelanda.

Young, K.R., y Leon, B. 2007. Tree-line changes along the Andes: implications of spatial patterns and dynamics. Philosophical Transactions of the Royal Society of London B. Biological Sciences 362: 263-272.

## 9 FIGURAS

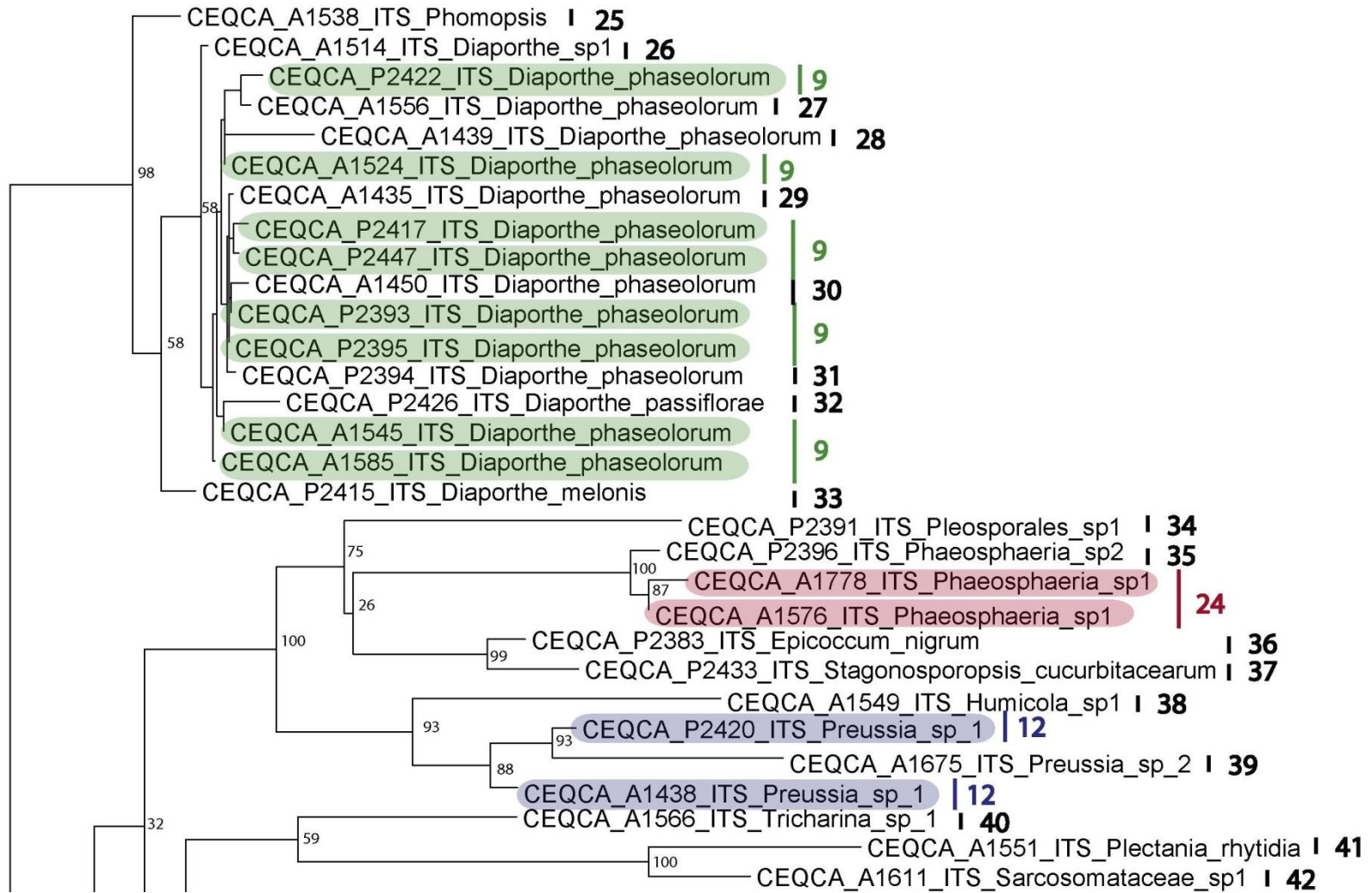


**Figura 1.** Morfotipos de hongos endófitos aislados de *Polylepis* en dos páramos ecuatorianos. **A.** morfotipo 1, **B.** morfotipo 2, **C.** morfotipo 3, **D.** morfotipo 4, **E.** morfotipo 5, **F.** morfotipo 6, **G.** morfotipo 7, **H.** morfotipo 8, **I.** morfotipo 9, **J.** morfotipo 10, **K.** morfotipo 11 y **L.** morfotipo 12. En la parte inferior de cada hongo se observa la escala, que representa la medida real de cada endófito.



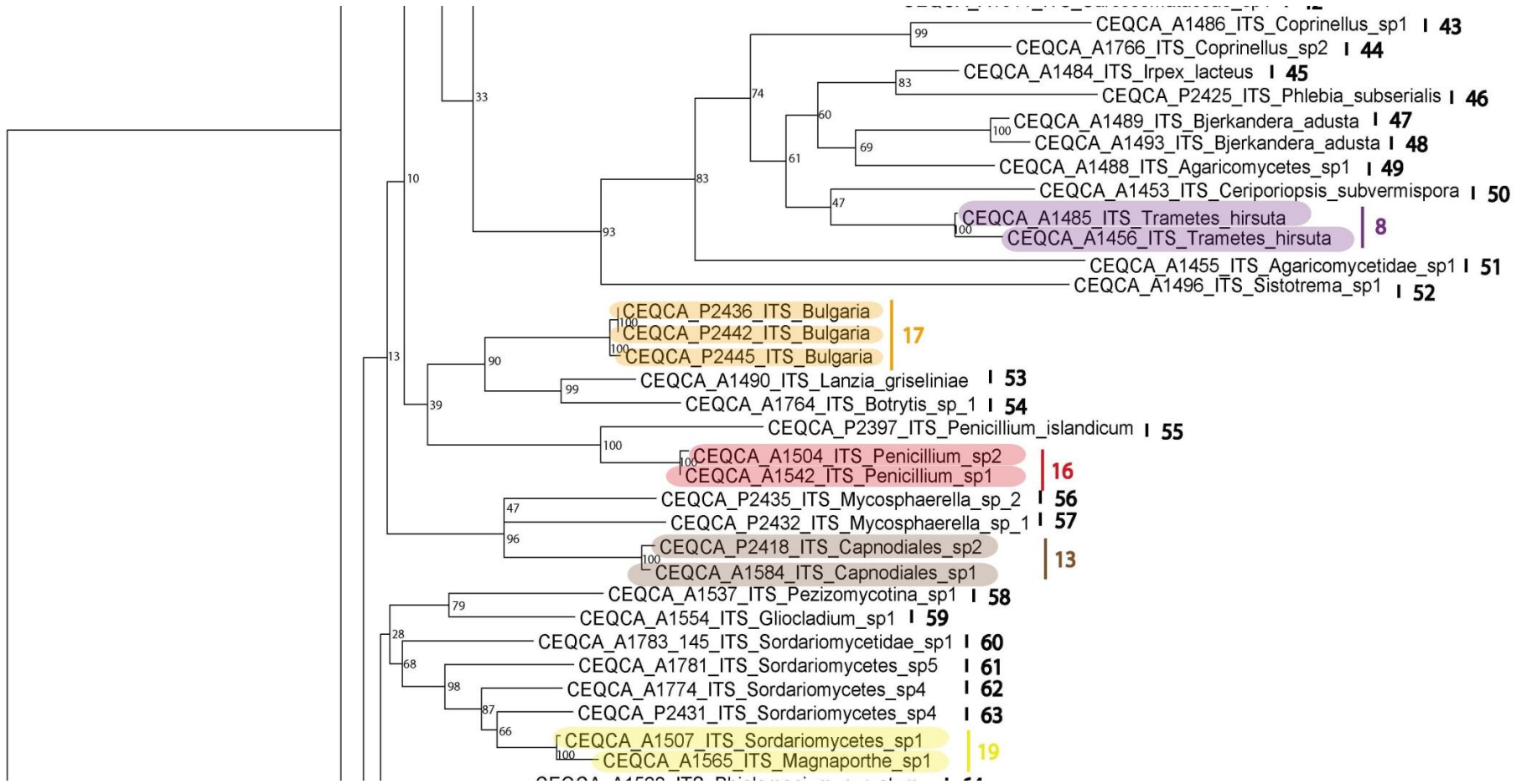
**Figura 2.** Árbol filogenético de máxima verosimilitud para especies de hongos endófitos aislados en hospederos del género *Polylepis* en dos páramos ecuatorianos, basados en la secuencia de la región genómica ITS. Los números a lado de cada nodo representan niveles

de confianza (%) generado de 1000 arboles bootstrap. Las agrupaciones encontradas con el programa Sequencher, que asignó OTU's con un 99% de similaridad, se observan con los diferentes colores, líneas horizontales y números en el lado derecho del árbol (1-99). Como grupo externo se utilizó al género Acaulospora. Se dividió el árbol en cinco secciones para una mayor apreciación de los datos (A-E).



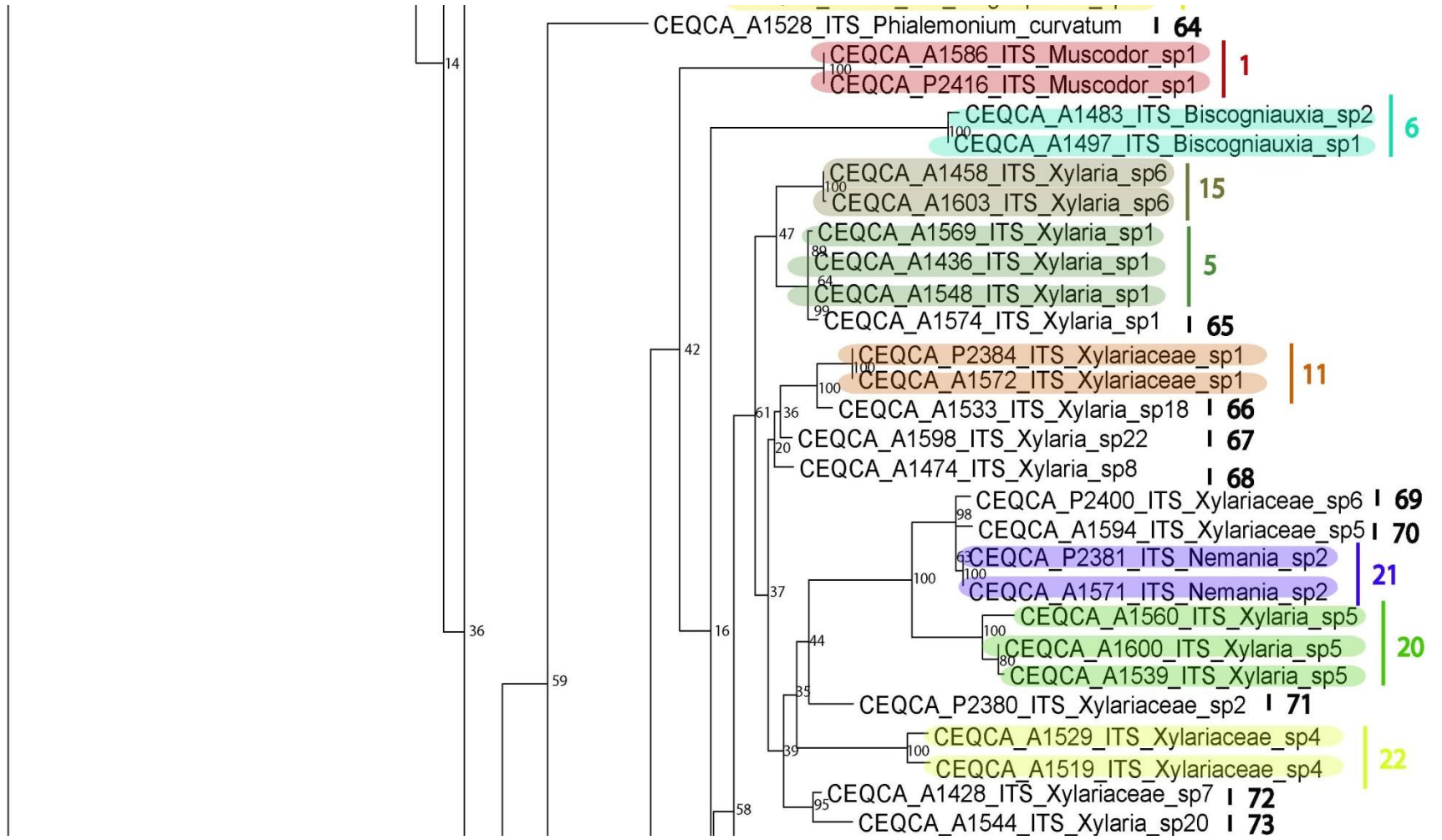
A

Figura 2. Continuación. Sección A



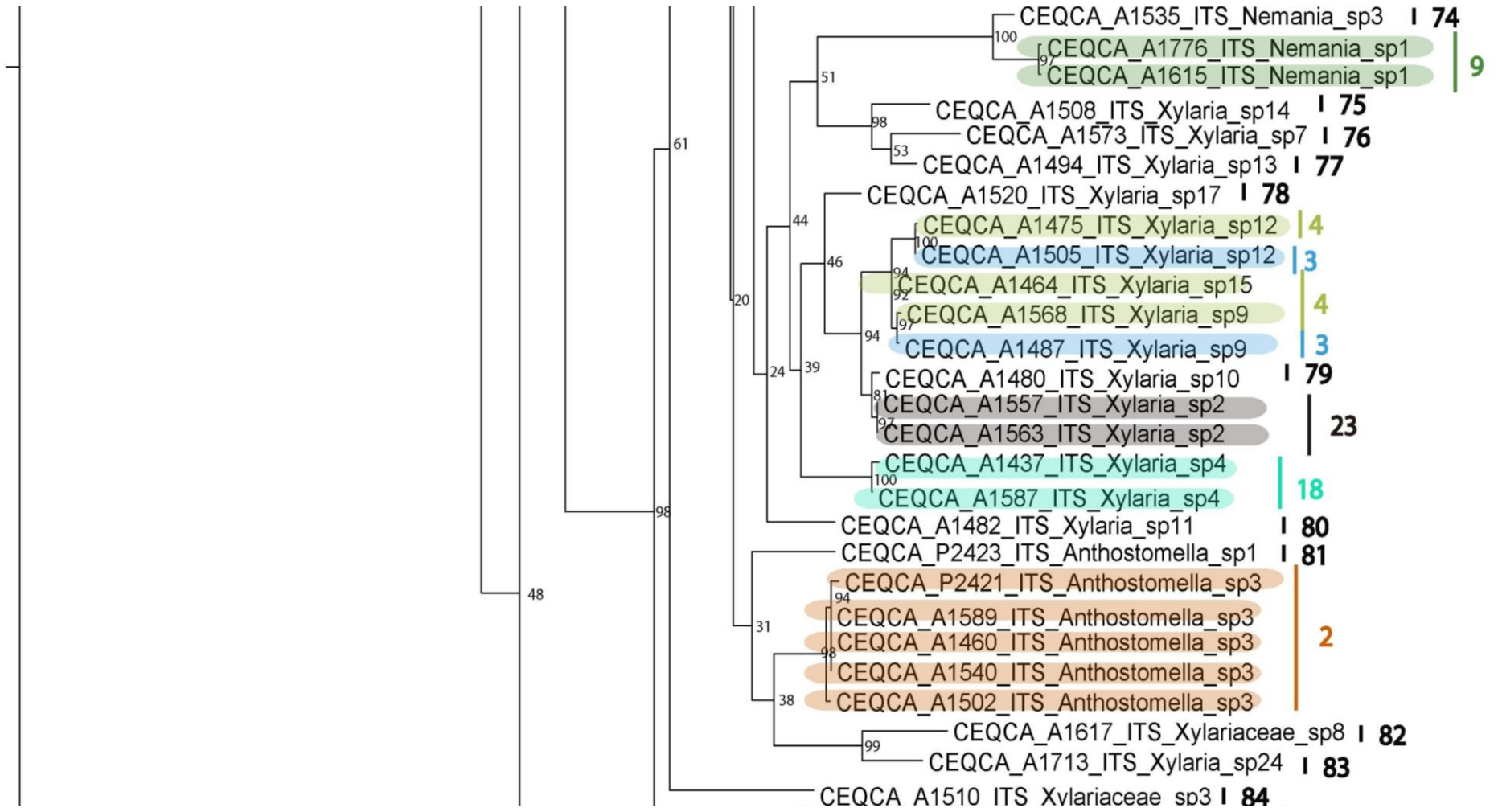
**B**

**Figura 2.** Continuación. Sección B



C

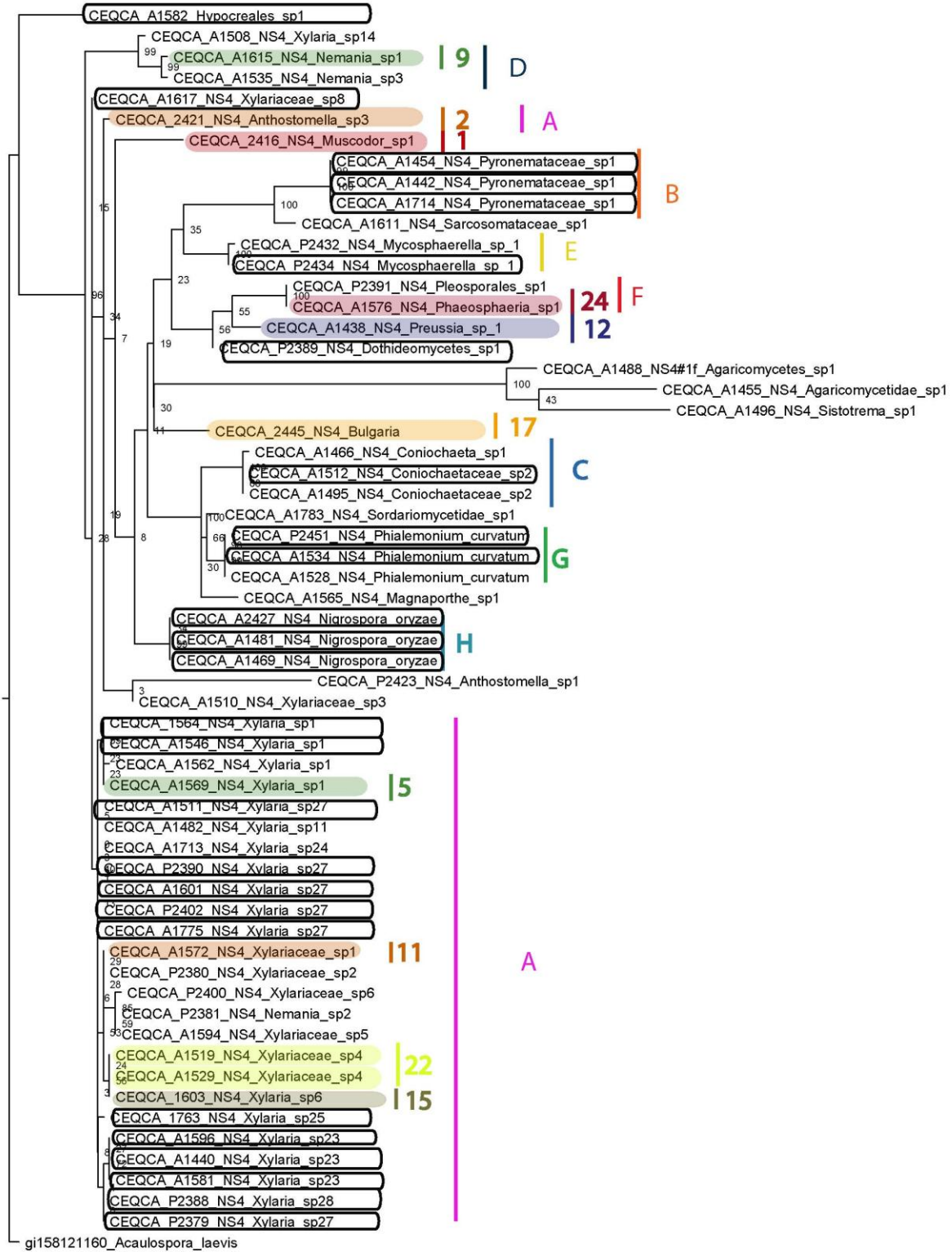
Figura 2. Continuación. Sección C



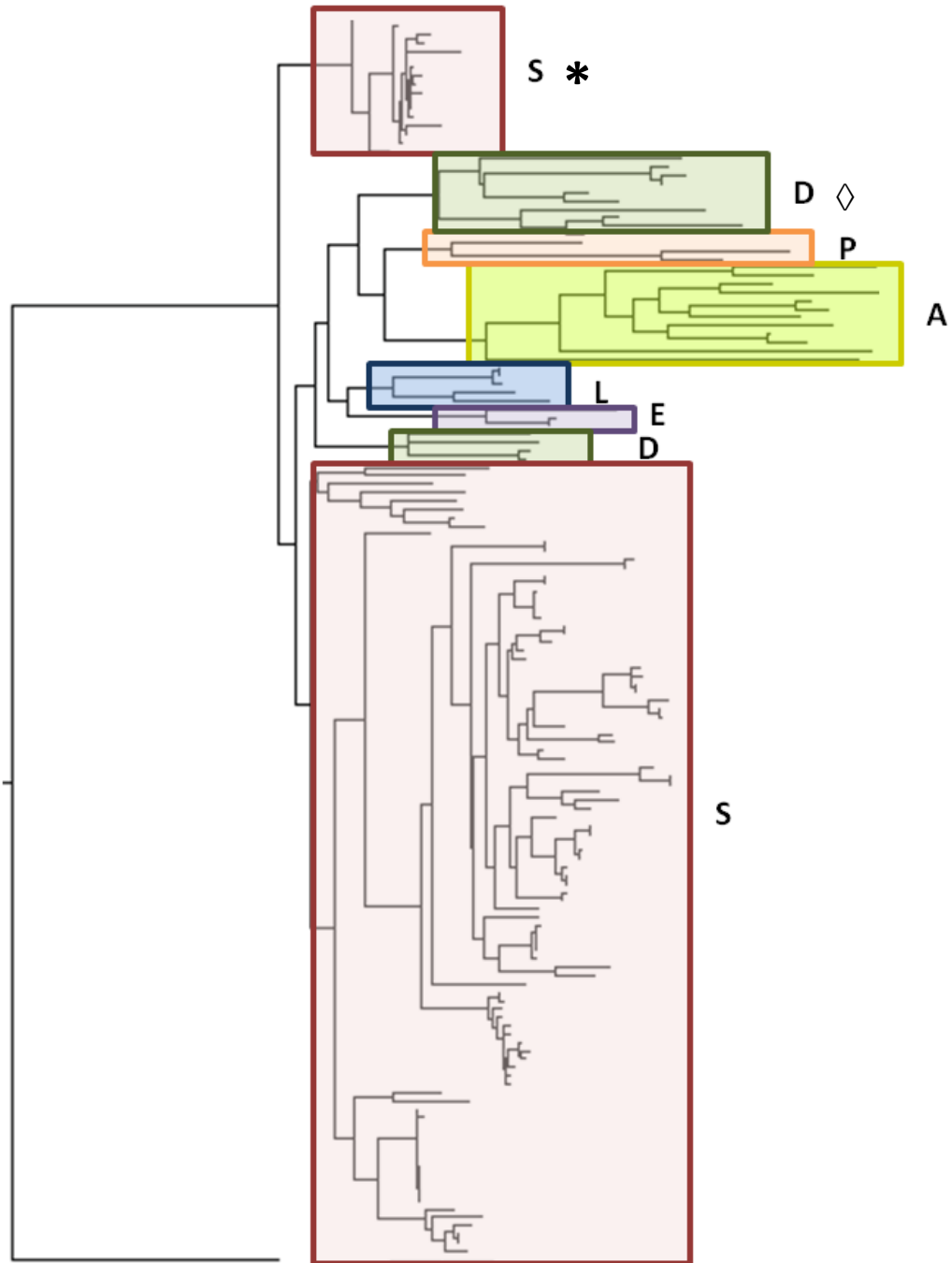
D

Figura 2. Continuación. Sección D



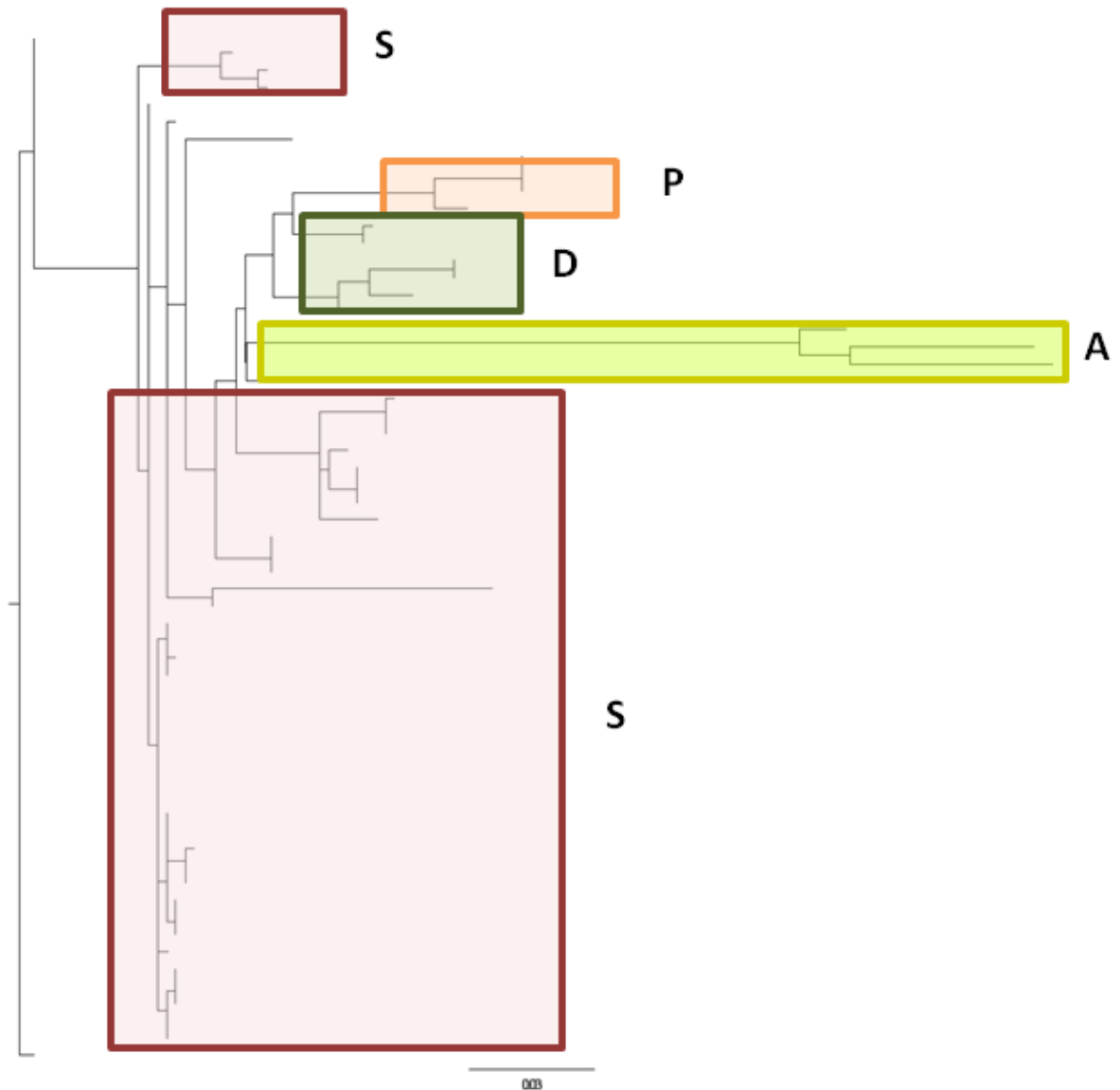


**Figura 3.** Árbol filogenético de máxima verosimilitud para especies de hongos endófitos aislados en hospederos del género *Polylepis* en dos páramos de la subregión norte y sur del Ecuador, basados en la secuencia de la región genómica 18Sr ARN. Los números a lado de cada nodo representan niveles de confianza (%) generado de 1000 arboles bootstrap. Las agrupaciones encontradas con el programa Sequencher, que asignó OTU's con un 99% de similaridad, se observan en el lado derecho del árbol, con los diferentes colores, líneas horizontales y números para los que fueron asignados por ITS y letras para los asignados por el 18Sr ARN. Como grupo externo se utilizó al género *Acaulospora laevis*. En recuadro negro se señalan las secuencias que fueron unicamente secuenciados para el 18Sr ARN.

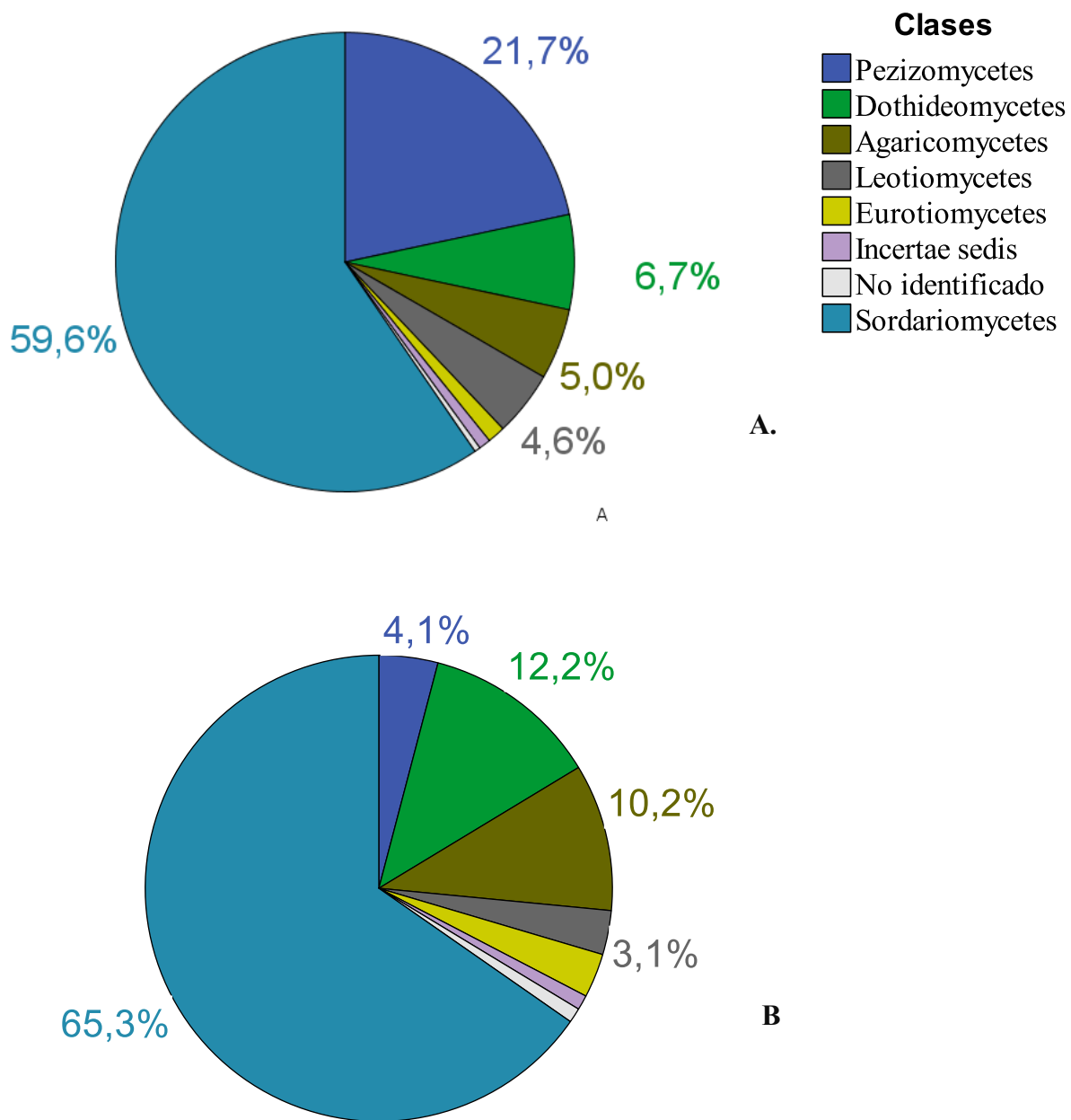


**Figura 4.** Árbol filogenético de máxima verosimilitud sin etiquetas para especies de hongos endófitos, aislados de hospederos del género *Polylepis* en dos páramos ecuatorianos, basados en la secuencia de la región genómica ITS. Se muestran las clase de endófitos a la que pertenecen los clados, siendo S: Sordariomycetes, rosado; D: Dothideomycetes, verde oscuro;

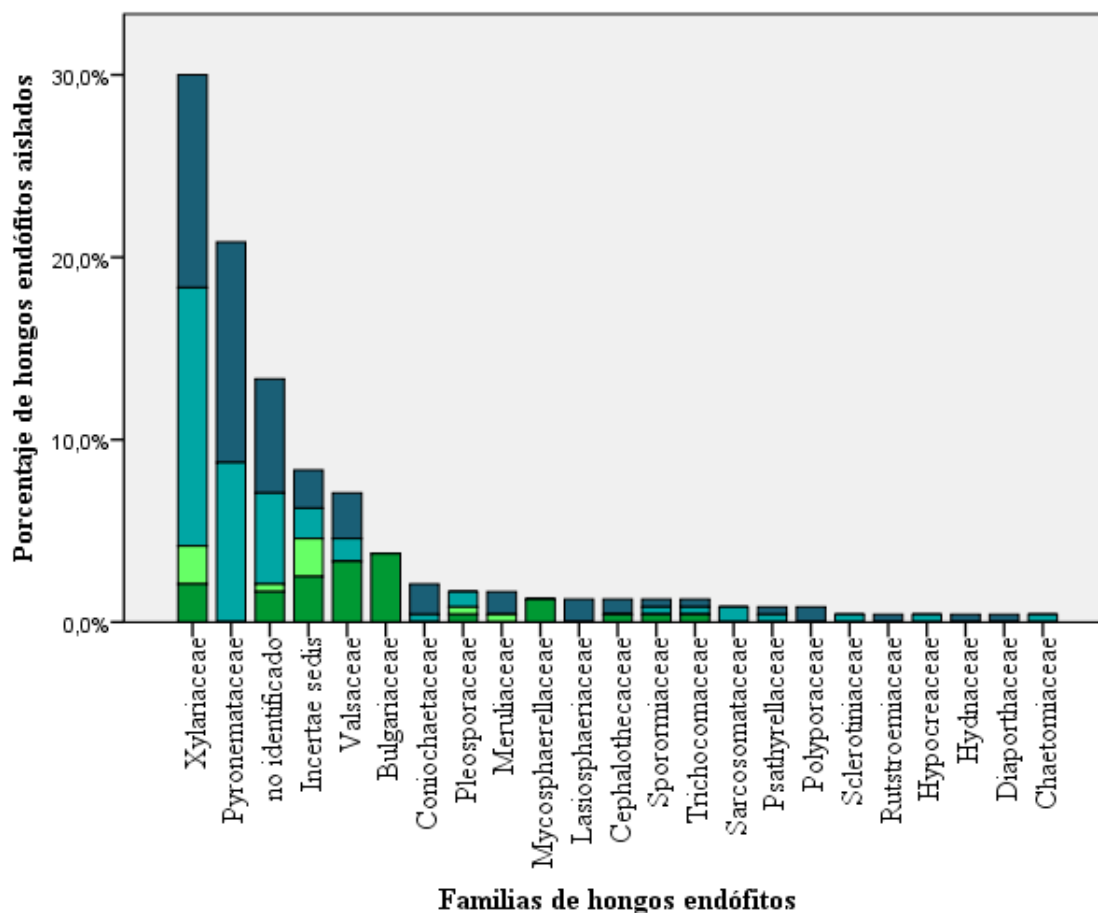
A: Agaricomycetes, amarillo; P: Pezizomycetes, naranja; L: Letiomycetes, azul y E: Euromycetes, lila. Dentro de los Sordariomycetes, el orden Diaporthales (\*) se encuentra en un clado diferente, al igual que los Capnodiales (◇).



**Figura 5.** Árbol filogenético de máxima verosimilitud sin etiquetas para especies de hongos endófitos aislados en hospederos del género *Polylepis* en dos páramos ecuatorianos, basados en la secuencia de la región genómica 18Sr ARN. Se muestran las clases de endófitos a las que pertenecen los clados, siendo S: Sordariomycetes, rosado; D: Dothideomycetes, verde oscuro; A: Agaricomycetes, amarillo; P: Pezizomycetes, naranja.



**Figura 6.** Clases de endófitos aislados dentro de hospederos del género *Polylepis* en Páramos ecuatorianos. **(A)** porcentaje de aislados obtenidos para cada clase (n=240 aislados). **(B)** porcentaje de especies de endófitos dentro de cada clase (n= 98 especies).

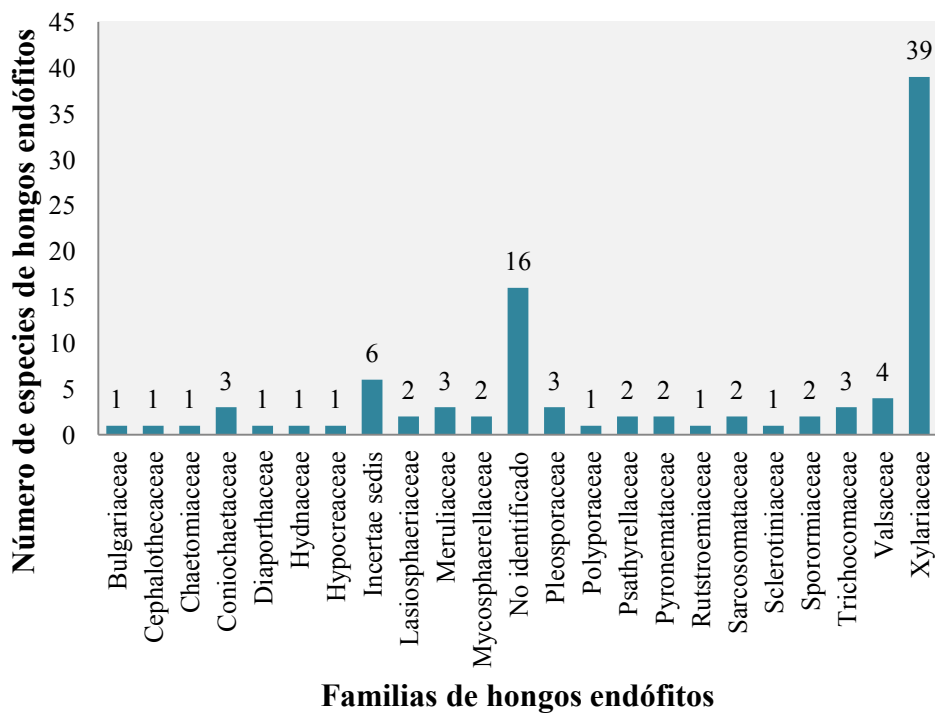


**Figura 7.** Comparación de familias de hongos endófitos en base al porcentaje de aislados.

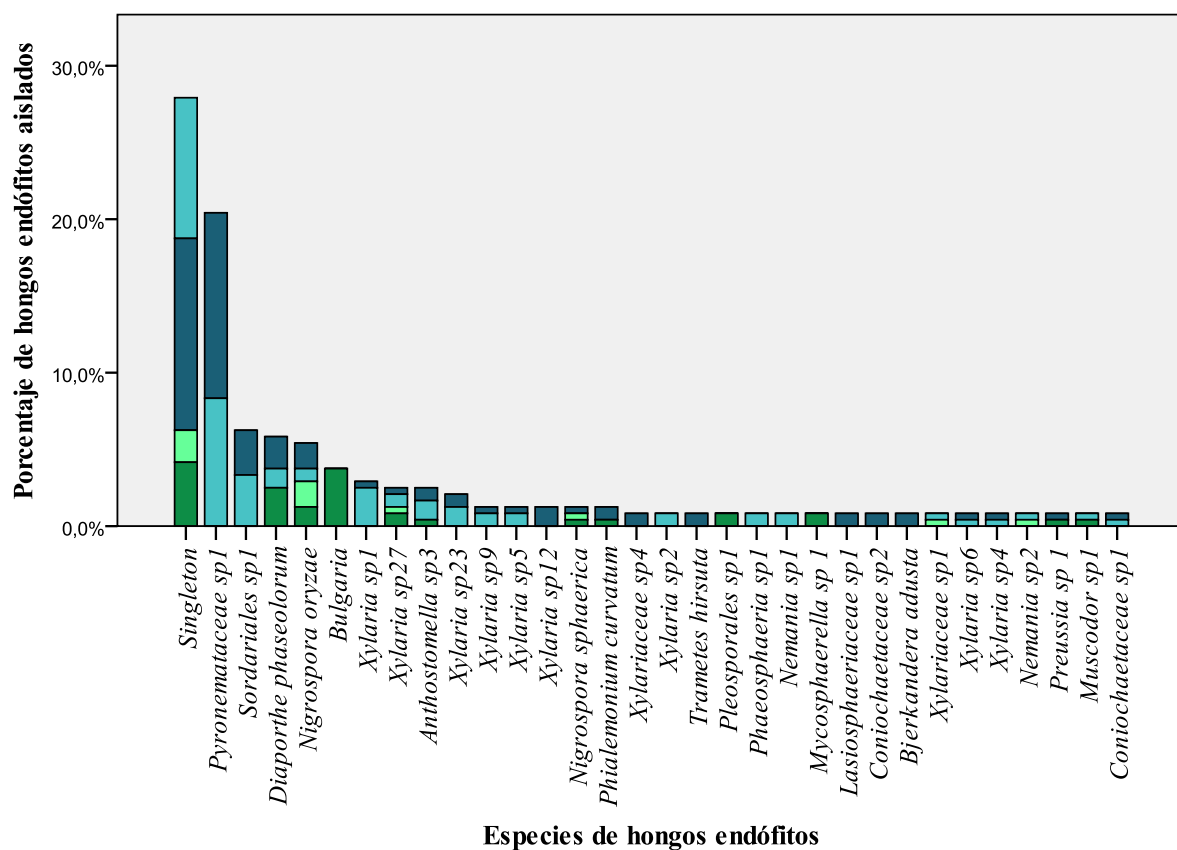
Los diferentes colores representan especies de plantas hospederas en diferentes localidades:

■ *P. incana* en el páramo del Cajas, ■ *P. lanuginosa* en el páramo del Cajas, ■ *P. incana*

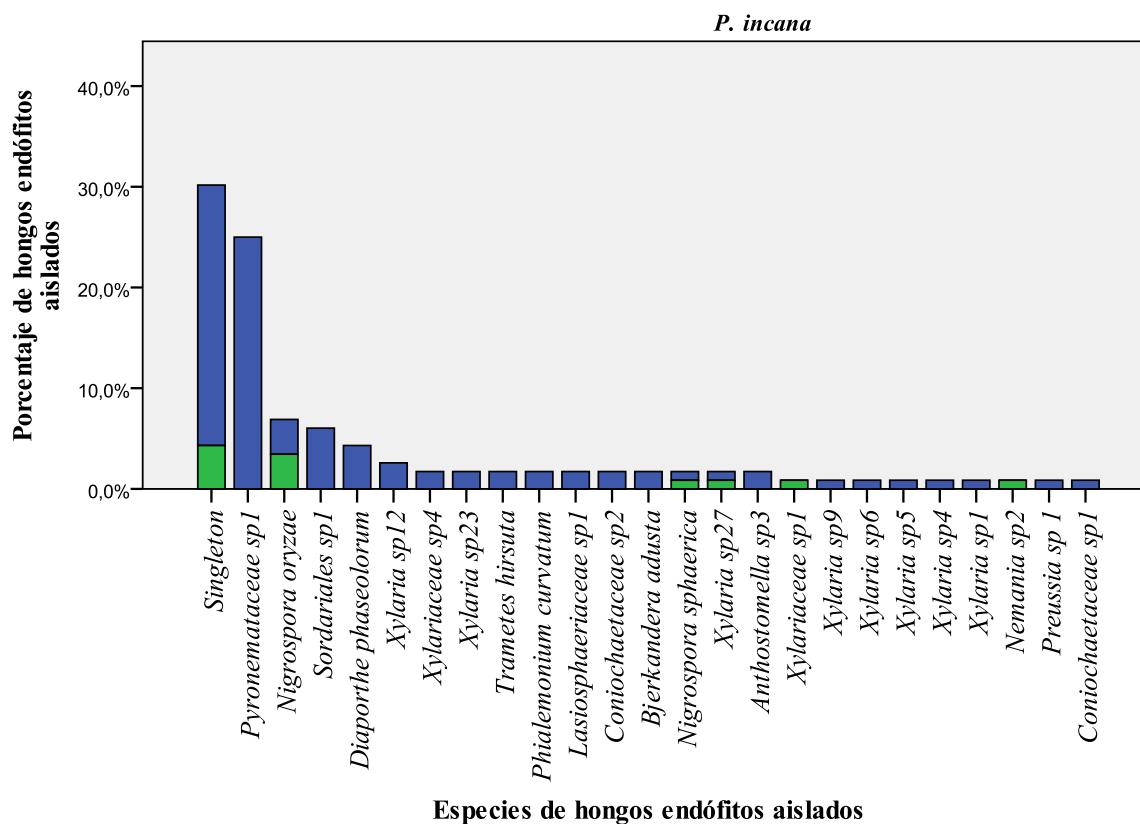
en el páramo de la Virgen ■ *P. pauta* en el páramo de la Virgen. n=240 aislados.



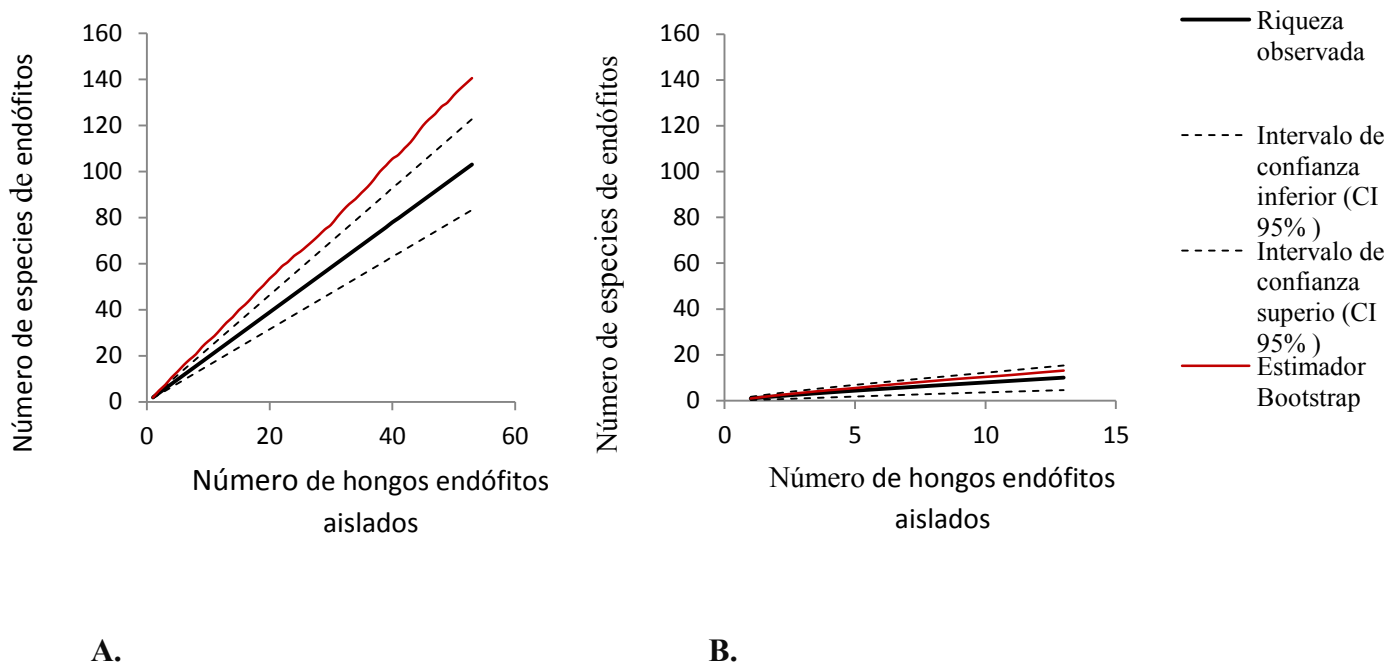
**Figura 8.** Comparación de familias de hongos endófitos en base al número de especies de hongos endófitos encontrados en *Polylepis*. Sobre cada barra se observa el número de endófitos encontrados en cada familia.



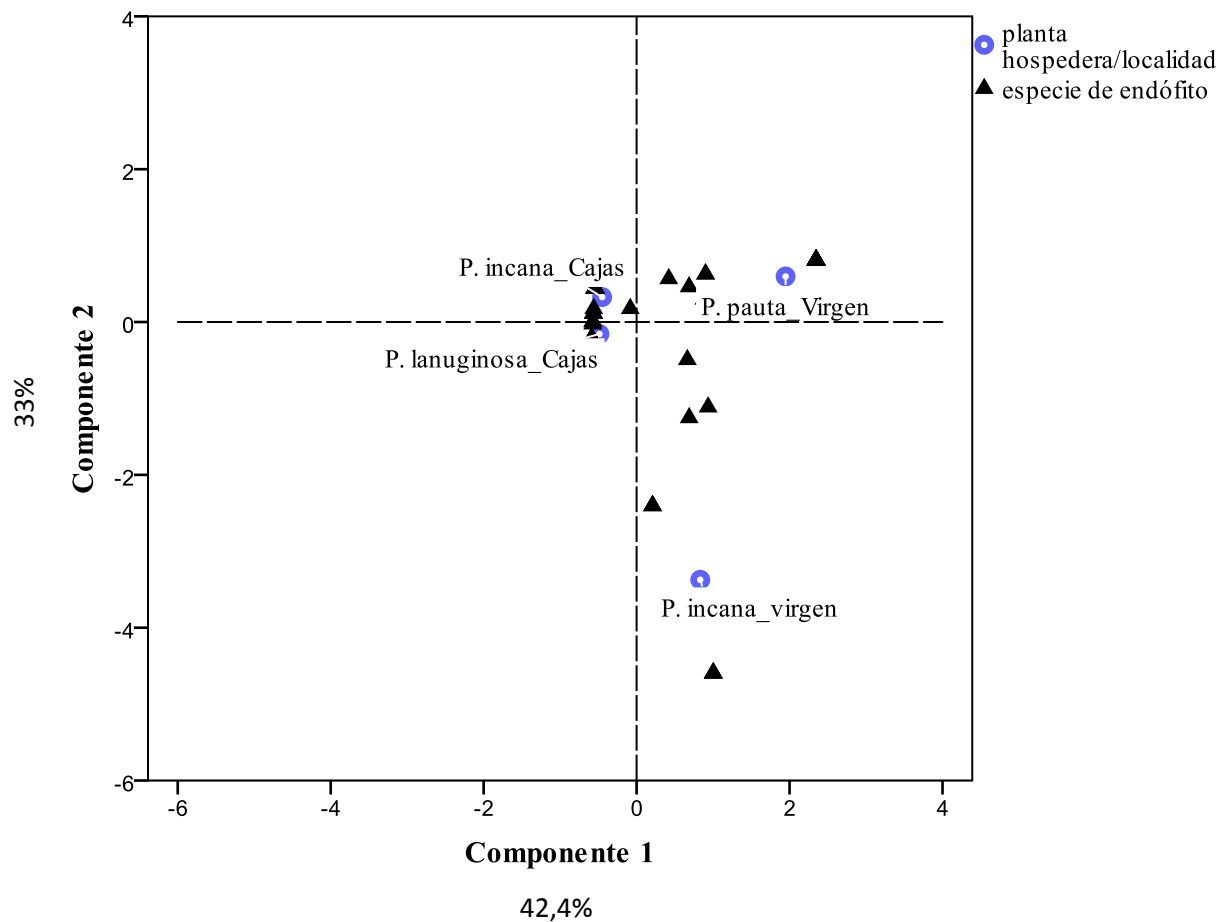
**Figura 9.** Comparación de especies de hongos endófitos en base al porcentaje de individuos aislados, en las plantas hospederas del género *Polylepis* para las dos localidades. Los diferentes colores representan las especies de plantas hospederas en diferentes localidades: ■ *P. incana* en el páramo del Cajas, ■ *P. lanuginosa* en el páramo del Cajas, ■ *P. incana* en el páramo de la Virgen ■ *P. pauta* en el páramo de la Virgen. n=240 aislados. Se agruparon en la categoría de singletons a los endófitos que fueron aislados por una sola ocasión



**Figura 10.** Abundancia de especies de endófitos aislados en *P. incana* para dos páramos. Número de aislados (n=116), Los diferentes colores representan las localidades representantes de cada subregión: ■ subregión norte (páramo de la Virgen), ■ subregión sur (páramo del Cajas). Siendo el Páramo de la Virgen el que presenta menor abundancia y número de especies.



**Figura 11.** Curvas de abundancia de endófitos aislados para *P. incana* en dos páramos ecuatorianos. Ambas curvas relacionan el número de aislados (Eje X) con las especies encontradas (Eje Y). **A.** *P. incana* del páramo del Cajas y **B.** *P. incana* del páramo de la Virgen. Estimado de bootstrap (línea roja) sobrepasa el intervalo de confianza superior en el páramo del Cajas (línea punteada), a diferencia que el de la Virgen, donde se observa un muestreo completo.



**Figura 12.** Análisis de Correspondencia entre especies de hongos endófitos y plantas hospederas del género *Polylepis* en dos páramos ecuatorianos. La dimensión 1 explica el 42,4% de la variación encontrada, mientras que el componente 2 el 33%. Los círculos representan las especies de *Polylepis* en diferentes localidades, los triángulos las especies de endófitos aislados.

**10. TABLAS**

**Tabla 1.** Cebadores utilizados para la identificación molecular de hongos endófitos asociados a *Polylepis* (White et al., 1990)

<b>CEBADORES</b>	<b>SECUENCIA (5'-3')</b>	<b>REGIÓN QUE AMPLIFICA</b>
<b>ITS-1</b>	5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3'	Espaciador interno transcrito del ADN ribosomal (ITS)
<b>ITS-4</b>	5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'	
<b>NS4</b>	5'-TTAAAAAGCTCGTAGTTGAAC-3'	Subunidad 18SrARN
<b>SR7R</b>	5'-CTTCCGTCAATTCCTTTAAG-3'	

**Tabla 2.** Localización geográfica y altitudinal de las localidades de colección de las tres especies de *Polylepis* (n=6). Páramo de la Virgen: *P. incana* (n=2), *P. lanuginosa* (n=1). Páramo del Cajas: *P. incana* (n=2), *P. pauta* (n=1).

<b>Código del individuo</b>	<b>Especie</b>	<b>Localidad</b>	<b>Coordenadas</b>	<b>Altitud m.s.n.m</b>	<b>Número de fragmentos analizados</b>
BOP235	<i>Polylepis incana</i>	Páramo del Cajas	2.8058S_79.3194W	3359	144
BOP239	<i>Polylepis lanuginosa</i>	Páramo del Cajas	2.8058S_79.2929W	3576	192
BOP240	<i>Polylepis incana</i>	Páramo del Cajas	2.8058S_79.2929W	3576	144
PV350	<i>Polylepis incana</i>	Páramo de la Virgen	0.31473S_78.2295W	4.000	144
PV352	<i>Polylepis incana</i>	Páramo de la Virgen	0.31937S_78.20924W	4032	144
PV357	<i>Polylepis pauta</i>	Páramo de la Virgen	0.31951S_78.20912W	4.033	192

**Tabla 3.** Identificación de los endófitos aislados de *Polylepis* en dos localidades de páramos ecuatorianos. Las especies de endófitos están organizadas dentro de cada localidad (P.C. Páramo del Cajas; P.V. Páramo de la Virgen), se registra la especie de hospedero y planta de la cual se aisló cada endófito. También se anota el morfotipo asignado para los endófitos, así como el o los genes que se amplificaron para cada aislado.

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
1	CEQCA-A1488	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Agaricomycetes sp1</i>
2	CEQCA-A1497	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Biscogniauxia sp1</i>
3	CEQCA-A1483	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Biscogniauxia sp2</i>
4	CEQCA-A1489	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Bjerkandera adusta</i>
5	CEQCA-A1493	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Bjerkandera adusta</i>
6	CEQCA-A1453	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Ceriporiopsis subvermispora</i>
7	CEQCA-A1443	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Coniochaetaceae sp1</i>
8	CEQCA-A1495	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Coniochaetaceae sp2</i>
9	CEQCA-A1512	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Coniochaetaceae sp2</i>
10	CEQCA-A1486	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Coprinellus sp1</i>
11	CEQCA-A1434	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	2	ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
12	CEQCA-A1435	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO SECUENCIADO	2	ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
13	CEQCA-A1439	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
14	CEQCA-A1450	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
15	CEQCA-A1524	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
16	CEQCA-A1514	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe sp1</i>
17	CEQCA-A1484	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Irpex lacteus</i>
18	CEQCA-A1490	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Lanzia griseliniae</i>
19	CEQCA-A1429	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	3	ITS	<i>Lasiosphaeriaceae sp1</i>
20	CEQCA-A1430	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIADO	3	ITS	<i>Lasiosphaeriaceae sp1</i>
21	CEQCA-A1447	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Lasiosphaeriaceae sp2</i>
22	CEQCA-A1481	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Nigrospora oryzae</i>
23	CEQCA-A2427	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Nigrospora oryzae</i>
24	CEQCA-A1528	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Phialemonium curvatum</i>
25	CEQCA-A1534	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Phialemonium curvatum</i>
26	CEQCA-A1538	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Phomopsis</i>
27	CEQCA-A1438	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Preussia sp 1</i>
28	CEQCA-A1431	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
29	CEQCA-A1442	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIADO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
30	CEQCA-A1444	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
31	CEQCA-A1446	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
32	CEQCA-A1449	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
33	CEQCA-A1451	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
34	CEQCA-A1492	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
35	CEQCA-A1515	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
36	CEQCA-A1517	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
37	CEQCA-A1518	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
38	CEQCA-A1523	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
39	CEQCA-A1525	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
40	CEQCA-A1531	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
41	CEQCA-A1532	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
42	CEQCA-A1496	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA MORFOTIPO		ITS/18Sr ARN	<i>Sistotrema sp1</i>
43	CEQCA-A1432	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIADO	7	ITS	<i>Sordariales sp1</i>
44	CEQCA-A1448	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	7	ITS	<i>Sordariales sp1</i>
45	CEQCA-A1491	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
46	CEQCA-A1499	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
47	CEQCA-A1513	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	7	ITS	<i>Sordariales sp1</i>
48	CEQCA-A1522	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	7	ITS	<i>Sordariales sp1</i>
49	CEQCA-A1530	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
50	CEQCA-A1452	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariomycetes sp2</i>
51	CEQCA-A1781	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariomycetes sp5</i>
52	CEQCA-A1485	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Trametes hirsuta</i>
53	CEQCA-A1436	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp1</i>
54	CEQCA-A1480	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp10</i>
55	CEQCA-A1482	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylaria sp11</i>
56	CEQCA-A1494	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp13</i>
57	CEQCA-A1520	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp17</i>
58	CEQCA-A1533	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp18</i>

**Tabla 3.** Continuación

CÓDIGO CEQCA	LOCALIDAD	CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA	ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA	METODO DE IDENTIFICACION	NOMBRE MORFO-TIPO	GEN SECUENCIA-DO	IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO
59	CEQCA-A1440	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO SECUENCIADO	1	18Sr ARN <i>Xylaria sp23</i>
60	CEQCA-A1441	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	1	18Sr ARN <i>Xylaria sp23</i>
61	CEQCA-A1511	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA	18Sr ARN	<i>Xylaria sp27</i>
62	CEQCA-A1437	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Xylaria sp4</i>
63	CEQCA-A1487	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Xylaria sp9</i>
64	CEQCA-A1519	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA	ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp4</i>
65	CEQCA-A1529	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA	ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp4</i>
66	CEQCA-A1428	P.C.	BOP235	<i>P. incana</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Xylariaceae sp7</i>
67	CEQCA-A1540	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO SECUENCIADO	6	ITS <i>Anthostomella sp3</i>
68	CEQCA-A1559	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO MORFOTIPO	6	ITS <i>Anthostomella sp3</i>
69	CEQCA-A1589	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO SECUENCIADO	6	ITS <i>Anthostomella sp3</i>
70	CEQCA-A1764	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Botrytis sp 1</i>
71	CEQCA-A1584	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Capnodiales sp1</i>
72	CEQCA-A1552	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Coniochaetaceae sp1</i>
73	CEQCA-A1766	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Coprinellus sp2</i>
74	CEQCA-A1545	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
75	CEQCA-A1556	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
76	CEQCA-A1585	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
77	CEQCA-A1554	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Gliocladium sp1</i>
78	CEQCA-A1549	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	ITS	<i>Humicola sp1</i>
79	CEQCA-A1582	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA	18Sr ARN	<i>Hypocreales sp1</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
80	CEQCA-A1565	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Magnaporthe sp1</i>
81	CEQCA-A1586	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Muscodor sp1</i>
82	CEQCA-A1615	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Nemania sp1</i>
83	CEQCA-A1776	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nemania sp1</i>
84	CEQCA-A1571	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nemania sp2</i>
85	CEQCA-A1580	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
86	CEQCA-A1606	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
87	CEQCA-A1542	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Penicillium sp1</i>
88	CEQCA-A1576	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Phaeosphaeria sp1</i>
89	CEQCA-A1778	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Phaeosphaeria sp1</i>
90	CEQCA-A1551	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Plectania rhytidia</i>
91	CEQCA-A1675	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Preussia sp 2</i>
92	CEQCA-A1543	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
93	CEQCA-A1553	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
94	CEQCA-A1558	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
95	CEQCA-A1561	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
96	CEQCA-A1575	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
97	CEQCA-A1578	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
98	CEQCA-A1588	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
99	CEQCA-A1593	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
100	CEQCA-A1602	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
101	CEQCA-A1605	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
102	CEQCA-A1607	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
103	CEQCA-A1608	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
104	CEQCA-A1609	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
105	CEQCA-A1610	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
106	CEQCA-A1613	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
107	CEQCA-A1618	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
108	CEQCA-A1712	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
109	CEQCA-A1714	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO			
110	CEQCA-A1767	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIADO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
111	CEQCA-A1768	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
112	CEQCA-A1611	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO			
113	CEQCA-A1541	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIADO	7	ITS/18Sr ARN	<i>Sordariales sp1</i>
114	CEQCA-A1550	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
115	CEQCA-A1570	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
116	CEQCA-A1579	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
117	CEQCA-A1583	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
118	CEQCA-A1595	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
119	CEQCA-A1597	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
120	CEQCA-A1599	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp1</i>
121	CEQCA-A1765	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariales sp2</i>
122	CEQCA-A1774	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariomycetes sp4</i>
123	CEQCA-A1566	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Tricharina sp 1</i>
124	CEQCA-A1546	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO			
125	CEQCA-A1547	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIADO	12	18Sr ARN	<i>Xylaria sp1</i>
126	CEQCA-A1548	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO	12	18Sr ARN	<i>Xylaria sp1</i>
127	CEQCA-A1562	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp1</i>
128	CEQCA-A1564	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp1</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
129	CEQCA-A1569	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylaria sp1</i>
130	CEQCA-A1574	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp1</i>
131	CEQCA-A1557	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp2</i>
132	CEQCA-A1563	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp2</i>
133	CEQCA-A1544	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp20</i>
134	CEQCA-A1598	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp22</i>
135	CEQCA-A1577	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO MORFOTIPO	1	18Sr ARN	<i>Xylaria sp23</i>
136	CEQCA-A1581	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIADO MORFOTIPO	1	18Sr ARN	<i>Xylaria sp23</i>
137	CEQCA-A1596	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIADO	1	18Sr ARN	<i>Xylaria sp23</i>
138	CEQCA-A1713	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylaria sp24</i>
139	CEQCA-A1763	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp25</i>
140	CEQCA-A1601	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp27</i>
141	CEQCA-A1775	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp27</i>
142	CEQCA-A1587	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp4</i>
143	CEQCA-A1560	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp5</i>
144	CEQCA-A1600	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp5</i>
145	CEQCA-A1603	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylaria sp6</i>
146	CEQCA-A1573	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp7</i>
147	CEQCA-A1567	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	MORFOTIPO MORFOTIPO	5	ITS	<i>Xylaria sp9</i>
148	CEQCA-A1568	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIADO	5	ITS	<i>Xylaria sp9</i>
149	CEQCA-A1572	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp1</i>
150	CEQCA-A1594	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp5</i>
151	CEQCA-A1617	P.C.	BOP239	<i>P. lanuginosa</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp8</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
152	CEQCA-A1455	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Agaricomycetidae sp1</i>
153	CEQCA-A1460	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Anthostomella sp3</i>
154	CEQCA-A1502	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Anthostomella sp3</i>
155	CEQCA-A1466	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Coniochaeta sp1</i>
156	CEQCA-A1535	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Nemania sp3</i>
157	CEQCA-A1469	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Nigrospora oryzae</i>
158	CEQCA-A1470	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae Nigrospora sphaerica</i>
159	CEQCA-A1501	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Penicillium sp2</i>
160	CEQCA-A1504	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Penicillium sp2</i>
161	CEQCA-A1537	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA MORFOTIPO		ITS	<i>Pezizomycotina sp1</i>
162	CEQCA-A1454	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIADO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
163	CEQCA-A1457	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
164	CEQCA-A1459	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
165	CEQCA-A1461	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
166	CEQCA-A1462	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
167	CEQCA-A1463	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
168	CEQCA-A1465	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
169	CEQCA-A1468	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
170	CEQCA-A1471	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
171	CEQCA-A1472	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
172	CEQCA-A1473	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
173	CEQCA-A1477	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
174	CEQCA-A1478	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
175	CEQCA-A1503	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
176	CEQCA-A1782	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO	4	18Sr ARN	<i>Pyronemataceae sp1</i>
177	CEQCA-A1507	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariomycetes sp1</i> <i>Sordariomycetidae</i>
178	CEQCA-A1783	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>sp1</i>
179	CEQCA-A1456	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Trametes hirsuta</i>
180	CEQCA-A1475	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp12</i>
181	CEQCA-A1479	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	MORFOTIPO MORFOTIPO	8	ITS	<i>Xylaria sp12</i>
182	CEQCA-A1505	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIADO	8	ITS	<i>Xylaria sp12</i>
183	CEQCA-A1508	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylaria sp14</i>
184	CEQCA-A1464	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp15</i>
185	CEQCA-A1539	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp5</i>
186	CEQCA-A1458	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp6</i>
187	CEQCA-A1474	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylaria sp8</i>
188	CEQCA-A1510	P.C.	BOP240	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp3</i>
189	CEQCA-P2378	P.V.	PV350	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
190	CEQCA-P2399	P.V.	PV350	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
191	CEQCA-P2431	P.V.	PV350	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Sordariomycetes sp6</i>
192	CEQCA-P2379	P.V.	PV350	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp27</i>
193	CEQCA-P2380	P.V.	PV350	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp2</i>
194	CEQCA-P2383	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Epicoccum nigrum</i>
195	CEQCA-P2381	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Nemania sp2</i>
196	CEQCA-P2382	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
197	CEQCA-P2401	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
198	CEQCA-P2424	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora sphaerica</i>
199	CEQCA-P2425	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Phlebia subserialis</i>
200	CEQCA-P2384	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Xylariaceae sp1</i>
201	CEQCA-P2400	P.V.	PV352	<i>P. incana</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Xylariaceae sp6</i>
202	CEQCA-P2423	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Anthostomella sp1</i>
203	CEQCA-P2421	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA MORFOTIPO		ITS/18Sr ARN	<i>Anthostomella sp3</i>
204	CEQCA-P2436	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIADO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
205	CEQCA-P2440	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
206	CEQCA-P2441	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO MORFOTIPO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
207	CEQCA-P2442	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIADO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
208	CEQCA-P2443	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO MORFOTIPO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
209	CEQCA-P2445	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIADO	10	ITS/18Sr ARN	<i>Bulgaria</i>
210	CEQCA-P2448	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
211	CEQCA-P2449	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
212	CEQCA-P2450	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO	10	ITS	<i>Bulgaria</i>
213	CEQCA-P2418	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Capnodiales sp2</i>
214	CEQCA-P2415	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe melonis Diaporthe passiflorae</i>
215	CEQCA-P2426	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
216	CEQCA-P2393	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
217	CEQCA-P2394	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
218	CEQCA-P2395	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
219	CEQCA-P2417	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
220	CEQCA-P2422	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
221	CEQCA-P2447	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Diaporthe phaseolorum</i>
222	CEQCA-P2389	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Dothideomycetes sp1</i>
223	CEQCA-P2416	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Muscodor sp1</i>
224	CEQCA-P2432	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS/18Sr ARN	<i>Mycosphaerella sp 1</i>
225	CEQCA-P2434	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Mycosphaerella sp 1</i>
226	CEQCA-P2435	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Mycosphaerella sp 2</i>
227	CEQCA-P2385	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO	9	ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
228	CEQCA-P2386	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA MORFOTIPO		ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
229	CEQCA-P2387	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIADO	9	ITS	<i>Nigrospora oryzae</i>
230	CEQCA-P2398	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Nigrospora sphaerica</i>
231	CEQCA-P2397	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Penicillium islandicum</i>
232	CEQCA-P2396	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Phaeosphaeria sp2</i>
233	CEQCA-P2451	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA MORFOTIPO		18Sr ARN	<i>Phialemonium curvatum</i>
234	CEQCA-P2391	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIADO	11	ITS/18Sr ARN	<i>Pleosporales sp1</i>

**Tabla 3.** Continuación

	<b>CÓDIGO CEQCA</b>	<b>LOCALIDAD</b>	<b>CÓDIGO DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>ESPECIE DE PLANTA HOSPEDERA</b>	<b>METODO DE IDENTIFICACION</b>	<b>NOMBRE MORFO- TIPO</b>	<b>GEN SECUENCIA- DO</b>	<b>IDENTIFICACIÓN DE ENDÓFITO</b>
235	CEQCA-P2392	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	MORFOTIPO	11	ITS	<i>Pleosporales sp1</i>
236	CEQCA-P2420	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Preussia sp 1</i>
237	CEQCA-P2433	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		ITS	<i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i>
238	CEQCA-P2390	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp27</i>
239	CEQCA-P2402	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp27</i>
240	CEQCA-P2388	P.V.	PV357	<i>P pauta</i>	SECUENCIA		18Sr ARN	<i>Xylaria sp28</i>

**Tabla 4.** Características morfológicas utilizadas para categorizar los morfotipos de hongos endófitos. Caracterización realizada a los 15 días de crecimiento en un cultivo de PDA 1X.

Morfo-tipo	Tamaño a los 15 días	Forma de la colonia	Color en la parte superior	Color de la parte inferior	Elevación <sup>a</sup>	Textura del micelio	Micelio (Aéreo/Inmerso)	Tipo de Borde	Densidad	Efecto en el Medio de cultivo	Número de aislados	Número de secuenciados
1	Placa llena	Irregular	Blanco	Blanco en los bordes, café en el centro	Convexo papiloso	Aterciopelado	Aéreo	Crenado	Medio	Ninguno	5	3
2	Placa llena	Irregular	Blanco, se torna crema cuando crece	Blanco, con el centro crema	Convexo papiloso	Similar a fieltro	Aéreo	Dentado	Medio	Ninguno	2	1
3	4,3 cm	circular	gris	gris negruzco	plano	Liso	Inmerso	Entero	Baja	Ninguno	2	1
4	Placa llena	Irregular	Café claro	Café oscuro	Convexo	Algodonado	Aéreo	Dentado	Alta	Torna al medio de color café	49	3

**Tabla 4.** Continuación

Morfo-tipo	Tamaño a los 15 días	Forma de la colonia	Color en la parte superior	Color de la parte inferior	Elevación	Textura del micelio	Micelio (Aéreo/Inmerso)	Tipo de Borde	Densidad	Efecto en el Medio de cultivo	Número de aislados	Número de asilados secuenciados
5	Placa llena	Circular	Blanco	Crema	Umbonado	Algodonado	Aéreo	Ondulado	Medio	Torna al medio de color beige	2	1
6	4,5 cm	Circular	Blanco con el centro amarillo	Crema, con la parte central café	convexo	Algodonado	Aéreo	Dentado	Medio	Ninguno	3	2
7	3 cm	Circular	Bordes blancos con el centro tomate	Bordes blancos con el centro tomate	plano	Aterciopelado	Aéreo	Ondulado	Medio	Ninguno	5	2
8	8 cm	Circular	Blanco de joven, a medada que crece es crema		Blanco de joven a medida que crece salmón	Similar a fieltro	Aéreo	Entero	Medio	Ninguno	2	1

**Tabla 4.** Continuación

<b>Morfo- tipo</b>	<b>Tamaño a los 15 días</b>	<b>Forma de la colonia</b>	<b>Color en la parte superior</b>	<b>Color de la parte inferior</b>	<b>Elevación</b>	<b>Textura del micelio</b>	<b>Micelio (Aéreo/ Inmer- so</b>	<b>Tipo de Borde</b>	<b>Densi- dad</b>	<b>Efecto en el Medio de cultivo</b>	<b>Número de aislados</b>	<b>Número de asilados secuenciados</b>
9	Placa llena	Irregu- lar	Blanco de joven, a medada que crece es café	beige	bajo convexo	Algodonado	Aéreo	Crenado	Alto	Ninguno	2	1
10	1cm	circular	Verde con estructur a blanca	Verde	convexo	Liso	Aéreo	Entero	Medio	Ninguno	9	3
11	2 cm	Irregu- lar	café	café	plano	Aterciopela- do	Aéreo	Crenado	Medio	torna al medio café	2	1
12	4 cm	Irregu- lar	bordes beige con el centro café	Café	plano	Aterciopela- do	Aéreo	Ondula- do	Medio	Ninguno	2	1

<sup>a</sup> La elevación se refiere a la forma del micelio cuando se lo observa en una vista lateral.

**Tabla 5.** Análisis molecular de secuencias mediante la herramienta BLAST. Se registran los resultados de la Cobertura (Query cover), Máxima Identidad (Max ident.) y Valor e (E value) para la secuencia con mayor similitud.

	<b>CÓDIGO ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>IDENTIFICACION DE ENDOFITO</b>	<b>TAMAÑO DE SECUENCIA</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>	<b>Valor E</b>	<b>Cober-tur</b>	<b>Max ident</b>	<b>PRIMERA IDENTIFICACION</b>	<b>gen secuenciado</b>
1	CEQCA-A1460	BOP240	<i>Anthostomella sp3</i>	547	Fungal endophyte sp._EU685977.1	0%	96%	99%	FILOGENIA	ITS
2	CEQCA-A1502	BOP240	<i>Anthostomella sp3</i>	555	Fungal endophyte sp._EU685977.1	0%	96%	99%	FILOGENIA	ITS
3	CEQCA-A1540	BOP239	<i>Anthostomella sp3</i>	551	<i>Anthostomella brabeji</i> _EU552098.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
4	CEQCA-A1589	BOP239	<i>Anthostomella sp3</i>	535	<i>Anthostomella brabeji</i> _EU552098.1	0%	99%	99%	FILOGENIA	ITS
5	CEQCA-A1497	BOP235	<i>Biscogniauxia sp1</i>	611	Xylariaceae sp._AY315406.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
6	CEQCA-A1483	BOP235	<i>Biscogniauxia sp2</i>	537	Xylariaceae sp._AY315406.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
7	CEQCA-A1489	BOP235	<i>Bjerkandera adusta</i>	594	<i>Bjerkandera adusta</i> _JN861758.1	0%	91%	99%	FILOGENIA	ITS
8	CEQCA-A1493	BOP235	<i>Bjerkandera adusta</i>	602	Basidiomycota sp._JN418786.1	0%	98%	99%	FILOGENIA	ITS
9	CEQCA-A1764	BOP239	<i>Botrytis sp 1</i>	454	<i>Botrytis</i> sp._KC191680.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
10	CEQCA-P2436	PV357	<i>Bulgaria</i>	518	<i>Neofabraea alba</i> _AY359236.1	0%	100%	91%	FILOGENIA	ITS
11	CEQCA-P2442	PV357	<i>Bulgaria</i>	519	<i>Neofabraea alba</i> _AY359236.1	0%	100%	91%	FILOGENIA	ITS
12	CEQCA-A1584	BOP239	Capnodiales sp1	489	<i>Davidiella tassiana</i> _KC311487.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
13	CEQCA-P2418	PV357	Capnodiales sp2	506	<i>Davidiella tassiana</i> _KC311487.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO</b>		<b>IDENTIFICACION</b>	<b>TAMAÑO</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA</b>	<b>Valor</b>	<b>Cober-</b>	<b>Max</b>	<b>PRIMERA</b>	<b>gen</b>
	<b>ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>DE ENDOFITO</b>	<b>DE</b>	<b>EN BLAST</b>	<b>E</b>	<b>tur</b>	<b>ident</b>	<b>IDENTIFICACION</b>	<b>secuenciado</b>
				<b>SECUENCIA</b>	<b>(IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>					
14	CEQCA-A1453	BOP235	<i>Ceriporiopsis subvermispora</i>	681	<i>Ceriporiopsis subvermispora</i> _FJ713106.1	0%	92%	99%	FILOGENIA	ITS
15	CEQCA-A1443	BOP235	Coniochaetaceae sp1	544	Sordariomycetes sp._JQ761678.1	0%	99%	100%	FILOGENIA	ITS
16	CEQCA-A1552	BOP239	Coniochaetaceae sp1	480	Fungal endophyte_HQ335304.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	ITS
17	CEQCA-A1486	BOP235	<i>Coprinellus sp1</i>	621	<i>Coprinellus</i> sp._JN418793.1	0%	99%	100%	BLAST	ITS
18	CEQCA-A1766	BOP239	<i>Coprinellus sp2</i>	601	<i>Coprinellus</i> aff._FJ185160.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
19	CEQCA-P2415	PV357	<i>Diaporthe melonis</i>	508	Diaporthe novem_KC343159.1	0%	99%	98%	FILOGENIA	ITS
20	CEQCA-P2426	PV357	<i>Diaporthe passiflorae</i>	543	<i>Diaporthe passiflorae</i> _JX069860.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
21	CEQCA-A1435	BOP235	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	533	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272530.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
22	CEQCA-A1439	BOP235	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	546	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272514.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
23	CEQCA-A1450	BOP235	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	537	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU821472.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
24	CEQCA-A1524	BOP235	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	565	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272530.1	0%	98%	99%	BLAST	ITS
25	CEQCA-A1545	BOP239	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	548	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272536.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
26	CEQCA-A1556	BOP239	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	526	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272530.1	0%	99%	98%	FILOGENIA	ITS
27	CEQCA-A1585	BOP239	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	539	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272536.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
28	CEQCA-P2393	PV357	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	551	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272530.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS

**Tabla 5.** Continuación

CÓDIGO ENDOFITO	PLANTA	IDENTIFICACION DE ENDOFITO	TAMAÑO DE SECUENCIA	SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)	Valor E	Cober-tur	Max ident	PRIMERA IDENTIFICACION	gen secuenciado	
29	CEQCA-P2394	PV357	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	520	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272530.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
30	CEQCA-P2395	PV357	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	482	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272530.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
31	CEQCA-P2417	PV357	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	506	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272536.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
32	CEQCA-P2422	PV357	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	542	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272536.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
33	CEQCA-P2447	PV357	<i>Diaporthe phaseolorum</i>	506	<i>Diaporthe phaseolorum</i> _EU272536.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
34	CEQCA-A1514	BOP235	<i>Diaporthe sp1</i>	544	<i>Phomopsis</i> sp._DQ445890.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
35	CEQCA-P2383	PV352	<i>Epicoccum nigrum</i>	522	<i>Epicoccum nigrum</i> _JQ754005.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
36	CEQCA-A1554	BOP239	<i>Gliocladium sp1</i>	488	<i>Gliocladium</i> sp._HM807618.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
37	CEQCA-A1549	BOP239	<i>Humicola sp1</i>	486	<i>Humicola fuscoatra</i> _AJ279444.1	0%	100%	96%	FILOGENIA	ITS
38	CEQCA-A1484	BOP235	<i>Irpex lacteus</i>	632	<i>Irpex lacteus</i> _JX290578.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
39	CEQCA-A1490	BOP235	<i>Lanzia griseliniae</i>	515	<i>Lanzia griseliniae</i> _AY755333.1	0%	92%	99%	FILOGENIA	ITS
40	CEQCA-A1430	BOP235	Lasio-sphaeriaceae sp1	522	<i>Schizothecium inaequale</i> _AY999117.1	0%	100%	97%	FILOGENIA	ITS
41	CEQCA-A1447	BOP235	Lasio-sphaeriaceae sp2	507	<i>Zopfiella longicaudata</i> _GQ922541.1	0%	99%	98%	FILOGENIA	ITS
42	CEQCA-A1586	BOP239	<i>Muscodor sp1</i>	672	<i>Muscodor albus</i> _AF324336.1	0%	78%	99%	FILOGENIA	ITS

**Tabla 5.** Continuación

CÓDIGO ENDOFITO	PLANTA	IDENTIFICACION DE ENDOFITO	TAMAÑO DE SECUENCIA	SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)	Valor E	Cober-tur	Max ident	PRIMERA IDENTIFICACION	gen secuenciado	
43	CEQCA-P2435	PV357	<i>Mycosphaerella</i> sp 2	517	<i>Mycosphaerella sphaerulinae</i> _AY293066.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
44	CEQCA-A1776	BOP239	<i>Nemania</i> sp1	539	<i>Nemania bipapillata</i> _JQ862691.1	0%	93%	98%	FILOGENIA	ITS
45	CEQCA-A1571	BOP239	<i>Nemania</i> sp2	522	<i>Nemania</i> sp._JN616282.1	0%	96%	95%	FILOGENIA	ITS
46	CEQCA-A1470	BOP240	<i>Nigrospora oryzae</i>	528	<i>Nigrospora oryzae</i> _HM999906.1	0%	98%	100%	BLAST	ITS
47	CEQCA-A1580	BOP239	<i>Nigrospora oryzae</i>	511	<i>Nigrospora</i> sp._JN903534.1	0%	96%	99%	FILOGENIA	ITS
48	CEQCA-A1606	BOP239	<i>Nigrospora oryzae</i>	530	<i>Nigrospora oryzae</i> _EU272486.1	0%	99%	100%	BLAST	ITS
49	CEQCA-P2378	PV350	<i>Nigrospora oryzae</i>	472	<i>Nigrospora</i> sp._HQ631070.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
50	CEQCA-P2382	PV352	<i>Nigrospora oryzae</i>	523	<i>Nigrospora</i> sp._JF817271.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
51	CEQCA-P2386	PV357	<i>Nigrospora oryzae</i>	521	<i>Nigrospora oryzae</i> _HQ608152.1	0%	99%	100%	BLAST	ITS
52	CEQCA-P2387	PV357	<i>Nigrospora oryzae</i>	526	<i>Nigrospora oryzae</i> _JN211105.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
53	CEQCA-P2399	PV350	<i>Nigrospora oryzae</i>	533	<i>Nigrospora oryzae</i> _EU529995.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
54	CEQCA-P2401	PV352	<i>Nigrospora oryzae</i>	531	<i>Nigrospora oryzae</i> _EU436680.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
55	CEQCA-A1501	BOP240	<i>Nigrospora sphaerica</i>	530	<i>Nigrospora oryzae</i> _EU821485.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
56	CEQCA-P2398	PV357	<i>Nigrospora sphaerica</i>	473	<i>Nigrospora sphaerica</i> _HQ889723.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>IDENTIFICACION DE ENDOFITO</b>	<b>TAMAÑO DE SECUENCIA</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>	<b>Valor E</b>	<b>Cober- tur</b>	<b>Max ident</b>	<b>PRIMERA IDENTIFICACION</b>	<b>gen secuenciado</b>
57	CEQCA- P2424	PV352	<i>Nigrospora sphaerica</i>	526	<i>Nigrospora oryzae</i> _EU821485.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
58	CEQCA- P2397	PV357	<i>Penicillium islandicum</i>	490	<i>Penicillium islandicum</i> _JN899318.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
59	CEQCA- A1542	BOP239	<i>Penicillium sp1</i>	507	<i>Penicillium</i> sp._KC834795.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	ITS
60	CEQCA- A1504	BOP240	<i>Penicillium sp2</i>	495	<i>Penicillium</i> sp._KC009535.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
61	CEQCA- A1537	BOP240	<i>Pezizomycotina sp1</i>	549	<i>Purpureocillium lilacinum</i> _FJ765024.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
62	CEQCA- A1778	BOP239	<i>Phaeosphaeria sp1</i>	506	<i>Phaeosphaeria silvatica</i> _AF439502.1	0%	97%	99%	BLAST	ITS
63	CEQCA- P2396	PV357	<i>Phaeosphaeria sp2</i>	525	<i>Dothideomycetes</i> sp._JQ759537.1	0%	99%	99%	FILOGENIA	ITS
64	CEQCA- P2425	PV352	<i>Phlebia subserialis</i>	460	<i>Phlebia subserialis</i> _HQ248219.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
65	CEQCA- A1538	BOP235	<i>Phomopsis</i>	545	<i>Phomopsis</i> sp._KC193052.1	0%	100%	96%	FILOGENIA	ITS
66	CEQCA- A1551	BOP239	<i>Plectania rhytidia</i>	529	<i>Sarcosomataceous endophyte</i> _AF485074.1	0%	99%	97%	FILOGENIA	ITS
67	CEQCA- P2420	PV357	<i>Preussia sp 1</i>	457	<i>Preussia</i> sp_HQ602666.1	0%	100%	98%	FILOGENIA	ITS
68	CEQCA- A1675	BOP239	<i>Preussia sp 2</i>	471	<i>Preussia</i> sp._HQ607945.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
69	CEQCA- A1432	BOP235	Sordariales sp1	483	<i>Fimetariella rabenhorstii</i> _AM921717.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
70	CEQCA- A1491	BOP235	Sordariales sp1	521	<i>Sordariomycetes</i> sp._JQ761769.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
71	CEQCA- A1499	BOP235	Sordariales sp1	540	<i>Coniochaeta</i> sp._HM595513.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS

**Tabla 5.** Continuación

CÓDIGO ENDOFITO	PLANTA	IDENTIFICACION DE ENDOFITO	TAMAÑO DE SECUENCIA	SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)	E value	Cober-tur	Max ident	PRIMERA IDENTIFICACION	gen secuenciado	
72	CEQCA-A1530	BOP235	<i>Sordariales sp1</i>	507	<i>Fimetariella rabenhorstii</i> _JN198498.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
73	CEQCA-A1541	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	538	<i>Coniochaeta sp</i> _HM595513.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
74	CEQCA-A1550	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	477	<i>Fimetariella rabenhorstii</i> _JX847755.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
75	CEQCA-A1570	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	530	<i>Coniochaeta sp</i> _HM595554.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
76	CEQCA-A1579	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	509	<i>Fimetariella rabenhorstii</i> _JN198498.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
77	CEQCA-A1583	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	532	<i>Coniochaeta sp</i> _HM595513.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
78	CEQCA-A1595	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	479	<i>Fimetariella rabenhorstii</i> _JX847755.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
79	CEQCA-A1597	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	485	<i>Fimetariella rabenhorstii</i> _JN198498.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	ITS
80	CEQCA-A1599	BOP239	<i>Sordariales sp1</i>	536	<i>Coniochaeta sp</i> _HM595513.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
81	CEQCA-A1765	BOP239	<i>Sordariales sp2</i>	479	<i>Coniochaeta sp</i> _HQ829104.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
82	CEQCA-A1507	BOP240	<i>Sordariomycetes sp1</i>	554	<i>Sordariomycetes sp</i> _FJ799943.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
83	CEQCA-A1452	BOP235	<i>Sordariomycetes sp2</i>	496	<i>Coniochaeta velutina</i> _JQ346221.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	ITS
84	CEQCA-A1774	BOP239	<i>Sordariomycetes sp4</i>	569	<i>Sordariomycetes sp</i> _JN411812.1	0%	100%	90%	FILOGENIA	ITS

**Tabla 5.** Continuación

CÓDIGO ENDOFITO	PLANTA	IDENTIFICACION DE ENDOFITO	TAMAÑO DE SECUENCIA	SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)	Valor E	Cober-tur	Max ident	PRIMERA IDENTIFICACION	gen secuenciado	
85	CEQCA-A1781	BOP235	Sordariomycetes sp5	570	Fungal endophyte_EU687041.1	0%	99%	85%	FILOGENIA	ITS
86	CEQCA-P2431	PV350	Sordariomycetes sp6	412	Endophytic ascomycete sp._AM922199.1	0%	100%	96%	FILOGENIA	ITS
87	CEQCA-P2433	PV357	<i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i>	465	<i>Stagonosporopsis cucurbitacearum</i> _HQ684032.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
88	CEQCA-A1456	BOP240	<i>Trametes hirsuta</i>	539	<i>Trametes hirsuta</i> _JX867226.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
89	CEQCA-A1485	BOP235	<i>Trametes hirsuta</i>	590	<i>Trametes hirsuta</i> _JX867226.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
90	CEQCA-A1566	BOP239	<i>Tricharina sp 1</i>	517	<i>Tricharina striispora</i> _JQ836556.1	0%	98%	97%	FILOGENIA	ITS
91	CEQCA-A1436	BOP235	<i>Xylaria sp1</i>	538	<i>Xylaria sp.</i> _HQ107995.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
92	CEQCA-A1548	BOP239	<i>Xylaria sp1</i>	549	<i>Xylaria sp.</i> _HQ107995.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
93	CEQCA-A1574	BOP239	<i>Xylaria sp1</i>	533	<i>Xylaria sp.</i> _HQ107995.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
94	CEQCA-A1480	BOP235	<i>Xylaria sp10</i>	544	<i>Xylaria sp.</i> _FJ624269.1	0%	96%	99%	BLAST	ITS
95	CEQCA-A1475	BOP240	<i>Xylaria sp12</i>	543	<i>Xylaria multiplex</i> _GU300098.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
96	CEQCA-A1505	BOP240	<i>Xylaria sp12</i>	563	<i>Xylaria multiplex</i> _GU300098.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
97	CEQCA-A1494	BOP235	<i>Xylaria sp13</i>	531	<i>Xylaria sp.</i> _FN689803.1	0%	90%	97%	FILOGENIA	ITS
98	CEQCA-A1464	BOP240	<i>Xylaria sp15</i>	562	<i>Xylaria multiplex</i> _GU300098.1	0%	98%	99%	FILOGENIA	ITS
99	CEQCA-A1520	BOP235	<i>Xylaria sp17</i>	525	Xylariaceae sp._JF773612.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
100	CEQCA-A1533	BOP235	<i>Xylaria sp18</i>	522	<i>Xylaria sp.</i> _AB512404.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO</b>		<b>IDENTIFICACION</b>	<b>TAMAÑO</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA</b>	<b>Valor</b>	<b>Cober-</b>	<b>Max</b>	<b>PRIMERA</b>	<b>gen</b>
	<b>ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>DE ENDOFITO</b>	<b>DE</b>	<b>EN BLAST</b>	<b>E</b>	<b>tur</b>	<b>ident</b>	<b>IDENTIFICACION</b>	<b>secuenciado</b>
				<b>SECUENCIA</b>	<b>(IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>					
101	CEQCA- A1557	BOP239	<i>Xylaria sp2</i>	507	<i>Xylaria curta</i> _JF773598.1	0%	99%	99%	FILOGENIA	ITS
102	CEQCA- A1563	BOP239	<i>Xylaria sp2</i>	582	<i>Xylaria adscendens</i> _GU322432.1	0%	99%	99%	FILOGENIA	ITS
103	CEQCA- A1544	BOP239	<i>Xylaria sp20</i>	529	<i>Xylaria mellissii</i> _FJ175173.1	0%	96%	99%	BLAST	ITS
104	CEQCA- A1598	BOP239	<i>Xylaria sp22</i>	543	<i>Xylaria sp.</i> _JN225909.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS
105	CEQCA- A1437	BOP235	<i>Xylaria sp4</i>	532	<i>Xylaria bambusicola</i> _JX256820.1	0%	100%	97%	FILOGENIA	ITS
106	CEQCA- A1587	BOP239	<i>Xylaria sp4</i>	526	<i>Xylaria bambusicola</i> _JX256820.1	0%	100%	97%	FILOGENIA	ITS
107	CEQCA- A1539	BOP240	<i>Xylaria sp5</i>	507	<i>Xylaria sp.</i> _AY315400.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
108	CEQCA- A1560	BOP239	<i>Xylaria sp5</i>	570	<i>Xylaria sp.</i> _AY315400.1	0%	98%	99%	FILOGENIA	ITS
109	CEQCA- A1600	BOP239	<i>Xylaria sp5</i>	523	<i>Xylaria sp.</i> _AY315400.1	0%	99%	99%	BLAST	ITS
110	CEQCA- A1458	BOP240	<i>Xylaria sp6</i>	548	<i>Xylaria sp.</i> _HQ107995.1	0%	100%	95%	FILOGENIA	ITS
111	CEQCA- A1573	BOP239	<i>Xylaria sp7</i>	376	<i>Xylaria sp.</i> _EU715679.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
112	CEQCA- A1474	BOP240	<i>Xylaria sp8</i>	555	<i>Xylaria sp.</i> _JQ327859.1	0%	100%	96%	FILOGENIA	ITS
113	CEQCA- A1487	BOP235	<i>Xylaria sp9</i>	548	<i>Xylaria multiplex</i> _GU300098.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
114	CEQCA- A1568	BOP239	<i>Xylaria sp9</i>	560	<i>Xylaria multiplex</i> _GU300099.1	0%	100%	99%	BLAST	ITS
115	CEQCA- P2384	PV352	Xylariaceae sp1	527	<i>Xylaria sp.</i> _AB512404.1	0%	99%	97%	FILOGENIA	ITS
116	CEQCA- A1428	BOP235	Xylariaceae sp7	541	<i>Xylaria sp.</i> _HQ008887.1	0%	100%	100%	BLAST	ITS

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO</b>		<b>IDENTIFICACION</b>	<b>TAMAÑO</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA</b>	<b>Valor</b>	<b>Cober-</b>	<b>Max</b>	<b>PRIMERA</b>	<b>gen</b>
	<b>ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>DE ENDOFITO</b>	<b>DE</b>	<b>EN BLAST</b>	<b>E</b>	<b>tur</b>	<b>ident</b>	<b>IDENTIFICACION</b>	<b>secuenciado</b>
				<b>SECUENCIA</b>	<b>(IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>					
117	CEQCA- A1512	BOP235	Coniochaetaceae sp2	511	<i>Coniochaeta velutina</i> _GQ154624.1	0%	99%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
118	CEQCA- P2389	PV357	Dothideomycetes sp1	527	<i>Astrosphaeriella lophiostomopsis</i> _GU205232.1	0%	97%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN
119	CEQCA- A1582	BOP239	Hypocreales sp1	536	<i>Mactra chinensis</i> _JQ936017.1	0%	99%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN
120	CEQCA- P2434	PV357	<i>Mycosphaerella</i> sp 1	512	<i>Mycosphaerellaceae</i> sp. _JX096942.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
121	CEQCA- A1469	BOP240	<i>Nigrospora oryzae</i>	437	<i>Nigrospora oryzae</i> _FJ176838.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
122	CEQCA- A1481	BOP235	<i>Nigrospora oryzae</i>	504	<i>Nigrospora oryzae</i> _AB220234.1	0%	99%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
123	CEQCA- A2427	BOP235	<i>Nigrospora oryzae</i>	511	<i>Nigrospora oryzae</i> _AB220234.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
124	CEQCA- A1534	BOP235	<i>Phialemonium</i> <i>curvatum</i>	506	<i>Phialemonium</i> <i>curvatum</i> _AB278180.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
125	CEQCA- P2451	PV357	<i>Phialemonium</i> <i>curvatum</i>	504	<i>Phialemonium</i> <i>curvatum</i> _AB278180.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
126	CEQCA- A1442	BOP235	Pyronemataceae sp1	512	<i>Miladina lecithina</i> _DQ646538.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
127	CEQCA- A1454	BOP240	Pyronemataceae sp1	509	<i>Miladina lecithina</i> _DQ646538.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
128	CEQCA- A1714	BOP239	Pyronemataceae sp1	503	<i>Miladina lecithina</i> _DQ646538.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
129	CEQCA- A1546	BOP239	<i>Xylaria</i> sp1	508	Xylariaceae sp._FJ517764.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN
130	CEQCA- A1562	BOP239	<i>Xylaria</i> sp1	501	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN
131	CEQCA- A1564	BOP239	<i>Xylaria</i> sp1	514	<i>Xylaria</i> sp._EU593767.1	0.0	99%	99%	BLAST	18Sr ARN
132	CEQCA- A1440	BOP235	<i>Xylaria</i> sp23	515	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	99%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>IDENTIFICACION DE ENDOFITO</b>	<b>TAMAÑO DE SECUENCIA</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>	<b>Valor E</b>	<b>Cober- tur</b>	<b>Max ident</b>	<b>PRIMERA IDENTIFICACION</b>	<b>gen secuenciado</b>
133	CEQCA- A1581	BOP239	<i>Xylaria sp23</i>	511	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN
134	CEQCA- A1596	BOP239	<i>Xylaria sp23</i>	511	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	18Sr ARN
135	CEQCA- A1763	BOP239	<i>Xylaria sp25</i>	511	<i>Xylaria</i> sp._AY315415.1	0.0	100%	100%	BLAST	18Sr ARN
136	CEQCA- A1511	BOP235	<i>Xylaria sp27</i>	515	<i>Xylaria</i> sp._EU593767.1	0%	99%	100%	BLAST	18Sr ARN
137	CEQCA- A1601	BOP239	<i>Xylaria sp27</i>	495	Xylariaceae sp._FJ517764.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
138	CEQCA- A1775	BOP239	<i>Xylaria sp27</i>	511	Xylariaceae sp._FJ517764.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
139	CEQCA- P2379	PV350	<i>Xylaria sp27</i>	358	<i>Xylaria</i> sp._JQ621878.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
140	CEQCA- P2390	PV357	<i>Xylaria sp27</i>	510	Xylariaceae sp._FJ517764.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
141	CEQCA- P2402	PV357	<i>Xylaria sp27</i>	510	Xylariaceae sp._FJ517764.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
142	CEQCA- P2388	PV357	<i>Xylaria sp28</i>	511	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	99%	100%	FILOGENIA	18Sr ARN
143	CEQCA- A1488	BOP235	Agaricomycetes sp1	590	<i>Terana coerulea</i> _KC505554.1	0.0	96%	89%	FILOGENIA	ITS
				509	<i>Pulcherricium caeruleum</i> _AF334933.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
144	CEQCA- A1455	BOP240	Agaricomycetidae sp1	602	<i>Amanita</i> sp._KC834776.1	0%	100%	100%	FILOGENIA	ITS
				506	<i>Escovopsis</i> sp._AY172592.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
145	CEQCA- P2423	PV357	Anthostomella sp1	506	<i>Anthostomella leucospermi</i> _EU552100.1	0%	99%	94%	FILOGENIA	ITS
				505	<i>Penicillium chrysogenum</i> _JX480902.1	0%	100%	100%		18Sr ARN

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO</b>		<b>IDENTIFICACION</b>	<b>TAMAÑO</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA</b>	<b>Valor</b>	<b>Cober-</b>	<b>Max</b>	<b>PRIMERA</b>	<b>gen</b>
	<b>ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>DE ENDOFITO</b>	<b>DE</b>	<b>EN BLAST</b>	<b>E</b>	<b>tur</b>	<b>ident</b>	<b>IDENTIFICACION</b>	<b>secuenciado</b>
				<b>SECUENCIA</b>	<b>(IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>					
146	CEQCA-P2421	PV357	<i>Anthostomella sp3</i>	519	<i>Anthostomella brabeji</i> _EU552098.1	0%	99%	94%	FILOGENIA	ITS
				503	<i>Xylaria hypoxylon</i> _NG_013136.1	0.0	100%	99%		18Sr ARN
147	CEQCA-P2445	PV357	<i>Bulgaria</i>	523	<i>Neofabraea alba</i> _AY359236.1	0%	100%	91%	FILOGENIA	ITS
				511	<i>Bulgaria inquinans</i> _EU107260.1	0.0	100%	98%		18Sr ARN
148	CEQCA-A1466	BOP240	<i>Coniochaeta sp1</i>	522	<i>Lecythophora</i> sp._FJ228192.1	0%	93%	99%	FILOGENIA	ITS
				509	<i>Coniochaeta velutina</i> _GQ154624.1	0.0	99%	99%		18Sr ARN
149	CEQCA-A1495	BOP235	Coniochaetaceae sp2	539	Sordariomycetes sp._JQ761628.1	0%	100%	96%	FILOGENIA	ITS
				512	<i>Lecythophora</i> sp._KC790496.1	0%	100%	100%		18Sr ARN
150	CEQCA-A1565	BOP239	<i>Magnaporthe sp1</i>	520	Sordariomycetes sp._FJ799943.1	0%	100%	99%	FILOGENIA	ITS
				482	<i>Magnaporthe oryzae</i> _JQ747492.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
151	CEQCA-P2416	PV357	<i>Muscodor sp1</i>	609	Sordariomycetes sp._JQ760870.1	0%	100%	96%	FILOGENIA	ITS
				779	<i>Muscodor</i> sp._AY034664.1	0.0	100%	96%		18Sr ARN
152	CEQCA-P2432	PV357	<i>Mycosphaerella sp 1</i>	345	<i>Mycosphaerella aurantia</i> _DQ123604.1	###	100%	99%	FILOGENIA	ITS
				514	Mycosphaerellaceae sp._JX096942.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
153	CEQCA-A1615	BOP239	<i>Nemania sp1</i>	569	<i>Nemania bipapillata</i> _JQ862691.1	0%	92%	98%	FILOGENIA	ITS
				513	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	99%	97%		18Sr ARN
154	CEQCA-P2381	PV352	<i>Nemania sp2</i>	542	<i>Nemania</i> sp._JN616282.1	0%	98%	95%	FILOGENIA	ITS
				505	<i>Xylaria</i> sp._AY315420.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
155	CEQCA-A1535	BOP240	<i>Nemania sp3</i>	546	<i>Nemania bipapillata</i> _JQ862691.1	0%	96%	98%	FILOGENIA	ITS
				515	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	99%	97%		18Sr ARN

**Tabla 5.** Continuación

CÓDIGO ENDOFITO	PLANTA	IDENTIFICACION DE ENDOFITO	TAMAÑO DE SECUENCIA	SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)	Valor E	Cober-tur	Max ident	PRIMERA IDENTIFICACION	gen secuenciado	
156	CEQCA-A1576	BOP239	<i>Phaeosphaeria sp1</i>	541 507	Phaeosphaeria silvatica_AF439502.1 Phaeosphaeria sp._KC790482.1	0% 0%	100% 100%	94% 100%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
157	CEQCA-A1528	BOP235	<i>Phialemonium curvatum</i>	512 513	Sordariomycetes sp._JQ905730.1 <i>Phialemonium curvatum</i> _AB278180.1	0% 0%	94% 99%	100% 100%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
158	CEQCA-P2391	PV357	<i>Pleosporales sp1</i>	505 511	<i>Plenodomus hendersoniae</i> _JF740226.1 <i>Phaeosphaeria</i> sp._KC790482.1	0% 0%	98% 100%	94% 100%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
159	CEQCA-A1438	BOP235	<i>Preussia sp 1</i>	498 519	<i>Monodictys</i> sp._AJ972795.1 <i>Preussia lignicola</i> _GU296197.1	0.0 0%	100% 99%	98% 100%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
160	CEQCA-A1611	BOP239	Sarcosomataceae sp1	516 510	Pezizomycetes sp._JQ761461.1 <i>Galiella rufa</i> _FJ176813.1	0% 0%	99% 100%	99% 100%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
161	CEQCA-A1496	BOP235	<i>Sistotrema sp1</i>	615 510	Basidiomycota sp._HE820824.1 <i>Sistotrema oblongisporum</i> _DQ898717.1	0% 0%	76% 100%	99% 99%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
162	CEQCA-A1783	BOP240	Sordariomycetidae sp1	622 509	Fungal endophyte sp._EU686156.1 <i>Tectonidula hippocrepida</i> _HQ878599.1	0% 0%	94% 100%	94% 99%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
163	CEQCA-A1569	BOP239	<i>Xylaria sp1</i>	527 506	<i>Xylaria</i> sp._HQ107995.1 Xylariaceae sp._FJ517764.1	0% 0%	100% 100%	94% 99%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN
164	CEQCA-A1482	BOP235	<i>Xylaria sp11</i>	570 509	Xylariaceae sp._EU010005.1 <i>Xylaria</i> sp._EU593767.1	0% 0%	97% 100%	100% 100%	FILOGENIA	ITS 18Sr ARN

**Tabla 5.** Continuación

	<b>CÓDIGO</b>		<b>IDENTIFICACION</b>	<b>TAMAÑO</b>	<b>SECUENCIA MAS CERCANA</b>	<b>Valor</b>	<b>Cober-</b>	<b>Max</b>	<b>PRIMERA</b>	<b>gen</b>
	<b>ENDOFITO</b>	<b>PLANTA</b>	<b>DE ENDOFITO</b>	<b>DE</b>	<b>EN BLAST</b>	<b>E</b>	<b>tur</b>	<b>ident</b>	<b>IDENTIFICACION</b>	<b>secuenciado</b>
				<b>SECUENCIA</b>	<b>(IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)</b>					
165	CEQCA- A1508	BOP240	<i>Xylaria sp14</i>	531	Fungal endophyte_EU686863.1	0%	99%	96%	FILOGENIA	ITS
				511	<i>Xylaria sp.</i> _EU593767.1	0%	99%	98%		18Sr ARN
166	CEQCA- A1713	BOP239	<i>Xylaria sp24</i>	581	Xylariaceae sp._AB741589.1	0%	96%	94%	FILOGENIA	ITS
				511	Xylariaceae sp._FJ517764.1	0%	100%	100%		18Sr ARN
167	CEQCA- A1603	BOP239	<i>Xylaria sp6</i>	497	<i>Xylaria sp.</i> _HQ107995.1	0%	99%	95%	FILOGENIA	ITS
				513	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0.0	99%	99%		18Sr ARN
168	CEQCA- A1572	BOP239	Xylariaceae sp1	526	<i>Xylaria sp.</i> _AB512404.1	0%	99%	96%	FILOGENIA	ITS
				511	<i>Xylaria sp.</i> _AY315412.1	0%	100%	100%		18Sr ARN
169	CEQCA- P2380	PV350	Xylariaceae sp2	558	<i>Xylaria sp.</i> _JN225909.1	0%	99%	92%	FILOGENIA	ITS
				508	<i>Xylaria sp.</i> _AY315412.1	0.0	100%	100%		18Sr ARN
170	CEQCA- A1510	BOP240	Xylariaceae sp3	594	<i>Annulohypoxyton</i> <i>squamulosum</i> _EF026139.1	0%	100%	90%	FILOGENIA	ITS
				520	<i>Hypoxyton</i> <i>haematostroma</i> _AF346543.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
171	CEQCA- A1519	BOP235	Xylariaceae sp4	551	Fungal endophyte sp._EU686201.1	0%	99%	97%	FILOGENIA	ITS
				522	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
172	CEQCA- A1529	BOP235	Xylariaceae sp4	513	Fungal endophyte sp._EU686201.1	0%	100%	97%	FILOGENIA	ITS
				510	<i>Xylaria acuta</i> _AY544719.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
173	CEQCA- A1594	BOP239	Xylariaceae sp5	547	<i>Nemania sp.</i> _JN616282.1	0%	98%	94%	FILOGENIA	ITS
				509	<i>Xylaria sp.</i> _AY315420.1	0%	100%	99%		18Sr ARN
174	CEQCA- P2400	PV352	Xylariaceae sp6	535	<i>Nemania sp.</i> _JN616282.1	0%	98%	95%	FILOGENIA	ITS
				503	<i>Xylaria sp.</i> _AY315420.1	0%	100%	100%		18Sr ARN

**Tabla 5.** Continuación

CÓDIGO		IDENTIFICACION DE ENDOFITO	TAMAÑO DE SECUENCIA	SECUENCIA MAS CERCANA EN BLAST (IDENTIFICACIÓN/ACCESIÓN)		Valor E	Cober- tur	Max ident	PRIMERA IDENTIFICACION	gen secuenciado
ENDOFITO	PLANTA									
175	CEQCA- A1617	BOP239	Xylariaceae sp8	422	Xylariaceae sp. _EU009962.1	0%	90%	94%	FILOGENIA	ITS
				515	Xylariaceae sp. _FJ517764.1	0%	99%	99%		18Sr ARN

**Tabla 6.** Parámetros de los análisis filogenéticos para la identificación taxonómica de los hongos endófitos. Filogenia basada en Máxima Verosimilitud.

<b>ORDEN DE HONGOS ENDÓFITOS</b>	<b>TAXÓN PARA QUE SE REALIZÓ LA FILOGENIA</b>	<b>GRUPO EXTERNO (Especie_Acesión GenBank)</b>	<b>SECUENCIAS DE ESTE ESTUDIO</b>	<b>SECUENCIAS DEL GEN BANK</b>	<b>NÚMERO DE TAXA</b>	<b>NÚMERO DE CARACTERES</b>	<b>RC<sup>a</sup></b>
Sordariales	Sordariales	<i>Porosphaerella_cordanophora_157419794</i>	21	103	124	541	ITS
Diaporthales	Diaporthales	<i>Magnaporthe_grisea_596072</i>	18	57	75	575	ITS
Trichosphaeriales	Trichosphaeriales	<i>Hypocrea_rufa_11830870</i>	12	47	59	529	ITS
Xylariales	Xylariaceae (familia)	<i>Pseudomassariella_vexata_374638333</i>	52	232	284	560	ITS
Capnodiales	Capnodiales	<i>Myriangium_duriaei_311235564</i>	4	531	535	491	ITS

<b>ORDEN DE HONGOS ENDÓFITOS</b>	<b>TAXÓN PARA QUE SE REALIZÓ LA FILOGENIA</b>	<b>GRUPO EXTERNO (Especie_Accesión GenBank)</b>	<b>SECUENCIAS DE ESTE ESTUDIO</b>	<b>SECUENCIAS DEL GEN BANK</b>	<b>NÚMERO DE TAXA</b>	<b>NÚMERO DE CARACTERES</b>	<b>RC<sup>a</sup></b>
Pleosporales	<i>Epicoccum</i> (género)	<i>Alternaria_passiflorae_90704421</i>	1	210	211	489	ITS
Pleosporales	<i>Phaeosphaeria</i> (género)	<i>Leptosphaeria_typharum_17017178</i>	3	78	281	524	ITS
Pleosporales	Pleosporales	<i>Botryosphaeria_viticola_163944111</i>	1	96	97	542	ITS
Pleosporales	Sporormiaceae (familia)	<i>Trematosphaeria_hydrela_386367491</i>	3	78	81	505	ITS
Pleosporales	Stagonosporopsis	<i>Phoma_macrostoma_394305103</i>	1	93	94	488	ITS
Eurotiales	Trichocomaceae (familia)	<i>Aspergillus_sp._83627148</i>	3	244	247	508	ITS

**Tabla 6.** Continuación

<b>ORDEN DE HONGOS ENDÓFITOS</b>	<b>TAXÓN PARA QUE SE REALIZÓ LA FILOGENIA</b>	<b>GRUPO EXTERNO (Especie_Acesión GenBank)</b>	<b>SECUENCIAS DE ESTE ESTUDIO</b>	<b>SECUENCIAS DEL GEN BANK</b>	<b>NÚMERO DE TAXA</b>	<b>NÚMERO DE CARACTERES</b>	<b>RC<sup>a</sup></b>
Helotiales	Rutstroemiaceae (familia)	<i>Sclerotinia</i> sp._6706327	1	85	86	542	ITS
Helotiales	Bulgariaceae (familia)	<i>Microglossum viride</i> _506954033	3	96	99	523	ITS
Helotiales	<i>Monilinia</i> (género)	<i>Monilinia laxa</i> 237769584	1	70	71	500	ITS
Pezizales	Pezizales	<i>Orbilia dorsalia</i> _94959123	3	66	69	546	ITS
Incertidae sedis	<i>Muscodor</i> (género)	<i>Microdochium nivale</i> _306420 291	2	54	56	594	ITS
Hypocreales	Hypocreales	<i>Glomerella cingulata</i> _124484037	1	90	91	557	ITS
Agaricales	<i>Coprinellus</i> (género)	<i>Psathyrella gossypina</i> _18923 2515	2	131	133	670	ITS

**Tabla 6.** Continuación

<b>ORDEN DE HONGOS ENDÓFITOS</b>	<b>TAXÓN PARA QUE SE REALIZÓ LA FILOGENIA</b>	<b>GRUPO EXTERNO (Especie_Accesión GenBank)</b>	<b>SECUENCIAS DE ESTE ESTUDIO</b>	<b>SECUENCIAS DEL GEN BANK</b>	<b>NÚMERO DE TAXA</b>	<b>NÚMERO DE CARACTERES</b>	<b>RC<sup>a</sup></b>
Polyporales	<i>Irpex</i> (género)	<i>Ceriporia_viridans_51250178</i> 6	1	19	20	658	ITS
Polyporales	Meroliaceae (familia)	<i>Phanerochaete_chrysosporium_157678733</i>	4	132	136	593	ITS
Polyporales	Polyporaceae		2	89	91	619	ITS
Incertidae sedis	Agaricomycetidae (familia)	<i>Gymnomyces_ammophilus_56292048</i>	2	75	77	595	ITS
Cantharellales	<i>Sistotrema</i> (género)	<i>Auricularia_polytricha_308535406</i>	1	53	54	603	ITS
No asignado	Sordariomycetes	<i>Fusarium_oxysporum_76555900</i>	6	94	100	568	ITS
No asignado	Agaricomycetidae (subclase)	<i>Gymnomyces_ammophilus_56292048</i>	1	76	78	595	ITS

**Tabla 6.** Continuación

<b>ORDEN DE HONGOS ENDÓFITOS</b>	<b>TAXÓN PARA QUE SE REALIZÓ LA FILOGENIA</b>	<b>GRUPO EXTERNO (Especie_Acepción GenBank)</b>	<b>SECUENCIAS DE ESTE ESTUDIO</b>	<b>SECUENCIAS DEL GEN BANK</b>	<b>NÚMERO DE TAXA</b>	<b>NÚMERO DE CARACTERES</b>	<b>RC<sup>a</sup></b>
Pleosporales	Pleosporales	<i>Botryosphaeria_sp._44350148</i> 9	3	85	88	674	18S
Capnodiales	Capnodiales	<i>Myriangium duriaei_15592881</i>	2	98	100	727	18S
Dothideomycetes	Dothideomycetes	<i>Schismatomma decolorans_294470950</i>	1	95	96	532	18S
Helotiales	Bulgariaceae (Familia)	<i>Microglossum viride_34369078</i>	1	98	99	506	18S
Pezizales	Pezizales	<i>Orbilbia dorsalia_94959123</i>	4	96	100	767	18S
Hypocreales	Hypocreales	<i>Isaria farinosa_476001871</i>	1	99	100	763	18S
Sordariales	Sordariales	<i>Porosphaerella cordanophora_11385347</i>	6	63	69	683	18S
Trichosphaeriales	Trichosphaeriales	<i>Hypocrea estonica_511801432</i>	2	97	99	718	18S

<b>ORDEN DE HONGOS ENDÓFITOS</b>	<b>TAXÓN PARA QUE SE REALIZÓ LA FILOGENIA</b>	<b>GRUPO EXTERNO (Especie_Accesión GenBank)</b>	<b>SECUENCIAS DE ESTE ESTUDIO</b>	<b>SECUENCIAS DEL GEN BANK</b>	<b>NÚMERO DE TAXA</b>	<b>NÚMERO DE CARACTERES</b>	<b>RC<sup>a</sup></b>
Xylariales	Xylariaceae (familia)	<i>Pseudomassaria carolinensis_118405272</i>	32	201	232	570	18S
Incertidae sedis	<i>Muscodor</i> (género)	<i>Microdochium nivale_33334391</i>	1	5	6	620	18S
Incertidae sedis	Sordariomycetidae	<i>Fusarium oxysporum 282524917</i>	3	98	101	723	18S

<sup>a</sup> Es la abreviatura para región genómica.

**Tabla 7.** Patrones de diversidad de endófitos entre el páramo de la Virgen y del Cajas. En la primera y segunda fila se incluyen datos de diversidad para *P. incana* en los páramos representantes de cada subregión. En la tercera y cuarta fila se registra la diversidad total de endófitos incluyendo las especies simpátricas. Se registra los huéspedes para cada subregión, en el páramo de la cajas a *P. incana* y *P. lanuginosa* y en el páramo de la virgen a *P. incana* y *P.*

	Número de endófitos aislados	Número de especies de endófitos	Incidencia de la infección de endófitos (IC) <sup>a</sup>	Número de especies de endófitos con un solo aislado (singletons)	Índice de Fisher $\alpha$	Índice de Shannon (H)
Paramo del cajas ( <i>P. incana</i> )	103	52	29,86	38	40,59	3,26
Páramo de la virgen ( <i>P. incana</i> )	13	10	3,38	9	19,86	2,14
Páramo del cajas ( <i>P. incana</i> / <i>P. lanuginosa</i> )	188	80	33,75	57	52,63	3,54
Páramo de la virgen ( <i>P. incana</i> / <i>P. pauta</i> )	52	28	10,2	21	24,73	2,96

<sup>a</sup> La incidencia de infección de endófitos (IC) es el porcentaje de segmentos de tejido que contienen endófitos

**Tabla 8.** Especies de endófitos compartidas entre *Polylepis* de dos páramos correspondientes a la subregión norte y sur de los Andes ecuatorianos. Los hospedero de los cuales se aislaron fueron *P. incana* = *Pi*, *P. lanuginosa* = *Pl*, *P. pauta* = *Pp*. La presencia de endófitos se simboliza con +, mientras que la ausencia con -. Los hospederos y localidades adicionales fueron provistos de la bases de datos CEQCA.

Hongos Endófitos en común en los dos páramos	Hospedero/Localidad de la que se aislaron				Localidades adicionales	Hospederos adicionales
	<i>Pi</i> <sup>c</sup>	<i>Pl</i> <sup>c</sup>	<i>Pi</i> <sup>v</sup>	<i>Pp</i> <sup>v</sup>		
<i>Anthostomella</i> sp3	+	+	-	+	ninguna	Ninguna
<i>Diaporthe</i> <i>phaseolorum</i>	+	+	-	+	Bosque tropical amazonico (Selva lodge, Yasuni Research station), Bosque seco (Cerro blanco), Bosque Nublado (Mindó)	POLYGONACEAE, GESNERIACEAE, ACANTHACEAE, ANACARDIACEAE, BORAGINACEAE, RUBIACEAE, SIMAROUBACEAE, ANNONACEAE, MYRTACEAE, ACTINIDIACEAE, ACTINIDIACEAE, MELIACEAE, VERBENACEAE, ZINGIBERACEAE, FABACEAE, MALVACEAE.
<i>Muscodor</i> sp1	-	+	-	+	ninguna	Ninguna

Tabla 8. Continuación

Hongos Endófitos en común en los dos páramos	Hospedero/Localidad de la que se aislaron				Localidades adicionales	Hospederos adicionales
	<i>Pi<sup>c</sup></i>	<i>Pt<sup>c</sup></i>	<i>Pi<sup>v</sup></i>	<i>Pp<sup>v</sup></i>		
<i>Nigrospora oryzae</i>	+	+	+	+	Bosque tropical amazonico (Selva lodge, Yasuni Research station), Bosque seco (Lalo loor, Imbabura), Páramo de la Virgen.	<i>Gynosxis</i> (ASTERACEAE), <i>Miconia</i> (MELASTOMATACEAE), <i>Ilex guayusa</i> (AQUIFOLIACEAE), <i>Vriesea Dubia</i> (BROMELIACEAE), <i>Capparis</i> (CAPPARACEAE), <i>Malva</i> (MALVACEAE), <i>Cnidoscolus</i> (EUPHORBIACEAE)
<i>Nigrospora sphaerica</i>	+	-	+	+	Bosque Seco (Imbabura)	<i>Cnidoscolus</i> (EUPHORBIACEAE)
<i>Phialemonium curvatum</i>	+	-	-	+	Páramo del Cajas, Valle seco (Guayllabamba), Bosque Nublado (Sachatamia)	<i>Hyptis</i> (LAMIACEAE), SOLANACEAE, <i>Calycophyllum megistocaulum</i> (RUBIACEAE)
<i>Preussia</i> sp 1	+	-	-	+	Ninguna	Ninguna

Tabla 8. Continuación

Hongos Endófitos en común en los dos páramos	Hospedero/Localidad de la que se aislaron				Localidades adicionales	Hospederos adicionales
	<i>Pi</i> <sup>c</sup>	<i>Pl</i> <sup>c</sup>	<i>Pi</i> <sup>v</sup>	<i>Pp</i> <sup>v</sup>		
<i>Xylaria</i> sp27	+	+	+	+	Ninguna	Ninguna
Xylariaceae sp1	-	+	+	-	Ninguna	Ninguna

<sup>c</sup>: Páramo de Cajas; <sup>v</sup>: Páramo de la Virgen.

**Tabla 9.** Índices de similitud de endófitos en plantas hospederos del género *Polylepis*. Los valores registrados en parte superior de la diagonal corresponden al índice de Jaccard, los inferiores a Morisita-Horn.

	<i>P. incana</i> <sup>c</sup>	<i>P. lanuginosa</i> <sup>c</sup>	<i>P. incana</i> <sup>v</sup>	<i>P pauta</i> <sup>v</sup>
<i>P. incana</i> <sup>c</sup>		0,163	0,051	0,106
<i>P. lanuginosa</i> <sup>c</sup>	0,89		0,085	0,088
<i>P. incana</i> <sup>v</sup>	0,111	0,095		0,107
<i>P pauta</i> <sup>v</sup>	0,127	0,106	0,238	

<sup>c</sup>: Páramo de Cajas; <sup>v</sup>: Páramo de la Virgen.