



UNIVERSIDAD
CATÓLICA
DE CUENCA

UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA

Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo

UNIDAD ACADÉMICA DE SALUD Y BIENESTAR

CARRERA DE BIOQUIMICA Y FARMACIA

**CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y UBICACIÓN
FILOGENÉTICA DE CEPAS DE LEVADURAS DEL GÉNERO
Rhodotorula Y AFINES EN AMBIENTES DOMÉSTICOS DE LAS
DIFERENTES REGIONES DEL ECUADOR**

**PROYECTO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE BIOQUIMICO FARMACEUTICO**

AUTORES: JUAN CARLOS SEGARRA ESPINOZA

MARIO ESTEBAN VÁSQUEZ DÍAZ

DIRECTOR: LIC. LUIS ANDRÉS YARZÁBAL RODRÍGUEZ, PHD.

CUENCA-ECUADOR

2025

DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO



UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CUENCA

Comunidad Educativa al Servicio del Pueblo

UNIDAD ACADÉMICA DE SALUD Y BIENESTAR

CARRERA DE BIOQUIMICA Y FARMACIA

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y UBICACIÓN

FILOGENÉTICA DE CEPAS DE LEVADURAS DEL GÉNERO

***Rhodotorula* Y AFINES EN AMBIENTES DOMÉSTICOS DE LAS**

DIFERENTES REGIONES DEL ECUADOR

PROYECTO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL

TÍTULO DE BIOQUIMICO FARMACEUTICO

AUTORES: JUAN CARLOS SEGARRA ESPINOZA

MARIO ESTEBAN VÁSQUEZ DÍAZ

DIRECTOR: LIC. LUIS ANDRÉS YARZÁBAL RODRÍGUEZ, PHD.

CUENCA-ECUADOR

2025

DIOS, PATRIA, CULTURA Y DESARROLLO

Declaratoria de Autoría y Responsabilidad

Juan Carlos Segarra Espinoza portador(a) de la cédula de ciudadanía N° **0150565190**
y **Mario Esteban Vásquez Díaz** portador(a) de la cédula de ciudadanía N° **0106990757**.

Declaramos ser los autores de la obra: “**Caracterización fenotípica y ubicación filogenética de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines en ambientes domésticos de las diferentes regiones del Ecuador**”, sobre la cual nos hacemos responsables sobre las opiniones, versiones e ideas expresadas. Declaramos que la misma ha sido elaborada respetando los derechos de propiedad intelectual de terceros y eximo a la Universidad Católica de Cuenca sobre cualquier reclamación que pudiera existir al respecto. Declaramos finalmente que nuestra obra ha sido realizada cumpliendo con todos los requisitos legales, éticos y bioéticos de investigación, que la misma no incumple con la normativa nacional e internacional en el área específica de investigación, sobre la que también nos responsabilizamos y eximo a la Universidad Católica de Cuenca de toda reclamación al respecto.

Cuenca, **29 de abril de 2025**

F:

Juan Carlos Segarra Espinoza

C.I. 0150565190

F:

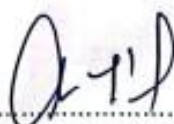
Mario Esteban Vásquez Díaz

C.I. 0106990757

Lic. Luis Andrés Yarzabal Rodríguez, PhD.
DOCENTE DE LA UNIDAD ACADÉMICA DE SALUD Y BIENESTAR.
CARRERA DE BIOQUÍMICA Y FARMACIA
De mi consideración:

El presente trabajo de titulación denominado "**Caracterización fenotípica y ubicación filogenética de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines en ambientes domésticos de las diferentes regiones del Ecuador**", realizado por **VASQUEZ DIAZ MARIO ESTEBAN**, ha sido revisado y orientado durante su ejecución, por lo que certifico que el presente documento, fue desarrollado siguiendo los parámetros del método científico, se sujeta a las normas éticas de investigación, por lo que está expedito para su sustentación.

Cuenca, Abril 2025



.....
Lic. Luis Andrés Yarzabal Rodríguez, PhD.

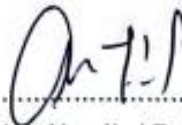
C.I.: 0151710431

Certificación del Tutor

Lic. Luis Andrés Yarzabal Rodríguez, PhD.
DOCENTE DE LA UNIDAD ACADÉMICA DE SALUD Y BIENESTAR.
CARRERA DE BIOQUÍMICA Y FARMACIA
De mi consideración:

El presente trabajo de titulación denominado “**Caracterización fenotípica y ubicación filogenética de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines en ambientes domésticos de las diferentes regiones del Ecuador**”, realizado por **SEGARRA ESPINOZA JUAN CARLOS**, ha sido revisado y orientado durante su ejecución, por lo que certifico que el presente documento, fue desarrollado siguiendo los parámetros del método científico, se sujeta a las normas éticas de investigación, por lo que está expedito para su sustentación.

Cuenca, Abril 2025



.....
Lic. Luis Andrés Yarzabal Rodríguez, PhD.

C.I.: 0151710431

DEDICATORIA

A Dios, por ser mi guía y darme la fortaleza para alcanzar esta meta.

A mis padres, por su amor incondicional, su apoyo en cada paso de mi formación y sus sacrificios, que han sido el motor de mi esfuerzo.

A mis profesores, quienes con su dedicación y conocimientos han contribuido a mi crecimiento académico y profesional en el campo de la Bioquímica y Farmacia.

A mis amigos y compañeros de universidad, por su compañía, motivación y las experiencias compartidas que hicieron este camino más llevadero.

A todos aquellos que, de una u otra manera, han sido parte de este logro, gracias por su apoyo y confianza en mí.

AGRADECIMIENTOS

En primer lugar, quiero expresar mi más profundo agradecimiento a Dios, por darme la fortaleza, la salud y la perseverancia necesarias para completar esta etapa tan importante de mi vida.

A mis padres, cuyo amor incondicional, apoyo y sacrificio han sido fundamentales en cada paso de mi formación académica. Gracias por creer en mí, por ser mi motivación constante y por enseñarme que, con esfuerzo y dedicación, todo es posible.

A mis profesores y mentores, quienes con su guía y conocimientos me han ayudado a crecer tanto personal como profesionalmente. Sus enseñanzas han sido clave en mi desarrollo y en la culminación de este trabajo.

A mis amigos y compañeros de carrera, por su compañía, consejos y momentos compartidos a lo largo de estos años. Su apoyo y amistad han sido un pilar fundamental en este camino.

Juan Carlos Segarra Espinoza

AGRADECIMIENTOS

Quiero expresar mi más profundo agradecimiento a mis padres, cuyo amor incondicional y apoyo inquebrantable me han permitido llegar hasta este momento. Sus consejos, esfuerzos y motivación han sido el pilar de mi formación académica y personal. Desde mis primeros pasos en la educación hasta este importante logro, han estado siempre a mi lado, impulsándome a dar lo mejor de mí. Gracias por cada palabra de aliento, por cada sacrificio silencioso y por confiar en mí incluso en los momentos de duda. Sin ustedes, este logro no habría sido posible.

Asimismo, extiendo mi gratitud a mis tutores de tesis, quienes con su paciencia, conocimientos y orientación me guiaron a lo largo de este proceso. Su compromiso y enseñanza han sido clave para la culminación de este trabajo. Cada consejo, corrección y sugerencia no solo contribuyeron al desarrollo de esta investigación, sino que también fortalecieron mis habilidades académicas y mi capacidad de análisis. Gracias por su tiempo, por compartir su experiencia y por ayudarme a enfrentar los desafíos con determinación y confianza.

A cada persona que, de alguna manera, aportó a mi formación y crecimiento, ya sea con su apoyo, enseñanza o motivación, les estaré eternamente agradecido. Este logro no es solo mío, sino de todos aquellos que han sido parte de este camino.

Mario Esteban Vázquez Díaz

UNIDAD ACADEMICA DE SALUD Y BIENESTAR

CARRERA DE BIOQUÍMICA Y FARMACIA

“Caracterización fenotípica y ubicación filogenética de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines en ambientes domésticos de las diferentes regiones del Ecuador”

Juan Carlos Segarra Espinoza, Mario Esteban Vásquez Díaz

Palabras clave: *Rhodotorula*, Ambientes domésticos, Caracterización fenotípica y filogenética.

Resumen

Introducción: El creciente interés por la microbiología ambiental ha puesto de relieve la gran importancia de estudiar la compleja diversidad de microorganismos que habitan los espacios domésticos. Estos entornos, a menudo pasados por alto en estudios microbiológicos, albergan una comunidad microbiana cuya presencia puede tener implicaciones significativas y directas para la salud de los habitantes.

Objetivo: Caracterizar a nivel fenotípico y molecular cepas de levaduras pertenecientes al género *Rhodotorula* y especies afines que colonizan ambientes domésticos extremos en diferentes regiones del Ecuador.

Metodología: Este estudio se llevará a cabo mediante un diseño de investigación experimental y descriptivo. Se utilizarán enfoques cuantitativos y cualitativos para caracterizar fenotípica y genéticamente a las cepas de levaduras del género *Rhodotorula*.

Resultados: Se llevó a cabo el aislamiento primario de diferentes cepas del género *Rhodotorula*, previamente obtenidas a partir de ambientes domésticos, específicamente de lavaplatos de distintos hogares en diversas regiones del Ecuador.

Conclusión: Los datos obtenidos en el presente estudio respaldan que los lavaplatos de ambientes domésticos pueden ser colonizados por diferentes especies del género *Rhodotorula* y *Cytobasidium*, además que presentan afinidad por ciertos factores de virulencia.

ACADEMIC DEPARTMENT OF HEALTH AND WELLNESS
BIOCHEMISTRY AND PHARMACY PROGRAM

“Phenotypic Characterization and Phylogenetic Positioning of Yeast Strains from the Genus *Rhodotorula* and Related Genera in Domestic Environments across Different Regions of Ecuador”

Juan Carlos Segarra Espinoza, Mario Esteban Vásquez Díaz

Keywords: *Rhodotorula*, Domestic environments, Phenotypic and phylogenetic characterization.

Abstract

Introduction: The growing interest in environmental microbiology has highlighted the importance of studying the complex diversity of microorganisms inhabiting domestic spaces. These environments, often overlooked in microbiological studies, harbor microbial communities whose presence can have significant and direct implications for the health of the inhabitants.

Objective: To characterize yeast strains at the phenotypic and molecular levels belonging to the genus *Rhodotorula* and related species that colonize extreme domestic environments in different regions of Ecuador.

Methodology: This study was conducted using an experimental and descriptive research design. Quantitative and qualitative approaches were used to phenotypically and genetically characterize the yeast strains of the genus *Rhodotorula*.

Results: Primary isolation of different strains of the genus *Rhodotorula* was performed from domestic environments, specifically from kitchen sinks in several households in different regions of Ecuador.

Conclusion: The data obtained in the present study support that kitchen sinks in domestic environments can be colonized by different genus *Rhodotorula* and *Cytobasidium* species, and these strains show affinity for certain virulence factors.

ÍNDICE

RESUMEN	
ABSTRACT	
DEDICATORIA.....	6
AGRADECIMIENTOS.....	8
AGRADECIMIENTOS.....	9
INTRODUCCIÓN.....	16
CAPÍTULO I.....	17
PLANTEAMIENTO TEÓRICO.....	17
I.1.- Definición de la problemática.....	18
I.2.- Justificación.....	18
I.2.1.- Pregunta de investigación:	19
I.2.2.- Hipótesis:.....	19
I.3.-Objetivos.....	20
I.3.1.-Objetivo General	20
I.3.2.-Objetivo Específicos	20
I.4.- Marco teórico.....	20
I.4.1.- Antecedentes	20
I.4.2.- Marco referencial.....	22
4.2.1 Ambientes extremos domésticos	22
4.2.2 Tipos de ambientes extremos domésticos	23
4.2.3 Microorganismos extremófilos	25
4.2.4 Tipos de microorganismos extremófilos	25
4.2.5 Levaduras presentes en ambientes domésticos	26
4.2.6 Aplicaciones biotecnológicas	28
4.2.7.-Especies de <i>Rhodotorula</i>	28
CAPÍTULO II.....	30
METODOLOGÍA.....	30
II.1. Diseño de Investigación.....	31
II.2 Población y Muestra.....	31
II.2.1 Universo - Población	31
II.2.2 Muestreo y Muestra	31

II.3 Criterios de Selección	31
II.4 Definición y Clasificación de las Variables	32
II.5 Procedimientos, Técnicas e Instrumentos para la Obtención de Datos.....	35
CAPÍTULO III	40
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	40
III.1 Resultados.....	41
1. Aislamiento primario de las cepas a trabajar.....	41
2. Purificación de las cepas	41
3. Caracterización morfológica	42
4. Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas	44
5. Factores de virulencia.	47
6. Amplificación de la región ITS	52
7. Secuenciación y análisis de secuencias con BLAST	53
III.2 Discusión	56
CAPÍTULO IV	66
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	66
IV.1.- Conclusiones	67
IV.2.- Recomendaciones	68
BIBLIOGRAFÍA	69
ANEXOS	74

Índice de tabla

Tabla 1. Características morfológicas de varias cepas de microorganismos, incluyendo forma, color, textura y brillo	33
Tabla 2. Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas, cepa C5-3 no crece a 37°C	35
Tabla 3. Factores de virulencia.....	38
Tabla 4. Secuenciación de cepas de levaduras	43

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Proceso de Aislamiento de cepas de microorganismos.	32
Figura 2: Características microscópicas de las colonias aisladas.....	34
Figura 3: Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas vista macroscopicamente de placa 1 y placa 2.....	36

Figura 4: Actividad Proteolítica de 16 cepas aisladas.....	38
Figura 5. Actividad Hemolítica de 16 cepas aisladas.....	39
Figura 6: Actividad Fosfolipasas de 16 cepas aisladas	40
Figura 7. Antes del ensayo de penetración.....	40
Figura 8. Posterior al ensayo de penetración.....	40
Figura 9. Ensayo de penetración negativo con lente de 10X	41
Figura 10. Ensayo de penetración positivo con lente de 10X	41
Figura 11: Amplificación por PCR de la región ITS a partir del genoma de 16 cepas aisladas. Carril 1: Aislado C3-1; Carril 2: Aislado C9-2; Carril 3: Aislado S7-A; Carril 4: Aislado S5-A; Carril 5: Aislado: S10-A; Carril 6: Aislado C8-1; Carril 7: Aislado C8-2; Carril 8: Aislado C6-6; Carril 9: Aislado S5B; Carril 10: Aislado S4A; Carril 11: Aislado C3-9; Carril 12: Aislado C2-4; Carril 13: Aislado C10-2; Carril 14: Aislado C5-3; Carril 15: Aislado S10-B; Carril 16: Aislado C7-6.	42

INTRODUCCIÓN

El creciente interés por la microbiología ambiental ha puesto de relieve la gran importancia de estudiar la compleja diversidad de microorganismos que habitan los espacios domésticos. Estos entornos, a menudo pasados por alto en estudios microbiológicos, albergan una comunidad microbiana cuya presencia puede tener implicaciones significativas y directas para la salud de los habitantes. En este contexto, las levaduras del género *Rhodotorula* han ganado atención debido a su capacidad para colonizar ambientes extremos, y que junto con la creciente comprensión de su potencial virulento en ciertos contextos, las convierte en un foco de investigación relevante para comprender mejor la ecología microbiana interior, sus efectos y su posible potencial virulento⁽¹⁾.

Esta investigación se plantea como objetivo central llevar a cabo una caracterización, tanto a nivel fenotípico como molecular, de las cepas pertenecientes al género *Rhodotorula* y otras especies de levaduras filogenéticamente relacionadas que colonizan los hogares ecuatorianos. Se prestará especial atención al nicho ecológico de los lavaplatos, un ambiente particularmente susceptible a la proliferación de una amplia gama de microorganismos debido a las condiciones microclimáticas que típicamente presenta, caracterizadas por elevados niveles de humedad y temperaturas templadas (1).

La justificación fundamental de este estudio radica en la necesidad de subsanar la laguna de conocimiento existente en relación con la diversidad taxonómica y el potencial patogénico de estas levaduras poco estudiadas en el contexto ecuatoriano. La presencia y las características de estos microorganismos podrían implicar un riesgo significativo para la salud pública (2), especialmente considerando la frecuencia de exposición en ambientes domésticos. Por lo tanto, dilucidar la naturaleza y el comportamiento de estas poblaciones microbianas constituye un paso esencial para la implementación de estrategias preventivas.

El consecuencia, el objetivo primordial de este trabajo es, por lo tanto, no solo identificar y clasificar estas cepas, sino también contribuir a la comprensión de los mecanismos de virulencia asociados y su epidemiología en el contexto geográfico ecuatoriano⁽²⁾.

CAPÍTULO I

PLANTEAMIENTO TEÓRICO.

I.1.- Definición de la problemática

La problemática abordada de la presente investigación se centra en el estudio de la diversidad de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y especies afines que colonizan ambientes domésticos extremos en diferentes regiones del Ecuador. A través de la ejecución de este proyecto pretendemos, además evidenciar el potencial de virulencia que tienen estas cepas y establecer el peligro que representan para la salud de la población ecuatoriana.

Pese a que el conocimiento que se tiene sobre dichas levaduras es escaso, se ha identificado su presencia en ambientes domésticos de diferentes regiones del país y se ha observado que algunas de ellas pueden ser patógenas y representar un riesgo para la salud de las personas. Por lo tanto, es importante caracterizar un mayor número de cepas a nivel fenotípico y genotípico, con el fin de determinar su ubicación filogenética para generar conocimiento científico y formular estrategias que permitan prevenir y controlar su impacto en la salud pública.

I.2.- Justificación

● Novedad científica

La presente investigación nos permitirá conocer la diversidad genética y los mecanismos patogénicos expresados por levaduras del género *Rhodotorula* y demás especies afines, para poder anticiparnos a las posibles infecciones que pueden causar en seres humanos y animales domésticos (perros, gatos, entre otros). Además, la caracterización fenotípica y genotípica de las cepas estudiadas puede contribuir en la identificación de posibles factores de virulencia y a desarrollar estrategias para prevenir su propagación.

● Aporte científico: teórico, metodológico y práctico.

Esta información podría contribuir significativamente a la formulación de políticas de salud pública, proporcionando una base científica sólida para la implementación de medidas preventivas en los hogares de la población ecuatoriana. Al abordar la amenaza potencial que estos microorganismos

representan para la salud humana, la investigación no sólo permitiría mitigar riesgos directos, sino que también podría fomentar la creación de entornos domésticos más seguros y saludables.

El estudio representa una oportunidad para que los estudiantes y profesores de nuestra institución participen activamente en proyectos de investigación científica y adquieran experiencia en la caracterización de microorganismos y el uso de herramientas moleculares y bioinformáticas. Además, el estudio puede inspirar a otros estudiantes y profesores a realizar investigaciones similares en el futuro, lo que les permitiría contribuir al conocimiento científico y a la solución de problemas de salud pública del país.

- **Beneficios**

El presente proyecto de investigación contribuye significativamente en nuestra formación profesional como futuros Bioquímicos y Farmacéuticos, ya que el desarrollo de un proceso de investigación es un requisito obligatorio para obtener nuestro título profesional. Además, es importante recalcar la relevancia de nuestro tema de investigación, ya que eso nos brindará apertura y experticia en diversos campos de la profesión que posteriormente ejerceremos.

I.2.1.- Pregunta de investigación:

¿Cómo varía la diversidad genética y fenotípica de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines que colonizan ambientes domésticos extremos en las diferentes regiones del Ecuador?

I.2.2.- Hipótesis:

La diversidad genética y fenotípica de las cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines que colonizan ambientes domésticos extremos en las diferentes regiones del Ecuador varía en función de las condiciones ambientales de cada región.

I.3.-Objetivos

I.3.1.-Objetivo General

Caracterizar a nivel fenotípico y molecular cepas de levaduras pertenecientes al género *Rhodotorula* y especies afines que colonizan ambientes domésticos extremos en diferentes regiones del Ecuador.

I.3.2.-Objetivo Específicos

Determinar las características fenotípicas de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y especies afines aisladas a partir de ambientes domésticos extremos de diferentes regiones del Ecuador.

Establecer el potencial de virulencia de las cepas del género *Rhodotorula* y especies afines aisladas a partir de ambientes domésticos extremos del Ecuador.

Ubicar filogenéticamente a las cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y especies afines mediante herramientas bioinformáticas.

I.4.- Marco teórico

I.4.1.- Antecedentes

Según el artículo “The Black Yeast *Exophiala dermatitidis* and Other Selected Opportunistic Human Fungal Pathogens Spread from Dishwashers to Kitchens” se ha demostrado la presencia de levaduras patógenas en entornos domésticos extremos, como en los lavavajillas, donde especies como *Exophiala dermatitidis* han sido identificadas como agentes causantes de infecciones en seres humanos. Estas levaduras pueden colonizar superficies, utensilios y aerosoles en ambientes con humedad y temperatura elevada, lo que representa un riesgo potencial para la salud de los ocupantes de la vivienda(3).

Además, se ha observado que la presencia de lavavajillas en los hogares está asociada con una mayor incidencia de levaduras patógenas, lo que sugiere que estos electrodomésticos podrían servir de reservorios y fuentes de contaminación fúngica en el entorno doméstico(3).

Estudios recientes han destacado la importancia de investigar la diversidad, distribución y resistencia de levaduras patógenas en ambientes extremos domésticos para comprender a mayor profundidad su impacto en la salud humana(3).

La investigación correspondiente a “Dishwashers as an Extreme Environment of Potentially Pathogenic Yeast Species” realizada en cocinas, baños y electrodomésticos como lavadoras y lavavajillas han identificado la presencia de especies patógenas como *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Candida albicans* y *Aspergillus fumigatus*. Estos microorganismos pueden representar un riesgo para la salud de los habitantes del hogar, especialmente para aquellos individuos inmunocomprometido(4).

Factores como la humedad, la temperatura y la presencia de nutrientes en el ambiente doméstico favorecen el crecimiento de los microorganismos patógenos anteriormente mencionados. La falta de limpieza adecuada, el mantenimiento deficiente de los espacios y la acumulación de residuos orgánicos pueden contribuir a la proliferación de estos agentes infecciosos(4).

Los riesgos para la salud humana asociados con la presencia de microorganismos patógenos en el hogar incluyen infecciones a nivel del tracto respiratorio, gastrointestinal, infecciones cutáneas y sistémicas. Las personas inmunocomprometidas, como pacientes con enfermedades crónicas o en tratamiento médico, son especialmente vulnerables a estas infecciones(4).

Los estudios presentados en el artículo “Microorganisms populating the water-related indoor biome” han evidenciado que los hogares pueden albergar una diversidad de microorganismos, cómo hongos y bacterias, algunos de los cuales tienen la capacidad de sobrevivir en condiciones adversas y pueden ser potencialmente dañinos para la salud humana. La presencia de estos microorganismos patógenos en ambientes domésticos

extremos plantea preocupaciones sobre la posible exposición de los habitantes a infecciones y enfermedades(5).

Además, se ha observado que ciertos microorganismos patógenos pueden persistir en superficies domésticas, sistemas de plomería y electrodomésticos, lo que sugiere la existencia de un ciclo de contaminación microbiana en el hogar. Estos hallazgos resaltan la importancia de investigar en profundidad la presencia, diversidad y comportamiento de los microorganismos patógenos en ambientes domésticos extremos para comprender mejor los riesgos para la salud asociados con la exposición a estos agentes infecciosos(5).

Por lo tanto, se requiere realizar investigaciones que aborden la identificación de microorganismos patógenos en entornos domésticos extremos, así como su resistencia a las condiciones extremas y su potencial patogénico en la salud humana.

I.4.2.- Marco referencial

4.2.1 Ambientes extremos domésticos

Cuando hacemos mención a ambientes extremos domésticos, nos referimos a condiciones presentes en el entorno del hogar, las cuales presentan desafíos significativos para la supervivencia y el crecimiento de microorganismos. Estos ambientes pueden incluir estufas, duchas, lavavajillas, calefones, refrigeradoras, calefactores, detergentes, etc(6).

Factores como la temperatura, humedad, pH, y la presencia de diferentes productos químicos pueden crear condiciones extremas para los diferentes microorganismos capaces de sobrevivir en las condiciones anteriormente mencionadas(6).

En estas circunstancias, los denominados microorganismos extremófilos, han desarrollado adaptaciones únicas que les permiten prosperar en condiciones que serían inhóspitas para la mayoría de las formas de vida. Por ejemplo, las levaduras presentes en ambientes domésticos pueden tolerar niveles elevados de azúcar, sal y otros factores estresantes, lo que les permite

sobrevivir y reproducirse en entornos en donde se produce la fermentación de alimentos y áreas desinfectadas con detergentes(7).

4.2.2 Tipos de ambientes extremos domésticos

Estos ambientes pueden variar ampliamente dependiendo de la configuración y el uso específico de la vivienda, algunos ejemplos comunes de ambientes domésticos incluyen la cocina, el baño, el dormitorio, la sala de estar, el sótano, el garaje, entre otros(8). Cada uno de estos espacios puede tener características únicas que afectan a los organismos que habitan en ellos, ya sea la presencia de calor y frío extremo, además la humedad en las cocinas y baños(8).

Estufas: Dichos ambientes pueden volverse extremadamente calurosos y secos, especialmente en áreas cercanas a las llamas o a los elementos calefactores. Las altas temperaturas pueden representar un desafío para la supervivencia de los microorganismos(9).

Duchas: Las duchas pueden presentar condiciones extremas en términos de humedad y fluctuaciones de temperatura. La combinación de agua caliente y vapor crea un ambiente propicio para el crecimiento de diversas variedades de hongos en las superficies(8).

Refrigerador y congelador: Son ambientes extremadamente fríos, lo que inhibe el crecimiento de la mayoría de los microorganismos, aunque algunos, como ciertas bacterias y hongos, pueden sobrevivir en bajas temperaturas y proliferar en zonas con humedad o alimentos en procesamiento(9).

Lavaplatos: Es un ambiente donde se combinan humedad, residuos de alimentos y cambios de temperatura. La presencia constante de agua y restos orgánicos lo convierte en un hábitat ideal para bacterias y hongos. Además, las zonas de difícil acceso, como los desagües y los filtros, pueden acumular biopelículas, favoreciendo la proliferación de microorganismos resistentes(9).

Calefones: Estos dispositivos generan temperaturas extremadamente altas en su interior, lo que dificulta la supervivencia de la mayoría de los microorganismos. Sin embargo, en las tuberías y áreas donde el agua no

alcanza temperaturas letales, pueden desarrollarse bacterias como *Legionella*, especialmente si hay acumulación de agua estancada y minerales(10).

Juntas de las duchas: Las juntas de silicona o las de los azulejos en las duchas son puntos críticos para la acumulación de humedad y suciedad. Debido a la constante exposición al agua y al vapor, estas áreas pueden ser propensas a la formación de moho y hongos. La humedad constante también puede debilitar las juntas con el tiempo, permitiendo la filtración de agua hacia las estructuras detrás de las paredes, lo que favorece aún más el crecimiento microbiano(2).

Microondas: Aunque el microondas se utiliza para calentar alimentos, su interior puede convertirse en un ambiente propicio para la proliferación de bacterias si no se limpia adecuadamente. Los residuos de comida que quedan en las paredes o en la bandeja pueden acumular humedad y calor residual, lo que facilita el crecimiento de microorganismos. Además, los espacios difíciles de alcanzar en su interior pueden ser focos de contaminación si no se mantienen limpios(11).

Lavabos: Los lavabos, tanto en baños como en cocinas, son lugares que se exponen a agua constante y residuos de jabón, aceites, y alimentos. Estos residuos orgánicos crean un ambiente en el que los microorganismos pueden proliferar. La acumulación de agua estancada en los desagües o en las superficies de difícil acceso también puede fomentar el crecimiento de bacterias y hongos, especialmente si el área no se seca adecuadamente(12).

Servicios higiénicos: Los baños y especialmente los inodoros y las zonas cercanas a ellos pueden estar sujetos a condiciones extremas de humedad y exposición a productos de limpieza. Además, los servicios higiénicos son sitios donde se acumulan restos orgánicos, como bacterias fecales. Esto crea un ambiente potencialmente insalubre si no se limpia y desinfecta regularmente. La combinación de calor, humedad y contacto con desechos humanos también favorece la proliferación de bacterias y patógenos en estos espacios(13).

Cafeteras: Especialmente las de goteo, emanan vapor y generan temperaturas calientes al calentar el agua. Sin embargo, el interior de la cafetera puede quedarse con restos de agua o café, lo que crea un ambiente húmedo. Esta humedad, junto con los residuos de café, crea un ambiente perfecto para el desarrollo de hongos y bacterias, especialmente en las partes más difíciles de limpiar, como los filtros o el depósito de agua(14).

4.2.3 Microorganismos extremófilos

Los microorganismos extremófilos son capaces de sobrevivir y prosperar en condiciones ambientales extremas que serían letales para la mayoría de las formas de vida, estos desarrollan adaptaciones únicas que les permiten tolerar condiciones extremas de temperatura, pH, presión, salinidad y otros factores ambientales(15).

Algunos microorganismos extremófilos, como las bacterias halófilas, prosperan en ambientes que contienen concentraciones de sal muy elevadas; por su parte, los microorganismos termófilos, pueden sobrevivir y reproducirse en temperaturas abrasadoras, cercanas al punto de ebullición del agua. Incluso hay aquellos que pueden resistir niveles tóxicos de metales pesados, radiación intensa, etc(15).

4.2.4 Tipos de microorganismos extremófilos

Termófilos: Son organismos que pueden sobrevivir y reproducirse en ambientes a temperaturas extremadamente altas, que van desde los 60 °C hasta más de 100 °C. Algunos se encuentran en ambientes geotérmicos como fuentes termales, respiraderos hidrotermales y pozos petroleros profundos(1).

Hipertermófilos: Son una forma extrema de termófilos, capaces de vivir a temperaturas superiores a 80 °C, incluso hasta 120 °C. Generalmente están presentes en hábitats como las fuentes hidrotermales submarinas y las fumarolas volcánicas(1).

Psicrófilos: Son microorganismos adaptados a vivir en ambientes fríos, como los polos, glaciares y aguas heladas. Pueden incluso sobrevivir a temperaturas por debajo de cero grados Celsius(16).

Alcalófilos: Son organismos que prosperan en ambientes extremadamente alcalinos, como los lagos salinos y los suelos ricos en carbonato de sodio. Han desarrollado mecanismos para mantener el equilibrio de pH en su interior(17).

Acidófilos: Se encuentran en ambientes altamente ácidos, como minas abandonadas y manantiales ácidos, y tienen la capacidad de resistir un pH extremadamente bajo(18).

Halófilos: Son microorganismos adaptados a vivir en ambientes altamente salinos, como los lagos salados, los estanques de salmuera y los suelos salinos. Desarrollan mecanismos para sobrevivir en ambientes con concentraciones muy elevadas de sal(19).

4.2.5 Levaduras presentes en ambientes domésticos

Son un grupo diverso de microorganismos unicelulares pertenecientes al reino Fungi, que desempeñan roles importantes en procesos como la fermentación de alimentos y la producción de bebidas alcohólicas(20). A menudo, son responsables de la fermentación de carbohidratos, convirtiéndolos en productos finales como alcohol y dióxido de carbono (21). Además, algunas levaduras también se utilizan en la producción de biocombustibles y en procesos biotecnológicos para la producción de enzimas y productos químicos de interés industrial (21). Algunos están presentes en varios entornos dentro del hogar. Entre las levaduras domésticas más comunes se encuentran especies de géneros como *Saccharomyces*, *Candida* y *Rhodotorula*(20).

Estas levaduras pueden colonizar una amplia gama de sustratos disponibles en el hogar, incluyendo frutas, vegetales, granos, productos lácteos y superficies expuestas a la humedad, como fregaderos y duchas.

Aunque muchas levaduras presentes en entornos domésticos son beneficiosas y se utilizan en la producción de alimentos y bebidas, algunas especies pueden causar problemas de deterioro de alimentos, o en casos más graves, infecciones en humanos, especialmente en individuos inmunocomprometidos. Por lo tanto, es importante entender la diversidad y la biología de las levaduras presentes en los hogares para garantizar la seguridad alimentaria y la salud pública(22).

***Exophiala dermatitidis*:** También conocida como *Wangiella dermatitidis* y perteneciente a las denominadas «levaduras negras», es un hongo dematiáceo que posee una pigmentación oscura debido a su contenido en melanina. Se encuentra presente principalmente en lugares cálidos como

saunas, baños y lavavajillas. Puede producir un amplio rango de enfermedades. La infección suele producirse por inoculación o un traumatismo, afecta generalmente a la piel y tejidos blandos, aunque también se han descrito infecciones a nivel del SNC (Sistema Nervioso Central), pulmonares y sistémicas, principalmente en pacientes inmunodeprimidos. Diversos trabajos han descrito infecciones corneales, generalmente tras cirugía, por *E. dermatitidis* y por otras especies de este género(23).

Saprochaete/magnusiomyces: Conocido también como *Geotrichum capitatum* o *Blastoschizomyces capitatus*, es un hongo levaduriforme clasificado en la familia *Dipodascaceae*. Este microorganismo se encuentra en el medio ambiente, especialmente en el suelo, pero también es muy importante mencionar que su presencia se encuentra en los lavavajillas, tiene la capacidad de colonizar la piel, tracto respiratorio y gastrointestinal en los seres humanos. *S capitata* es un hongo oportunista que afecta principalmente a pacientes inmunocomprometidos con enfermedad oncohematológica y neutropenia prolongada(24).

Género *Rhodotorula*

Este grupo taxonómico incluye un grupo de levaduras pigmentadas que se encuentran ampliamente distribuidas en la naturaleza. Una de las características más particulares de las especies de *Rhodotorula* es su capacidad para producir pigmentos carotenoides, como la toruleno, que les otorgan colores que van desde el amarillo hasta el rojo intenso. Estos pigmentos les permiten adaptarse a una variedad de ambientes, incluidos suelos, aguas superficiales y ambientes marinos(25).

Las especies de *Rhodotorula* se encuentran en diferentes hábitats, como el suelo, el agua, además en ambientes extremos como las regiones polares, desiertos y salinas. También son comunes en ambientes antropogénicos, como alimentos fermentados, aguas residuales y productos cosméticos(26).

Las especies perteneciente a este género son tolerantes a condiciones ambientales adversas, incluida la presencia de altas concentraciones de sales y metales pesados, así como a la radiación ultravioleta y temperaturas

extremas. Esta capacidad de resistir condiciones extremas los convierte en sujetos de interés en diversas aplicaciones biotecnológicas y ambientales(25).

4.2.6 Aplicaciones biotecnológicas

Producción de biopigmentos: Debido a su capacidad para producir pigmentos de colores brillantes y naturales, las especies de *Rhodotorula* son investigadas para su uso en la industria de alimentos y cosméticos como colorantes naturales y aditivos(27).

Biorremediación: Algunas cepas de *Rhodotorula* spp. han mostrado capacidad para degradar contaminantes ambientales, como hidrocarburos, pesticidas y metales pesados, lo que las convierte en candidatas prometedoras para la biorremediación de suelos y aguas contaminadas(28).

Producción de biocombustibles: Debido a su capacidad para acumular lípidos, algunas especies de *Rhodotorula* se han utilizado como potenciales candidatos para la producción de biocombustibles a partir de biomasa lignocelulósica(28).

4.2.7.-Especies de *Rhodotorula*

Rhodotorula mucilaginosa: Es una levadura basidiomiceta pigmentada de color rosa a rojo debido a la producción de carotenoides, presente en agua, suelo, aire, alimentos y superficies hospitalarias. Aunque generalmente es saprófita, puede causar infecciones oportunistas en personas inmunocomprometidas, colonizando dispositivos médicos y mostrando resistencia a antifúngicos, asociándose con fungemia, peritonitis y endocarditis(29).

Rhodotorula glutinis: Considerada cómo otra levadura pigmentada ampliamente distribuida en la naturaleza, especialmente en suelos, frutas y agua, con menor patogenicidad, pero con gran interés biotecnológico por su capacidad de producir lípidos para biocombustibles, antioxidantes naturales

y en procesos de biorremediación, además de aplicaciones en la industria alimentaria y ambiental(29).

Rhodotorula rubra: Tiene capacidad para colonizar una variedad de ambientes, como suelos, aguas, alimentos y ambientes domésticos. Se ha utilizado en investigaciones biotecnológicas debido a su capacidad para producir enzimas y metabolitos de interés industrial(29).

Rhodotorula minuta: Esta especie se encuentra en una variedad de entornos, en suelos y ambientes marinos. Se caracteriza por su capacidad para producir pigmentos naranjas y de tolerar altas concentraciones de sal(29).

Rhodotorula slooffiae: Esta especie se encuentra comúnmente en alimentos fermentados y productos lácteos. Tiene la capacidad para producir pigmentos de color rosa y su potencial papel en la producción de sabores y aromas(29).

CAPÍTULO II
METODOLOGÍA

II.1. Diseño de Investigación

Este estudio se llevará a cabo mediante un diseño de investigación experimental y descriptivo. Se utilizarán enfoques cuantitativos y cualitativos para caracterizar fenotípica y genéticamente a las cepas de levaduras del género *Rhodotorula*. La investigación se llevará a cabo en ambientes domésticos seleccionados de varias regiones de Ecuador, donde se recolectarán muestras de levaduras y se analizarán sus características en un laboratorio especializado.

II.2 Población y Muestra

La población de interés está constituida por cepas de levaduras del género *Rhodotorula* presentes en ambientes domésticos de diversas regiones del Ecuador.

II.2.1 Universo - Población

No aplica (no es un estudio epidemiológico) Se realizó aislamientos secundarios de diferentes cepas, previamente aisladas de diferentes lavaplatos, de ambientes domésticos del Ecuador.

II.2.2 Muestreo y Muestra

El muestreo se realizó utilizando un muestreo no probabilístico por conveniencia, seleccionando los hogares que cumplan con las características necesarias. Se buscarán diferentes cepas en cada hogar para asegurar una representación adecuada.

II.3 Criterios de Selección

Criterios de inclusión: Se incluyeron aquellas cepas que hayan sido aisladas a partir de un aislamiento previo de muestras obtenidas de lavaplatos ubicados en distintos entornos del Ecuador.

Criterios Exclusión: Se excluyeron las cepas que crecieron en diferentes ambientes domésticos que no sean lavaplatos de manera específica.

II.4 Definición y Clasificación de las Variables

Crecimiento de levaduras del género *Rhodotorula*

El crecimiento de *Rhodotorula* se caracteriza por la formación de colonias de color rosado, anaranjado o rojizo debido a la producción de carotenoides. Es una levadura aerobia que se desarrolla bien en medios de cultivo como Agar Dextrosa Sabouraud y Agar Nutritivo.

Escala de medición:

Presencia o ausencia.

Altitud de la zona de muestreo

Medida en metros sobre el nivel del mar, se registró para cada ubicación de muestreo.

Temperatura óptima de crecimiento

Evaluación en diferentes ambientes, que permitió determinar el rango de crecimiento de las cepas aisladas.

Escala de medición:

Grados centígrados (°C).

Características macroscópicas de las colonias

Conjunto de características observables a simple vista, que incluirán color, superficie, brillo, borde, elevación, forma, textura y aspecto en medios de cultivo.

Escala de medición:

Forma: Circular, rizoide, filamentosa, irregular, Fusiforme.

Color: Amarillo, crema, rojo, naranja, blanco, rosa.

Textura: Lisa, rugosa.

Transparencia: Opaca, transparente.

Brillo: Brillante, sin brillo.

Borde: Entero, rizoide, filamentoso, ondulado,lobulado.

Elevación: Convexa, plana, elevada, umbilicada.

Consistencia: Dura, suave, mucosidad.

Tamaño: Grande, mediano, pequeño, puntiforme.

Características microscópicas de las células

Conjunto de rasgos celulares que se pueden observar a través del microscopio, incluyendo la forma, disposición, además si existe presencia de hifas o pseudohifas, gemación y ascosporas.

Escala de medición:

Forma: Ovalada, esférica, elipsoidal.

Unicelular o pluricelular

Gemación o ascosporas

Actividad de la enzima fosfolipasa

Definición: El ensayo de fosfolipasas en levaduras se utilizó para evaluar la capacidad de estas para producir fosfolipasas, enzimas que desempeñan un papel crucial en la interacción de las levaduras con sus huéspedes, especialmente en términos de virulencia. Al determinar la actividad fosfolipasa, se pudo inferir la capacidad de la levadura para invadir tejidos, adherirse a superficies biológicas y causar daño celular.

Escala de medición:

Presencia o ausencia.

Actividad hemolítica

Definición: El ensayo de actividad hemolítica en ingredientes se utilizó para evaluar la capacidad de estas para destruir glóbulos rojos y liberar hemoglobina, lo que indicaba su potencial de virulencia. Este ensayo se llevó a cabo en medios de cultivo con sangre, como el Agar sangre, para observar si la levadura inducía hemólisis

Escala de medición:

Presencia o ausencia.

Actividad proteolítica

Definición: El ensayo de actividad proteolítica en levaduras se utilizó para evaluar la capacidad de estas para degradar proteínas, lo que indicaba su habilidad para invadir y colonizar tejidos, especialmente en contextos de infecciones. Este ensayo se realizó generalmente en medios de cultivo como Agar leche, donde se observaba la formación de zonas claras alrededor de las colonias de levaduras, lo que indicaba la descomposición de las proteínas presentes en el medio

Escala de medición:

Presencia o ausencia.

Capacidad de penetración del sustrato

Definición: El ensayo de penetración en levaduras se utilizó para evaluar la capacidad de las cepas de levadura para invadir y penetrar estructuras celulares. Este ensayo se llevó a cabo en medios sólidos, como Agar que simula esos tejidos, donde observamos cómo las levaduras eran capaces de atravesar barreras celulares y colonizar los tejidos.

Escala de medición:

Presencia o ausencia.

II.5 Procedimientos, Técnicas e Instrumentos para la Obtención de Datos

La información recopilada se procesó de manera detallada a través de gráficos, fotografías y cuadros estadísticos, lo que facilitó su comprensión.

Obtención de muestras: Se aislaron diferentes cepas a partir de aislamientos primarios realizados en lavaplatos previamente muestreados, garantizando que se seleccionen cepas representativas. Se utilizaron palillos estériles dentro de cabinas de flujo laminar para evitar contaminaciones externas.

Preparación de medios de cultivo y siembra

A partir de los aislamientos primarios, se seleccionaron las mejores cepas para ser cultivadas en agar Dextrosa Sabouraud.

Caracterización macroscópica

Se realizó la evaluación visual de las colonias de levaduras, con el uso de diferentes códigos: **Forma:** C= circular, R= rizo, F= filamentososa, I= irregular, Fu= Fusiforme; **Color:** A= amarillo, C= crema, R= rojo, N= naranja, B= blanco, Ro= rosa; **Textura:** L= lisa, R= rugosa; **Transparencia:** O= opaca, T= transparente; **Brillo:** B= brillante, S= sin brillo; **Borde:** E= entero, R= rizoide, F= filamentososo, O= ondulado, L= lobulado; **Elevación:** C= convexa, P= plana, E= elevada, U= umbilicada; **Consistencia:** D= dura, S= suave, M= mucosoide; **Tamaño:** G= grande, M= mediano, P= pequeño, Pu= puntiforme.

Caracterización microscópica

Se utilizó un microscopio óptico, se examinaron las características de cada aislado puro para identificar si corresponde a levaduras. Para ello, se suspendió una colonia en una gota de solución salina sobre un portaobjetos, empleando un asa o palillo estéril, y luego se revisó con una lente de 40X. Además, se registraron las características observadas, como la forma celular y la presencia de gemación o ascosporas.

Conservación de aislados puros de levaduras

Se usó técnicas de crioconservación para mantener cepas puras para análisis futuros, conservados en tubos de tapa rosca.

Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas

A partir de cultivos frescos, se reguló cuidadosamente la densidad celular y se inocularon 5 µl de cada suspensión en medio Sabouraud Dextrosa con Cloranfenicol. La inoculación se efectuó a temperaturas específicas de 25, 30 y 37 grados centígrados.

Ensayos de virulencia:

Agar Extracto de Levadura Peptona Dextrosa (YPD):

Se utilizaron pruebas específicas en Agar Extracto de Levadura Peptona Dextrosa (YPD) para detectar la presencia de fosfolipasas. Para la preparación del medio de cultivo YPD, se disolvieron 13 gramos de Sabouraud Dextrosa, 11,7 gramos de cloruro de sodio y 0,11 gramos de cloruro de calcio en 184 ml de agua destilada. Esta mezcla se esteriliza mediante autoclave para garantizar la ausencia de contaminantes.

Posteriormente, se agregaron 20 mL de una emulsión de yema de huevo al 5% v/v en agua destilada. Sobre este medio, se inocularon 10 µL de suspensiones de cada uno de los aislados de levadura, previamente ajustadas a 1 unidad McFarland en solución salina. Tras lo cual se observó la aparición de halos traslúcidos alrededor de las colonias, indicando la actividad de la enzima fosfolipasa.

Agar Sangre: Este método permite identificar la presencia de hemolisinas. Para la preparación del medio, se utilizó una base de Sabouraud Dextrosa enriquecida con un 7% de sangre humana y un 3% de glucosa. En este medio, se inocularon 10 µl de una suspensión de cada aislado de levadura, previamente ajustada a 1 unidad McFarland en solución salina. Posteriormente, las placas fueron incubadas a temperatura ambiente durante 72 horas, tras lo cual se evaluó la formación de halos de hemólisis alrededor de las colonias.

Agar Leche: Este medio facilita la detección de la actividad proteolítica. Para su preparación, se empleó Agar nutritivo suplementado con un 1% v/v de leche descremada. En este medio, se inocularon 10 µl de una suspensión de cada aislado de levadura, previamente ajustada a 1 unidad McFarland en solución salina. Luego, se incubó a temperatura ambiente durante 72 horas para evaluar la formación de halos transparentes alrededor de las colonias.

Ensayo de penetración: Se empleó el medio de cultivo Sabouraud Dextrosa para este procedimiento. Se inocularon 10 µl de una suspensión de levadura, previamente ajustada a 1 unidad McFarland en solución salina, en el medio preparado. Después de la inoculación, las placas de agar fueron incubadas a temperatura ambiente por un período de 48 a 96 horas, luego se procedió a lavar las colonias con abundante agua destilada. Para confirmar lo anterior, con ayuda de un bisturí se realizaron cortes transversales del medio sobre el cual crecieron dichas colonias y las observamos a través de un microscopio óptico con el lente de 40X, en donde se observan hifas que tienen la capacidad de penetrar el medio.

Extracción de ADN genómico.

Se seleccionaron 16 aislados puros previamente cultivados en Sabouraud Dextrosa para la extracción de ADN. El ADN genómico se extrajo mediante lisis alcalina, utilizando un palillo estéril para tomar 2-3 colonias de cada levadura y suspenderlas en 150 µl de solución de lisis (0,025 % de SDS y 0,025 N de hidróxido de sodio). Luego, las muestras fueron incubadas en el termobloque BOECO a 95 °C durante 20 minutos. Los extractores celulares se almacenaron a -20 °C hasta su uso posterior.

Amplificación por PCR

A partir del ADN genómico de los aislados de levaduras, se amplificó la región ITS 1 - ITS 4 se utilizó los cebadores ITS1 (5'-CTT GGT CAT TTA GAG GAA GTA A-3') y ITS4 (5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GV-3'). Para la preparación de la PCR, se utilizaron 12,5 µl de Master Mix, 2 µl del primer ITS-4, 2 µl del primer ITS-1, 2 µl de ADN genómico y 6,5 µl de agua destilada, alcanzando un volumen total de 25 µl por tubo. La reacción se realizó en un

termociclador Bioneer, donde se amplificó la región ITS con el siguiente perfil térmico: a) Desnaturalización inicial: 95 °C durante 5 minutos; b) 35 ciclos de: desnaturalización a 94 °C durante 1 minuto, alineación a 58 °C durante 1 minuto, extensión a 72 °C durante 1 minuto; c) Extensión final: 72 °C durante 10 minutos.

Electroforesis de ADN en gel de agarosa:

Se utilizó para analizar y visualizar fragmentos de ADN de levaduras con el fin de determinar su secuencia. Primero, se preparó un gel de agarosa entre 2% en buffer TAE 1X, se calentó hasta su disolución y se dejó enfriar, agregando SYBR Safe. para la visualización del ADN. Luego, se vertió en una cubeta con un peine para formar los pocillos y se dejó solidificar. Posteriormente, se extrajo y purificó el ADN genómico de levaduras, el cual se mezcló con buffer de carga y se depositó en los pocillos del gel junto con un marcador de peso molecular.

La corrida electroforética se llevó a cabo aplicando un voltaje de 80-120 V durante 30 a 60 minutos, permitiendo la migración del ADN desde el cátodo (-) al ánodo (+). Finalmente, el gel se observó en un transiluminador UV o sistema de imagen de fluorescencia, y las bandas obtenidas se compararon con el marcador de peso molecular para verificar la calidad y tamaño del ADN antes de su secuenciación.

Secuenciación y análisis de secuencias con BLAST

Los productos de amplificación generados por PCR fueron enviados a la empresa coreana MacroGen. La secuenciación se llevó a cabo utilizando el método automatizado de Sanger. Luego, las secuencias obtenidas fueron comparadas con bases de datos abiertas para todo público, como GenBank y utilizando el algoritmo BLAST-N.

Procedimientos Estadísticos y Análisis de Datos

Los datos obtenidos se analizarán utilizando software estadístico apropiado. Se realizarán análisis descriptivos y, según sea necesario, se implementarán pruebas estadísticas para evaluar diferencias significativas entre grupos de cepas y sus características. Los resultados se presentarán en tablas y gráficos para facilitar su interpretación.

ASPECTOS ÉTICOS

Esta investigación se centra en el análisis de levaduras presentes en superficies inertes presentes en ambientes domésticos, específicamente lavaplatos. Dado que se trata del estudio de objetos no vivos, no es necesario obtener un permiso especial de un CEISH.

CAPÍTULO III

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

III.1 Resultados

1. Aislamiento primario de las cepas a trabajar

Se llevó a cabo el aislamiento primario de diferentes cepas del género *Rhodotorula*, previamente obtenidas a partir de ambientes domésticos, específicamente de lavaplatos de distintos hogares en diversas regiones del Ecuador. El objetivo fue recuperar y caracterizar colonias con similitudes morfológicas o diferencias significativas entre ellas.

Para garantizar su viabilidad y evaluar su adaptación a distintas condiciones establecidas, las cepas fueron cultivadas en medios de cultivo selectivos como dextrosa sabouraud y agar nutritivo, con el fin de verificar su viabilidad y adaptación a varias condiciones establecidas.

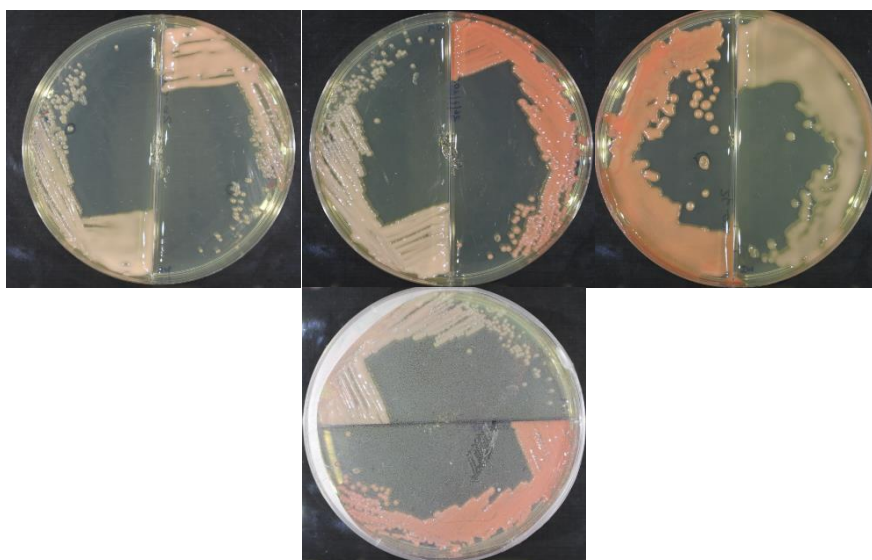


Figura 1: Proceso de Aislamiento de Cepas de Microorganismos

2. Purificación de las cepas

Tras el aislamiento primario de las cepas de *Rhodotorula*, se llevó a cabo un proceso de purificación con el objetivo de obtener cultivos puros y asegurar que las características observadas correspondan a una sola especie. Esta etapa fue fundamental para eliminar posibles contaminantes y otras levaduras que pudieran haberse desarrollado en los medios de cultivo utilizados durante el aislamiento inicial.

Para lograr la purificación, se aplican técnicas de siembra en estrías en medios selectivos, permitiendo la separación y el crecimiento de colonias individuales. Se realizaron múltiples subcultivos en condiciones controladas, asegurando la estabilidad morfológica y fisiológica de las colonias seleccionadas.

3. Caracterización morfológica

Posterior a la purificación de las diferentes cepas, se llevó a cabo la caracterización morfológica de 16 aislados de levaduras, los cuales presentaban tanto similitudes como diferencias entre ellos. Esta selección permitió una mejor exploración de la diversidad de levaduras que habitan en estos ambientes extremos domésticos. En la Tabla 4 se presentan las principales características de los aislados analizados.

Tabla 1: características morfológicas de varias cepas de microorganismos, incluyendo forma, color, textura y brillo.

Forma: C= circular, R= rizo, F= filamentosa, I= irregular, Fu= Fusiforme.
 Color: A= amarillo, C= crema, R= rojo, N= naranja, B= blanco, Ro= rosa.
 Textura: L= lisa, R= rugosa.
 Transparencia: O= opaca, T= transparente.
 Brillo: B= brillante, S= sin brillo.
 Borde: E= entero, R= rizoide, F= filamentoso, O= ondulado, L= lobulado.
 Elevación: C= convexa, P= plana, E= elevada, U= umbilicada.
 Consistencia: D= dura, S= suave, M= mucoide.
 Tamaño: G= grande, M= mediano, P= pequeño, Pu= puntiforme.

Aislado	Medio	Forma	Color	Brillo	Textura	Borde	Tamaño	Elevación	Transparencia	Consistencia
C6-6	SD	Fu	Ro	B	L	O	P	E	O	M
C8-2	SD	Fu	Ro	B	L	E	Pu	P	O	M
S5A	SD	Fu	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M
S4A	SD	C	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M
C9-2	SD	C	Ro	B	L	E	Pu	E	O	M

C3-1	SD	C	Ro	S	R	R	Pu	E	O	D
C5-3	SD	F	Ro	B	L	E	P	E	O	M
C10-2	SD	C	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M
C8-1	SD	F	Ro	B	L	E	Pu	E	O	M
C7-6	SD	C	Ro	B	L	E	Pu	E	O	M
C3-9	SD	F	Ro	B	L	R	P	E	O	M
C2-4	SD	C	Ro	S	R	E	Pu	E	O	D
S10 B	SD	F	Ro	B	L	E	Pu	P	O	M
S7A	SD	F	Ro	B	L	E	P	E	O	M
S10 A	SD	F	Ro	B	L	E	Pu	P	O	M
S5B	SD	C	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M

Las características morfológicas se pueden apreciar en la Figura 1, en donde se aprecian que todas colonias tienen una coloración rosa y en su mayoría tienen aspecto mucoso, mientras que únicamente 2 colonias presentan una consistencia dura.

En términos de morfología celular que se pueden apreciar a nivel microscópico, las características más relevantes se ilustran en la Figura 2. En donde se observa, que la mayoría de los aislados exhiben células de forma ovalada, además se pueden observar que están en gemación.

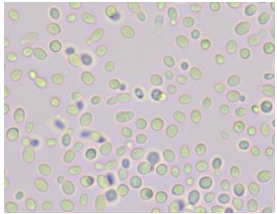
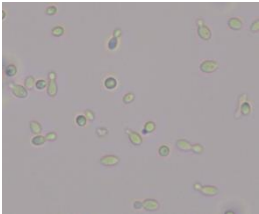
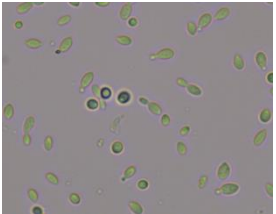
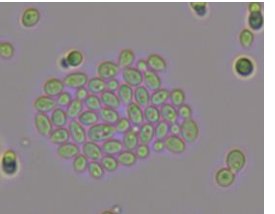
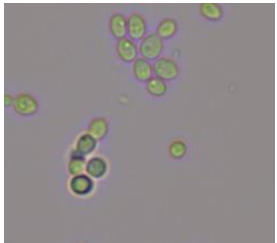
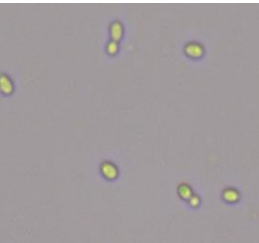
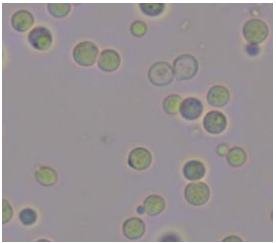
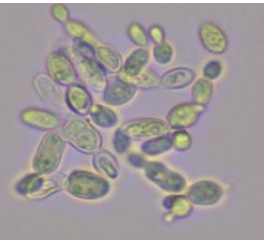
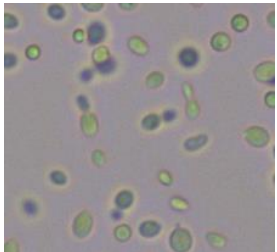
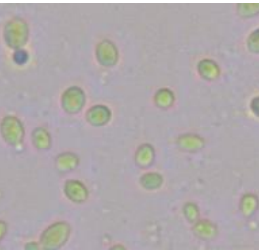
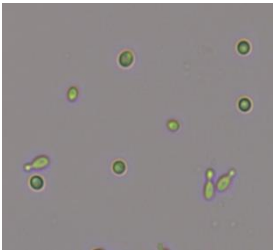
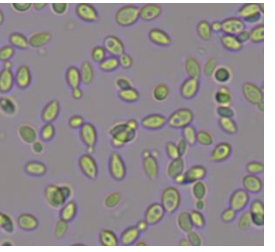
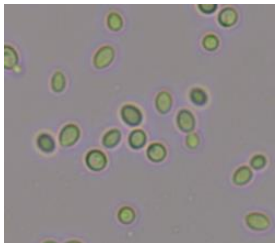
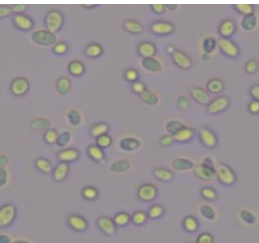
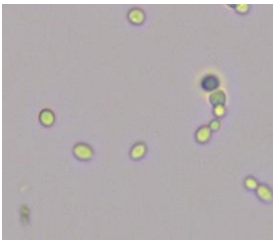
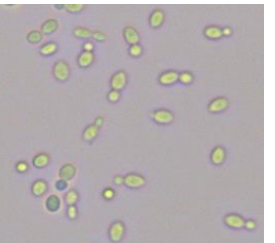
S7-A	S10-A	S10-B	C2-4
			
C3-1	C3-9	C5-3	C6-6
			
C7-6	C8-1	C8-2	C9-2
			
C10-2	S4-A	S5-A	S5-B
			

Figura 2: Características microscópicas de las colonias aisladas.

4. Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas

Se observa que el crecimiento de las levaduras no fue igual a todas las temperaturas que fueron evaluadas, ya que se evidencia que hubo mayor crecimiento a 20 y 30°C, a 37°C también hubo crecimiento de la mayoría de cepas, sin embargo, las ceas C5-3 y C6-6 no crecieron a dicha temperatura, mientras que la cepa C3-1 si presentó crecimiento a 37°C pero se observó también un cambio de su morfología.

Tabla 2: Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas, cepa C5-3 no crece a 37°C.

Colonias	20°C	30°C	37°C
S5-B	++++	++++	++++
S4-A	+++	++++	+++
C3-9	++++	++++	+++
C2-4	+++	++++	+++
C10-2	++++	++++	+++
C5-3	++++	++	(-)
S10-B	+++	+++	++
C7-6	+++	++++	+++
C3-1*	+++	+++	+++ Cambio de morfología de la colonia.
C9-2	++	+++	++
S7-A	++++	++++	+++

S5-A	+++	+++	+++
S10-A	++++	+++	++
C8-1	+++	++++	++
C8-2	+++	++++	++
C6-6	+++	+++	(-) No hay crecimiento
ATCC	++	+++	++++

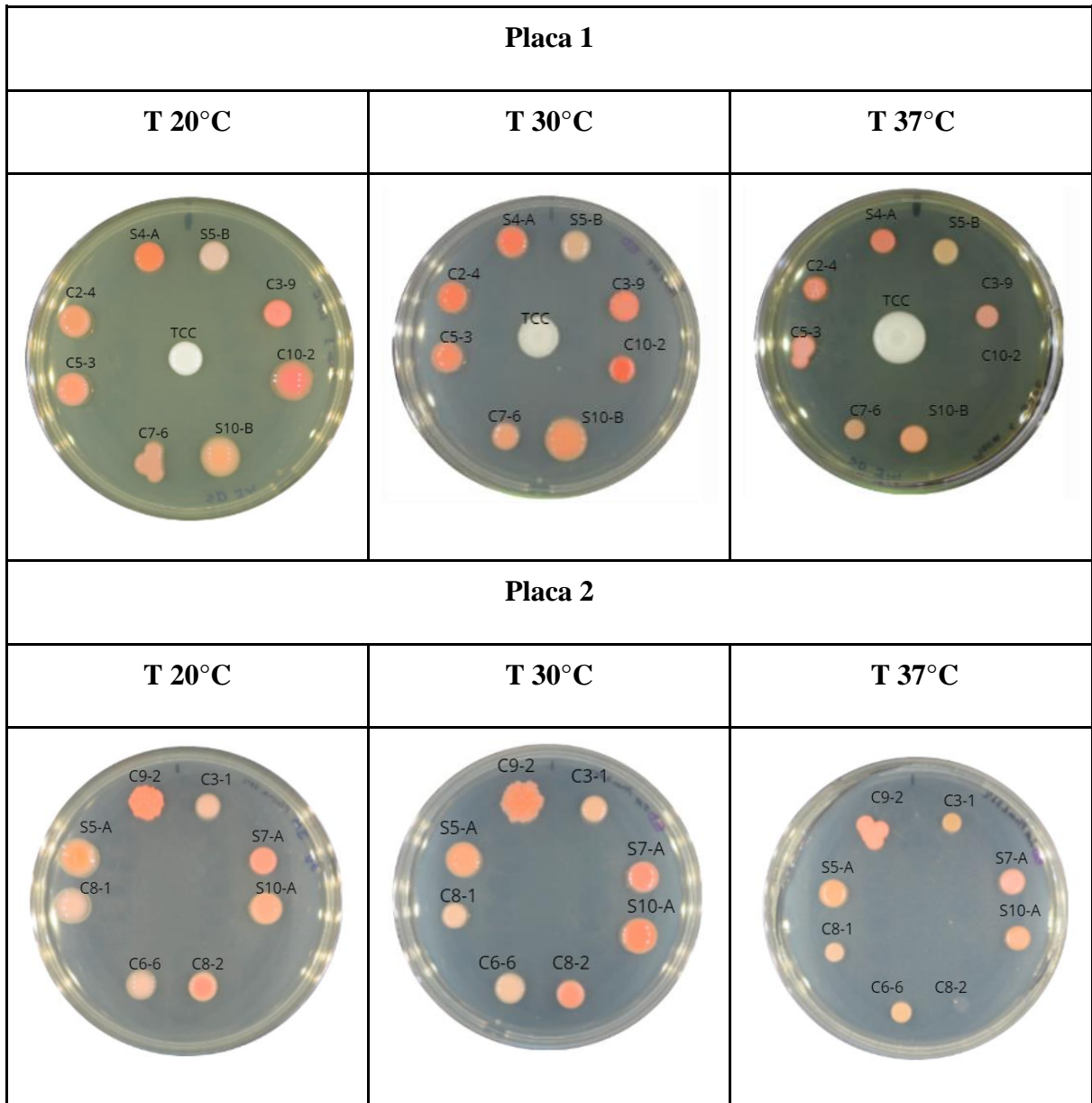


Figura 3: Crecimiento de levaduras a diferentes temperaturas vista macroscópicamente de placa 1 y placa 2.

5. Factores de virulencia.

Se llevó a cabo la caracterización de factores de virulencia mediante la detección de enzimas extracelulares, como proteasas, hemolisinas y fosfolipasas. Estas enzimas desempeñan un papel fundamental en la interacción del microorganismo con su entorno, facilitando la invasión y la colonización de tejidos en posibles hospedadores.

Actividad proteolítica.

Tras siete días de incubación en el medio selectivo para proteasas, todas las cepas evaluadas dieron resultados negativos, es decir, no se observó la formación de halos de degradación proteica alrededor de las colonias. Esto sugiere que las cepas analizadas no poseen actividad proteolítica significativa, lo que podría indicar una menor capacidad para degradar proteínas del hospedador en un contexto patogénico.

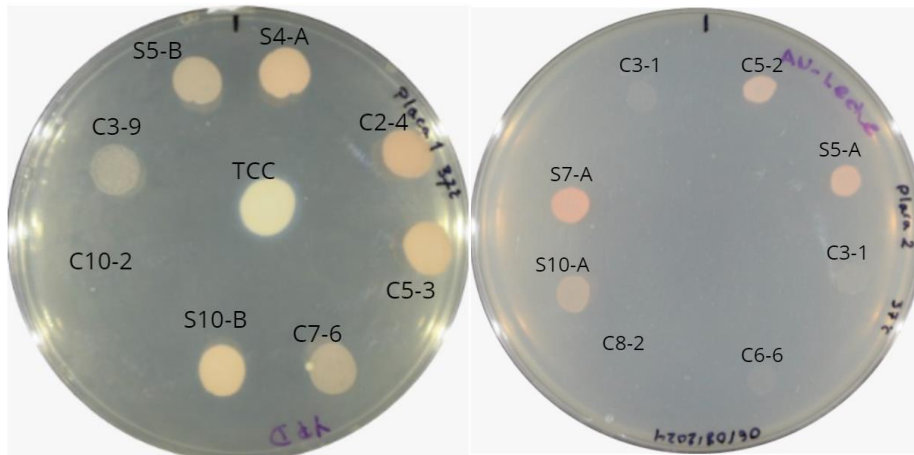


Figura 4: Actividad proteolítica de 16 cepas aisladas.

Actividad hemolítica

Respecto a la evaluación de hemolisinas, se supervisa que la mayoría de las cepas presentaron actividad hemolítica, evidenciada por la formación de zonas de hemólisis en el medio con eritrocitos. Sin embargo, tres cepas dieron resultados negativos, lo que indica una posible variabilidad en la capacidad de lisar glóbulos rojos.

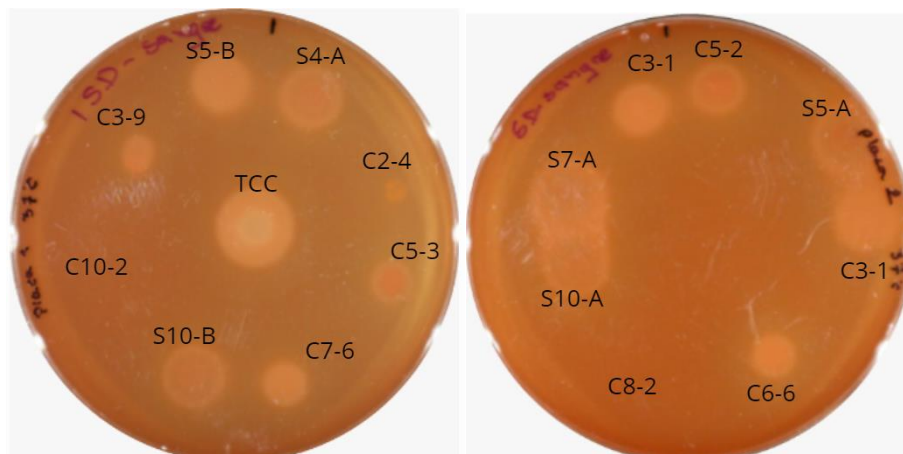


Figura 5: Actividad hemolítica de 16 cepas aisladas.

Actividad fosfolipasa

Por otro lado, en la evaluación de fosfolipasas, se encontró una mayor heterogeneidad en los resultados. De las 16 cepas analizadas, 8 dieron negativas, lo que significa que solo la mitad de las cepas fueron capaces de hidrolizar fosfolípidos. La producción de estas enzimas es un factor clave en las alteraciones de membranas celulares y en la patogenicidad de algunos microorganismos, por lo que su presencia en ciertas cepas podría estar relacionada con una mayor capacidad de interacción con el hospedador.

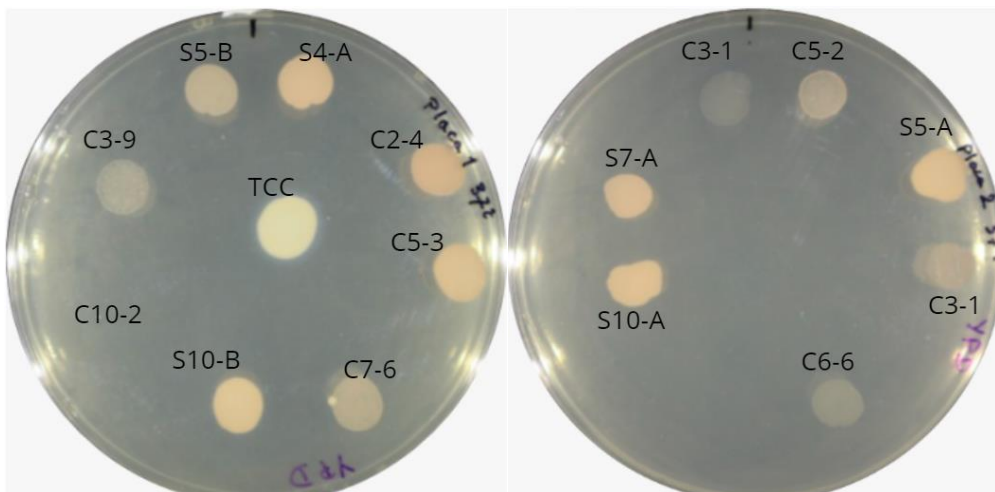


Figura 6: Actividad de la fosfolipasa de 16 cepas aisladas.

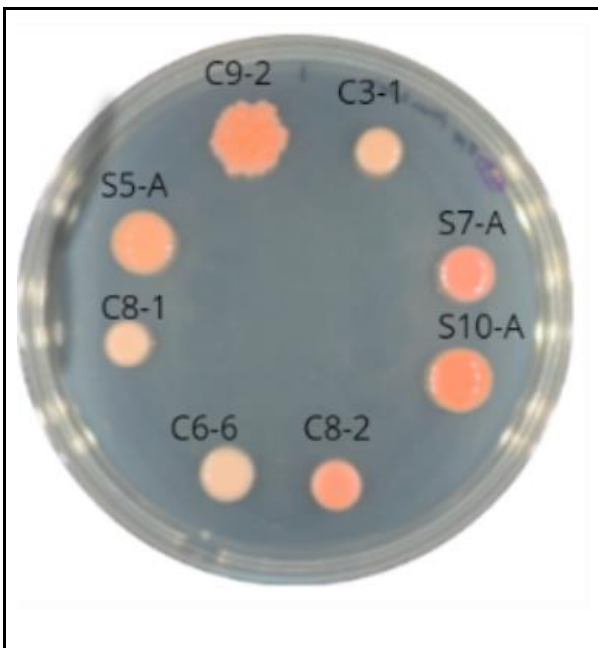
Tabla 3: Factores de virulencia

Cepas	Proteasas	Hemolisinas	Fosfolipasas
C3-1	-	+	-
C9-2	-	+	-

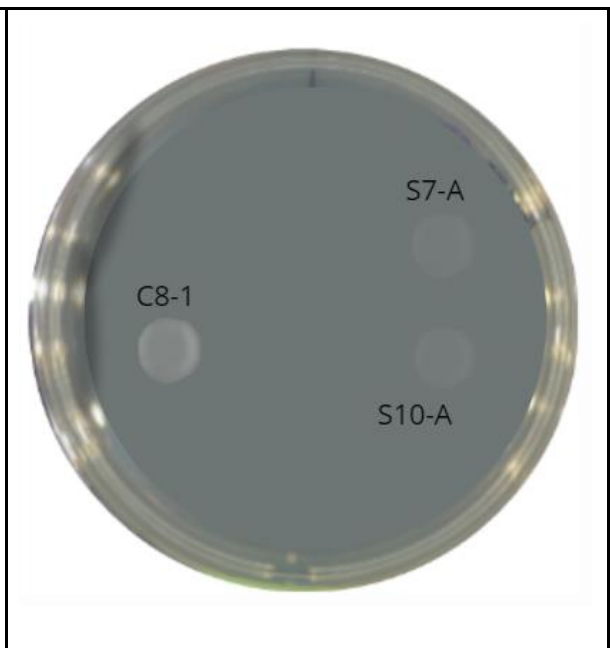
S7-A	-	+	+
S5-A	-	+	+
S10-A	-	+	-
C8-1	-	+	+
C8-2	-	+	-
C6-6	-	-	-
S5-B	-	+	+
S4-A	-	+	+
C3-9	-	-	+
C2-4	-	+	-
C10-2	-	+	+
C5-3	-	-	-
S10-B	-	+	-
C7-6	-	+	+

Capacidad de penetración del sustrato

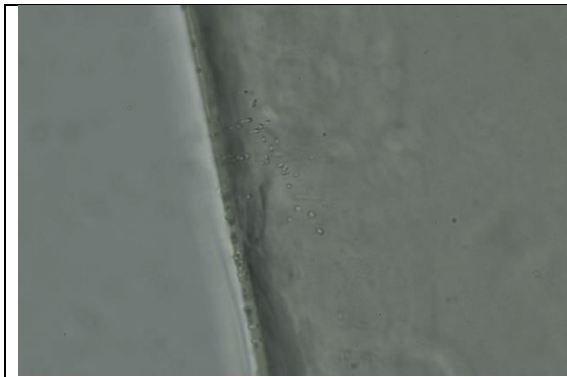
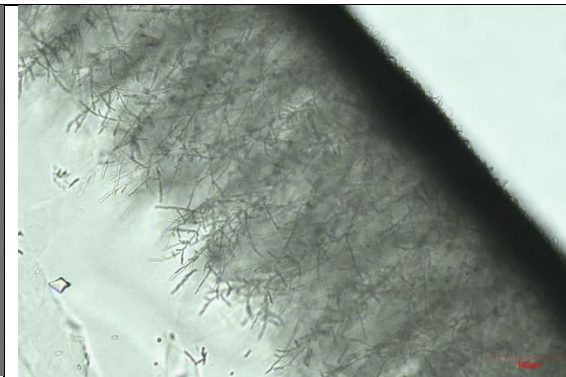
Es una prueba que se realiza con la finalidad de evaluar la capacidad de penetración activa en un sustrato de agar que simula un tejido animal o vegetal, en donde se determinó que la placa 1 fue negativa la capacidad de penetración de dichas cepas, mientras que la placa 2 demostró que las cepas S7-A, S10-A y C8-1 poseen dicha capacidad.



1.1. Figura 7: Antes del ensayo de penetración.



1.2. Figura 8: Posterior al ensayo de penetración.

	
<p>1.3. Figura 9: Ensayo de penetración negativo con lente de 10X</p>	<p>1.4. Figura 10: Ensayo de penetración positivo con lente de 10X</p>

6. Amplificación de la región ITS

La siguiente imagen muestra un gel de electroforesis en agarosa teñido con un colorante fluorescente y visualizado bajo luz ultravioleta. Este gel contiene los productos de amplificación de la región ITS obtenidos mediante PCR. Se observa una serie de bandas bien definidas en los carriles correspondientes a las muestras, lo que indica que la amplificación de la región ITS fue exitosa en la mayoría de los casos. Además, todas las bandas se encuentran a una altura similar en cada carril, lo que sugiere que los fragmentos amplificados tienen un tamaño similar, lo cual se espera en estudios de identificación de levaduras u hongos.

También se observa que una de las bandas se tiñe de un color menos intenso, los mismos corresponden a los controles positivos y negativos respectivamente. Basándonos en la posición de las bandas en comparación con el marcador, se estima que los fragmentos de ITS amplificados tienen entre 600 a 700 pb.

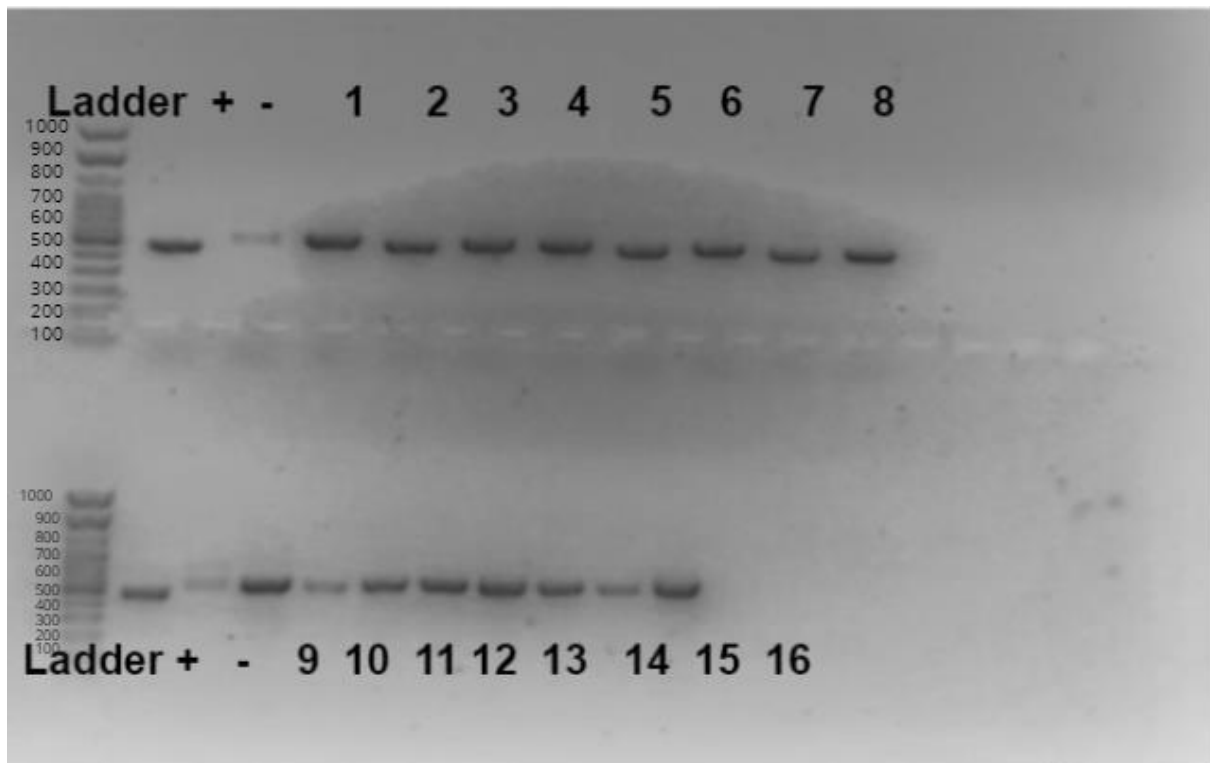


Figura 11: Amplificación por PCR de la región ITS a partir del genoma de 16 cepas aisladas. Carril 1: Aislado C3-1; Carril 2: Aislado C9-2; Carril 3: Aislado S7-A; Carril 4: Aislado S5-A; Carril 5: Aislado: S10-A; Carril 6: Aislado C8-1; Carril 7: Aislado C8-2; Carril 8: Aislado C6-6; Carril 9: Aislado S5B; Carril 10: Aislado S4A; Carril 11: Aislado C3-9; Carril 12: Aislado C2-4; Carril 13: Aislado C10-2; Carril 14: Aislado C5-3; Carril 15: Aislado S10-B; Carril 16: Aislado C7-6.

7. Secuenciación y análisis de secuencias con BLAST

Tras la amplificación exitosa de la región ITS, se llevó a cabo un proceso de secuenciación en la empresa Macrogen Inc. (Seúl, Corea del Sur). Esta etapa permitió obtener la secuencia exacta de nucleótidos de cada muestra analizada, facilitando su identificación a nivel molecular.

Para determinar la identidad de las secuencias obtenidas, se realizó un análisis de similitud utilizando la herramienta en línea BLAST-N (*Basic Local Alignment Search Tool for Nucleotides*). Este software compara las secuencias ingresadas con aquellas almacenadas en la base de datos GenBank, permitiendo identificar organismos con secuencias similares. El

análisis de las secuencias resultó en valores de identidad superiores al 97% con las secuencias registradas en GenBank.

El género *Rhodotorula* fue el más representativo en el estudio, con ocho cepas asignadas al mismo. De estas, cinco corresponden a la especie *Rhodotorula mucilaginosa*, con un 100% de identidad y cobertura del 99% al 100%. Por otro lado, tres cepas fueron identificadas como *Rhodotorula glutinis*, con niveles de identidad del 100% y cobertura del 99% al 100%.

Cuatro cepas fueron identificadas como *Cystobasidium slooffiae*. Las secuencias amplificadas a partir de estas cepas presentaron porcentajes de identidad superiores al 96%, con valores de cobertura del 99% al 100%. Además, se detectó una cepa de *Cytobasidium minutum*, con un 99.81% de identidad. Un hallazgo particular fue la presencia de una cepa identificada como *Rhodotorula diobovata* con un 100% de identidad y una cobertura del 99%.

Tabla 4: Secuenciación de Cepas de Levaduras

Código	ESPECIE FILOGENÉTICA MÁS CERCANA	% DE IDENTIDAD	E-Value	% DE COBERTURA	LONGITUD SECUENC.(P/B)
C3-1	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	99%	562
C9-2	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	99.44	0.0	100%	534
S7-A	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99.82	0.0	100%	555
S5-A	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	100%	551

S10-A	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	97.7	0.0	100%	513
C8-1	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	96.15	0.0	99%	525
C8-2	<i>Rhodotorula diobovata</i>	100.00	0.0	99%	566
C6-6	<i>Rhodotorula glutinis</i>	99.64	0.0	99%	557
S5B	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	99%	563
S4A	<i>Cystobasidium minutum</i>	99.81	0.0	100%	533
C3-9	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	100%	561
C2-4	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	100%	561
C10-2	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99.65	0.0	100%	564
C5-3	<i>Rhodotorula glutinis</i>	100.00	0.0	99%	554
S10-B	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	100.00	0.0	99%	533
C7-6	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	99%	563

III.2 Discusión

La presente investigación tuvo como propósito fundamental la caracterización fenotípica y molecular de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y especies afines que colonizan ambientes domésticos extremos en diversas regiones del Ecuador. Los resultados obtenidos nos permiten confirmar que, en efecto, las superficies de los lavaplatos manuales de ambientes domésticos están colonizadas por cepas de levaduras que poseen el potencial de comportarse como patógenos animales. Este enfoque es fundamental no solo por la creciente preocupación sobre la salud pública relacionada con los microorganismos presentes en los espacios domésticos, sino también por la escasa información que existe referente a la diversidad microbiana en estos entornos domésticos en la región andina.

La caracterización fenotípica permite identificar las características morfológicas, fisiológicas y bioquímicas que distinguen a las diferentes cepas de *Rhodotorula* y sus especies afines, de otras especies de levaduras. Observaciones previas indican que algunas cepas de *Rhodotorula* muestran una notable adaptación a las condiciones extremas de los lavaplatos manuales, donde factores como la humedad, la temperatura y la presencia de nutrientes pueden favorecer su crecimiento(26). Estas adaptaciones fenotípicas no sólo proporcionan información valiosa sobre el potencial ecológico de estas especies, sino que también pueden reflejar su capacidad para interactuar con otros microorganismos en el microbioma doméstico.

El establecimiento del potencial de virulencia de las cepas de *Rhodotorula* es otro aspecto crucial de esta investigación. Se ha documentado que algunas especies de este género expresan factores de virulencia, como la producción de enzimas hidrolíticas (proteasas y lipasas) y su capacidad para formar biofilms, lo que podría aumentar su potencial de infección(26). La identificación y caracterización en profundidad de estos factores permitirá

comprender mejor los riesgos asociados con la colonización de hogares por este tipo de levaduras, lo que es especialmente relevante en el contexto ecuatoriano donde las enfermedades por infecciones fúngicas están en aumento.

El uso de herramientas bioinformáticas para ubicar filogenéticamente las cepas de *Rhodotorula* permitirá no sólo esclarecer sus relaciones evolutivas, sino también identificar patrones de adaptación en respuesta a las condiciones ambientales extremas de los hogares ecuatorianos. Para la identificación y análisis de las cepas, se emplearon herramientas bioinformáticas como BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), herramienta basada en un algoritmo que realiza alineamientos locales de secuencias de ADN, ARN o proteínas(26). Su función principal es analizar una secuencia de interés, conocida como secuencia *query*, y compararla con una amplia colección de secuencias almacenadas en una base de datos. A través de este proceso, el algoritmo identifica aquellas secuencias que presentan mayor similitud con la secuencia analizada, permitiendo la comparación de secuencias genéticas con bases de datos globales, como GenBank.

Este enfoque no solo facilitó la identificación de las especies más cercanas, desde un punto de vista filogenético, a las cepas evaluadas no documentadas previamente en la región, sino que también permitió esclarecer sus relaciones evolutivas e identificar patrones de adaptación en respuesta a condiciones ambientales extremas. Cabe destacar que la secuenciación del gen ADNr 16S presente en el genoma de estas cepas se llevó a cabo en Corea, garantizando una alta calidad en los datos obtenidos y un análisis exhaustivo de su diversidad genética. Esta información es fundamental para contribuir al mapeo de la diversidad microbiana en ambientes domésticos extremos, un área que aún carece de estudios en profundidad en América Latina.

Existen diferentes cepas de *Rhodotorula*, que se caracterizan por sus diversas propiedades metabólicas y fisiológicas(26). Estas cepas pueden

variar en su capacidad para producir pigmentos, tolerancia a condiciones ambientales extremas y su habilidad para fermentar distintos sustratos. Gracias a estas características, ciertas especies pertenecientes al género *Rhodotorula* no solamente son consideradas como patógenas oportunistas, sino que también tienen aplicaciones potenciales en la biotecnología, la industria alimentaria y la producción de bioactivos.

A continuación, presentamos un resumen de las características de las especies con las que están emparentadas las cepas que hemos caracterizado en el presente trabajo.

RHODOTORULA MUCILAGINOSA

Es una especie de levaduras con pigmentación rosada o anaranjada, ampliamente distribuida en el medio ambiente(30). Se suele encontrar en superficies húmedas y ricas en materia orgánica, como lavaplatos, duchas y fregaderos. Históricamente, ha sido considerada una levadura ambiental sin mayor implicación clínica(30). Sin embargo, en las últimas décadas, su capacidad para actuar como patógeno oportunista ha sido reconocida, especialmente en pacientes inmunocomprometidos. Si bien *R. mucilaginosa* no es un patógeno primario, se ha identificado como causa de infecciones oportunistas en pacientes con sistemas inmunológicos debilitados(30).

Las infecciones del torrente sanguíneo por *R. mucilaginosa* se han documentado en pacientes hospitalizados con catéteres venosos centrales o dispositivos intravasculares(30). Su capacidad de formar biopelículas en estos dispositivos favorece la colonización persistente y la diseminación sistémica. Estas fungemias suelen presentarse con fiebre persistente y síntomas de sepsis, lo que puede complicar el estado clínico del paciente. Debido a su resistencia natural a los azoles, el tratamiento de elección incluye anfotericina B o equinocandinas, combinadas con la remoción del dispositivo infectado(30).

Cepas de *R. mucilaginosa* han sido aisladas a partir de pacientes que presentan infecciones oculares postquirúrgicas, especialmente en pacientes sometidos a procedimientos como la cirugía de cataratas o el implante de lentes intraoculares(30). La endoftalmitis fúngica causada por esta levadura puede derivar en pérdida de la visión si no se diagnostica y trata rápidamente. La queratitis fúngica, por otro lado, se ha asociado con el uso prolongado de lentes de contacto contaminadas. El tratamiento incluye antifúngicos tópicos y, en casos graves, inyecciones intraoculares de anfotericina B(30).

Aunque poco común, la meningitis por *R. mucilaginosa* se ha reportado en pacientes con inmunosupresión severa, como aquellos con VIH/SIDA, receptores de trasplantes o bajo quimioterapia(31). La infección puede desarrollarse a partir de una fungemia o de una colonización en dispositivos médicos neurológicos. Los síntomas incluyen cefalea intensa, rigidez en el cuello, fiebre y alteraciones neurológicas. El tratamiento requiere terapia antifúngica intravenosa con anfotericina B, a menudo combinada con flucitosina, y en algunos casos, drenaje del líquido cefalorraquídeo infectado(31).

Los pacientes en diálisis peritoneal corren el riesgo de desarrollar infecciones por *R. mucilaginosa* debido a la contaminación del catéter de diálisis(31). La peritonitis fúngica es una complicación grave que puede comprometer la función peritoneal y llevar a la interrupción del tratamiento de diálisis. Los síntomas incluyen dolor abdominal severo, fiebre y líquido peritoneal turbio con elevado recuento de leucocitos. El tratamiento implica la eliminación del catéter infectado y la administración de antifúngicos sistémicos.

R. mucilaginosa puede causar infecciones cutáneas en pacientes inmunocomprometidos o en aquellos con heridas abiertas, quemaduras o lesiones quirúrgicas(31). Estas infecciones pueden manifestarse como celulitis, abscesos o úlceras necróticas, y en algunos casos, pueden progresar a una infección sistémica. El diagnóstico temprano mediante cultivos y biopsias es esencial para un tratamiento efectivo con antifúngicos sistémicos

La resistencia natural de *R. mucilaginosa* a los antifúngicos azólicos, como el fluconazol, representa un reto terapéutico significativo(31). En infecciones invasivas, el tratamiento suele requerir la administración de anfotericina B o equinocandinas.

Cystobasidium slooffiae

Es una especie de levadura perteneciente al filo Basidiomycota que ha sido identificada en diferentes ambientes, incluyendo la piel y el microbiota intestinal de mamíferos(32). Tradicionalmente, se ha considerado un microorganismo comensal, pero estudios recientes sugieren que puede actuar como un patógeno oportunista en ciertas condiciones.

C. slooffiae es capaz de formar biopelículas en superficies abióticas y en cultivos celulares(32). Esta característica es común en patógenos oportunistas y sugiere que la levadura podría colonizar dispositivos médicos, como catéteres y prótesis, favoreciendo la persistencia de infecciones. Además, se ha reportado una resistencia moderada a azoles, lo que podría limitar las opciones terapéuticas en caso de infecciones sistémicas(32).

En un modelo de interacción con macrófagos, se detectó una respuesta inflamatoria significativa, con un aumento en la producción de citocinas proinflamatorias, como TNF- α e IL-6(32). Estos resultados sugieren que *C. slooffiae* es capaz de activar el sistema inmune innato y generar una respuesta inflamatoria, similar a otros hongos oportunistas como *Candida spp.* Sin embargo, su capacidad para evadir la fagocitosis es menor en comparación con otras especies patógenas(32).

En cuanto a la virulencia evaluada en modelos animales, la infección por *C. slooffiae* no generó una alta mortalidad, pero sí se detectaron signos de infección crónica en tejidos como el bazo y el hígado(32). Esto sugiere que la levadura podría establecer infecciones persistentes en individuos inmunocomprometidos, aunque con menor agresividad que otros hongos patógenos. Estos hallazgos coinciden con estudios previos que indican una baja, pero presente capacidad patogénica de *C. slooffiae* en humanos y animales(32).

Dado que *C. slooffiae* ha sido aislado de muestras clínicas en pacientes con condiciones subyacentes(32). Es crucial continuar con investigaciones que evalúen su papel en las infecciones humanas. Además, su resistencia parcial a antifúngicos sugiere la necesidad de estrategias terapéuticas más efectivas. La investigación futura debería centrarse en el estudio de los mecanismos de regulación de sus factores de virulencia y la identificación de mecanismos moleculares que favorecen su persistencia en el hospedero.

Rhodotorula glutinis

Es una levadura basidiomiceta ampliamente distribuida en diversos ambientes, incluidos el suelo, el agua, el aire y superficies de plantas(33). Es conocida por su capacidad para producir carotenoides, lípidos y enzimas con aplicaciones industriales, lo que la hace relevante en biotecnología. Sin embargo, también se ha estudiado su potencial patogénico en humanos, especialmente en personas inmunocomprometidas(33).

Aunque *Rhodotorula glutinis* no es considerada un patógeno primario, se han documentado casos en los que esta levadura ha causado infecciones oportunistas, principalmente en pacientes con sistemas inmunitarios debilitados(33). En el caso de *R. glutinis*, su capacidad de formar biopelículas en dispositivos médicos como catéteres venosos centrales, prótesis y equipos de diálisis representa un grave problema clínico. Las biopelículas dificultan la eliminación del hongo, ya que actúan como una barrera protectora contra el sistema inmunológico y los antifúngicos. La formación de biopelículas aumenta la probabilidad de fungemia, una infección grave en la sangre.

R. glutinis puede adherirse a superficies plásticas y metálicas, favoreciendo su permanencia en dispositivos médicos, secretando exopolisacáridos que contribuyen a la estructura del biofilm, dificultando la penetración de antifúngico(33).

Además, *R. glutinis* puede producir diversas enzimas hidrolíticas, como proteasas, las cuales degradan proteínas del hospedador vertebrado, lo que facilita la invasión de tejidos y la evasión del sistema inmunológico, y lipasas,

que le permiten la utilización de lípidos como fuente de energía y pueden contribuir a la colonización de membranas celulares, incrementando su patogenicidad(33).

R. glutinis tiene un gran potencial en biotecnología debido a sus diversas capacidades metabólicas(33); por ejemplo, la producción de carotenoides, pigmentos como el β -caroteno y el toruleno, utilizados en la industria alimentaria, cosmética y farmacéutica como antioxidantes y colorantes naturales, es una de sus características resaltantes(33). Además, cepas de *R. glutinis* son empleadas en la síntesis de lípidos acumulando cantidades significativas, lo que la convierte en una candidata prometedora para la producción de biocombustibles(33). Algunas cepas son fundamentales en procesos de biorremediación, pues tienen la capacidad de degradar hidrocarburos y metales pesados, lo que la hace útil para la limpieza de suelos y aguas contaminadas(33).

Rhodotorula diobovata

Tradicionalmente es considerada como un microorganismo ambiental con escaso potencial de virulencia, en comparación con otros patógenos oportunistas(34). Sin embargo, en los últimos años, diversos estudios han evidenciado su potencial patogénico, particularmente en pacientes inmunocomprometidos(34). De hecho, su capacidad para colonizar dispositivos médicos y su resistencia a antifúngicos comunes han generado un creciente interés en la comunidad científica.

Uno de los principales factores que contribuyen a la patogenicidad de *R. diobovata* es su capacidad para formar biopelículas en superficies inertes, como catéteres venosos centrales y prótesis médicas(34). Esta habilidad le confiere una mayor resistencia a los tratamientos antifúngicos y a la respuesta inmunitaria del hospedador. Estudios recientes han demostrado que la composición de la matriz extracelular de sus biopelículas contiene polisacáridos y proteínas que protegen a las células de agentes antimicrobianos(34).

La presencia de estos factores sugiere que la erradicación de *R. diobovata* en infecciones nosocomiales puede ser un desafío clínico considerable.

Otro aspecto relevante es la resistencia intrínseca de *R. diobovata* a los antifúngicos convencionales, como la anfotericina B y los azoles(34). A diferencia de otras levaduras patógenas, su baja susceptibilidad a estos fármacos limita las opciones terapéuticas y puede prolongar la duración de la infección. Se ha propuesto que los mecanismos de resistencia incluyen alteraciones en la permeabilidad de la membrana celular y la sobreexpresión de bombas de eflujo que expulsan activamente los antifúngicos(34). Estas características resaltan la necesidad de investigar nuevas estrategias terapéuticas para tratar infecciones por *R. diobovata*.

Desde un punto de vista epidemiológico, se ha observado que la colonización por *R. diobovata* es más frecuente en ambientes hospitalarios, especialmente en unidades de cuidados intensivos y en pacientes sometidos a terapias inmunosupresoras(34). Aunque su incidencia es relativamente baja en comparación con otras especies de levaduras, como *Candida spp.*, su presencia en hemocultivos y otros fluidos biológicos indica su potencial para causar infecciones invasivas(34). En este contexto, la implementación de medidas de control, como la higiene adecuada de dispositivos médicos y el monitoreo de pacientes de alto riesgo, es fundamental para reducir la diseminación de esta levadura en entornos hospitalarios.

Cystobasidium minutum

La patogenicidad de *Cystobasidium minutum* ha sido un tema poco estudiado, a pesar de que estudios recientes han comenzado a evidenciar su posible papel en infecciones oportunistas(35). Por ejemplo, se ha evaluado la capacidad patogénica de *C. minutum* en modelos *in vitro* e *in vivo*, así como su interacción con el sistema inmunológico del hospedero. Los hallazgos sugieren que esta levadura, tradicionalmente considerada un microorganismo ambiental, podría actuar como un patógeno emergente en individuos inmunocomprometidos(35).

Uno de los principales hallazgos se relaciona con la capacidad de *C. minutum* para adherirse y penetrar células epiteliales, un factor clave en la patogenicidad de levaduras oportunistas(35). La expresión de ciertas proteínas de adhesión y la capacidad de formar biopelículas refuerzan la hipótesis de su potencial patógeno. Además, los ensayos en modelos murinos revelaron una respuesta inflamatoria significativa tras la inoculación, lo que sugiere que el sistema inmunológico del hospedero detecta y reacciona ante la presencia de esta levadura(35).

El análisis de las secuencias arrojó valores de identidad superiores al 97% en comparación con las secuencias registradas en GenBank.. Esto confirma la correcta identificación de las cepas analizadas y su relación con especies previamente reportadas.

Estos resultados refuerzan la importancia de la secuenciación de la región ITS como una herramienta confiable para la identificación molecular de levaduras y otros hongos, permitiendo una clasificación precisa y facilitando estudios taxonómicos y filogenéticos.

Los resultados obtenidos indican que la mayoría de las secuencias analizadas presentan un alto grado de similitud con las secuencias almacenadas en GenBank, con porcentajes de identidad superiores al 96% . Esto sugiere una identificación confiable de las especies presentes en las muestras.

Se identificó una cepa como *Rhodotorula diobovata*, mostrando una coincidencia del 100% en identidad y un 99% de cobertura. Este resultado es relevante debido a que esta especie no es tan común como *Rhodotorula mucilaginosa* o *Rhodotorula glutinis*, lo que podría indicar una diversidad mayor dentro de las levaduras aisladas.[LAYR1]

Los análisis transcriptómicos que se han publicado revelaron la regulación diferencial de genes relacionados con la virulencia y la resistencia al estrés oxidativo(35). En particular, se ha observado una sobreexpresión de genes involucrados en la evasión del sistema inmunológico, similar a la de otros patógenos fúngicos oportunistas. Estos hallazgos refuerzan la idea de que *C.*

minutum podría adaptarse a condiciones adversas dentro del hospedero y contribuir a la patogénesis.

Como hemos visto, todas las cepas evaluadas en el presente estudio están filogenéticamente relacionadas con especies potencialmente patógenas, con un grado variable de virulencia. Esto, como es evidente, representa un riesgo que debe ser evaluado en estudios posteriores.

Dentro de las limitaciones de nuestro trabajo, hemos identificado las siguientes: en primer lugar, no hemos incluido estudios de patogenicidad o virulencia en modelos *in vitro* e *in vivo*. Por lo tanto, la interpretación de nuestros hallazgos no son más que especulaciones, fundamentadas en la información disponible. Por otra parte, el estudio se vio restringido a un número muy reducido de cepas, lo que podría afectar la representatividad de los hallazgos. En efecto, esto podría significar que los resultados obtenidos podrían no proporcionar una imagen completa de la diversidad genética y fenotípica de las levaduras que colonizan en los distintos ambientes domésticos de Ecuador. Finalmente, en la caracterización de las cepas de *Rhodotorula* y especies afines, se seleccionaron y evaluaron ciertos factores de virulencia; sin embargo, esta selección no incluyó todos los factores potencialmente relevantes. La limitación en el alcance de los factores analizados significa que algunas interacciones y mecanismos importantes en la patogenicidad de estas levaduras pueden haber quedado sin ser considerados. Este enfoque podría conducir a una comprensión incompleta del potencial virulento de las cepas analizadas, así como a la omisión de aspectos clave que afectan su capacidad de infección en humanos.

Sin embargo, a pesar de las limitaciones identificadas, la presente investigación sobre la caracterización fenotípica y filogenética de cepas del género *Rhodotorula* y especies afines ofrece importantes beneficios y contribuciones al campo de la microbiología y la salud pública. En primer lugar, al proporcionar un análisis detallado de la diversidad genética y fenotípica de estas levaduras en distintos entornos domésticos de Ecuador, este estudio sienta las bases para futuras investigaciones que podrían identificar y mitigar riesgos potenciales para la salud.

Además, la caracterización exhaustiva de factores de virulencia, aunque limitada, permite un primer acercamiento a la comprensión del potencial patogénico de estas cepas, lo que es crucial en un contexto donde las infecciones fúngicas están en aumento. Asimismo, el uso de herramientas bioinformáticas en la identificación y ubicación filogenética de las cepas contribuye a la construcción de una base de conocimiento más robusta, lo que no solo beneficia el estudio de *Rhodotorula*, sino que también puede inspirar investigaciones adicionales sobre otros microorganismos patógenos.

CAPÍTULO IV

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

IV.1.- Conclusiones

- Los lavaplatos de ambientes domésticos pueden ser colonizados por diferentes especies del género *Rhodotorula* y *Cytobasidium*.
- Mediante diversos estudios, se identificaron 16 especies de levaduras presentes en ambientes domésticos extremos: *Rhodotorula mucilaginosa*, *Rhodotorula diobovata*, *Rhodotorula glutinis*, *Cytobasidium slooffiae*, *Cytobasidium minutum*.
- Las diferentes cepas identificadas, mostraron afinidad por diversas temperaturas, especialmente a 37°C, además presentan diferentes factores de virulencia.
- Se identificaron y clasificaron diversas cepas de *Rhodotorula mucilaginosa* y *Rhodotorula glutinis*, con un 100% de identidad en las secuencias comparadas con las de bases de datos como GenBank.
- En el estudio también se detectaron cepas del género *Cytobasidium*, específicamente *Cytobasidium slooffiae* y *Cytobasidium minutum*, ampliando el conocimiento sobre la diversidad microbiana presente en las muestras.
- La combinación de análisis moleculares y caracterización fenotípica validó la identificación de las cepas y subrayó su relevancia en el contexto de la salud pública, particularmente en lo que respecta a su interacción con el sistema inmunológico humano.

IV.2.- Recomendaciones

- Estudiar las relaciones entre *Rhodotorula* y otros microorganismos en el entorno doméstico.
- Establecer métodos estandarizados para el muestreo en diferentes entornos domésticos.
- Emplear técnicas de secuenciación de nueva generación para una identificación exhaustiva de factores de virulencia.
- Realizar estudios in vitro para analizar la capacidad de adhesión y formación de biofilms de las cepas aisladas.
- Desarrollar materiales informativos para la población sobre prevención de infecciones causadas por estas levaduras.
- Es imperativo que la información generada se utilice para desarrollar estrategias de prevención y control, promoviendo así la salud pública y creando entornos domésticos más seguros.
- La investigación realizada es un paso crucial hacia la integración del estudio de microorganismos en políticas de salud pública, destacando la necesidad de una vigilancia y comprensión más profunda de estos patógenos en el ambiente cotidiano.

BIBLIOGRAFÍA

1. Stetter KO. History of discovery of the first hyperthermophiles. *Extrem Life Extreme Cond.* octubre de 2006;10(5):357-62.
2. McDonnell G, Russell AD. Antiseptics and Disinfectants: Activity, Action, and Resistance. *Clin Microbiol Rev.* enero de 1999;12(1):147-79.
3. Zupančič J, Novak Babič M, Zalar P, Gunde-Cimerman N. The Black Yeast *Exophiala dermatitidis* and Other Selected Opportunistic Human Fungal Pathogens Spread from Dishwashers to Kitchens. *PLoS ONE.* 11 de febrero de 2016;11(2):e0148166.
4. Kulesza K, Biedunkiewicz A, Nowacka K, Dynowska M, Urbaniak M, Stępień Ł. Dishwashers as an Extreme Environment of Potentially Pathogenic Yeast Species. *Pathogens.* 8 de abril de 2021;10(4):446.
5. Novak Babič M, Gostinčar C, Gunde-Cimerman N. Microorganisms populating the water-related indoor biome. *Appl Microbiol Biotechnol.* agosto de 2020;104(15):6443-62.
6. Coker JA. Recent advances in understanding extremophiles. *F1000Research.* 2019;8:F1000 Faculty Rev-1917.
7. Angelakis GN, Psarologaki C, Pirintsos S, Kotzabasis K. Extremophiles and Extremophilic Behaviour—New Insights and Perspectives. *Life.* 5 de noviembre de 2024;14(11):1425.
8. Chawla H, Anand P, Garg K, Bhagat N, Varmani SG, Bansal T, et al. A comprehensive review of microbial contamination in the indoor environment: sources, sampling, health risks, and mitigation strategies. *Front Public Health.* 23 de noviembre de 2023;11:1285393.
9. Qiu Y, Zhou Y, Chang Y, Liang X, Zhang H, Lin X, et al. The Effects of Ventilation, Humidity, and Temperature on Bacterial Growth and Bacterial Genera Distribution. *Int J Environ Res Public Health.* 20 de noviembre de 2022;19(22):15345.
10. Luo LW, Wu YH, Yu T, Wang YH, Chen GQ, Tong X, et al. Evaluating method and potential risks of chlorine-resistant bacteria (CRB): A review. *Water Res.* 1 de enero de 2021;188:116474.
11. Hassabo A, Saad F, M. Hegazy B, Mehasen A, Ghazal H. The use of cationic surfactants in the textiles industry. *J Text Color Polym Sci.* 9 de julio de 2023;
12. Khalid M, Abdollahi M. Environmental Distribution of Personal Care Products and Their Effects on Human Health. *Iran J Pharm Res IJPR.* 2021;20(1):216-53.
13. Laishram B, Devi OR, Dutta R, Senthilkumar T, Goyal G, Paliwal DK, et al. Plant-microbe interactions: PGPM as microbial inoculants/biofertilizers

- for sustaining crop productivity and soil fertility. *Curr Res Microb Sci.* 1 de enero de 2025;8:100333.
14. Hungaro H, Peña W, Silva N, Carvalho RV, Alvarenga V, Sant'Ana A. Food Microbiology. En: *Encyclopedia of Agriculture and Food Systems*. 2014. p. 213-31.
 15. D NR, R JAS, T HS. Microorganismos extremófilos. Actinomicetos halófilos en México. [citado 25 de febrero de 2025]; Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=57937307>
 16. Margesin R, Miteva V. Diversity and ecology of psychrophilic microorganisms. *Res Microbiol.* 1 de abril de 2011;162(3):346-61.
 17. Gagliano MC, Braguglia CM, Petruccioli M, Rossetti S. Ecology and biotechnological potential of the thermophilic fermentative *Coprothermobacter* spp. *FEMS Microbiol Ecol.* mayo de 2015;91(5):fiv018.
 18. Johnson DB, Hallberg KB. Acid mine drainage remediation options: a review. *Sci Total Environ.* 1 de febrero de 2005;338(1):3-14.
 19. Halophile - an overview | ScienceDirect Topics [Internet]. [citado 25 de febrero de 2025]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/topics/immunology-and-microbiology/halophile>
 20. Mendoza M. Importancia de la identificación de levaduras. *Rev Soc Venez Microbiol.* 2005;25(1):103-17.
 21. Ahuja V, Arora A, Chauhan S, Thakur S, Jeyaseelan C, Paul D. fermentation Yeast-Mediated Biomass Valorization for Biofuel Production: A Literature Review. *Fermentation.* 24 de agosto de 2023;9.
 22. Hazen KC. New and emerging yeast pathogens. *Clin Microbiol Rev.* octubre de 1995;8(4):462-78.
 23. Chalkias S, Alonso CD, Levine JD, Wong MT. Emerging pathogen in immunocompromised hosts: *Exophiala dermatitidis* mycosis in graft-versus-host disease. *Transpl Infect Dis Off J Transplant Soc.* agosto de 2014;16(4):616-20.
 24. Maquera-Afaray J, Escajadillo-Vergara C, Chire-Mercado J, Durand MP, Maquera-Afaray J, Escajadillo-Vergara C, et al. Infección fúngica invasiva por *Saprochaete capitata* en un niño con aplasia medular. *Rev Peru Med Exp Salud Publica.* julio de 2022;39(3):372-5.
 25. Reyes Martínez I, Pérez Morales L, Morffi García M, Barletta Castillo J. Aislamiento de *Rhodotorula*. Presentación de un caso en paciente con leucemia mieloide aguda. *MediSur.* octubre de 2013;11(5):542-5.
 26. Guamán-Burneo M, Carvajal Barriga E. Caracterización e identificación de aislados de levaduras carotenogénicas de varias zonas naturales del Ecuador. *Univ Sci.* 14 de junio de 2009;14.

27. Ochoa-Viñals N, Alonso-Estrada D, Faife-Pérez E, Chen Z, Michelena-Alvarez G, Martínez-Hernández JL, et al. β -Carotene production from sugarcane molasses by a newly isolated *Rhodotorula toruloides* L/24-26-1. *Arch Microbiol.* 3 de mayo de 2024;206(6):245.
28. Vizquete-García RA, Pascual-Barrera AE, Taco-Taco CW, Morales-Padilla MM, Vizquete-García RA, Pascual-Barrera AE, et al. Biorremediación de suelos contaminados con hidrocarburos a base de bacterias utilizadas como bioproductos. *Rev Lasallista Investig.* junio de 2020;17(1):177-87.
29. Wirth F, Goldani LZ. Epidemiology of *Rhodotorula*: An Emerging Pathogen. *Interdiscip Perspect Infect Dis.* 2012;2012:465717.
30. Ramos Martínez A, Cabero M, Orden B, Angel Moreno A, Forés R. Fungemia por *Rhodotorula mucilaginosa*. Presentación de dos casos. *Rev Esp Quimioter.* 2012;25(1):76-8.
31. Tuon FF, Costa SF. Infección por *Rhodotorula* . Revisión de 128 casos Infección. *Rev Iberoam Micol.* 1 de septiembre de 2008;25(3):135-40.
32. Yurkov A, Kachalkin A, Daniel HM, Groenewald M, Libkind D, de Garcia V, et al. Two yeast species *Cystobasidium psychroaquaticum* f.a. sp. nov. and *Cystobasidium rietchieii* f.a. sp. nov. isolated from natural environments, and the transfer of *Rhodotorula minuta* clade members to the genus *Cystobasidium*. *Antonie Van Leeuwenhoek.* 1 de noviembre de 2014;107.
33. Silva J, Laborda RR de, Almendro G, Salim R. *Rhodotorula glutinis* y *R. Rubra*: agentes de micosis oportunistas en el hombre. *Bol Micológico* [Internet]. 1989 [citado 25 de febrero de 2025];4(3). Disponible en: <https://revistas.uv.cl/index.php/Bolmicol/article/view/1579>
34. Osman ME, Abdel-Razik AB, Zaki KI, Mamdouh N, El-Sayed H. *Aislamiento e identificación molecular de Rhodotorula diobovata* productora de lípidos : optimización de la acumulación de lípidos para la producción de biodiesel. *J Genet Eng Biotechnol.* 1 de diciembre de 2022;20(1):32.
35. Inácio CP, Diniz MV, Araújo PSR, Barros MS, Andrade MCL, Lima-Neto RG, et al. Bloodstream Infection of a Cancer Patient by *Cystobasidium minutum*: A Case Report and Literature Review. *Mycopathologia.* 1 de abril de 2020;185(2):395-8.

GLOSARIO

- 1. Cepas:** Variantes o subtipos de microorganismos, en este caso, levaduras, que se diferencian genéticamente y fenotípicamente.
- 2. Rhodotorula:** Género de levaduras pigmentadas que se encuentran en ambientes diversos, potencialmente patógenas en humanos y animales.
- 3. Especies afines:** Microorganismos que pertenecen o están relacionados taxonómicamente con Rhodotorula.
- 4. Virulencia:** Capacidad de un microorganismo para causar enfermedad en un huésped.
- 5. Factores de virulencia:** Características o atributos que incrementan la capacidad de las cepas de causar infecciones, como la producción de enzimas, resistencia a condiciones adversas, etc.
- 6. Diversidad genética:** Variación en el material genético de diferentes cepas o especies, importante para entender su adaptación y potencial patogénico.
- 7. Filogenética:** Estudio de las relaciones evolutivas entre diferentes organismos, en este caso, a partir de análisis de secuencias genéticas.
- 8. Secuenciación:** Determinación del orden exacto de los nucleótidos en una molécula de ADN, fundamental para identificar especies y analizar relaciones genéticas.
- 9. BLAST:** Herramienta bioinformática (Basic Local Alignment Search Tool) utilizada para comparar secuencias genéticas y encontrar coincidencias en bases de datos públicas.
- 10. Análisis fenotípico:** Estudio de las características físicas, morfológicas y comportamentales de las cepas.
- 11. Análisis genotípico:** Estudio de la composición genética de las cepas para conocer su relación y variación.
- 12. Modelos in vitro:** Experimentos realizados en laboratorio en condiciones controladas, fuera de un organismo vivo.
- 13. Modelos in vivo:** Experimentos realizados en organismos vivos para estudiar la patogenicidad de microorganismos.
- 14. Ambientes domésticos:** Espacios en los hogares donde se encuentran y proliferan las levaduras, como lavaplatos, superficies, etc.
- 15. Microorganismos extremófilos:** Microorganismos que viven en ambientes extremos con condiciones adversas, como altas temperaturas, pH extremo, etc.

16. Biodiversidad: Variedad de formas de vida en un ecosistema o área determinados.

17. Patogenicidad: Capacidad de un microorganismo para producir enfermedades.

18. Estrategias de prevención: Acciones o métodos para evitar o reducir la ocurrencia de infecciones o contaminación por microorganismos.

19. Caracterización morfológica: Estudio de las formas, tamaños y estructuras de las levaduras.

20. Crecimiento a diferentes temperaturas: Evaluación de la capacidad de las cepas para reproducirse o sobrevivir en distintas condiciones térmicas.

21. Secuencia ITS: Región del ADN ribosomal interna transcrita, utilizada como marcador en identificación molecular de hongos y levaduras.

22. Bases de datos genómicas: Repositorios de secuencias genéticas, como GenBank, utilizados para comparaciones y análisis.

23. Diversidad filogenética: Variedad en las relaciones evolutivas entre diferentes cepas o especies.

24. Modelo de virulencia: Estudio que evalúa cómo y en qué condiciones las cepas pueden causar infección.

25. Métodos estadísticos: Técnicas numéricas y analíticas utilizadas para interpretar los datos experimentales.

ANEXOS

Anexo 1: Características macroscópicas de las cepas de levaduras

Aislado	Medio	Forma	Color	Brillo	Textura	Borde	Tamaño	Elevación	Transparencia	Consistencia
C6-6	SD	Fu	Ro	B	L	O	P	E	O	M
C8-2	SD	Fu	Ro	B	L	E	Pu	P	O	M
S5A	SD	Fu	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M
S4A	SD	C	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M
C9-2	SD	C	Ro	B	L	E	Pu	E	O	M
C3-1	SD	C	Ro	S	R	R	Pu	E	O	D
C5-3	SD	F	Ro	B	L	E	P	E	O	M
C10-2	SD	C	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M
C8-1	SD	F	Ro	B	L	E	Pu	E	O	M
C7-6	SD	C	Ro	B	L	E	Pu	E	O	M
C3-9	SD	F	Ro	B	L	R	P	E	O	M
C2-4	SD	C	Ro	S	R	E	Pu	E	O	D
S10B	SD	F	Ro	B	L	E	Pu	P	O	M
S7A	SD	F	Ro	B	L	E	P	E	O	M
S10A	SD	F	Ro	B	L	E	Pu	P	O	M
S5B	SD	C	Ro	B	L	R	Pu	E	O	M

Anexo 2: Crecimiento de cepas a diferentes temperaturas

Colonias	20°C	30°C	37°C
S5-B	++++	++++	++++
S4-A	+++	++++	+++
C3-9	++++	++++	+++
C2-4	+++	++++	+++
C10-2	++++	++++	+++
C5-3*	++++	++	(-)
S10-B	+++	+++	++
C7-6	+++	++++	+++
C3-1*	+++	+++	+++ Cambio de morfología de la colonia.
C9-2	++	+++	++
S7-A	++++	++++	+++
S5-A	+++	+++	+++
S10-A	++++	+++	++
C8-1	+++	++++	++
C8-2	+++	++++	++
C6-6	+++	+++	(-) No hay crecimiento
ATCC	++	+++	++++

Anexo 3: Factores de virulencia de las cepas

Cepas	Proteasas	Hemolisinas	Fosfolipasas
C3-1	-	+	-
C9-2	-	+	-
S7-A	-	+	+
S5-A	-	+	+
S10-A	-	+	-
C8-1	-	+	+
C8-2	-	+	-
C6-6	-	-	-
S5-B	-	+	+
S4-A	-	+	+
C3-9	-	-	+
C2-4	-	+	-
C10-2	-	+	+
C5-3	-	-	-
S10-B	-	+	-

Anexo 3: Secuenciación de Cepas de Levaduras

Secuenciación de Cepas de Levaduras					
Código	ESPECIE FILOGENÉTICA MÁS CERCANA	% DE IDENTIDAD	E Value	% DE COBERTURA	LONGITUD SECUENC.(PB)
C3-1	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	99%	562
C9-2	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	99.44	0.0	100%	534
S7-A	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99.82	0.0	100%	555
S5-A	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	100%	551
S10-A	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	97.7	0.0	100%	513
C8-1	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	98.15	0.0	99%	525
C8-2	<i>Rhodotorula diobovata</i>	100.00	0.0	99%	566
C8-6	<i>Rhodotorula glutinis</i>	99.64	0.0	99%	557
S5B	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	99%	563
S4A	<i>Cystobasidium minutum</i>	99.81	0.0	100%	533
C3-9	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	100%	561
C2-4	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	100%	561
C10-2	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99.65	0.0	100%	564
C5-3	<i>Rhodotorula glutinis</i>	100.00	0.0	99%	554
S10-B	<i>Cystobasidium slooffiae</i>	100.00	0.0	99%	533
C7-6	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	100.00	0.0	99%	563-

Anexo 4: Resultados de análisis de las cepas de levaduras secuenciadas en BLAST

Cepa 1 (C3-1)

RID: S8EHCEN8013
 Job Title:Cepa Levadura 1
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 1 Query ID: lcl|Query_4223705 Length: 562

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa isolate I59 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	599	ON142364.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y1 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	589	KC113304.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 15Third week internal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	600	ON705489.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ASU1 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	577	KP960512.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I16 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	588	ON142046.1
Rhodotorula mucilaginosa strain MT23-1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	580	MW709995.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY318-4 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	576	MW710542.1
Rhodotorula mucilaginosa culture CBS:6727 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	710	KY104848.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I53 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	594	ON142353.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I50 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	592	ON142352.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I48 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	598	ON102569.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY32M3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	584	MW710569.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I35 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	592	ON142334.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 588 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	572	PP844439.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I41 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	591	ON142340.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I67 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	601	ON142362.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate OMA Y14 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	581	KR264902.1
Rhodotorula mucilaginosa SAG.Y4 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	559	LC771153.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate TO-11 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	100.00	557	OR360597.1
Rhodotorula mucilaginosa culture CBS:12021 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1024	1024	99%	0.0	99.82	890	KY104803.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IF45W-F2 small subunit ribosom...	Rhodotorula ...	NA	5537	1024	1024	99%	0.0	99.82	620	MT703920.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate KDLYL10-1 18S ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	5537	1024	1024	99%	0.0	99.82	621	JX174412.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9Z2-3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1024	1024	99%	0.0	99.82	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IMB139_2 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1024	1024	99%	0.0	99.82	574	KC349928.1
Rhodotorula sp. EY12114 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S...	Rhodotorula ...	NA	1976994	1024	1123	99%	0.0	99.82	683	LC229717.1
Rhodotorula sp. EY12114 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S...	Rhodotorula ...	NA	1976994	1024	1198	99%	0.0	99.82	726	LC229719.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate KIFa1-625 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1024	1024	99%	0.0	99.82	616	O0690197.1

Cepa 2 (C9-2)

RID: S8EUDGAG013
 Job Title:Cepa Levadura 2
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 2 Query ID: lcl|Query_3182845 Length: 534

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Cystobasidium sp. PYCC 4689 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu...	NA	192680	976	976	100%	0.0	99.63	591	AF444588.1
Cystobasidium sp. CBS 7295 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu...	NA	192821	976	976	100%	0.0	99.63	591	AF444619.1
Cystobasidium sp. strain DN18 small subunit ribosomal RNA gene...	Cystobasidiu...	NA	1925428	976	976	100%	0.0	99.63	587	KY781369.1
Cystobasidium slooffiae gene for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,...	Cystobasidiu...	NA	106018	970	970	100%	0.0	99.44	1192	AB025994.2
Cystobasidium slooffiae strain Dmic 196009 small subunit...	Cystobasidiu...	NA	106018	966	966	99%	0.0	99.62	589	MT820013.1
Cystobasidium slooffiae strain NU06 internal transcribed space...	Cystobasidiu...	NA	106018	965	965	99%	0.0	99.62	533	OL412155.1
Cystobasidium slooffiae strain UN71 18S ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu...	NA	106018	965	965	100%	0.0	99.25	592	FJ515215.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23141 internal transcribed...	Cystobasidiu...	NA	106018	965	965	100%	0.0	99.25	545	MH166860.1
Uncultured Rhodotorula clone b31 18S ribosomal RNA gene, parti...	uncultured R...	NA	647385	965	965	100%	0.0	99.25	1234	KP099877.1
Cystobasidium sp. isolate Z6 small subunit ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu...	NA	1925428	965	965	98%	0.0	99.81	560	QQ439984.1
Uncultured fungus clone S46T_76 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	963	963	100%	0.0	99.25	598	KU164667.1
Cystobasidium slooffiae strain LTB7 internal transcribed space...	Cystobasidiu...	NA	106018	963	963	99%	0.0	99.44	536	KF303793.1
Cystobasidium slooffiae strain Y. H. Yeh I0327 small subunit...	Cystobasidiu...	NA	106018	963	963	99%	0.0	99.62	596	MK336491.1
Rhodotorula slooffiae genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA...	Cystobasidiu...	NA	106018	963	963	100%	0.0	99.25	539	FR873794.1
Cystobasidium sp. strain CHEN_F2 small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu...	NA	1925428	963	963	100%	0.0	99.25	620	QQ283738.1
Uncultured fungus clone S13T_66 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	961	961	99%	0.0	99.43	602	KU163848.1
Uncultured fungus clone S15T_75 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	961	961	99%	0.0	99.43	601	KU163921.1
Cystobasidium slooffiae isolate LT44 internal transcribed spac...	Cystobasidiu...	NA	106018	959	959	100%	0.0	99.07	548	MK156809.1
Cystobasidium slooffiae isolate 285 internal transcribed space...	Cystobasidiu...	NA	106018	959	959	100%	0.0	99.07	1011	MW567227.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu...	NA	1925428	955	955	98%	0.0	99.43	559	LC272867.1
Uncultured fungus clone S43T_31 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	955	955	99%	0.0	99.25	600	MW826147.1
Cystobasidium slooffiae strain CRUB 1029 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu...	NA	106018	955	955	97%	0.0	99.81	546	FJ807687.1
Cystobasidium slooffiae strain 170915GAR16P3 internal...	Cystobasidiu...	NA	106018	953	953	99%	0.0	99.24	533	MW826147.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23154 internal transcribed...	Cystobasidiu...	NA	106018	952	952	98%	0.0	99.43	531	MH166859.1
Uncultured fungus clone S43T_86 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	952	952	100%	0.0	98.88	598	KU164564.1
Erythrobasidium clade sp. LMI39 18S ribosomal RNA gene, partia...	Erythrobasid...	NA	422569	950	950	100%	0.0	98.70	993	EF060503.1
Cystobasidium slooffiae strain M91-B internal transcribed spac...	Cystobasidiu...	NA	106018	948	948	100%	0.0	98.69	541	MW895735.1

Cepa 3 (S7-A)

RID: S8F0CUSM013
Job Title:Cepa Levadura 3
Program: BLASTN
Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
Query #1: Cepa Levadura 3 Query ID: 1c1|Query_3251755 Length: 555

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Query Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa isolate CDB 5-2C small subunit...	Rhodotorula ... NA		5537	1020	1020	100%	0.0	99.82	609	OM181944.1
Rhodotorula sp. strain P56 small subunit ribosomal RNA gene...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1018	1018	99%	0.0	100.00	613	OK323139.1
Rhodotorula sp. strain SM03UFAM small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1018	1018	99%	0.0	100.00	2437	MN268779.1
Rhodotorula sp. strain FF1TT4 internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1018	1018	99%	0.0	100.00	581	MW670559.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-2-Y9 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	1130	KF411475.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate VSMU-RM1701 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	668	MG270571.1
Uncultured fungus clone S24T_45 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	1018	1018	99%	0.0	100.00	630	KU164308.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9ZZ-3 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain UIMC74 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	606	KC816557.1
Rhodotorula mucilaginosa strain YA02 small subunit ribosomal R...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	613	MT048619.1
Rhodotorula mucilaginosa strain Y5-12 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	603	KF646154.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-1-Y31 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	1121	KF411475.1
Rhodotorula mucilaginosa strain Y5-10 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	620	KF646187.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate SB511 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	584	PQ721680.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate USM.JY4S.LKQ small subunit...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	618	OQ363807.1
Rhodotorula mucilaginosa strain feni 104 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	1207	KP223715.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate X5-3 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	586	KT876501.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ABS7 internal transcribed spac...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	1306	OR364498.1
Uncultured eukaryote clone N701T_248 18S ribosomal RNA gene...	uncultured e... NA		100272	1018	1018	99%	0.0	100.00	622	GU942267.1
Rhodotorula mucilaginosa strain KBP:YE-0205 internal transcrib...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	744	OP216859.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DMic 144831 small subunit...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	619	MG009546.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-1-Y38 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	1172	KF411535.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate Y I small subunit ribosomal R...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	594	MT328138.1
Fungal sp. PKU Y9 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed...	Fungal sp. P... NA		1285480	1018	1018	99%	0.0	100.00	577	KC113312.1
Rhodotorula mucilaginosa strain PTS1.8 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	620	OM954705.1
Rhodotorula mucilaginosa genomic DNA sequence contains 18S rRN...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	623	OM988198.1
Rhodotorula mucilaginosa strain RAY1983 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	99%	0.0	100.00	606	PP739165.1

Cepa 4 (S5-A)

RID: S8F7DZR0013
Job Title:Cepa Levadura 4
Program: BLASTN
Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
Query #1: Cepa Levadura 4 Query ID: 1c1|Query_3344943 Length: 551

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Query Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula sp. strain P56 small subunit ribosomal RNA gene...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1018	1018	100%	0.0	100.00	613	OK323139.1
Rhodotorula sp. strain SM03UFAM small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1018	1018	100%	0.0	100.00	2437	MN268779.1
Rhodotorula sp. strain FF1TT4 internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1018	1018	100%	0.0	100.00	581	MW670559.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-2-Y9 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	1130	KF411475.1
Rhodotorula mucilaginosa strain D22 internal transcribed space...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	559	JN837082.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate VSMU-RM1701 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	668	MG270571.1
Uncultured fungus clone S24T_45 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	1018	1018	100%	0.0	100.00	630	KU164308.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9ZZ-3 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain UIMC74 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	606	KC816557.1
Rhodotorula mucilaginosa strain YA02 small subunit ribosomal R...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	613	MT048619.1
Rhodotorula mucilaginosa strain Y5-12 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	603	KF646154.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-1-Y31 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	1121	KF411529.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IST808 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	560	PP952020.1
Rhodotorula mucilaginosa strain Y5-10 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	620	KF646187.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate SB511 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	584	PQ721680.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate USM.JY4S.LKQ small subunit...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	618	OQ363807.1
Rhodotorula mucilaginosa strain feni 104 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	1207	KP223715.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate X5-3 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	586	KT876501.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ABS7 internal transcribed spac...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	1306	OR364498.1
Uncultured eukaryote clone N701T_248 18S ribosomal RNA gene...	uncultured e... NA		100272	1018	1018	100%	0.0	100.00	622	GU942267.1
Rhodotorula mucilaginosa strain KBP:YE-0205 internal transcrib...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	744	OP216859.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate CDB 5-2C small subunit...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	609	OM181944.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DMic 144831 small subunit...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	619	MG009546.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-1-Y38 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	1172	KF411535.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate Y I small subunit ribosomal R...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	594	MT328138.1
Fungal sp. PKU Y9 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed...	Fungal sp. P... NA		1285480	1018	1018	100%	0.0	100.00	577	KC113312.1
Rhodotorula mucilaginosa strain PTS1.8 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ... NA		5537	1018	1018	100%	0.0	100.00	620	OM954705.1

Cepa 5 (S10-A)

RID: S8FFJMB2013
 Job Title:Cepa Levadura 5
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 5 Query ID: 1c1|Query_4607773 Length: 513

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Cystobasidium sp. PYCC 4689 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu... NA		192680	867	867	100%	0.0	97.27	591	AF444588.1
Cystobasidium sp. CBS 7295 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu... NA		192821	867	867	100%	0.0	97.27	591	AF444619.1
Cystobasidium sp. isolate Z6 small subunit ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		1925428	867	867	100%	0.0	97.27	560	OQ439984.1
Cystobasidium sp. strain DN18 small subunit ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		1925428	867	867	100%	0.0	97.27	587	KY781369.1
Cystobasidium slooffiae strain DMic 196009 small subunit...	Cystobasidiu... NA		106018	861	861	100%	0.0	97.07	589	MT820013.1
Cystobasidium slooffiae strain NU06 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	861	861	100%	0.0	97.07	533	OL412155.1
Cystobasidium slooffiae gene for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		106018	861	861	100%	0.0	97.07	1192	AB025994.2
Cystobasidium slooffiae strain CRUB 1029 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu... NA		106018	861	861	99%	0.0	97.25	546	FJ807687.1
Cystobasidium slooffiae strain Y. H. Yeh I0327 small subunit...	Cystobasidiu... NA		106018	861	861	100%	0.0	97.07	596	MK336491.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		1925428	856	856	100%	0.0	96.88	559	LC272867.1
Uncultured fungus clone S46T_76 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	856	856	100%	0.0	96.88	598	KU164667.1
Cystobasidium slooffiae strain LTB7 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	856	856	100%	0.0	96.88	536	KF303793.1
Cystobasidium slooffiae strain UN71 18S ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		106018	856	856	100%	0.0	96.88	592	FJ515215.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23141 internal transcribed...	Cystobasidiu... NA		106018	856	856	100%	0.0	96.88	545	MH166860.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23154 internal transcribed...	Cystobasidiu... NA		106018	856	856	100%	0.0	96.88	531	MH166859.1
Rhodotorula slooffiae genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA...	Cystobasidiu... NA		106018	856	856	100%	0.0	96.88	539	FR873794.1
Cystobasidium sp. strain CHEN_F2 small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		1925428	856	856	100%	0.0	96.88	620	OQ283738.1
Uncultured fungus clone S13T_66 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	856	856	100%	0.0	96.88	602	KU163848.1
Uncultured Rhodotorula clone b31 18S ribosomal RNA gene, parti...	uncultured R... NA		647385	856	856	100%	0.0	96.88	1234	KP099877.1
Uncultured fungus clone S15T_75 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	856	856	100%	0.0	96.88	601	KU163921.1
Cystobasidium slooffiae strain LEMI 3630 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu... NA		106018	854	854	98%	0.0	97.23	538	JX494375.1
Uncultured fungus clone S43T_31 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	850	850	100%	0.0	96.68	600	KU164529.1
Erythrobasidium clade sp. LM139 18S ribosomal RNA gene, partia...	Erythrobasid... NA		422569	850	850	100%	0.0	96.69	993	EF060503.1
Cystobasidium slooffiae isolate 286 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	850	850	100%	0.0	96.68	799	MW567228.1
Cystobasidium slooffiae isolate LT44 internal transcribed spac...	Cystobasidiu... NA		106018	850	850	100%	0.0	96.68	548	MK156809.1
Cystobasidium slooffiae strain 170915GAR16P3 internal...	Cystobasidiu... NA		106018	850	850	100%	0.0	96.68	533	MW826147.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		1925428	850	850	100%	0.0	96.68	558	LC272868.1

Cepa 6 (C8-1)

RID: S8FTFN5A013
 Job Title:Cepa Levadura 6
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 6 Query ID: 1c1|Query_4804207 Length: 525

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Cystobasidium sp. PYCC 4689 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu... NA		192680	854	854	99%	0.0	96.17	591	AF444588.1
Cystobasidium sp. CBS 7295 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu... NA		192821	854	854	99%	0.0	96.17	591	AF444619.1
Cystobasidium sp. isolate Z6 small subunit ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		1925428	854	854	99%	0.0	96.17	560	OQ439984.1
Cystobasidium sp. strain DN18 small subunit ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		1925428	854	854	99%	0.0	96.17	587	KY781369.1
Cystobasidium slooffiae strain CRUB 1029 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu... NA		106018	850	850	99%	0.0	96.15	546	FJ807687.1
Cystobasidium slooffiae strain DMic 196009 small subunit...	Cystobasidiu... NA		106018	848	848	99%	0.0	95.98	589	MT820013.1
Cystobasidium slooffiae strain NU06 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	848	848	99%	0.0	95.98	533	OL412155.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		1925428	848	848	99%	0.0	95.98	559	LC272867.1
Cystobasidium slooffiae gene for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		106018	848	848	99%	0.0	95.98	1192	AB025994.2
Cystobasidium slooffiae strain LTB7 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	848	848	99%	0.0	95.98	536	KF303793.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23141 internal transcribed...	Cystobasidiu... NA		106018	848	848	99%	0.0	95.98	545	MH166860.1
Cystobasidium slooffiae strain Y. H. Yeh I0327 small subunit...	Cystobasidiu... NA		106018	848	848	99%	0.0	95.98	596	MK336491.1
Urediniomycete sp. LM102 18S ribosomal RNA gene, partial sequence	urediniomyce... NA		423028	846	846	99%	0.0	95.83	988	EF060471.1
Erythrobasidium clade sp. LM568 18S ribosomal RNA gene, partia...	Erythrobasid... NA		422586	846	846	100%	0.0	95.83	954	EF060855.1
Uncultured fungus clone S46T_76 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	843	843	99%	0.0	95.79	598	KU164667.1
Cystobasidium slooffiae strain UN71 18S ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		106018	843	843	99%	0.0	95.79	592	FJ515215.1
Rhodotorula slooffiae genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA...	Cystobasidiu... NA		106018	843	843	99%	0.0	95.79	539	FR873794.1
Cystobasidium sp. strain CHEN_F2 small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		1925428	843	843	99%	0.0	95.79	620	OQ283738.1
Uncultured fungus clone S13T_66 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	843	843	99%	0.0	95.79	602	KU163848.1
Uncultured Rhodotorula clone b31 18S ribosomal RNA gene, parti...	uncultured R... NA		647385	843	843	99%	0.0	95.79	1234	KP099877.1
Cystobasidium slooffiae strain LEMI 3630 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu... NA		106018	843	843	98%	0.0	96.12	538	JX494375.1
Uncultured fungus clone S15T_75 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	843	843	99%	0.0	95.79	601	KU163921.1
Cystobasidium sp. MAR17 internal transcribed spacer 1, partial...	Cystobasidiu... NA		1521842	841	841	99%	0.0	95.95	531	KJ882920.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23147 internal transcribed...	Cystobasidiu... NA		106018	839	839	99%	0.0	95.59	531	MH166852.1
Uncultured fungus clone S43T_31 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	837	837	99%	0.0	95.59	600	KU164529.1
Erythrobasidium clade sp. LM139 18S ribosomal RNA gene, partia...	Erythrobasid... NA		422569	837	837	99%	0.0	95.60	993	EF060503.1
Cystobasidium slooffiae isolate LT44 internal transcribed spac...	Cystobasidiu... NA		106018	837	837	99%	0.0	95.59	548	MK156809.1

Cepa 7 (C8-2)

RID: S8FX9RTD013
 Job Title:Cepa Levadura 7
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 7 Query ID: lcl|Query_4891035 Length: 566

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Query Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula diobovata strain YY32 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	5288	1033	1033	99%	0.0	100.00	651	KR912265.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:9076 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5288	1033	1033	99%	0.0	100.00	590	KY104749.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:12082 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	775	KY104778.1
Uncultured eukaryote clone NS31T_290 18S ribosomal RNA gene,...	uncultured f...	NA	100272	1027	1027	99%	0.0	99.82	628	KJ182712.1
Rhodotorula diobovata isolate KLG-101 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	624	PQ055872.1
Rhodotorula diobovata isolate KAS5952 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	588	MZ956776.1
Rhodotorula diobovata culture MUT<ITA>:2669 internal transcrib...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	590	MF102878.1
Rhodospiridium sp. ROV1004FVU-07 internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula ...	NA	1221016	1027	1027	99%	0.0	99.82	593	JN383905.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:11333 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	622	KY104742.1
Rhodotorula sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1027	1027	99%	0.0	99.82	589	LC272907.1
Uncultured fungus clone S31T_18 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	1027	1027	99%	0.0	99.82	636	KU164431.1
Rhodospiridium sp. ROV07Q3FBM-02 internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula ...	NA	1221018	1027	1027	99%	0.0	99.82	586	JN383907.1
Rhodotorula diobovata strain SV33 small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	609	MG586991.1
Rhodotorula diobovata strain IST832 internal transcribed space...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	584	PQ351466.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:11073 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	628	KY104775.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:11125 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	622	KY104746.1
Rhodotorula sp. isolate B47 small subunit ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1027	1027	99%	0.0	99.82	654	MW55218.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:11064 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	620	KY104774.1
Rhodotorula diobovata isolate Y176 internal transcribed spacer...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	567	MT304608.1
Rhodospiridium diobovatum strain CBS 9076 18S ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	618	AF444653.1
Uncultured fungus clone OTU_04 18S ribosomal RNA gene, partial...	uncultured f...	NA	175245	1027	1027	99%	0.0	99.82	643	KM032307.1
Rhodotorula diobovata strain IST834 internal transcribed space...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	581	PQ351468.1
Rhodotorula diobovata strain SN63 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	611	FJ515183.1
Rhodotorula diobovata culture CBS:12079 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	616	KY104737.1
Rhodotorula diobovata strain DSBCA06 small subunit ribosomal R...	Rhodotorula ...	NA	5288	1027	1027	99%	0.0	99.82	1193	MG777534.1
Rhodotorula glutinis 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA...	Rhodotorula ...	NA	5535	1027	1027	99%	0.0	99.82	1217	AM160643.1
Rhodotorula sp. isolate Dr37 internal transcribed spacer 1....	Rhodotorula sp. NA		1853554	1027	1027	99%	0.0	99.82	597	MG022778.1

Cepa 8 (C6-6)

RID: S8GCFHWT013
 Job Title:Cepa Levadura 8
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 8 Query ID: lcl|Query_4103995 Length: 557

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Query Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula sp. isolate FBFY8 small subunit ribosomal RNA gene...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1003	1003	99%	0.0	99.64	601	MK186928.1
Rhodotorula glutinis strain AUMC 11223 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5535	1003	1003	99%	0.0	99.64	612	KY611826.1
Rhodotorula glutinis isolate F-95 internal transcribed spacer ...	Rhodotorula ...	NA	5535	1002	1002	99%	0.0	99.64	583	OR670116.1
Rhodotorula glutinis strain XJ-27 internal transcribed spacer ...	Rhodotorula ...	NA	5535	1002	1002	99%	0.0	99.64	571	MN371853.1
Rhodospiridium babjevae strain LB371_1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	86837	1002	1002	99%	0.0	99.46	582	KJ825989.1
Rhodotorula babjevae isolate B8-7 internal transcribed spacer ...	Rhodotorula ...	NA	86837	1002	1002	99%	0.0	99.64	569	KT876706.1
Rhodotorula glutinis strain LTJ-6 internal transcribed spacer ...	Rhodotorula ...	NA	5535	1002	1002	99%	0.0	99.64	572	MN371895.1
Rhodotorula babjevae isolate P006 internal transcribed spacer ...	Rhodotorula ...	NA	86837	1000	1000	98%	0.0	99.64	561	MK212840.1
Rhodotorula glutinis strain AD-9 internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula ...	NA	5535	1000	1000	98%	0.0	99.64	572	MN371916.1
Rhodotorula babjevae isolate RN43 internal transcribed spacer ...	Rhodotorula ...	NA	86837	1000	1000	99%	0.0	99.46	608	PQ410872.1
Rhodospiridium babjevae strain LB26 internal transcribed space...	Rhodotorula ...	NA	86837	1000	1000	99%	0.0	99.46	582	KJ825987.1
Rhodotorula glutinis isolate NSB internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula ...	NA	5535	1000	1000	99%	0.0	99.46	576	OR794220.1
Rhodotorula babjevae strain YS3 internal transcribed spacer 1...	Rhodotorula ...	NA	86837	998	998	99%	0.0	99.46	1460	KX774514.1
Rhodospiridium babjevae strain M13.9A 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	86837	998	998	99%	0.0	99.45	580	KP732486.1
Rhodospiridium babjevae strain M13.11A 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	86837	998	998	99%	0.0	99.45	584	KP732488.1
Rhodotorula sp. AL-S2 isolate AL-S2-32 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	1123931	998	998	99%	0.0	99.45	582	JN255441.1
Rhodotorula sp. AL-S2 isolate AL-S2-4 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	1123931	998	998	99%	0.0	99.45	611	JN255413.1
Uncultured fungus clone S22T_09 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	998	998	99%	0.0	99.45	616	KU164148.1
Rhodotorula babjevae isolate 21SA1-U115 small subunit ribosoma...	Rhodotorula ...	NA	86837	998	998	99%	0.0	99.45	615	PQ336029.1
Rhodospiridium babjevae strain UCDFST 04-877 18S ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	86837	998	998	99%	0.0	99.45	601	KR149271.1
Uncultured fungus clone S22T_15 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	998	998	99%	0.0	99.45	626	KU164154.1
Uncultured fungus clone ZB201207-14 small subunit ribosomal R...	uncultured f...	NA	175245	998	998	99%	0.0	99.45	645	KX514924.1
Rhodotorula glutinis isolate RP320_11 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	5535	998	998	99%	0.0	99.45	783	KX067826.1
Rhodotorula sp. strain Y207 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	998	998	99%	0.0	99.45	566	PQ350814.1
Rhodotorula sp. AL-S2 isolate AL-S2-6 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	1123931	998	998	99%	0.0	99.45	585	JN255415.1
Uncultured fungus clone S22T_93 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	998	998	99%	0.0	99.45	622	KU164215.1
Rhodotorula sp. AL-S2 isolate AL-S2-33 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	1123931	998	998	99%	0.0	99.45	603	JN255442.1

Cepa 9 (S5-B)

RID: S8HFEDHK016
 Job Title:Cepa Levadura 9
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 9 Query ID: lcl|Query_5517589 Length: 563

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9ZZ-3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZ6-1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	MW710184.1
Rhodotorula sp. strain DN40 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	637	MK226267.1
Fungal sp. PKU Y9 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed...	fungal sp. P...	NA	1285480	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	KC113312.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate F-213 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	588	OM647876.1
Rhodotorula mucilaginosa strain R-4685 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	615	KF726105.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate F-290 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	589	OM648194.1
Rhodotorula sp. strain D20 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	653	MK226222.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate S8820 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	579	OQ651282.1
Rhodotorula mucilaginosa strain YY39 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	579	KR912272.1
Rhodotorula mucilaginosa AAN6 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	593	LC473094.1
Rhodotorula sp. isolate Z-Y-6 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	581	MK367487.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate A5-7 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	592	KT876700.1
Uncultured yeast isolate DGE gel band kazem2 internal...	uncultured y...	NA	447265	1031	1031	99%	0.0	100.00	593	MH917126.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y7 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	592	KC113310.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ABS7 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	1306	OR364498.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PYCC 8479 internal transcribe...	Rhodotorula ...	NA	5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	1210	MZ375515.1
Rhodotorula sp. strain P56 small subunit ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	1026	1026	99%	0.0	99.82	613	OK323139.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate AMF006 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	100.00	555	MI309709.1
Rhodotorula sp. strain SM03UFAM small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	1026	1026	99%	0.0	99.82	2437	MI268779.1
Rhodotorula sp. strain FF11T4 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	1026	1026	99%	0.0	99.82	581	MW670559.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I59 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	599	ON142364.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-2-Y9 internal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	1130	KF411475.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y1 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	589	KC113304.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate VSMU-RM1701 internal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	668	MG270571.1
Uncultured fungus clone S24T_45 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	1026	1026	99%	0.0	99.82	630	KU164308.1
Rhodotorula mucilaginosa strain UIMC74 18S ribosomal RNA gene....	Rhodotorula ...	NA	5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	606	KC816557.1

Cepa 10 (S4-A)

RID: S8HMYWA016
 Job Title:Cepa Levadura 10
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 10 Query ID: lcl|Query_5591395 Length: 533

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Cystobasidium sp. isolate 6A internal transcribed spacer 1,...	Cystobasidiu... NA		1925428	979	979	100%	0.0	99.81	557	OM869976.1
Cystobasidium minutum isolate 8A small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	594	OM869982.1
Rhodotorula sp. isolate YP-246 18S ribosomal RNA gene, partial...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	979	979	100%	0.0	99.81	597	KU702566.1
Cystobasidium minutum isolate 11YA small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	580	OM869987.1
Cystobasidium minutum isolate 14_small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	568	OM869989.1
Cystobasidium minutum isolate 8_small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	609	OM869981.1
Cystobasidium minutum isolate 11A_small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	599	OM869984.1
Cystobasidium minutum isolate 11AA internal transcribed spacer...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	554	OM869985.1
Cystobasidium minutum isolate 7CA small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	600	OM869979.1
Cystobasidium minutum isolate 8MA internal transcribed spacer ...	Cystobasidiu... NA		29899	979	979	100%	0.0	99.81	563	OM869983.1
Rhodotorula sp. isolate YP-247 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	977	977	100%	0.0	99.81	546	KU702563.1
Uncultured fungus clone S23T_10 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	972	972	100%	0.0	99.62	599	KU164226.1
Uncultured fungus clone S21T_69 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	972	972	100%	0.0	99.62	598	KU164121.1
Uncultured fungus clone S12T_75 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	972	972	100%	0.0	99.62	599	KU163813.1
Rhodotorula sp. isolate YP-267 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp.	NA	1853554	972	972	99%	0.0	100.00	531	KU702596.1
Cystobasidium minutum strain ZA-14 internal transcribed spacer...	Cystobasidiu... NA		29899	972	972	100%	0.0	99.62	598	HQ326999.1
Uncultured fungus clone S46T_07 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	966	966	100%	0.0	99.44	597	KU164629.1
Cystobasidium minutum DMKU13-4 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS...	Cystobasidiu... NA		29899	966	966	100%	0.0	99.44	576	LC424144.1
Cystobasidium minutum DMKU10-1 genes for SSU rRNA, ITS1, 5.8S...	Cystobasidiu... NA		29899	966	966	100%	0.0	99.44	564	LC565118.1
Cystobasidium minutum isolate 1Y133B internal transcribed spac...	Cystobasidiu... NA		29899	966	966	99%	0.0	99.62	549	MT252968.1
Uncultured fungus clone S23T_67 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	963	963	100%	0.0	99.25	596	KU164264.1
Cystobasidium minutum DMKU7218-3 genes for ITS1, 5.8S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		29899	963	963	100%	0.0	99.25	563	LC529715.1
Cystobasidium minutum strain AYP-S15 internal transcribed spac...	Cystobasidiu... NA		29899	963	963	100%	0.0	99.25	618	KP870203.1
Cystobasidium minutum strain MCA 4210 small subunit ribosomal...	Cystobasidiu... NA		29899	961	961	100%	0.0	99.25	1685	OM238182.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		1925428	961	961	100%	0.0	99.25	556	LC272882.1
Uncultured fungus clone S43T_76 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	961	961	100%	0.0	99.25	603	KU164558.1
Uncultured fungus clone S43T_60 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f...	NA	175245	961	961	100%	0.0	99.25	602	KU164548.1

Cepa 11 (C3-9)

RID: S8HSYDW6016
Job Title:Cepa Levadura 11
Program: BLASTN
Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
Query #1: Cepa Levadura 11 Query ID: 1c1|Query_4659121 Length: 561

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa isolate I59 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	599	ON142364.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y1 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	589	KC113304.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 15Third week internal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	600	ON1705489.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I16 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	588	ON142046.1
Rhodotorula mucilaginosa strain MT23-1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	580	MW709995.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY318-4 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	576	MW710542.1
Rhodotorula mucilaginosa culture CBS:6727 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	710	KY104848.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I53 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	594	ON142353.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I50 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	592	ON142352.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I48 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	598	ON142349.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY32M3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	584	MW710569.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I35 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	592	ON142334.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 588 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	572	PP844439.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I41 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	591	ON142340.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I67 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	601	ON142362.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate OMA Y14 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	581	KR264902.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ASU1 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	KP960512.1
Rhodotorula mucilaginosa culture CBS:12021 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	890	KY104803.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IF45W-F2 small subunit ribosom...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	620	MT703920.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate KDLYL10-1 18S ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	621	JX174412.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9ZZ-3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IMB139_2 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	574	OR507609.1
Rhodotorula sp. EY12114 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S...	Rhodotorula ...	NA	1976994	1027	1128	100%	0.0	99.82	683	LC229717.1
Rhodotorula sp. EY12114 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S...	Rhodotorula ...	NA	1976994	1027	1204	100%	0.0	99.82	726	LC229719.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate K1Fa1-625 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	616	OQ690197.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate FYH-1 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	638	OM995911.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IIF25W-F1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	1144	KY218686.1

Cepa 12 (C2-4)

RID: S8HW5CZK016
Job Title:Cepa Levadura 12
Program: BLASTN
Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
Query #1: Cepa Levadura 12 Query ID: 1c1|Query_4692539 Length: 561

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa isolate I59 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	599	ON142364.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y1 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	589	KC113304.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 15Third week internal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	600	ON1705489.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I16 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	588	ON142046.1
Rhodotorula mucilaginosa strain MT23-1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	580	MW709995.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY318-4 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	576	MW710542.1
Rhodotorula mucilaginosa culture CBS:6727 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	710	KY104848.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I53 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	594	ON142353.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I50 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	592	ON142352.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I48 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	598	ON142349.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY32M3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	584	MW710569.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I35 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	592	ON142334.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 588 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	572	PP844439.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I41 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	591	ON142340.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I67 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	601	ON142362.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate OMA Y14 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	100.00	581	KR264902.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ASU1 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	KP960512.1
Rhodotorula mucilaginosa culture CBS:12021 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	890	KY104803.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IF45W-F2 small subunit ribosom...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	620	MT703920.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate KDLYL10-1 18S ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	621	JX174412.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9ZZ-3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IMB139_2 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	574	KC349928.1
Rhodotorula sp. EY12114 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S...	Rhodotorula ...	NA	1976994	1027	1128	100%	0.0	99.82	683	LC229717.1
Rhodotorula sp. EY12114 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S...	Rhodotorula ...	NA	1976994	1027	1204	100%	0.0	99.82	726	LC229719.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate K1Fa1-625 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	616	OQ690197.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate FYH-1 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	638	OM995911.1
Rhodotorula mucilaginosa strain IIF25W-F1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.82	1144	KY218686.1

Cepa 13 (C10-2)

RID: S8J3ZJ2C016
 Job Title:Cepa Levadura 13
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa Levadura 13 Query ID: lc1|Query_4778667 Length: 564

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa strain XZ6-1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	99.65	577	MW710184.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate F-290 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	99.65	589	OM648194.1
Rhodotorula mucilaginosa strain YY39 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	99.65	579	KR912272.1
Rhodotorula mucilaginosa AAN6 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,...	Rhodotorula ...	NA	5537	1033	1033	100%	0.0	99.65	593	LC473094.1
Rhodotorula sp. isolate Z-Y-6 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1033	1033	100%	0.0	99.65	581	MK367487.1
Uncultured yeast isolate DGGE gel band kazem2 internal...	uncultured y...	NA	447265	1033	1033	100%	0.0	99.65	593	MH917126.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9Z2-3 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	573	OR507609.1
Rhodotorula sp. strain DN40 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	637	MK226267.1
Rhodotorula mucilaginosa strain ABS7 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	1306	OR364498.1
Fungal sp. PKU Y9 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed...	fungal sp. P...	NA	1285480	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	KC113312.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate F-213 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	588	OM648786.1
Rhodotorula mucilaginosa strain R-4685 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	615	KF726105.1
Rhodotorula sp. strain D20 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	653	MK226222.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate SB820 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	579	OQ651282.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PYCC 8479 internal transcribe...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	1210	MZ375515.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate A5-7 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	592	KT876700.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y7 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ...	NA	5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	592	KC113310.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate Rmu2015 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	613	OP526941.1
Rhodotorula mucilaginosa YE-171 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	602	LC486532.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate GDMCC 2.30 small subunit...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	630	OR976268.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I16 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	588	ON142046.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZY318-4 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	576	MW710542.1
Rhodotorula mucilaginosa genomic DNA sequence contains ITS1,...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	1124	LT548978.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate JH-R23 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	617	OR976269.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I50 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	592	ON142352.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate 305 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	99%	0.0	100.00	1018	MW567226.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I35 internal transcribed spac...	Rhodotorula ...	NA	5537	1027	1027	100%	0.0	99.47	592	ON142334.1

Cepa 14 (C5-3)

RID: S8JMXDAU016
 Job Title:Cepa levadura 14
 Program: BLASTN
 Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
 Query #1: Cepa levadura 14 Query ID: lc1|Query_5912137 Length: 554

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula glutinis isolate ZHK 2019 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5535	1011	1011	99%	0.0	100.00	585	MT012072.1
Rhodotorula glutinis IFM 57694 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S...	Rhodotorula ...	NA	5535	1005	1005	99%	0.0	99.82	621	LC413755.1
Rhodospiridium diobovatum genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,...	Rhodotorula ...	NA	5288	1005	1005	99%	0.0	99.82	597	AB073237.1
Rhodotorula sp. isolate T30_B38 small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1005	1005	99%	0.0	99.82	589	OQ448417.1
Rhodotorula glutinis strain AUMC 10757 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5535	1005	1005	99%	0.0	99.82	612	KY495725.1
Rhodotorula glutinis CBS 20 ITS region; from TYPE material	Rhodotorula ...	NA	5535	1005	1005	99%	0.0	99.82	610	NR_073294.1
Rhodotorula glutinis 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;...	Rhodotorula ...	NA	5535	1002	1002	98%	0.0	99.82	567	AF387775.1
Rhodotorula glutinis strain UCDFST: 50-309 internal transcribe...	Rhodotorula ...	NA	5535	1002	1002	98%	0.0	99.82	567	MN340288.1
Rhodotorula glutinis culture CBS:20 small subunit ribosomal RN...	Rhodotorula ...	NA	5535	1002	1002	98%	0.0	99.82	603	KY104779.1
Rhodotorula sp. strain 006_E5 small subunit ribosomal RNA gene...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1000	1000	99%	0.0	99.64	906	OQ589875.1
Rhodotorula glutinis culture CBS:7796 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	5535	1000	1000	99%	0.0	99.64	565	KY104780.1
Rhodotorula glutinis strain D8 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula ...	NA	5535	1000	1000	99%	0.0	99.64	588	MK226210.1
Rhodotorula glutinis 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;...	Rhodotorula ...	NA	5535	998	998	98%	0.0	99.63	568	AF387778.1
Rhodotorula graminis strain WP1 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	608	EU563927.1
Rhodotorula graminis isolate BB23-T-1 internal transcribed...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	583	MW764659.1
Rhodotorula graminis strain SIO-108-NB-PINK 18S ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	610	F1183438.1
Rhodotorula graminis isolate JL247 internal transcribed spacer...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	747	OQ388299.1
Rhodotorula sp. isolate FBFY8 small subunit ribosomal RNA gene...	Rhodotorula sp. NA		1853554	996	996	99%	0.0	99.45	601	MK186928.1
Ustilentyloma graminis culture CBS:11553 small subunit ribosom...	Ustilentylom... NA		106009	996	996	99%	0.0	99.45	611	KY105790.1
Ustilentyloma graminis culture CBS:11678 small subunit ribosom...	Ustilentylom... NA		106009	996	996	99%	0.0	99.45	609	KY105789.1
Rhodotorula graminis genomic DNA containing 18S rRNA gene, ITS...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	1173	FR717631.1
Ustilentyloma graminis culture CBS:11520 internal transcribed...	Ustilentylom... NA		106009	996	996	99%	0.0	99.45	568	KY105793.1
Rhodotorula graminis CBS 2826 ITS region; from TYPE material	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	612	NR_073273.1
Rhodotorula graminis strain PSP7 small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	627	OP800135.1
Rhodotorula graminis isolate Y20-2 internal transcribed spacer...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	750	MT502784.1
Rhodotorula graminis culture MUT<ITA>:2266 internal transcribe...	Rhodotorula ...	NA	29898	996	996	99%	0.0	99.45	590	MF102881.1
Rhodotorula glutinis strain AUMC 11223 small subunit ribosomal...	Rhodotorula ...	NA	5535	996	996	99%	0.0	99.45	612	KY611826.1

Cepa 15 (S10-B)

RID: S8JXSH6T016
Job Title:Cepa levadura 15
Program: BLASTN
Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
Query #1: Cepa levadura 15 Query ID: lcl|Query_5050851 Length: 533

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Cystobasidium sp. PYCC 4689 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu... NA		192680	976	976	99%	0.0	100.00	591	AF444588.1
Cystobasidium sp. CBS 7295 18S ribosomal RNA gene, partial...	Cystobasidiu... NA		192821	976	976	99%	0.0	100.00	591	AF444619.1
Cystobasidium sp. isolate Z6 small subunit ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		1925428	976	976	99%	0.0	100.00	560	QQ439984.1
Cystobasidium sp. strain DM18 small subunit ribosomal RNA gene...	Cystobasidiu... NA		1925428	976	976	99%	0.0	100.00	587	KY781369.1
Cystobasidium slooffiae strain CRUB 1029 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu... NA		106018	972	972	99%	0.0	100.00	546	FJ807687.1
Cystobasidium slooffiae strain DMIC 196009 small subunit...	Cystobasidiu... NA		106018	970	970	99%	0.0	99.81	589	MT820013.1
Cystobasidium slooffiae gene for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		106018	970	970	99%	0.0	99.81	1192	AB025994.2
Cystobasidium slooffiae strain Y. H. Yeh I0327 small subunit...	Cystobasidiu... NA		106018	970	970	99%	0.0	99.81	596	MK336491.1
Cystobasidium slooffiae strain NU06 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	965	965	98%	0.0	99.81	533	OL412155.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		1925428	965	965	99%	0.0	99.62	559	LC272867.1
Uncultured fungus clone S46T_76 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	965	965	99%	0.0	99.62	598	KU164667.1
Cystobasidium slooffiae strain UN71 18S ribosomal RNA gene,...	Cystobasidiu... NA		106018	965	965	99%	0.0	99.62	592	FJ515215.1
Rhodotorula slooffiae genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA...	Cystobasidiu... NA		106018	965	965	99%	0.0	99.62	539	FR873794.1
Cystobasidium sp. strain CHEN_F2 small subunit ribosomal RNA...	Cystobasidiu... NA		1925428	965	965	99%	0.0	99.62	620	OQ283738.1
Uncultured fungus clone S13T_66 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	965	965	99%	0.0	99.62	602	KU163848.1
Uncultured Rhodotorula clone b31 18S ribosomal RNA gene, parti...	uncultured R... NA		647385	965	965	99%	0.0	99.62	1234	KP099877.1
Cystobasidium slooffiae strain LEMI 3630 18S ribosomal RNA gen...	Cystobasidiu... NA		106018	965	965	98%	0.0	100.00	538	JX494375.1
Uncultured fungus clone S15T_75 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	965	965	99%	0.0	99.62	601	KU163921.1
Cystobasidium slooffiae strain LT87 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	959	959	98%	0.0	99.62	536	KF303793.1
Uncultured fungus clone S43T_31 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	959	959	99%	0.0	99.43	600	KU164529.1
Cystobasidium sp. genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA,...	Cystobasidiu... NA		1925428	959	959	99%	0.0	99.43	558	LC272868.1
Cystobasidium slooffiae strain SZMC 23141 internal transcribed...	Cystobasidiu... NA		106018	959	959	98%	0.0	99.62	545	MH166860.1
Cystobasidium slooffiae isolate 285 internal transcribed space...	Cystobasidiu... NA		106018	959	959	99%	0.0	99.43	1011	MW567227.1
Cystobasidium sp. MAR17 internal transcribed spacer 1, partial...	Cystobasidiu... NA		1521842	957	957	98%	0.0	99.62	531	KJ883290.1
Cystobasidium slooffiae strain 170915GAR16P3 internal...	Cystobasidiu... NA		106018	957	957	99%	0.0	99.43	533	MW826147.1
Cystobasidium slooffiae isolate I10-STD internal transcribed...	Cystobasidiu... NA		106018	955	955	99%	0.0	99.43	543	KT819330.1
Rhodotorula sp. isolate YP-225 internal transcribed spacer 1....	Rhodotorula sp. NA		1853554	953	953	97%	0.0	99.81	541	KU702579.1

Cepa 16 (C7-6)

RID: S8K51DDU016
Job Title:Cepa levadura 16
Program: BLASTN
Database: core_nt Core nucleotide BLAST database
Query #1: Cepa levadura 16 Query ID: lcl|Query_6058329 Length: 563

Sequences producing significant alignments:

Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Rhodotorula mucilaginosa isolate 9Z7-3 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	573	OR507609.1
Rhodotorula mucilaginosa strain XZ6-1 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	MW710184.1
Rhodotorula sp. strain DM40 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	637	MK262627.1
Fungal sp. PKU Y9 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed...	fungal sp. P... NA		1285480	1031	1031	99%	0.0	100.00	577	KC113312.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate F-213 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	588	OM647876.1
Rhodotorula mucilaginosa strain R-4685 18S ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	615	KF726105.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate F-290 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	589	OM648194.1
Rhodotorula sp. strain D20 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	653	MK226222.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate S8820 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	579	OQ651282.1
Rhodotorula mucilaginosa strain YY39 internal transcribed spac...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	579	KR912272.1
Rhodotorula mucilaginosa AAN6 genes for ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	593	LC473094.1
Rhodotorula sp. isolate Z-Y-6 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1031	1031	99%	0.0	100.00	581	MK367487.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate A5-7 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	592	KT876700.1
Uncultured yeast isolate D6GE gel band kazem2 internal...	uncultured y... NA		447265	1031	1031	99%	0.0	100.00	593	MH917126.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y7 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1031	1031	99%	0.0	100.00	592	KC113310.1
Rhodotorula mucilaginosa strain AB57 internal transcribed spac...	Rhodotorula ... NA		5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	1306	OR364498.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PYCC 8479 internal transcribe...	Rhodotorula ... NA		5537	1029	1029	99%	0.0	100.00	1210	MZ375515.1
Rhodotorula sp. strain P56 small subunit ribosomal RNA gene,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1026	1026	99%	0.0	99.82	613	OK323139.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate AMF006 internal transcribed...	Rhodotorula ... NA		5537	1026	1026	99%	0.0	100.00	555	MH309709.1
Rhodotorula sp. strain SM03UFAM small subunit ribosomal RNA...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1026	1026	99%	0.0	99.82	2437	MW268779.1
Rhodotorula sp. strain FF1T4 internal transcribed spacer 1,...	Rhodotorula sp. NA		1853554	1026	1026	99%	0.0	99.82	581	MW670559.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate I59 internal transcribed spac...	Rhodotorula ... NA		5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	599	ON142364.1
Rhodotorula mucilaginosa strain DY115-21-2-Y9 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	1130	KF411475.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate PKU Y1 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	589	KC113304.1
Rhodotorula mucilaginosa isolate VSMU-RM1701 internal...	Rhodotorula ... NA		5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	668	MG270571.1
Uncultured fungus clone S24T_45 18S ribosomal RNA gene, partia...	uncultured f... NA		175245	1026	1026	99%	0.0	99.82	600	KU164308.1
Rhodotorula mucilaginosa strain UIMC74 18S ribosomal RNA gene...	Rhodotorula ... NA		5537	1026	1026	99%	0.0	99.82	606	KC816557.1



Autorización de publicación en el repositorio institucional

Mario Esteban Vásquez Díaz portador(a) de la cédula de ciudadanía N° 0106990757 y Juan Carlos Segarra Espinoza portador(a) de la cédula de ciudadanía N° 0150565190. En calidad de autores y titulares de los derechos patrimoniales del trabajo de titulación "**Caracterización fenotípica y ubicación filogenética de cepas de levaduras del género *Rhodotorula* y afines en ambientes domésticos de las diferentes regiones del Ecuador**" de conformidad a lo establecido en el artículo 114 Código Orgánico de la Economía Social de los Conocimientos, Creatividad e Innovación, reconocemos a favor de la Universidad Católica de Cuenca una licencia gratuita, intransferible y no exclusiva para el uso no comercial de la obra, con fines estrictamente académicos y no comerciales. Autorizamos además a la Universidad Católica de Cuenca, para que realice la publicación de este trabajo de titulación en el Repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior.

Cuenca, 29 de abril de 2025

F: 
Mario Esteban Vásquez Díaz
C.I. 0106990757

F: 
Juan Carlos Segarra Espinoza
C.I. 0150565190