



SOCIEDAD
DE BIOLOGÍA
DE CHILE
desde 1928

LXIII REUNIÓN ANUAL SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE 25-26 y 27 Noviembre 2020

Libro de resúmenes



www.biologiachile.cl



**LXIII REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE
VERSIÓN REMOTA
25-26, 27 DE NOVIEMBRE 2020**



CONFERENCIAS



CONFERENCIA PREMIOS NACIONALES

Thermal effects vary predictably across levels of biological organization and environments.

(Los efectos térmicos varían predeciblemente a través de los niveles biológicos de organización y los ambientes)

Francisco Bozinovic¹(1) Departamento de Ecología, Center of Applied Ecology & Sustainability, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Católica de Chile

El cambio climático se considera una de las mayores amenazas a la biodiversidad. Las actividades antropogénicas han dado lugar a un aumento de la frecuencia de los extremos climáticos, así como a una mayor variabilidad climática en ciertas regiones del mundo. Los biólogos del cambio global se han centrado tradicionalmente en los rasgos de las poblaciones, las especies y las comunidades, como indicadores de las respuestas a las perturbaciones inducidas por el ser humano. Sin embargo, cada vez es más importante una explicación de los mecanismos próximos y las consecuencias últimas que enfrentan los organismos en los ambientes actuales. En esta presentación intentaré mostrar la forma en que la integración biológica y los diferentes niveles de organización responden a la variación ambiental y a diferentes paisajes térmicos. El principal objetivo de esta propuesta es mostrar un marco que combine enfoques teóricos y empíricos para estudiar las tolerancias fisiológicas térmicas y su variación entre los niveles de organización y los entornos térmicos, utilizando pequeños invertebrados como organismos modelo. En resumen, se proponen enfoques complementarios para dividir la variación entre niveles de organización biológica y los regímenes térmicos, con el propósito último de predecir cómo podrían responder las poblaciones naturales a la rápida variabilidad y cambio climático.

ANID PIA/BASAL FB (0002-2014); FONDECYT 1190007



Bioethical aspects in human scientific research in Pandemia (Aspectos bioéticos de la investigación científica en seres humanos en pandemia).

Manuel Santos¹ (1) Universidad Finis Terra, Departamamento de Bioetica, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

La realización de investigación científica biomédica en seres humanos en Pandemia es obligatoria para conocer la enfermedad COVID19: su historia natural, su eventual tratamiento y su prevención. Esta investigación debe realizarse en las normativas que se fundan en el respeto a la dignidad de las personas participantes. La investigación en Pandemia tiene una presión de tiempo para actuar que está en tensión con los plazos de la investigación estándar. Puede presentar una gran incertidumbre, una ansiedad y angustia por parte de los participantes, de los Investigadores, de la comunidad donde se realiza la investigación y del sistema sanitario. Toda investigación debe garantizar el consentimiento previo e informe de todas las personas participantes, como la privacidad y protección de sus datos personales, asegurando un trato digno y humanizado a las personas portadoras o en tratamiento por COVID-19. válido válido para los ensayos clínicos con vacunas. Está someter a las personas a las personas a pruebas médicas o científicas experimentales sin su libre consentimiento. En esta Conferencia se presentarán los aspectos bioéticos y la normativa legal nacional e internacional que deben realizar una investigación en seres humanos en Pandemia.



CONFERENCIA DR. HERMAN NIEMEYER

Vida microbiana en el Desierto de Atacama: diversidad y adaptación en ambientes poliextremos.

Cristina Inés Dorador Ortiz^{1,2}

(1) Universidad de Antofagasta, Centro de Biotecnología y Bioingeniería (CeBiB), Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos

(2) Instituto Antofagasta, Laboratorio de Complejidad Microbiana

El Desierto de Atacama es un territorio extenso, heterogéneo y diverso ubicado en el norte de Chile. Las condiciones ambientales actuales y pasadas de esta zona han configurado ambientes únicos donde la vida microbiana es abundante y diversa. Entre estos factores se destaca la alta radiación solar, gradientes extremos de temperatura, aridez, alta concentración y diversidad de minerales y sales. Las comunidades microbianas presentes en el Desierto de Atacama han sido estudiadas en diferentes hábitats como suelos hiperáridos, al interior de rocas, rizósfera, salares, bofedales, ríos, volcanes, lagos, entre otros. En general, la diversidad microbiana es alta y los microorganismos presentan importantes adaptaciones a las condiciones poliextremas, lo cual da cuenta de estrategias específicas acompañadas de respuestas comunitarias. Del mismo modo, algunos ambientes como el Salar de Llamará y el Salar de Atacama han sido propuestos como análogos a la Tierra primitiva, donde los microorganismos tienen metabolismos particulares como el uso de arsénico y monóxido de carbono como fuente de energía. La microbiología del Desierto de Atacama es un tópico de creciente desarrollo en distintas áreas incluyendo Astrobiología y Biotecnología (producción de compuestos bioactivos). Los salares del Desierto de Atacama y Altiplano se encuentran en riesgo por acción humana y cambio climático, es por ello que es crucial contar con una estrategia de reconocimiento, recuperación y conservación de estos únicos e irrepetibles ambientes.

Financiamiento: Fondecyt 1181773; CeBiB FB0001; NEXER (Red de Ambientes Extremos)



SIMPOSIOS



SIMPOSIO: SOCIEDAD CHILENA DE REPRODUCCIÓN Y DESARROLLO

Coordinador: Dr. Jorge Farias

Problemáticas y desafíos del estudio del desarrollo embrionario en peces: malformaciones embrionarias en salmónidos.

Iván Valdebenito Isler¹, Jorge Farías Avendaño², Elías Figueroa Villalobos¹, Luis Paiva Maldonado¹, Jennie Risopatrón González²

(1) Católica de Temuco, Cs. Agropecuarias y Acuícolas. BIOACUI, Recursos Naturales, Montt 056, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias,, Temuco, Chile

(3) Sin Afiliación

Chile es el segundo productor mundial de salmónidos de piscicultura. Anualmente, requiere cerca un billón de embriones para cumplir con las demandas de la industria. Las malformaciones embrionarias y larvales en peces son un problema que registra un incremento paulatino de su incidencia en poblaciones silvestres o de piscicultura. Regularmente se asocian con exposición de los reproductores a inadecuadas variables medioambientales físicas (temperatura, luz, principalmente); químicas (concentración de O₂, CO₂, pH y/o xenobióticos); nutrición desequilibrada, factores genéticos como mutaciones y/o expresión de genes letales, inbreeding; aplicación de antibiótico, niveles altos de estrés; aplicación de terapias hormonales, uso de fertilizantes orgánicos y/o inorgánicos en la acuicultura integrada. Además, de la utilización durante la fase de incubación de desinfectantes para el control de infecciones micóticas, como productos iodados. Regularmente, los daños producidos por exposiciones a condiciones ambientales inadecuadas son mucho más profundos si ocurre tempranamente en la ontogenia del individuo, especialmente, si ocurren previos a la osificación. Las malformaciones embrionarias, debido a su origen multifactorial, son difíciles de predecir y con frecuencia en pisciculturas, la solución es eliminar los especímenes deformes durante la incubación o absorción del saco vitelino. El nivel de incidencia actual en la industria se desconoce ya que es una problemática que no ha sido estudiada en profundidad y cada empresa realiza sus registros, los que con frecuencia son “reservados”. En la industria chilena, se presentaría entre el 15% y 40% de los embriones y se encuentran en aumento, siendo microftalmia la malformación más frecuente en las tres especies de salmónidos de mayor producción en Chile y problemas asociados a tejidos mesodérmicos como la estructura ósea y muscular. Por otra parte, aumenta la presencia de diferentes tipos de alteraciones del corion (cambios estructurales, de grosor, resistencia y fracturas) cuyo origen aun es desconocido. FINANCIAMIENTO: Proyectos CONICYT (FONDECYT 1180387 y VCE6000015) y VIP-UCT4136-2018

Proyectos CONICYT (FONDECYT 1180387 y VCE6000015) y VIP-UCT4136-2018



Effect of cryopreservation on DNA integrity in Atlantic salmon sperm (Efecto de la criopreservación en la integridad del ADN en espermatozoides de salmón del Atlántico).

Elías Figueroa Villalobos¹

(1) Núcleo de Investigación en Producción Alimentaria, Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile.

Figueroa E1, Wilson R2, Herrera L3, Alvarado C1, Sandoval L1, Risopatrón J4, Valdebenito I1, Farias J.G3, Romero J5. 1Núcleo de Investigación en Producción Alimentaria, Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile. 2Departamento de Ciencias Acuáticas y Ambientales, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile. 3Departamento de Ingeniería, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile 4BIOREN – Center for Biotechnology in Reproduction, La Frontera University, Temuco, Chile. 5Laboratorio de Biotecnología, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago, Chile. Cryopreservation generates changes in sperm physiology in fish. Affecting plasma membrane integrity, mitochondrial membrane potential, DNA integrity and increased oxidative stress, altering viability, motility, fertilizing capacity and offspring quality. However, few studies have evaluated these parameters in cryopreserved sperm from Atlantic Salmon (*Salmo salar*). The objective was to determine the effect of cryopreservation on the integrity of the sperm DNA of *Salmo salar*. The semen was frozen in Cortland® + 1.3M DMSO + 0.3M glucose + 2% BSA in a 1:3 ratio (semen / cryoprotectant) treatment (T) and fresh control semen (C). Straws were cryopreserved using the programmable freezing system Freeze Control® (Cryologic, Australia) at a rate of 62.3 °C/min in liquid nitrogen (N₂L) which is controlled by the software CryoGenesis 5.0 (Cryologic). Thawed was carried out in a thermo-regulated bath (40°C). After thawed was evaluated by flow cytometry, single-cell gel electrophoresis, multimodal reader and quantified of lesions using qPCR (genes of interest). Sperm rate with intracellular superoxide production (DHE / SYTOX), fragmented DNA (TUNEL), comet assay (electrophoresis). In addition, the detection of oxoguanine glycosylase 1 (OGG1 ELISA KIT) and quantification of lesions in genes associated with growth (Igf1 and Gh), early embryonic development (HoxD4ai and HoxD9aii) and mitochondrial (Cytb and Col). In cryopreserved semen (T), DNA fragmentation was $4.1 \pm 1.3\%$, intracellular superoxide was $17 \pm 2.4\%$, presenting significant differences with the control group ($P < 0.05$), generating an increase of lesions in genes associated with mitochondrial activity (7.4-10.1 lesions / 10kb) in relation to growth (1.4-2.1 lesions / 10kb) and early development (1.1-3.5 lesions / 10kb), in relation to the detection of OGG1 this presented a $0.44 \pm 0.02\text{ng} / \text{mL}$ increase in cryopreserved samples. These results (biomarkers) suggest some effects of cryopreservation on DNA integrity that could affect sperm function and offspring quality in fish of interest.

Acknowledgements: This work was supported by the Fund for the National Research and Development Agency of ANID, FONDECYT/ POSTDOCTORAL (N° 3180765), FONDECYT/REGULAR (N° 1180387 and N° 1171129) Chile.



Dinámica flagelar en espermatozoides de peces y su impacto en la eficiencia reproductiva (Flagellate dynamics in fish sperm and its impact on reproductive efficiency).

Jorge G. Farías¹, Jennie Risopatron², Elias Figueroa³, Iván Valdebenito³

(1) Universidad de La Frontera, Ingeniería Química, Ingeniería y Ciencias, Av. Fco. Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Centro de Biotecnología de La Reproducción (Cebior), Nucleo Científico Tecnológico De Los Biorecursos (Bioren), Av. Fco. Salazar 01145, Temuco, Chile

(3) Universidad Católica De Temuco, Escuela De Acuicultura, De Recursos Naturales, Rudecindo Ortega 02950, Temuco, Chile

Aquaculture in Chile has been an important sector in last decades, with a fast growth in both production volumes and exports. In this context, reproduction is a fundamental mechanism for establishing the quality of progeny and maintaining a level of stock necessary for breeding, which is related to the quality of the gametes produced and the fertilization capacity that they possess. In spermatozoa, those two points are closely related to sperm motility, which is linked to the bio-energetic metabolism and flagellar activity, and is influenced by the different procedures used for gametes handling and preservation, such as cold storage. Our previous results have shown that ATP content and oxygen consumptions are reduced in cold-stored fish spermatozoa along with an increased ROS production, reduced activity of antioxidant enzymes and structural changes at mitochondrial level, which are associated with decreased motility. On the other hand, we found that, after 7 days of cold storage, at least 25% of spermatozoa maintain intact plasma membrane and high mitochondrial membrane potential, however motility is completely abolished. This suggests that loss of motility might be caused by deficient energy availability or disrupted energy regulation mechanisms, rather than by compromised cell viability. Few studies have addressed the sperm motility-related issues in fish from an energetic or cell signaling points of view, and several aspects of the molecular mechanisms involved in the motility activation and maintenance in fish spermatozoa still remain unclear. Taking into account all the above mentioned, we hypothesized that flagellar dynamics plays a critical role in sperm physiology of salmonids, and disruption of metabolism and signalling processes during in vitro handling and storage have critical impact on the fertilizing capacity.

Fondecyt Regular #1180387 (PI: Jorge Farías)



SIMPOSIO SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

Coordinadora: Dra. Alejandra González

Variación morfológica, genética y señales de adaptación local de la tortuga verde (*Chelonia mydas*) en el Océano Atlántico y Pacífico.

Rocio Esmeralda Alvarez Varas^{1,2}, Hugo A. Benítez³, Cynthia Riginos⁴, Damien Esquerré⁵, Juliana A. Vianna⁶, David Véliz^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Departamento de Biología Marina, Núcleo Milenio de Ecología y Manejo Sustentable de Islas Oceánicas (ESMOI), Coquimbo, Chile

(3) Universidad Católica del Maule, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Talca, Chile

(4) The University of Queensland, School of Biological Sciences, Brisbane, Australia

(5) The Australian National University, Division of Ecology and Evolution, Research School of Biology, Canberra, Australia

(6) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Santiago, Chile

Chelonia mydas es una especie de tortuga marina cosmopolita que posee un grado de filopatría natal variable. Estudios sugieren que el cierre del Istmo de Panamá (3,5 millones de años) separó las poblaciones de Atlántico y Pacífico. Dentro del Pacífico, un clado de la región centro-norte/oriental recientemente (0,34 millones de años) se separó del linaje de la región occidental, colonizando y probablemente adaptándose a este ecosistema único (Pacífico oriental). En este estudio, se evaluó el efecto de una barrera geográfica (continente americano/Istmo de Panamá), la filopatría y la adaptación local sobre la diferenciación genética y morfológica de *C. mydas* en áreas de alimentación, utilizando ADN mitocondrial (ADNmt), polimorfismos de nucleótido único (SNPs) y morfometría geométrica. Los resultados sugieren que la discontinuidad geográfica asociada a la presencia del continente americano, actúa como una barrera efectiva al flujo génico entre poblaciones del Atlántico y Pacífico. Asimismo, una marcada filopatría natal mantendría separadas las poblaciones de distinto origen en áreas de alimentación. Dentro del Pacífico, las características oceanográficas probablemente influyen los movimientos y la estructura genética de esta especie. Aunque la variación genética se relaciona con la forma corporal, la falta de coincidencia entre los patrones genéticos y fenotípicos detectada en áreas de alimentación, sugieren divergencia adaptativa. Del mismo modo, loci candidatos a selección sustentan la adaptación local de esta especie a la región del Pacífico Oriental.

El financiamiento de este estudio fue proporcionado por la Beca CONICYT Doctorado Nacional N° 21160168, Núcleo Milenio de Ecología y Manejo Sustentable de Islas Oceánicas (ESMOI), National Oceanic and Atmospheric Administration (NOAA), Fondo de Protección Ambiental del Gobierno de Chile (FPA), Vicerrectoría de Investigación de la Universidad de Costa Rica, The Leatherback Trust, Veritas University, Surfari del Mar, Centro de Rescate de Especies Marinas Amenazadas (CREMA), Turner Foundation, National Fish and Wildlife Foundation, DEFRA Darwin Initiative, Sea Life Trust y Institute of Natural and Mathematical Sciences.



Diversificación floral en *Schizanthus*: La importancia del desarrollo para entender procesos ecológico-evolutivos.

María Fernanda Pérez Trautmann², **Javiera Beatriz Chinga Chamorro**¹, Regine Claßen-bockhoff³

(1) Centro de Ecología Aplicada y Sustentabilidad UC, Ecología, Ciencias Biológicas, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Ecología, Ciencias Biológicas, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(3) Johannes Gutenberg-University, Institute of Organismic and Molecular Evolution, Mainz, Germany

La diversificación morfológica en flores ha sido ampliamente estudiada en términos de tendencias evolutivas y selección mediada por polinizador. Sin embargo, el rol de los procesos del desarrollo ha sido significativamente menos estudiado, pese a que estos procesos se relacionan directamente con tendencias evolutivas y producen la variación sobre la cual puede actuar la selección mediada por polinizador. En este trabajo, se mostrará como estudios cuantitativos de alometría y heterocrónia a lo largo de un amplio rango de estadios ontogenéticos nos ayudan a entender patrones de diversificación floral en el género *Schizanthus*. Se consideraron especies de los tres clados principales del género, los cuales se encuentran asociados con la transición desde el síndrome de polinización de abeja (clado mediterráneo) a síndromes de picaflor (clado andino) y polilla (clado desértico). Estas transiciones en el síndrome de polinización se caracterizan por la tendencia evolutiva a la reducción del labio inferior, lo que han ocurrido dos veces de forma independiente en el género. Según lo esperado, se encontró que las especies con labio inferior reducido presentan un retraso en el crecimiento y, por tanto, de la adquisición de la forma, durante el desarrollo. Este retraso puede afectar el inicio del órgano y/o su crecimiento posterior, presentado efectos aditivos o compensatorios a lo largo del desarrollo. Además, la combinación de procesos del desarrollo que generan la reducción del labio inferior varía entre especies y entre clados, sugiriendo una gran labilidad del desarrollo para esta estructura. Más aún: diferentes estructuras del labio inferior se reducen debido a combinaciones distintas de procesos del desarrollo, pese a que dichas estructuras son producidas por el mismo primordio floral. En conclusión, la labilidad ontogenética del labio inferior nos muestra que este no se comporta como una sola unidad de variación, sino que cada estructura del labio inferior debe ser considerada como unidades de desarrollo independientes. Esta evidencia remarca la importancia de la presión mediada por polinización para mantener las asociaciones funcionales entre estructuras florales.

PCHA-DoctoradoNacional2015 - 21150326, FondecytRegular 1141047 y 1171369



Mimetismo como mecanismo que genera diversidad biológica? Qué podemos aprender de los escarabajos del género *Ceroglossus*.

Carlos Patricio Munoz Ramirez¹

(1) Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación, Instituto de Entomología, Av. José Pedro Alessandri 774. Nunoa, Santiago, Chile

El mimetismo se refiere a la convergencia fenotípica entre dos o mas especies simpátricas y como tal, su marco conceptual se centra en los procesos que promueven esta convergencia. Sin embargo, y paradójicamente, en muchos grupos en los que se ha observado mimetismo existe una gran diversidad fenotípica intraespecífica. Un ejemplo clásico es el de las mariposas Amazónicas del género *Heliconius*, en las que se han identificado varios tipos de mimetismo (e.g. Batesiano y Mülleriano). Dentro de algunas de estas especies, se han documentado decenas de morfotipos geográficos, cada uno de los cuales copia el fenotipo de otras especies congénicas. Existe evidencia de que algunos de estos morfotipos han desarrollado aislamiento reproductivo, ya que prefieren reproducirse más frecuentemente con individuos de su mismo morfotipo que con individuos de otros morfotipos, lo que ha llevado a pensar que el mimetismo podría jugar un rol en la diversificación o formación de nuevas especies. En Chile existe un grupo de escarabajos, los *Ceroglossus*, que posee varias similitudes con las mariposas del genero *Heliconius*; son diversos fenotípicamente, poseen defensas químicas, varias de sus especies están co-distribuidas y tienden a parecerse entre sí localmente en su coloración. Sin embargo, también presentan varias diferencias, como por ejemplo, el mimetismo en *Ceroglossus* es menos perfecto y varía geográficamente, lo que puede representar una oportunidad de investigación para abordar preguntas nuevas. En esta presentación discutiré sobre la evidencia de mimetismo en *Ceroglossus* y sobre su potencialidad como modelo de investigación en ecología y evolución del mimetismo.



Phylogeny of Tenebrionidae (Insecta, Coleoptera): From the Atacama Desert to the world (Filogenia de Tenebrionidae (Insecta, Coleoptera): Desde el desierto de Atacama para el Mundo).

Alvaro Zúñiga-Reinoso¹, Marcel Bläser¹, Reinhard Predel¹, Lapo Ragionieri¹

(1) Universität zu Köln, Institute für Zoologie, Zùlpicher Str. 47b, 50674, Köln, Deutschland

Tenebrionidae es una de las familias de Coleoptera mas diversas del mundo. A diferencia del optimo ambiental esperado para la vida, este grupo es hiperdiverso en ambientes áridos y semiáridos de todo el mundo. La monofilia de Tenebrionidae ha sido reafirmada en diferentes trabajos, pero las relaciones internas aun son poco claras. Las causas comunes de esta baja resolución filogenética serían el submuestreo de genes y taxa. Es así como las últimas filogenias publicadas carecen de taxa provenientes de América y África, siendo ambos continentes muy conspicuos en cuanto a diversidad de tenebriónidos. Además, ambos continentes poseen los desiertos más antiguos del mundo: Atacama y Namibia. Por lo tanto, el objetivo principal de este estudio es complementar las filogenias moleculares de Tenebrionidae con taxa provenientes de Atacama y así evaluar la posición filogenética de estos taxa. Para ello, primero reconstruimos una filogenia utilizando una matriz de 27 precursores de neuropéptidos obtenidos de los transcriptomas de 40 géneros de Tenebrionidae. Adicionalmente, reconstruimos la filogenia con una matriz concatenada de los genes 28S/18S/16S/COI de 207 géneros de todos los continentes. En base a estos resultados, se discute la posición e implicancias filogenética de la inclusión de los Tenebrionidae del Desierto de Atacama, así como también los cambios de paradigmas en la biogeografía de este grupo en Sudamérica.

Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG, German Research Foundation) – Projektnummer 268236062 – SFB 1211.



SIMPOSIO: GENÓMICA Y BIOTECNOLOGÍA

Moderador: Dr. Michael Seeger

La genómica evolutiva del género *Rhodococcus* revela rasgos biosintéticos de productos naturales ancestrales dependientes de la filogenómica.

Agustina Undabarrena Canusso¹, Ricardo Valencia¹, Andrés Cumsille¹, Leonardo Zamora¹, Eduardo Castro-Nallar², Francisco Barona-Gómez³, **Beatriz Patricia Cámara Herrera¹**

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química/Centro de Biotecnología, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Andrés Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

(3) Cinvestav, Unidad de Genómica Avanzada, Irapuato, México

Las historias evolutivas han sido descifradas en múltiples características ecológicas, sin embargo, los orígenes de los productos naturales (PNs) están recién comenzando a ser estudiados. Aunque los últimos avances en la genómica han podido descifrar los Agrupamientos Genéticos Biosintéticos (AGBs) que sintetizan los PNs, pocos estudios describen como los AGBs se transfieren entre actinomicetes. La mayoría de estos estudios se enfocan en los modelos *Streptomyces* y *Salinispora*, dejando de lado a otros géneros. Nuestro estudio se basa en realizar genómica comparativa del género metabólicamente versátil *Rhodococcus*. Una Red de similitud de AGBs reveló que 44 Familias de Agrupamientos Genéticos (FAGs) para las síntesisas de péptidos no ribosomales (NRPSs) presentaron un patrón filogenómico-dependiente de la evolución, apoyando las transferencias verticales de genes como la fuerza principal que conduce los NRPSs. Un análisis de nuestra cepa marina *Rhodococcus* sp. H-CA8f con el software CORASON, reveló una distribución única de un AGB involucrado en la producción de un compuesto relacionado con el cloranfenicol. Ampliar el conocimiento sobre la evolución de PNs muestra características que apoyan que la filogenia modela la distribución de AGBs, ayudando la conexión entre AGBs únicos y sus metabolitos.

Fondecyt N° 1171555, Fondecyt N° 3180399, CONICYT PIA GAMBIO Project N° ACT172128



Bases moleculares de la biodegradación de compuestos furánicos y su relevancia para la bioconversión de biomasa lignocelulósica.

Danilo Perez Pantoja¹ (1) Universidad Tecnológica Metropolitana, Programa Institucional de Fomento a la I+D+i (PIDi), Ignacio Valdivieso 2409, San Joaquín, Chile

La biomasa lignocelulósica es el recurso renovable más relevante para la producción biotecnológica de biocombustibles y productos de química fina. Sin embargo, la formación de compuestos inhibidores de la fermentación tales como los aldehídos de furano, furfural y 5-hidroximetilfurfural (HMF), durante el pretratamiento de la lignocelulosa impone un importante desafío tecnológico para el bioproceso. La presencia de estos compuestos furánicos tóxicos en los hidrolizados lignocelulósicos disminuye la productividad de las cepas fermentadoras utilizadas para la generación de bioproductos. Consecuentemente el catabolismo de furanos ha generado un renovado interés en la comunidad biotecnológica dedicada a la conversión de biomasa con el objetivo de desarrollar procesos de biodetoxificación de los hidrolizados lignocelulósicos utilizando microorganismos biodegradadores de estos inhibidores. Sin embargo, ni las rutas de degradación ni sus mecanismos regulatorios han sido completamente establecidos. Mediante el aislamiento de microorganismos con la capacidad de utilizar compuestos furánicos como sustrato y la posterior secuenciación de sus genomas, ha sido posible determinar tanto los genes responsables de la vía de degradación, así como los reguladores encargados de su expresión. El establecimiento de las bases moleculares del catabolismo de furanos permite proyectar su aplicación mediante estrategias de ingeniería metabólica para la generación de cepas modificadas para optimizar procesos de biodetoxificación de lignocelulósicos.

AGRADECIMIENTOS: FONDECYT 1201741, ANID PIA/Anillo ACT172128, y ANID PIA/BASAL FB0002



Plataforma micro y nanométrica en base a biopolímeros para la regeneración tisular.

Francisca Acevedo^{1,5}, Claudia Sanhueza¹, Michael Seeger², Rodrigo Navia^{3,4}

(1) Universidad de La Frontera, Centro de Excelencia de Medicina Traslacional (CEMT), Facultad de Medicina, Avenida Alemania #458, Temuco, Chile

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Centro de Biotecnología (CBDAL), Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(4) Universidad de La Frontera, Center for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(5) Universidad de La Frontera, Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

En Chile cerca de un 12% de la población sufre una herida o úlcera, siendo las quemaduras, úlceras de pie diabético y úlceras venosas, las de mayor impacto en la calidad de vida de las personas. La complejidad del proceso multicelular de la cicatrización de heridas ha llevado a buscar nuevas alternativas a los tratamientos clásicos. Hoy en día, existe una tendencia en desarrollar andamios tridimensionales en base a biomateriales con la finalidad de brindar protección y soporte a las células para que éstas puedan proliferar y promover así la regeneración tisular. El objetivo de este estudio fue desarrollar un andamio en base a polihidroxibutirato (un poliéster producido por *Paraburkholderia xenovorans* LB400) y a gelatina, mediante la técnica de electrospinning. Las condiciones operacionales del electrohilado fueron optimizadas para la producción de un andamiaje a escala micro y nanométrica, el cual fue posteriormente caracterizado fisicoquímicamente en relación a su diámetro, morfología y biodegradabilidad. Adicionalmente, se evaluaron sus propiedades mecánicas y de biocompatibilidad, las cuales demostraron ser apropiadas para alcanzar la proliferación celular y promover la regeneración dérmica en ensayos preclínicos para el tratamiento de heridas en ratas diabéticas.

Beca doctoral n° 21160515 (ANID) Proyecto FONDECYT 1151174 (ANID) Proyecto Anillo de Investigación en Ciencia y Tecnología GAMBio N° ACT172128 (ANID)



Caracterización genómica y funcional de bacterias hidrocarbonoclásticas y sus aplicaciones para la biorremediación ambiental y urbana.

Michael Seeger Pfeiffer¹, Bárbara Barra-Sanhueza¹, Roberto E. Durán¹, Laura Rodríguez-Castro¹, Constanza C. Macaya¹, Flavia Dorochesi¹, Pablo Alviz-Gazitua¹, Guillermo Bravo¹, Patricio Santis-Cortés¹, Felipe Salazar-Tapia¹, Vanessa Ayala-Espinoza¹, Lisette Hernández¹, Ximena Báez-Matus¹, Myriam González¹, Valentina Méndez¹, Roberto Orellana^{1,2}

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Centro de Biotecnología, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Playa Ancha, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Avenida Leopoldo Carvallo 270, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

Para el desarrollo sustentable de Chile se requiere implementar una nueva normativa de calidad de suelo y establecer nuevas tecnologías para la recuperación de suelos y aguas contaminadas. Es necesaria una nueva legislación respecto de los suelos del país, que también debe considerar metodologías estandarizadas para el análisis robusto de calidad de suelos y su uso, su caracterización y línea de base. La biorremediación es un tratamiento de descontaminación alternativo a tratamientos fisicoquímicos de remediación, siendo un proceso eficaz, de bajo costo, y respetuoso con el medio ambiente y el cambio climático. La aplicación de esta biotecnología es frecuente en numerosos países OCDE, aunque aún escasa en Chile. Los objetivos de este estudio fueron, la caracterización genómica y funcional de las redes bioquímicas de bacterias hidrocarbonoclásticas y su aplicación en procesos de biorremediación. Se caracterizaron las redes metabólicas y fisiológicas de bacterias (e.g., Paraburkholderia, Cupriavidus, Alcaligenes) para responder a la presencia de hidrocarburos y metales pesados. Se ilustrarán estudios de bioestimulación, con nutrientes y biosurfactantes, y de bioaumentación de hidrocarburos, utilizando cepas de Pseudomonas, Acinetobacter y Rhodococcus en suelo, y cepas de Alcaligenes y Dietzia en agua de mar. Se caracterizó la dinámica de las comunidades microbianas durante la biorremediación mediante metagenómica. Las Proteobacterias y las Actinobacterias jugaron roles importantes en diferentes etapas de la biorremediación de suelo y agua. La caracterización de bacterias y comunidades microbianas fueron fundamentales para establecer nuevos procesos de biorremediación ambiental y urbana, que contribuyen a avanzar hacia un desarrollo sustentable.

Becas ANID, USM y Anillo GAMBIO; proyectos ANID PIA Anillo GAMBIO ACT172128, FONDECYT 1200756, Inmobiliaria Las Salinas y USM.



COMUNICACIONES LIBRES



COMUNICACIONES LIBRES I FILOGEOGRAFÍA

Patrones filogeográficos y genético flujo en la mosca del Mediterráneo *Ceratitis capitata* mediante RAD-seq.

María Belén Arias¹, Katherine Hartle-Mougiou^{1,4}, Sergi Taboada^{1,3,4}, Ana Riesgo^{1,2}, Alfried P. Vogler^{1,3,5}, Samia Elfekih^{6,7}

(1) Natural History Museum,, 1Department of Life Sciences, London, UK

(2) , Museo Nacional de Ciencias Naturales,, 2Department of Biodiversity and Evolutionary Biology, Madrid, Spain.

(3) , Universidad Autónoma de Madrid,, 3Department of Biology (Zoology), Madrid, Spain

(4) Universidad de Alcalá,, 4Departamento de Ciencias de la Vida,, EU-US Marine Biodiversity Group,, Alcalá de Henares, Spain

(5) Imperial College London,, 5Department of Life Sciences,, Silwood Park Campus, Ascot, UK

(6) Australian Centre for Disease Preparedness (ACDP),, 6CSIRO, Vic, Australia

(7) The University of Melbourne,, 7Bio21 Institute,, Vic, Australia

Las moscas de la fruta (Diptera: Tephritidae) plagas agrícolas en todo el mundo. La mosca del Mediterráneo, *Ceratitis capitata*, conocida como mosca med, tiene importancia agrícola por tener más de 200 plantas hospederas y debido a su distribución cosmopolita, que se encuentra atractivo en un modelo para estudiar la evolución adaptativa entre las poblaciones distribuidas globalmente. En este estudio utilizamos RAD-seq (sitio de restricción asociado a la secuencia de ADN) en poblaciones de *C. capitata* colectadas en Sudáfrica, España, Grecia, Guatemala, Brasil y Australia. Se identificó un total de 1907 snps neutrales en 92 individuos para determinar el flujo genético, explorar la estructura poblacional y filogeografía. Nuestros resultados revelaron una disminución gradual de la diversidad genética vinculada a la dispersión geográfica de las poblaciones de mosca med desde Sudáfrica (área nativa) al resto del mundo (área introducida) coincidente con estudios previos. Los métodos de asignación identificaron tres grupos genéticos correspondientes a: Sudáfrica, Brasil y el resto de poblaciones. La población de Brasil (área introducida) destaca por la asignación de los individuos colectivos a un grupo genético, esta especificación fue corroborado por la investigación del microbioma (16S amplicón))) lo que consideramos como nueva evidencia de proceso de colonización de esta especie en América Latina. Los alelos individuales que contribuyen a la estructura poblacional fueron estudiados, destacando proteínas a procesos celulares y musculares. Nuestros resultados contribuyen a una mejor comprensión de los mecanismos evolutivos que se su exposición a las invasiones de mosca med.

Financiación Becas Chile Postdoctoral en el extranjero. El Consejo de Investigación del Medio Natural (NERC) otorga NE/J014389/1.H2020 Programa Marco de la UE para el Proyecto de Investigación e Innovación SponGES (Ecosistemas de Esponjas profundas del Atlántico Norte: un enfoque integrado hacia su preservación y explotación sostenible) (Acuerdo de Subvención no 679849).



Distribución y diversidad intraespecífica de líquenes *Peltigera* del sur de Chile.

Karla Veas¹, Katerin Almendras¹, Matias Pezoa¹, Yosbany Perez¹, Constanza Soto¹, Diego Leiva¹, Margarita Carú¹, Julieta Orlando¹

(1) Universidad de Chile., Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

Los líquenes del género *Peltigera* son muy abundantes en ciertos ambientes del sur de Chile. Este género incluye más de 90 especies reconocidas, las cuales presentan distribuciones que abarcan desde representantes cosmopolitas hasta especies endémicas del sur de Sudamérica. Muchas de estas especies son consideradas crípticas y solo se han podido identificar utilizando herramientas moleculares. En este trabajo estudiamos la diversidad genética de 496 líquenes del género *Peltigera* de las regiones de Aysén y de Magallanes. Utilizando el marcador LSU, detectamos 25 haplotipos pertenecientes a 8 clados monofiléticos dentro de este género. Además, para un subconjunto de muestras de la región de Aysén secuenciamos el marcador ITS, encontrando 46 haplotipos [46H] pertenecientes a 7 especies (6 de la sección *Peltigera* y 1 de la sección *Polidactylon*). Con la información de ambos marcadores, construimos redes de haplotipos para estudiar la distribución geográfica y preferencia de hábitat (bosque o pradera). Al analizar el marcador LSU, solo los clados *P. rufescens* y *P. canina* se encontraron presentes en todos los sitios; mientras que para el marcador ITS, 3 especies se encontraron solo en praderas (*P. antarctica* [12H], *P. rufescens* [2H] y *Peltigera* sp. [7H]), 3 especies se encontraron predominantemente en bosques (*P. frigida* [7H], *P. aubertii* [3H] y *P. fuscopraetextata* [11H]), y 1 especie estuvo presente solo en bosque (*P. truculenta* [4H]). Los patrones de distribución de las diferentes especies son característicos y coinciden con lo reportado previamente, siendo las poblaciones de *P. antarctica* y *P. fuscopraetextata* las que presentaron mayor diversidad intraespecífica.

FONDECYT 1181510



Desde Antártica: Genómica de poblaciones sugiere diversificación reciente de la familia de peces nototénidos Harpagiferidae a lo largo del Océano Austral.

Nicolás Segovia^{1,2}, Javier Naretto⁶, Claudio Gonzalez-Wevar^{1,4}, Valentina Bernal-Duran³, Thomas Saucède⁷, Karin Gerard⁵, Elie Poulin^{1,3}

(1) Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

(3) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(4) Universidad Austral de Chile, Facultad de Ciencias, Avenida Rector Eduardo Morales 23, Valdivia, Chile

(5) Universidad de Magallanes, Instituto de la Patagonia, Av. Bulnes 1890, Punta Arenas, Chile

(6) Costa Humbolt

(7) Université Bourgogne Franche-Comté, Sciences de la Vie, de la Terre et de l'Environnement, Dijon, Francia

Los peces nototenidos dominan Antártica en diversidad, abundancia y biomasa desde la extinción local de gran parte de la ictiofauna durante el Eoceno. De estos, la familia monogenérica Harpagiferidae representa un modelo biogeográfico interesante; Según la taxonomía actual, este género incluye una sola especie antártica, *Harpagifer antarcticus*, restringida al oeste de la Península Antártica, y varias especies subantárticas someras geográficamente asignadas al sur de Sudamérica, Falkland/Malvinas, Georgias del Sur, Marion, Crozet, Islas Kerguelen y Macquarie. Interesantemente, el género *Harpagifer* presenta divergencia pleistocénica (1.7, 0.8Ma) entre Sudamérica y la Antártica, siendo esta más reciente que las registradas en invertebrados marinos bentónicos, macroalgas e incluso otros peces de nototénidos. Estos resultados sugieren que la separación de los linajes antártico y subantártico podría estar relacionada con eventos recientes de dispersión. Se analizaron > 5,000 GBS-SNP y secuencias COI obtenidas de 260 individuos de siete especies de *Harpagifer* en el Océano Austral. Nuestros resultados sugieren la presencia de tres grupos genéticos: Antártica (Antártica, Georgia del Sur, Isla Signy), Sudamérica (Patagonia, Falkland / Islas Malvinas) e Islas subantárticas (Kerguelen, Marion). Los niveles de distancia genética entre los grupos fueron sorprendentemente bajos y no fue posible identificar unidades evolutivas significativas. Los patrones de estructura genética aquí registrados parecen estar más asociados a procesos microevolutivos (i.e, adaptación local) que a divergencias históricas. Asumiendo el origen antártico de *Harpagifer*, nuestros resultados sugieren que la dispersión a larga distancia y posterior adaptación local jugó un papel importante en la reciente biogeografía cuaternaria de *Harpagifer* desde la Antártica hasta sub-Antártica.

Proyecto de postdoctorado FONDECYT 3190482, PIA ANILLO ACT172065



Explorando la filogeografía de taxones bacterianos marinos: hacia una biogeografía integrada en el Océano Austral.

Guillaume Pierre Julien Schwob^{1,5}, Nicolás I. Segovia^{4,5}, Léa Cabrol^{3,5}, Claudio González-Wevar^{2,5}, Julieta Orlando¹, Elie Poulin^{1,5}

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

(3) Aix Marseille University, Marseille, France

(4) Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile

(5) Instituto Ecología y Biodiversidad, Santiago, Chile

La filogeografía tradicionalmente correlaciona las relaciones genéticas entre los individuos de una especie de macroorganismos con su distribución espacial. Hasta la fecha, la mayoría de los estudios filogeográficos de microorganismos se han restringido a regiones geográficas estrechas, centrándose en cepas aisladas, ya sea obtenidas por cultivo o por enriquecimiento natural. Para abordar estas limitaciones, presentamos una nueva metodología para desentrañar los patrones filogeográficos de bacterias, combinando (i) un muestreo de la comunidad mediante metabarcoding del 16S, (ii) la resolución intraespecífica obtenida mediante el método de oligotyping implementado en el pipeline MED, y (iii) análisis filogeográficos como los desarrollados tradicionalmente para macroorganismos. Como prueba de concepto, aplicamos esta metodología al género bacteriano *Spirochaeta*, reportado clásicamente como un endosimbionte intestinal de varios invertebrados del Océano Austral (OA). Para ello, centramos nuestro muestreo en tres provincias biogeográficas: Antártica Marítima (Isla Rey Jorge), Islas Subantárticas (Archipiélago Kerguelen) y Provincia de Magallanes (Patagonia Atlántica). Revelamos una microdiversidad sustancial dentro de cada subgrupo de *Spirochaeta*, ilustrado por distintos haplotipos restringidos principalmente a una sola provincia. Los haplotipos se caracterizan por una divergencia genética significativa y una fuerte estructura filogeográfica entre las tres provincias. Los flujos genéticos entre las poblaciones apoyan el papel del Frente Polar Antártico como barrera de dispersión de bacterias y la conectividad entre las provincias Subantártica y de Magallanes mediada por la Corriente Circumpolar Antártica. En general, nuestro enfoque representa un primer intento de cerrar la brecha entre la ecología de micro y macroorganismos al unificar la forma de estudiar los patrones biogeográficos.

Financiamiento: Proyecto Anillo ACT172065, Proyecto Fondecyt 3200036



COMUNICACIONES LIBRES II CONSERVACIÓN

Effectiveness of livestock guarding dogs: variation in the trophic niche of culpeo foxes (*Lycalopex culpaeus*). (Efectividad de perros guardianes de ganado: variación en el nicho trófico de zorros culpeo (*Lycalopex culpaeus*)).

Rocío Contreras Abarca¹, Diego A. Peñaranda^{1,2}, Javier A. Simonetti^{1,2}

(1) Laboratorio de Conservación Biológica, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile

(2) Asociación Kauyeken, Isla Riesco & Santiago, Chile

Los perros guardianes de ganado (PGG) son un método no-letal de manejo de carnívoros nativos para reducir las pérdidas de ganado causadas por depredación. Al proteger al ganado, los PGG reducirían su disponibilidad como presas, por lo tanto, la frecuencia de ocurrencia de ganado en la dieta de carnívoros en presencia de PGG debería ser menor y la ocurrencia de presas nativas debería ser mayor que en ausencia de PGG, aumentando a su vez la amplitud del nicho trófico de zorros en comparación a su nicho en ausencia de PGG. Contrastamos empíricamente estas predicciones analizando la dieta de zorro culpeo (*Lycalopex culpaeus*) en estancias ganaderas de Isla Riesco, Región de Magallanes. A partir de fecas colectadas en una estancia ganadera con y otra sin PGG, estimamos la frecuencia de ocurrencia de ganado y presas nativas, y la amplitud y sobreposición de nicho trófico. La frecuencia de ovejas en la dieta es menor en presencia de PGG, aunque no significativamente, debido a baja potencia estadística. En presencia de PGG, el nicho trófico de zorros es significativamente más amplio que en ausencia de PGG no obstante presentan alta similitud ($\alpha=0.747$). Aunque carece de significancia estadística, la tendencia indica que los PGG disminuirían la depredación de ganado, validando su empleo como un método efectivo para resolver el conflicto carnívoros-ganadería.

Programa “Ganadería Sustentable”, Asociación Kauyeken. Beca ANID 22200363 Rocío Contreras. Beca ANID 63140263 Diego A. Peñaranda.



Protegiendo las especies en movimiento debido al cambio climático.

Javier Fajardo³, Roberto Cominetti⁴, José Verschae⁵, **Derek Corcoran Barrios**^{1,2}, Pablo Marquet¹

(1) Pontificia Universidad Católica, Ecología, Ciencias Biológicas, Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(2) University of Connecticut, Ecology and Evolutionary Biology, Biological Sciences, Storrs, CT 06269, Storrs, Estados Unidos

(3) UN Environment Programme World Conservation Monitoring Centre, 219 Huntingdon Road, Cambridge, United Kindom

(4) Universidad Adolfo Ibañez, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Diagonal Las Torres 2700, Peñalolén, Santiago, Chile

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Instituto de Ingeniería Matemática y Computacional, Edificio Hernán Briones, Segundo Piso, Campus San Joaquín UC. Avda. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

La priorización de áreas de conservación es una herramienta de gran importancia para asegurar la adaptación de la biodiversidad ante el cambio climático. El gran problema es que las Áreas Protegidas (AP) son fijas en tanto que se espera que las especies se muevan en respuesta al cambio climático. El problema es cómo identificar aquellas áreas que son importantes para la conservación de las especies en movimiento. Desafortunadamente, la planificación sistemática de la conservación, a menudo no considera el cambio climático, o cuando lo hace, rara vez toma en cuenta la necesidad de preservar áreas o corredores necesarios para que las especies puedan llegar desde donde está la distribución actual hasta su distribución futura. En este trabajo presentamos una metodología basada en el análisis de flujos en redes, con una función de costo cuadrático lo que permite obtener una gama mayor de soluciones alternativas para asegurar el movimiento de múltiples especies simultáneamente. Como ejemplo, analizamos el movimiento y conservación de especies en el norte de los Andes y en Sudáfrica. Estos ejemplos nos permiten demostrar cómo esta herramienta de planificación sistemática permite conservar en forma óptima y sustentable la biodiversidad aumentando así la resiliencia de los sistemas de áreas protegidas.

IEB AFB170008



Forzamientos de alta y baja latitud como causantes de la precipitación en el Desierto de Atacama en los últimos 16.000 años.

Claudio Latorre^{1,2}, Maisa Rojas³, John Houston⁴, M. Ignacia Rocuant¹, Antonio Maldonado⁵, Calogero Santoro⁶, Jay Quade⁷, **Francisco Javier González Pinilla**^{1,2}, Julio Betancourt⁸

(1) Centro UC Desierto de Atacama & Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

(2) Institute of Ecology and Biodiversity (IEB), Santiago, Chile.

(3) Center for Climate and Resilience Research (CR)2 & Departamento de Geofísica, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(4) Rocklea, Dorchester, DT2 9EN, United Kingdom

(5) Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), La Serena, Chile

(6) Instituto de Alta Investigación (IAI), Universidad de Tarapacá, Arica, Chile

(7) Department of Geosciences, The University of Arizona, Tucson AZ, USA

(8) Science and Decisions Center, U.S. Geological Survey, Reston, VA, USA

Múltiples eventos pluviales han ocurrido en las zonas altas del Desierto de Atacama durante el Cuaternario tardío (últimos 150 ka, o mil años calibrados 14C antes de 1950). Tanto teleconexiones atmosféricas entre el Atlántico norte y Antártica (altas latitudes) como en el Pacífico tropical (baja latitud) podrían explicar estos eventos. Sin embargo, existe poca claridad respecto de la cronología y la extensión geográfica de estos eventos. En este trabajo presentamos una reconstrucción de la duración y magnitud de las precipitaciones para los últimos 16 ka utilizando paleomadrigueros de la rata chinchilla gris (*Abrocoma cinerea*) colectadas en el Desierto de Atacama central (22-24° S). Una función de calibración moderna permite derivar la precipitación media anual a partir del tamaño de fecas de *A. cinerea*, la que posteriormente aplicamos a 68 paleomadrigueros fechadas entre 16 – 0.2 ka. Nuestros resultados indican múltiples episodios secos y húmedos que, al comparar con otros registros paleoclimáticos y simulaciones transientes, indican diferentes modos de forzamiento climático. Los eventos pluviales entre 15.9 – 14.8, 13.0 – 8.6, y 8.1 – 7.6 ka ocurrieron durante deshielos masivos del Atlántico norte (Heinrich Stadial 1, Younger Dryas, o Eventos Bond). Los eventos más recientes entre 5.0 – 4.6, 3.2 – 2.1, y 1.4 – 0.7 sugieren un forzamiento asociado a variabilidad en regímenes de ENSO. Estos resultados permiten restringir futuros escenarios de variabilidad hidroclimática en los Andes centrales, además de ofrecer una nueva herramienta para reconstrucción paleoclimática en ecosistemas áridos.

FONDECYT (proyectos 1191568, 1201786, 1171773), Núcleo Milenio de Paleoclima NCN17_079, y CONICYT CCTE AFB170008 (IEB).



Less inversion in anti-herbivore physical defenses may explain the invasive success of *Ulex europaeus* in Chile (Una menor inversión en defensas físicas frente a herbívoros podría explicar el éxito invasor de *Ulex europaeus* en Chile).

Silvia Medina Villar¹, Beatriz R. Vázquez de Aldana², Asier Herrero Méndez³, M. Esther Pérez Corona⁴, Ernesto Gianoli¹

(1) Universidad de La Serena, Biología, Ciencias, Avda. Raúl Bitrán Nachary 1305, La Serena, Chile

(2) Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca (IRNASA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Calle Cordel de Merinas, 40, Salamanca, España

(3) Universidad del País Vasco, Grupo de Investigación Fisioclima CO2, Farmacia, Paseo de la Universidad, 7,, Vitoria-Gasteiz, España

(4) Universidad Complutense de Madrid, Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución (UD Ecología), Ciencias Biológicas., Calle Jose Antonio Novais, 12, Madrid, España

Ulex europaeus L. (Fabaceae) es un arbusto espinoso nativo del oeste de Europa, catalogado como una de las especies invasoras más dañinas a nivel mundial. La ausencia de herbívoros ungulados salvajes y una menor presión de herbivoría por ungulados domésticos en áreas invadidas por *U. europaeus* en Chile podría haber disminuido su inversión en defensas físicas frente a herbívoros, favoreciendo así su éxito en la invasión de acuerdo con la hipótesis de liberación de enemigos naturales. Nuestro objetivo fue comparar: 1) rasgos de espiniscencia en plantas adultas, 2) digestibilidad, contenido en fibras y minerales (relacionados con palatabilidad, estado nutricional y desempeño) en plantas adultas, y 3) densidad de espinas en plántulas crecidas durante 6 meses en invernadero, entre el rango de distribución invadido (Chile) y el nativo (España) de *U. europaeus*. Los resultados mostraron una menor inversión en defensas físicas en el rango invadido, tanto en plantas adultas (espinas menos robustas, más fáciles de doblar y más digestibles) como en plántulas (menor densidad de espinas), apoyando la hipótesis de liberación de enemigos naturales. Además, *U. europaeus* en Chile mostró mayores contenidos de minerales (Si, Al, Fe, B, Ca) relacionados con el crecimiento, reproducción y respuesta al estrés ambiental. Nuestros resultados sugieren que la disminución en defensas físicas y la mejora del estatus nutricional en el rango invadido podrían conferir ventajas en el desempeño de *U. europaeus* y contribuir a su éxito como especie invasora.

Proyecto postdoctorado Fondecyt-Conicyt 3180289 Ayuda a grupos de investigación de la Universidad Complutense de Madrid



COMUNICACIONES LIBRES III - ECOFISIOLOGÍA

Aggregations of porcelain crabs creates low oxygen micro-environments: The sacrifice of few for the good of many (El sacrificio de unos pocos por el bien de muchos: Agregaciones de crustáceos crean microambientes con bajo oxígeno.).

Marcelo E. Lagos¹, Mauricio A. Urbina Fonerón¹

(1) Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográfica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile

La generación de microambientes hipóxicos marinos es un fenómeno que no ha sido ampliamente estudiado. Usando como modelo al crustáceo intermareal *Petrolisthes laevis* evaluamos si las densas agregaciones de especies móviles, son capaces de generar microambientes hipóxicos. En condiciones de laboratorio, se realizaron agregaciones de aproximadamente 30 individuos. Se simuló una grieta pegando un trozo de vidrio en una esquina del acuario, para que los cangrejos pudieran refugiarse. La presión parcial de oxígeno se midió en diferentes puntos de la agregación y se siguió el desplazamiento de cada individuo. También se determinó la presión mínima de oxígeno a la que esta especie es capaz de mantener la respiración aeróbica (PCrit). Los resultados indican que existe un gradiente de oxígeno dentro de la agregación de crustáceos, que llega a una hipoxia severa en la zona interna de la agregación. El PCrit de *P. laevis* se encontró a los ~15 mmHg, lo que indica que ~20% de la agregación vive a valores de oxígeno que representan un estrés fisiológico (por debajo del PCrit). Los movimientos dentro de la agregación variaron según la zona (centro vs perímetro). En el centro de la agregación, los movimientos fueron muy limitados, con menos del 10% de los cangrejos moviéndose distancias mayores que la longitud de su cuerpo, versus el 60% de los cangrejos del perímetro. Vivir en grupos es una estrategia conductual ventajosa frente varios factores sin embargo, puede significar estrés fisiológico a un gran porcentaje de la población de los organismos.

ML es financiado por Proyecto Fondecyt-Conicyt N° 3180013 y MAU por Fondecyt-Conicyt N° 11160019



Variación en la tasa metabólica basal y enzimas metabólicas en eritrocitos de Cinclodes: un método simple para estudiar la energética de aves en terreno.

Lucas Navarrete Parra^{1,2}, Pablo Sabat Kirkwood^{1,2}, Isaac Peña-Villalobos^{1,5}, Felipe Alvarez^{1,2}, Felipe Alvarez⁵, Roberto Nespolo³, Karin Maldonado⁴, Karin Maldonado⁵, Pablo Sabat Kirkwood

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Center of Applied Ecology and Sustainability, Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Avda. Rector Eduardo Morales, Valdivia, Chile

(4) Universidad Adolfo Ibáñez, Departamento de Ciencias, Facultad de Artes Liberales, Diagonal Las Torres 2640, Peñalolen, Santiago, Chile

(5) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Laboratorio de Células troncales y Biología del Desarrollo, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

Comprender los mecanismos fisiológicos involucrados en la mantención del balance hídrico es crucial dentro del actual escenario de disminución en las precipitaciones e incremento en la frecuencia de olas de calor. Recientemente, hemos demostrado de manera experimental, que el aumento de la temperatura, el consumo de sal y la restricción en la disponibilidad hídrica, provoca en aves passeriformes un incremento en las tasas metabólicas y en la actividad de enzimas metabólicas presentes en diversos tejidos (citrato sintasa, CS y citocromo c oxidasa, COX). En el presente estudio, evaluamos en terreno, el potencial efecto del consumo de agua de mar y de presas marinas sobre i) la tasa metabólica basal (TMB) y ii) la actividad de CS y COX presentes en los eritrocitos de *Cinclodes oustaleti* y *Cinclodes nigrofumosus* en la costa centro-norte de Chile. Luego de remover el efecto de la masa corporal, se encontró una asociación positiva y significativa entre TMB y COX. Se sugiere que este aumento en el metabolismo tendría consecuencias sobre la producción de agua metabólica y sería una consecuencia de la existencia de costos de osmorregular en un ambiente salino. Por último, se propone que la evaluación de la actividad enzimática en eritrocitos podría constituir un método útil y mínimamente invasivo para el estudio comparativo de la energética de aves en terreno.

FONDECYT 1200386; ANID PIA/BASAL FB0002.



As a Déjà vu: Prenatal food restriction in *Mus musculus* modifies the management of nutritional resources in the event of caloric reduction in adulthood. (Como un Déjà vu: La restricción de alimento prenatal en *Mus musculus* modifica la gestión de recursos nutricionales ante eventos de reducción calórica en la adultez.).

Isaac Jonathan Peña Villalobos^{1,2}, Pablo Sabat^{2,3}, Fabiola Otarola¹, Verónica Palma¹

(1) Universidad de Chile, Biología, Ciencias, Las Encinas 3370, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Ecología, Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica, Centro de Ecología Aplicada y Sustentabilidad –CAPES, Santiago, Chile

La Hipótesis de respuesta predictiva adaptativa (HPA), plantea que los organismos son capaces de programar su metabolismo permitiendo afrontar favorablemente condiciones futuras adversas. Para evaluar la HPA, y analizar el rol de sirt1, un gen maestro en la regulación del metabolismo, se analizó en *Mus musculus* (BALB/c) el efecto de la restricción calórica materna durante preñez y lactancia, sobre variables relacionadas con el uso y adquisición de energía en la progenie adulta, tanto en condiciones control y de restricción calórica. Se encontró diferencias morfológicas (intestinales) y termogénicas asociadas a alteraciones en la expresión de genes de regulación metabólica en el hígado: sirt1, ppar α y pepck. La HPA, es apoyada por los resultados obtenidos en el grupo sujeto a restricción calórica prenatal y adulta (RP-RC). Este grupo presenta intestinos de mayor tamaño, correlacionados positivamente con la expresión en hígado de sirt1, pepck y negativamente con ppar α y la variación de la masa corporal durante la restricción calórica. Además, el grupo RP-RC presentó la menor temperatura corporal ($\sim\Delta 3^{\circ}\text{C}$), siendo esta variable correlacionada negativamente con la expresión de sirt1 en hígado y los depósitos de grasa parda. Finalmente, la variación de la masa corporal materna explica el 68% de la varianza del metabolismo mitocondrial en el grupo RP-RC. En conclusión, la restricción calórica prenatal, predispone una gestión de recursos nutricionales en que se promueve el desarrollo intestinal junto con una reducción de la actividad termogénica, en tándem con cambios en la vía de señalización de sirt1 en el hígado.

Postdoctorado FONDECYT: 3180108



La dieta alta en grasa y la suplementación con omega-3 afectan el desarrollo de la corteza cerebral: Un análisis genómico funcional y morfológico.

Yasna Muñoz^{1,2,3}, Manuel Maliqueo³, Heidy Kaune², Juan F. Montiel¹

(1) Universidad Diego Portales, Laboratorio de Neurociencias Integradas, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Ejército 141, Santiago, Chile

(2) Universidad Diego Portales, Laboratorio de Reproducción, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Medicina, Ejército 141, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Laboratorio de Endocrinología y Metabolismo, Facultad de Medicina Occidente, Carlos Schachtebeck (ex Las Palmeras) 299 – Quinta Normal, Santiago, Chile

La obesidad materna y la dieta alta en grasa se relacionan con un mayor riesgo de alteraciones neurológicas en la descendencia. A su vez, se ha demostrado que la suplementación con omega-3 mejora el desarrollo cognitivo. Para analizar el efecto de una dieta obesogénica y la suplementación con omega-3 sobre el desarrollo de la corteza cerebral se analizó la expresión de redes transcripcionales proinflamatorias, neurogénicas y de neurodiferenciación y se estudió la distribución morfológica de los compartimentos que participan en el desarrollo cortical. El análisis bioinformático se ejecutó con una base transcriptómica de corteza cerebral de ratones C57BL/6J alimentados durante 5 meses a partir del destete con una dieta obesogénica suplementada con aceite de pescado. El análisis morfológico se realizó en ratones C57BL/6J expuestos intrauterinamente a una dieta alta en grasa, suplementada con omega-3 (DHA) y sus controles (dieta normal con o sin suplementación con DHA). Nuestros resultados sugieren que la suplementación con omega-3 incide en redes genómicas funcionales similares a las afectadas por obesidad. Además, predice una alteración de procesos de sinaptogénesis y migración neuronal. Consistentemente se observó una disminución de los compartimentos proliferativos corticales en grupos alimentados con dieta alta grasa y aquellos suplementados con DHA, o DHA solo, en comparación a los alimentados con dieta normal ($p < 0.05$). También se observó un aumento de la placa cortical inducido por DHA ($p < 0.05$). Es posible que ambos: dieta alta en grasa y omega-3, reduzcan la proliferación neuronal, y que la administración de omega-3 aumente la velocidad proliferativa y migratoria neuronal.

FONDECYT N°: 1181798



COMUNICACIONES LIBRES IV – ECOLOGÍA

Ecología de decápodos Grapsoidea (Crustacea) en el intermareal rocoso de Isla de Pascua.

Eliana Ibañez-Arancibia^{1,3,4}, **Patricio De los Rios-Escalante**^{1,2}, Jorge Farías-Avendaño⁵

(1) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Biológicas y Químicas, Facultad de Recursos Naturales, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(2) Universidad Católica de Temuco, Núcleo de Estudios Ambientales, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(3) Universidad de la Frontera, Programa de Doctorado en Biología Celular y Molecular Aplicada, Casilla (PO-Box) 54-D, Temuco, Chile

(4) Universidad de la Frontera, Laboratorio de Ingeniería, Biotecnología y Bioquímica Aplicada (LIBBA)., Casilla (PO-Box) 54-D, Temuco, Chile

(5) Universidad de la Frontera, Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería y Ciencias, Casilla 54-D, Temuco, Chile

La isla de Pascua es un ecosistema interesante, cuya fauna marina tiene especies de Asia-Pacífico, Sudamérica y endémicas, y los estudios se basan solo en registros de estas. Objetivo: El presente trabajo consideró una revisión de la literatura sobre ecología de cangrejos de la superfamilia Grapsoidea. Se consideró datos de conteo de individuos para determinar si los individuos tenían distribución binomial, uniforme o agregada. Se aplicó además un modelo nulo de sobreposición de nicho para determinar la presencia de competencia interespecífica. Se revisó además contenidos gástricos de peces litorales. Las observaciones en terreno mostraron la presencia principalmente de *Leptograpsus variegatus*, *Planes minutus* ambas especies coexistieron en un sitio, la primera especie tuvo distribución uniforme, mientras que la segunda tuvo distribución agregada y *Cyclograpsus longipes* se encontró en un solo sitio de manera esporádica. Estas especies no compartirían nicho ecológico, y estos serían presas de peces litorales. Los resultados son similares al litoral norte y central de Chile continental que condiciones oceanográficas similares a pesar de la diferencia de especies reportadas en el sitio estudiado y el continente. Como conclusión, se encontraron especies de Asia-Pacífico, y continentales, pero con similar rol ecológico respecto al litoral rocoso del continente.

Isla de Pascua, Grapsoidea, intermareal rocoso, comunidades.



Variación de las redes tróficas de coccinélidos afidófagos en función de la disponibilidad de presas, una evaluación a partir de análisis molecular de contenido estomacal.

Violeta Romero Gamba¹, Audrey Alejandra Grez¹, Tania Zaviezo²

(1) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad Agronomía e Ingeniería Forestal, Santiago, Chile

La estructura de las redes tróficas depredador-presa puede variar en función de la abundancia de sus presas. En alfalfa de Chile central, los coccinélidos (Coleoptera: Coccinellidae) son los principales enemigos naturales de áfidos (Hemiptera: Aphididae), cuyas poblaciones decaen drásticamente a medida que avanza la temporada y aumentan las temperaturas. En este trabajo, a partir del análisis molecular de contenido estomacal, estudiamos cómo cambia la estructura de la red trófica de los coccinélidos más abundantes en este cultivo en escenarios de abundancia y escasez de áfidos. Adicionalmente, analizamos el rol de presas alternativas, como el polen y otros insectos, esperando un aumento en su consumo ante escenarios de escasez de áfidos. La riqueza y conectividad de la red trófica fueron mayores en escenarios de abundancia de áfidos, mientras que la densidad de interacciones y la conectancia no variaron. *Harmonia axyridis* sólo estuvo presente en escenarios de abundancia de áfidos, en cambio *Hippodamia variegata* y *Eriopis chilensis* permanecieron en ambos escenarios. La especialización, tanto de la red como de los depredadores, fue baja en ambos escenarios, excepto para *H. variegata* con una alta especialización a alta abundancia de áfidos. El 50% de los coccinélidos consumieron polen. En *H. variegata*, la cantidad de polen consumido fue menor que en *E. chilensis* y *H. axyridis* en escenarios de abundancia de áfidos, aumentando e igualándose a *E. chilensis* en escenarios de escasez. Este recurso alternativo ayudaría a contrarrestar la escasez de áfidos, favoreciendo la permanencia en el cultivo de estas últimas dos especies.

FONDECYT 1180533



¿Espacio o tiempo? Depende. Importancia relativa de la distribución espacial y temporal de tres linajes de la ascidia *Pyura chilensis* en la costa Pacífica sureste.

Nicolás Segovia^{1,2}, Pilar A. Haye¹, Xavier Turón³

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

(2) Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(3) Centre for Advances Studies of Blanes (CEAB, CSIC), Cataluña, España

La heterogeneidad ambiental espacio/temporal podría afectar procesos como dispersión, reclutamiento y persistencia de poblaciones marinas bentónicas. Estudios genéticos que incluyen comparaciones interanuales de estructura genética, indican heterogeneidad temporal de alta a moderada en invertebrados marinos, lo que podría ser un patrón prevalente. Esto sugiere que los estudios temporales son necesarios para comprender la dinámica de las metapoblaciones marinas. En este estudio, analizamos la estructura genética espacio-temporal de la ascidia *Pyura chilensis*, una especie bentónica marina sésil, endémica de la costa del Pacífico Sureste y muy demandada para consumo humano. Se secuenció un fragmento del gen COI de 1.004 individuos de seis sitios en la Corriente de Humboldt (24° a 42°S) colectados durante cinco años (2012, 2014, 2015, 2016, 2017). La estructura genética espacial indicó la presencia de tres linajes monofiléticos previamente descritos en la especie, siendo uno de ellos altamente divergente y geográficamente restringido (~39°S, Los Molinos). *P. chilensis* muestra estructura genética espacial significativa en un contexto de estabilidad temporal. Sin embargo, los dos linajes principales, revelaron diferencias en el grado de variación espacio-temporal. El haplogrupo 1, la estructura genética se explica principalmente por diferencias entre sitios, mientras que para el haplogrupo 2 prevalecen diferencias entre años. Estos resultados sugieren patrones de diferenciación genética específicos para cada linaje, sugiriendo diferencias en los alcances adaptativos o variaciones en características reproductivas y de dispersión. Este trabajo realza la importancia de ser conservador al sugerir tendencias generales en especies diferenciadas en linajes, enfatizando en los análisis individuales de entidades subespecíficas.

Proyecto FONDECYT 1140862, Proyecto FONDECYT de Postdoctorado 3190482



Primer reporte de variaciones temporales de riqueza de especies de crustáceos en lagunas estacionales costeras del norte de la Patagonia.

Patricio De los Rios-Escalante^{1,2}, Francisco Encina^{2,3}, Eriko Carreño⁴, Francisco Correa-Araneda⁵, Carlos Esse⁵

(1) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Biológicas y Químicas,, Facultad de Recursos Naturales, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(2) Universidad Católica de Temuco, Núcleo de Estudios Ambientales UC Temuco, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(3) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Ambientales, Facultad de Recursos Naturales, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(4) Universidad Católica de Temuco, Facultad Técnica, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(5) Universidad Autónoma de Chile, Unidad de Cambio Climático y Medio Ambiente (UCCMA), Instituto de Estudios del Hábitat (IEH), Facultad de Arquitectura y Construcción, Avenida Alemania 01090, Temuco, Chile

Las lagunas temporales son interesantes por su alta diversidad de especies y los procesos de colonización y extinción a escalas temporales. El objetivo del presente estudio fue una comparación de un grupo de lagunas superficiales del norte de la Patagonia en agosto y septiembre de 2018. Los resultados mostraron marcadas diferencias en los sitios estudiados en conductividad y concentración de clorofila. La especie dominante fue el copépodo *Boeckella gracilis* y se observó también el anostraco *Branchinecta rocaensis*, esta especie se observó en baja conductividad y oligotrofia. Las comunidades se estudiaron usando modelos nulos de co-ocurrencia de especies que mostraron la ausencia de patrones estructurados en las asociaciones de especies, y se estudió la sobreposición de nicho, que encontró que las especies encontradas comparten nicho ecológico. Los resultados concuerdan con observaciones para lagunas temporales del sur de la Patagonia.

Proyecto MECESUP UCT 0804



COMUNICACIONES LIBRES V- GENÉTICA

MicroRNAs circulantes constituyen potenciales marcadores no-invasivos de respuesta al tratamiento con atorvastatina en pacientes chilenos con hipercolesterolemia.

Carmen Gloria Ubilla¹, Isis Paez¹, Yalena Prado¹, Jeremy Angulo¹, Ignacio Obreque¹, Kathleen Saavedra¹, Nicolás Saavedra¹, **Luis A. Salazar¹**, Fernando Lanas¹

(1) Universidad de La Frontera, Ciencias Básicas, Medicina, Av. Francisco Salazar 01145, Temuco, Temuco, Chile

Se ha demostrado que los niveles circulantes de microRNAs (miRNAs) están asociados con varias patologías; por lo tanto, la expresión diferencial de miRNAs presenta un importante potencial para fines de detección y diagnóstico. En este trabajo, se evaluó el efecto del fármaco hipolipemiente atorvastatina sobre la expresión de miRNAs circulantes en pacientes con hipercolesterolemia y controles. Diez microRNAs (miRNA-17-5p, miRNA-30c-5p, miRNA-24-3p, miRNA-33a-5p, miRNA-33b-5p, miRNA-29a-3p, miRNA-29b-3p, miRNA-454-3p, miRNA-590-3p y miRNA-27a-3p) se evaluaron en 20 pacientes hipercolesterolémicos (HC) después de 1 mes de tratamiento con atorvastatina (20 mg/día). También evaluamos estos miRNAs en un grupo de 20 sujetos sanos con un perfil lipídico normal (NL). Se emplearon diversas herramientas bioinformáticas (miRBase, miRTargetLink Human, GeneCards y Pharmaco miR) para seleccionar miRNAs asociados al metabolismo del colesterol y genes de respuesta de estatinas. La expresión de los miRNAs fue determinada por RT-qPCR, utilizando ensayos TaqMan. Los niveles plasmáticos de miRNA-30c-5p y miRNA-29b-3p se sobreexpresaron en pacientes hipercolesterolémicos ($p=0.0001$ para ambos). Además, el tratamiento con atorvastatina sobreexpresó miRNA-33b-5p, miRNA-24-3p y miRNA-590. Entre ellos, se observó el efecto más significativo para miRNA-33b-5p, con una elevación de 37 veces una vez completado el tratamiento. En conclusión, nuestros resultados sugieren que miRNA-30c-5p y miRNA-29b-3p están asociados al fenotipo de hipercolesterolemia, y que el tratamiento con atorvastatina induce la sobreexpresión de los miRNA-33b-5p, miRNA-24-3p y miRNA-590.

FONDECYT N° 1171765 & DIUFRO DI19-2018



Heredabilidad del rendimiento en ambientes de riego y seco como un parámetro orientativo en la estrategia de selección de genotipos de papa con potencial de adaptación al cambio climático.

Marco Antonio Uribe Gallegos¹, **Manuel Andrés Muñoz¹**, Ingrid Martínez González¹

(1) Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Centro Regional de Investigación Remehue, Fitomejoramiento de papa, Ruta 5 Sur, Km 8 Norte, Osorno, Osorno, Chile

La proporción genética de la variabilidad fenotípica total se denomina heredabilidad. En este trabajo se analiza la heredabilidad del rendimiento en ensayos de líneas avanzadas de papa llevados a cabo durante 7 temporadas en la Provincia de Osorno, en condiciones de riego y seco, con el objetivo de seleccionar genotipos con potencial de adaptación a los desafíos del cambio climático. Los ensayos fueron establecidos entre octubre y marzo desde la temporada 2012-2013 hasta la 2019-2020. Los ensayos se realizaron en un diseño en bloques completos aleatorizados con 30 genotipos, dos tratamientos (con y sin riego) y tres repeticiones. Se estimó la heredabilidad en sentido amplio del rendimiento (ton/ha) a partir de los componentes de varianza calculados en cada temporada, tanto para riego como para seco. Las estimaciones de heredabilidad fluctuaron entre 0,68 y 0,83 para ambientes de riego y entre 0,36 y 0,87 para ambientes de seco. Los valores menores de heredabilidad se presentaron en el seco en los años de menor precipitación acumulada en el período de cultivo (169 - 171 mm). En ambientes estresantes hay una menor proporción de elementos genéticos que explican la variabilidad en el rendimiento y, por lo tanto, se pone en riesgo la selección de genotipos de forma efectiva. Estos resultados indican la conveniencia de usar índices de tolerancia a sequía que integren los rendimientos obtenidos en seco y en ambientes de riego en cada línea experimental evaluada en un programa de mejora de papa.

Fitomejoramiento de papa. Subsecretaría de Agricultura. 500057-70. Proyecto integrado sobre riesgo climático y su prevención en el sector silvoagropecuario. Subsecretaría de Agricultura 501364-70 Evaluación y selección de genotipos de cultivos potencialmente adaptados al estrés hídrico y nutricional para un clima cambiante del sur de Chile. Subsecretaría de Agricultura. 502783-70



Alta diversidad genética y baja estructura genética espacio-temporal de seis bancos naturales de *Mytilus chilensis* (Bivalvia: Mytilidae) ubicados entre los 39° y 43°S en la costa chilena.

Diana Elizabeth Coral Santacruz¹, Nicolás I. Segovia^{1,2}, Pilar A. Haye¹

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Coquimbo, Chile

(2) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB, Santiago, Chile

Mytilus chilensis es una especie endémica chilena con un amplio periodo larval pelágico (entre 20 y 39 días) y una fase adulta sésil. La especie representa un importante recurso y la alta sobreexplotación de los bancos naturales provocó una importante disminución de las mismas gatillando la explotación desde cultivos a partir de 1975, los cuales dependen de los bancos naturales persistentes para la captación de juveniles (99%), los que están entre los 39° y 42°S. En este estudio se evaluó la estructura genética espacial y temporal de bancos naturales persistentes de *M. chilensis* entre los 39° y 43°S. Para la evaluación espacial se obtuvieron 1.437 SNPs neutrales (SNPs-GBS) de seis bancos naturales, además, para evaluar la variación espacio-temporal (2014-2015) se usaron 692 secuencias haplotipizadas del gen HSP70. La estructura genética espacial revelada con SNPs-GBS indica muy baja diferenciación genética entre bancos naturales y ausencia de agrupamientos genéticos. A nivel temporal, los haplotipos del gen HSP70 también mostraron baja diferenciación genética y ausencia de agrupamientos genéticos entre los años analizados. El análisis de flujo genético usando secuencias del gen HSP70 consistentemente reveló que *M. chilensis* conforma una población panmítica. La baja estructura genética es consistente con el alto potencial de dispersión larval y podría estar facilitada por los cultivos. Se detectó diferenciación genética significativa, aunque baja, en dos de los seis bancos naturales entre 2014 y 2015. Esta variación temporal podría deberse a una alta varianza reproductiva y cambios en los cohortes larvales entre años, causada posiblemente por cambios ambientales.

FONDECYT 11408682 & Beca DGP-UCN.



Sre1 is a conserved regulator of the sterol biosynthesis of *Xanthophyllomyces dendrorhous*. (Sre1 es un regulador conservado de la biosíntesis de esteroides de *Xanthophyllomyces dendrorhous*.)

Melissa Gómez Ríos¹, Sebastián Campusano¹, María Soledad Gutiérrez¹, Dionisia Sepúlveda¹, Salvador Barahona¹, Marcelo Baeza¹, Víctor Cifuentes¹, Jennifer Alcaíno¹

(1) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias, Departamento de Ciencias Ecológicas, Santiago, Chile

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura productora de carotenoides, principalmente de astaxantina, la cual tiene interés comercial debido a sus propiedades antioxidantes y colorantes. La levadura *X. dendrorhous* tiene una ruta funcional Sterol Regulatory Element-Binding Protein (SREBP), que incluye al factor de transcripción Sre1 y a la proteasa Stp1, involucrada en la activación de Sre1. El contexto genético de una mutante de la síntesis de ergosterol de *X. dendrorhous* favorece la activación de Sre1. Para identificar a los genes blanco de Sre1 se realizó un análisis comparativo de datos transcriptómicos y ChIP-exo entre la cepa silvestre y la mutante de la síntesis de ergosterol de *X. dendrorhous*. Se detectaron motivos SRE en las regiones promotoras de los genes blanco de Sre1 y fueron consistentes con los SRE descritos en otras levaduras. Sre1 regula directamente a genes relacionados con la biosíntesis de ergosterol, lo cual es esperable para un regulador de la síntesis de esteroides. Sin embargo, también se detectaron genes blanco que estarían involucrados en otras rutas metabólicas, tales como la ruta de síntesis de fosfolípidos, y otras enzimas involucradas en la desactivación de compuestos tóxicos. Estos resultados demuestran que Sre1 es un regulador conservado de la síntesis de esteroides, que tendría un rol regulador adicional en *X. dendrorhous*.

FONDECYT 1160202, ANID-PFCHA/Doctorado Nacional/2017-21170613



COMUNICACIONES LIBRES VI- MICROBIOLOGÍA

Abundancia de bacterias solubilizadoras de fosfato asociadas a líquenes del género *Peltigera* creciendo en dos contextos ambientales diferentes.

Katerin Almendras¹, Karla Veas¹, Julieta Orlando¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

Los líquenes han sido redefinidos como ecosistemas complejos y autosostenibles, formados por la interacción entre un hongo, uno o dos socios fotosintéticos y un número indeterminado de otros microorganismos. De estos últimos, las bacterias son las más abundantes y se ha propuesto que aportan con diversas funciones a la simbiosis líquénica, incluida la solubilización de fósforo (P). En este trabajo se estudiaron líquenes del género *Peltigera* creciendo en un bosque y una pradera en la Reserva Nacional Coyhaique (Región de Aysén). Específicamente, se cuantificaron, mediante qPCR, genes relacionados a la solubilización de P orgánico (phoD y phnX) e inorgánico (gcd) de bacterias asociadas a talos y sustratos, y se relacionaron con las diferentes fracciones de P presentes en los sustratos donde estos líquenes crecen. Se observó que los niveles de P biodisponible fueron similares en ambos ambientes, pero el P lábil fue mayor en bosque. Por otro lado, los solubilizadores de P orgánico fueron más abundantes que los solubilizadores de P inorgánico, tanto en bosque como en pradera, aunque no se detectaron diferencias significativas entre sus abundancias al comparar talos y sustratos. Además, se detectó mayor abundancia de phoD y phnX en pradera que en bosque y, a la vez, estos marcadores se correlacionaron negativamente con el P lábil. Estos resultados apoyan la hipótesis de que las comunidades bacterianas asociadas a los talos líquénicos contribuyen con el suministro de nutrientes y además sugieren que los líquenes podrían enriquecerse con grupos bacterianos que estén mejor adaptados al ambiente en donde crecen.

FONDECYT 1181510, CONICYTPCHA/DoctoradoNacional/2016-21160637



Evaluación de la eficacia de un biofungicida multibacteriano para el control del hongo fitopatógeno BOTRYTIS CINEREA en vides.

Felipe González Iturriaga¹, Bernardo Latorre Guzmán¹, Andrea Mahn Osses¹, **Alvaro Moya Ulloa¹**, Antonio Castillo Nara¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Biología, Química y Biología, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins nº 3363, Santiago, Chile

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno que infecta a un gran número de especies vegetales de gran importancia económica incluyendo árboles frutales, plantas ornamentales y hortalizas. Este hongo produce una enfermedad conocida como Pudrición Gris lo que genera un grave problema en pre- y postcosecha en frutillas, frambuesas, manzanas, cerezas, peras, castañas, kiwi y vides, entre otras. En el presente estudio se realizaron bioensayos de protección en bayas de uva cv. Superior, racimos de uva cv. Red Globe y en hojas de vid, para evaluar la eficacia de un trío bacteriano formulado, compuesto por bacterias de los géneros *Bacillus*, *Pseudomonas* y *Stenotrophomonas*. Tanto en los bioensayos en bayas y hojas de vid, así como en los realizados en racimos de uvas, se observó que la formulación tribacteriana fue capaz de proteger con mayor eficacia el daño causado por el hongo fitopatógeno sobre el tejido vegetal, comparado con productos comerciales actualmente utilizados para el control de *B. cinerea*, tales como Serenade de Bayer CropScience y Teldor. Los resultados son promisorios y la formulación biofungicida tribacteriana podría ser una interesante alternativa como agente de control biológico de este importante hongo fitopatógeno.

Trabajo financiado por el Proyecto FONDEF IDEA ID15I20589



Estudio bioinformático del potencial de producción de metabolitos secundarios en hongos filamentosos del género *Pseudogymnoascus*.

Vicente Oliva¹, Pablo Villanueva¹, Anaí Díaz¹, Mariana Montanares¹, Felipe Vega¹, Diego Palma¹, Renato Chávez², Inmaculada Vaca¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Av Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Estación Central, Santiago, Chile

El potencial de producción de metabolitos secundarios de múltiples géneros fúngicos procedentes de ambientes extremos es prácticamente desconocido. Este es el caso de los hongos del género *Pseudogymnoascus*, prevalentes en ambientes fríos, y del cual únicamente se han aislado e identificado siete metabolitos. Con el fin de investigar este potencial, se realizó un análisis bioinformático de los clústers de genes biosintéticos (BGCs) de metabolitos secundarios presentes en los 26 genomas del género disponibles en las bases de datos. Adicionalmente, se incluyó el genoma de la cepa antártica *Pseudogymnoascus* sp. FAE27, secuenciado por nuestro grupo de investigación. En primer lugar, empleando la herramienta antiSMASH, se identificaron 815 BGCs en los genomas analizados. Estos BGCs se agruparon en 120 familias de clústers (GCFs) mediante el uso de la herramienta BiG-SCAPE. Al comparar los BGCs identificados con los de la base de datos MiBIG se identificaron BGCs candidatos para la biosíntesis de seis de los siete metabolitos aislados del género. Por otro lado, se determinó que del total de 120 GCFs, 82 no contienen clústers similares a los registrados en la base de datos MiBIG. Finalmente, al analizar la distribución de los clústers en las especies de *Pseudogymnoascus*, se observó que existen GCFs que son comunes para todo el género mientras que otras son clado o especie específicos. En conjunto, estos resultados indican que existe un vasto potencial aún inexplorado para el aislamiento de metabolitos secundarios novedosos a partir de hongos del género *Pseudogymnoascus*.

Este trabajo fue financiado por el proyecto Fondecyt 1150894, y por las becas ANID de doctorado nacional 21181056 – 21180477.



La producción de novo de metabolitos halogenados derivados de la hidroquinona por el hongo andinopatagónico de pudrición blanca *Phylloporia boldo*.

Cristian Riquelme¹, Bernardo Candia Herrera¹, Doris Ruiz², Marco Herrera², José Becerra¹, Claudia Pérez¹, Mario Rajchenberg^{3,4,5}, Jaime Cabrera-Pardo^{4,6,7}

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Botánica, Laboratorio de Química de Productos Naturales, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Víctor Lamas 1290, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Físico Química, Facultad de Ciencias Químicas, Víctor Lamas 1290, Concepción, Chile

(3) Centro de Investigación y Extensión Forestal Andino Patagónico, C. C. 14, 9200, Esquel, Chubut, Argentina

(4) CONICET, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina

(5) Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco sede Esquel, Facultad de Ingeniería, Ruta 259, km 14,6, 9200, Esquel, Chubut, Argentina

(6) Universidad del Bío-Bío, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Avenida Collao 1202, Concepción, Chile

(7) University of Utah, Department of Chemistry, Salt Lake City, Utah, United States

Se investigó la producción de metabolitos halogenados derivados de la hidroquinona como drosofilin A, drosofilin A metil éter y cloroneb en el hongo andinopatagónico *Phylloporia boldo*. Este tipo de compuestos fueron detectados en los carpóforos y en cultivo. La cuantificación de esos compuestos fue realizada mediante cromatografía de gases-espectrometría de masas (GC-MS) a partir del medio de cultivo líquido, utilizando 4-bromoanisol como estándar interno obteniendo valores similares a los reportados en otros trabajos. Observamos que la concentración de drosofilin A, drosofilin A metil éter y cloroneb aumentó en medio de cultivo líquido suplementado con KCl. En cambio, los compuestos clorados derivados de la hidroquinona no fueron detectados en medio de cultivo líquido suplementado con KBr. En su lugar, se observaron y cuantificaron moléculas aromáticas bromadas. Consideramos estos resultados relevantes para el uso de microorganismos con capacidad halogenadora en procesos de biotransformación.

FONDECYT regular 1190652 y MEC 80190048.



SESIÓN PANELES



SESIÓN PANELES I

Genética de Microorganismos - Genética y Mejoramiento Vegetal y Animal - Genómica Biotecnología - Biología Celular - Microbiología - Neurofisiología

1. Análisis transcriptómico del gen SKN7 de *Xanthophyllomyces dendrorhous*.

Sebastián Campusano Galdames¹, Consuelo del Pilar Martínez Moya¹, Dionisia Esperanza Sepulveda Lillo^{1,2},
Marcelo Baeza^{1,2}, Jennifer Alcaíno^{1,2}, Víctor Cifuentes^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Centro de Biotecnología, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

La levadura carotenogénica *Xanthophyllomyces dendrorhous* ha sido estudiada por años por su capacidad de producir astaxantina, un pigmento de alto interés comercial. En el contexto del control genético de su producción, el complejo correpresor Cyc8-Tup1 participa de la regulación transcripcional de genes carotenogénicos y de otros genes blanco en la levadura, interactuando con diversos factores de transcripción. En otros organismos, el factor de transcripción Skn7 se une a este complejo y regula la expresión de genes relacionados a la respuesta a estrés oxidativo y osmorregulación. El objetivo de este trabajo fue caracterizar estructural y funcionalmente el gen SKN7 de *X. dendrorhous*. Mediante TBLASTN, se identificó el gen SKN7 en el genoma de la levadura, el que posee 13 exones y su producto sería una proteína de 1066 aminoácidos. A través de RNA-seq, se comparó el perfil transcripcional de una cepa mutante *skn7*⁻ con la cepa silvestre en medio YNB-glucosa y se identificaron 1102 genes diferencialmente expresados en la cepa mutante (706 sobreexpresados y 396 subexpresados, FDR p-value ≤ 0,05). Interesantemente, se observó el gen TUP1 significativamente reprimido en la cepa mutante. Mediante un análisis de enriquecimiento GO, se observó que los procesos biológicos de transporte de transmembrana, biogénesis de ribosomas, procesos metabólicos de carbohidratos y respuesta a estrés oxidativo se encuentran sobrerrepresentados en los genes diferencialmente expresados (p-value < 0,01). Nuestros resultados sugieren que Skn7 actuaría como regulador de la respuesta a estrés y activador transcripcional del gen TUP1 en *X. dendrorhous*.

FONDECYT 1180520



2. Factor de transcripción YAP6 y su papel en la regulación de la carotenogénesis en *Xanthophyllomyces dendrorhous* desde una aproximación proteómica.

Consuelo del Pilar Martínez Moya¹, Sebastián Campusano¹, Dionisia Sepúlveda^{1,2}, Jennifer Alcaíno^{1,2}, Marcelo Baeza^{1,2}, Víctor Cifuentes^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Centro de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

El factor de transcripción YAP6 en levaduras regula la respuesta al estrés osmótico y se postula cumple un rol universal en la respuesta al estrés. En este trabajo se evaluó a través de proteómica cuantitativa iTRAQ el efecto de la fuente de carbono (glucosa y maltosa) en la cepa silvestre y cepa mutante de YAP6 de *Xanthophyllomyces dendrorhous*. Esta levadura en particular produce el pigmento astaxantina en respuesta a las condiciones de estrés de su medio natural. Las proteínas identificadas se clasificaron funcionalmente con la base de datos KEGG y se determinó su abundancia diferencial (DAPs) con respecto a la cepa silvestre. En glucosa el 15% de las proteínas identificadas (217 DAPs) y el 25% en maltosa (385 DAPs) presentaron abundancia diferencial. Particularmente en la cepa mutante en medio con maltosa, se observó aumento de DAPs en rutas metabólicas como glicólisis, metabolismo de piruvato, vía de las pentosas fosfato, ciclo de Krebs y glioxilato; procesos donde se favorece de manera directa o indirecta la formación de acetil-CoA, fuente base para la síntesis de astaxantina. Reforzando lo anterior, se encontró que las enzimas de la biosíntesis de astaxantina (geranil-geranil pirofosfato sintasa, licopeno ciclasa/fitoeno sintasa y astaxantina sintasa) presentaron DAPs aumentadas en la mutante sólo en medio con maltosa. En resumen, estos resultados indican que se presenta un mayor efecto a nivel del proteoma en la mutante en medio con maltosa. Se evidencia el papel regulador de YAP6 en el proceso de carotenogénesis, el cual actuaría de forma coordinada con la represión catabólica.

Fondecyt 1180520



3. Construcción de mutantes de delección de los genes SKN7, YAP6 y ROX1 en *Xanthophyllomyces dendrorhous*. (Construction of deletion mutants of the SKN7, YAP6 and ROX1 genes in *Xanthophyllomyces dendrorhous*).

Sebastián Campusano Galdames¹, **Dionisia Sepulveda**², Jennifer Alcaíno G², Sebastián Campusano Galdames, Consuelo del Pilar Martínez Moya¹, Marcelo Baeza², Víctor Cifuentes²

(1) Universidad de Chile, Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Centro de Biotecnología, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

(3) Sin Afiliación

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura basidiomicete diploide que produce astaxantina y otros metabolitos secundarios, regulados por el complejo correpressor Cyc8-Tup1, mediante la interacción con otras proteínas como Skn7, Rox1 y Yap6. En *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito que los productos de los genes SKN7, YAP6 y ROX1 son factores de transcripción involucrados en la osmorregulación, en la tolerancia al sodio y en la represión de funciones de hipoxia respectivamente. Para estudiar su rol en el metabolismo secundario en *X. dendrorhous*, en este trabajo se identificaron, clonaron, analizaron bioinformáticamente y se mutaron los genes SKN7, YAP6 y ROX1. Para ello, se diseñó y elaboró módulos de delección y se reemplazó sus ORFs por genes de resistencia a higromicina y zeocina. En una primera etapa se obtuvieron mutantes heterocigotos de cada gen mediante transformación integrativa de la cepa silvestre diploide con los respectivos módulos de resistencia a zeocina de cada gen. Luego se lograron los mutantes homocigotos mediante un segundo evento de transformación de los heterocigotos con los módulos de resistencia a higromicina. El análisis de los mutantes mostró un crecimiento menor que la cepa silvestre en distintos tipos de medios mínimos con glucosa. Respecto a la producción de metabolitos secundarios, estos se afectaron de distinta forma; en el caso de la delección YAP6 en MM-Glu, el ergosterol aumentó el triple respecto a la cepa silvestre, mientras que los otros mutantes mostraron producción similar.

Financiamiento: Fondecyt 1180520.



4. Caracterización morfológica, molecular y productiva de cinco variedades nativas de papa para su incorporación a sistemas formales de producción.

Carolina Verónica Folch Paiva¹, **Manuel Andrés Muñoz¹**, Marco Antonio Uribe Gallegos¹

(1) Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Centro Regional de Investigación Remehue, Fitomejoramiento de Papa, Ruta 5 Sur, Km 8 Norte, Osorno, Chile

Las variedades tradicionales nativas de papa chilena (*Solanum tuberosum* grupo Chilotanum) son muy diversas en formas y colores, sin embargo, aportan con una pequeña proporción al volumen producido de este cultivo en el país, cuya oferta es dominada por variedades mejoradas de piel roja y forma ovalada. Esto se debe en parte a la escasa información existente para variedades nativas, lo que desincentiva su utilización. En este trabajo se describen características morfológicas, moleculares y productivas útiles para poner en valor este recurso genético. En la temporada 2019-2020 se estableció un experimento en la localidad de Butalcura, Provincia de Chiloé, en donde se evaluó el rendimiento y sus componentes en las variedades nativas Bruja, Cabra, Cabrita, Murta Ojuda y Michuñe Negra Ojuda, las que se compararon con 4 variedades mejoradas. En paralelo, se realizaron descripciones de caracteres morfológicos y moleculares, empleando 8 marcadores SSR en este último caso. En las variedades nativas estudiadas predominaron los tubérculos de ojos profundos con pieles azules o parcialmente rojas y las formas redondas o muy alargadas, mientras que en las mejoradas los tubérculos de ojos superficiales y formas ovaladas. Los rendimientos alcanzados por las variedades nativas estuvieron en torno a las 40 ton/ha con un mayor número de tubérculos, pero de menor peso individual que las variedades mejoradas ($p < 0,05$). Se obtuvieron patrones moleculares distintivos para cada variedad nativa analizada. Las descripciones obtenidas pueden ser utilizadas para inscribir estas variedades en el Registro de Variedades Aptas para Certificación de Semilla de Chile.

Conservación de Recursos Genéticos. Subsecretaría de Agricultura. 501453-70



5. Genómica de poblaciones del camarón nailon *Heterocarpus reedi* (Crustacea: Decapoda: Caridea) en la zona de pesca de la costa chilena.

Katherine A. G. Ramírez¹, Nicolás I. Segovia^{1,2}, Enzo Acuña^{1,3}, Pilar A. Haye¹

(1) Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

(2) Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología y Biodiversidad IEB, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(3) Núcleo Milenio de Ecología y Manejo Sustentable de Islas Oceánicas (ESMOI) Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

Heterocarpus reedi (camarón nailon) es un importante recurso de la pesquería de crustáceos demersales de Chile. Habita desde los 23°S a los 39°S entre ~100-700 m de profundidad en el Sistema de la Corriente de Humboldt. Esta especie se desplaza tanto latitudinal como batimétricamente y posee un extenso periodo larval pelágico, que le proporciona alto potencial de dispersión. En este estudio, se analizaron SNPs dispersos por el genoma obtenidos mediante GBS, de siete poblaciones de *H. reedi* desde los 26°S a los 36°S abarcando desde los 215 a los 357 m de profundidad. Se obtuvieron un total de 4.096 SNPs de 124 individuos de *H. reedi*, no identificando SNPs putativamente bajo selección divergente. Del total de SNPs, 3.308 se mantuvieron luego de remover aquellos fuera de equilibrio Hardy-Weinberg. Se detectó diferenciación genética (F_{ST}) baja pero significativa entre los sitios del norte y el sur del rango de distribución estudiado. El análisis de agrupamiento genético detectó dos grupos, pero este resultado fue mayormente visible al ordenar los sitios por profundidad y no por latitud. Interesantemente, los dos sitios muestreados a mayor profundidad mostraron baja heterocigosidad respecto al resto, por lo que la profundidad podría ser un factor estructurador importante para las poblaciones de *H. reedi*. Estos acercamientos genómicos asociados a la distribución batimétrica aportan nueva información para un manejo eficiente y adecuado de este recurso.

Proyecto UCN-IFOP 2017 “Evaluación Directa de Camarón Nailon entre la II y VIII Región, año 2017”



6. Redes de similitud para la bioprospección de antimicrobianos naturales producidos por actinobacterias marinas.

Andrés Ignacio Cumsille Montesinos¹, Matt Woolery¹, Fernando Reyes², Beatriz Cámara¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química y Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Bari 699, Valparaíso, Chile

(2) Fundación Medina, Centro de Excelencia en Investigación de Medicamentos Innovadores en Andalucía, Parque Tecnológico Ciencias de la Salud, Avenida del Conocimiento 34, 18016, Granada, España

El aumento de microorganismos resistentes, junto a la disminución en el descubrimiento de nuevos compuestos antibióticos está ocasionando un problema de salud mundial. Encontrar nuevos compuestos para hacer frente a esta crisis es crítico. La búsqueda de antimicrobianos mediante métodos clásicos ha llevado al reaislamiento de compuestos ya conocidos en vez de encontrar nuevos, por lo que es fundamental renovar los procesos de búsqueda. Este trabajo utiliza una colección de actinobacterias aisladas desde ecosistemas marinos de Chile. Utilizando ensayos antibacterianos contra cepas patógenas, técnicas analíticas para la desreplicación y genómica para el análisis de los agrupamientos de genes biosintéticos (AGBs), se seleccionó una cepa aislada desde la Bahía de Valparaíso, *Streptomyces* sp. VS4-2. Con el objetivo de analizar la naturaleza y novedad de los posibles compuestos responsables de la actividad antibacteriana, se realizó una red molecular, donde se comparan los metabolitos de esta cepa con diversas moléculas de bases de datos públicas. De forma similar, se realizó una red de AGBs, donde se comparan los AGBs con otros agrupamientos de bases de datos públicas. Se observó que la cepa VS4-2 posee actividad antibacteriana contra 3 bacterias patógenas y los compuestos que produce son potencialmente novedosos. Adicionalmente esta cepa presenta 19 AGBs, los cuales, al ser comparados con bases de datos, muestran que la mayoría posiblemente sintetizan compuestos novedosos. Este estudio muestra la biodiversidad y el potencial de los microorganismos de las costas de Chile para la búsqueda de nuevos compuestos con actividad antimicrobiana.

Proyecto Fondecyt regular 1171555, proyecto Anillo N° ACT172128, beca de doctorado ANID N° 21191625 y programa de Incentivos a la Iniciación Científica de la Dirección de Postgrado y Programas de la UTFSM



7. Bioprospección de Actinobacterias marinas de la costa chilena y nuevos conocimientos sobre el mecanismo de degradación de la queratina en *Streptomyces* sp. G11C.

María José Vargas-Straube¹, Walter O. Beys-da-Silva², Lucélia Santi², Pedro Valencia³, Fabrizio Beltrametti⁴, **Valentina Alejandra González Fuenzalida¹**, Beatriz Cámara¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química y Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Facultad de farmacia, RS 90610-000, Porto Alegre, Brasil

(3) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Ingeniería Química y Ambiental, Laboratorio de Biocatálisis y Procesamiento de Alimentos, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(4) BioC-CheM Solutions S.r.l., Gerenzano, Italia

Las actinobacterias marinas constituyen una valiosa fuente para la búsqueda de enzimas de interés industrial. Entre estas, las queratinasas son una prometedora alternativa para la valorización de residuos ricos en queratina, como las plumas, que son generadas en grandes cantidades por la industria avícola. La queratina es una proteína altamente recalcitrante, que posee un alto número de enlaces disulfuro, principal obstáculo para lograr su degradación eficiente. Hasta el momento, el mecanismo de degradación de esta proteína no está bien comprendido. En este trabajo, exploramos el potencial queratinolítico de 75 actinobacterias marinas de la costa chilena. Entre las cepas evaluadas, *Streptomyces* sp. G11C evidenció un gran potencial para la valorización de residuos de queratina, presentando un 80% de degradación de plumas al quinto día de cultivo. Un análisis proteómico del secretoma de *Streptomyces* sp. G11C, utilizando plumas de pavo como única fuente de carbono, evidenció una alta diversidad de peptidasas, principalmente serina y metaloproteasas, algunas de las cuales fueron predichas bioinformáticamente como potenciales queratinasas. Cabe destacar que dos proteasas, pertenecientes a las familias S08 y M06 presentaron la mayor abundancia. Además, análisis de los contextos génicos de algunas proteasas secretadas, evidenciaron la presencia de genes codificantes de oxidorreductasas y genes relacionados al metabolismo del sulfito, factores que podrían estar actuando en el quiebre de enlaces disulfuro de la queratina. Estos resultados contribuyen a dilucidar el mecanismo de degradación de la queratina y ofrecen una valiosa evidencia del potencial biotecnológico de actinobacterias marinas aisladas de la costa chilena.

Beca Doctorado Nacional CONICYT N° 21161188, Fondecyt Regular N° 1171555, Conicyt PIA ACT172128



8. Producción de polihidroxibutirato y violaceína por la bacteria *Janthinobacterium* sp. BmR6b aislada desde la rizósfera del calafate.

Mario Sepúlveda¹, Paulina Vega Celedón¹, Michael Seeger Pfeiffer¹

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Universidad Técnica Federico Santa María, Química, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

Las bacterias del género *Janthinobacterium* han sido estudiadas dado su potencial biosintético de productos de interés biotecnológico. *Janthinobacterium* sp. BmR6b fue aislada desde la rizósfera de *Berberis microphylla* en la Región de Magallanes y Antártica Chilena. El objetivo de este estudio fue determinar la síntesis de un bioplástico (polihidroxibutirato (PHB)) y un antimicrobiano (violaceína) por *Janthinobacterium* sp. BmR6b y caracterizar sus genes biosintéticos. El genoma de la cepa BmR6b fue secuenciado por Illumina y PacBio. La producción de PHB y violaceína se determinó mediante GC-MS y HPLC, respectivamente. La caracterización filogenética del gen ARNr 16S y análisis filogenómicos (ANlu) indicaron que la cepa BmR6b corresponde a una nueva especie del género *Janthinobacterium*. Esta bacteria posee los genes *phaC*, *phaA*, *phaB*, *phaR* y *phaP* asociados a la síntesis de PHB. Se reconstruyó la filogenia del gen *phaC* en el género *Janthinobacterium*. Esta cepa posee el operón *vioABCDE*, que codifican para la síntesis de violaceína, y muestra alta conservación con el operón *vio* de *Chromobacterium violaceum*. La cepa BmR6b creció en medio mínimo utilizando glucosa, fructosa, sacarosa, glicerol, xilosa y arabinosa como únicas fuentes de carbono y energía, alcanzando una alta biomasa en sacarosa (4,8 g L⁻¹). La producción de PHB se determinó utilizando sacarosa como fuente de carbono y limitación de nitrógeno. Durante el crecimiento en glicerol se observó la producción de violaceína. *Janthinobacterium* sp. BmR6b es una cepa con gran potencial para la biorrefinería celular en la producción de PHB y violaceína.

Becas PhD y Gastos Operacionales ANID (MSM, PVC), Proyecto Anillo GAMBIO ACT172128 (PVC, MS), FONDECYT 1151174 y 1200756 (MS).



9. The FGF2-induced tanycyte proliferation involves a connexin 43 hemichannel/purinergic-dependent pathway.

Antonia Recabal¹, **Maria de los Angeles García**³, Juan C. Saéz²

(1) University of Manitoba, Winnipeg, Manitoba, Canada, Department of Physiology and Pathophysiology, Max Rady College of Medicine, Canada

(2) Universidad de Valparaíso, Instituto de Neurociencias, Centro Interdisciplinario de Neurociencias de Valparaíso,, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Concepción, Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológica, Concepción, Chile

In the adult hypothalamus, the neuronal precursor role is attributed to the radial-glia-like cells that line the third-ventricle (3V) wall called tanycytes. Under nutritional cues, including hypercaloric diets, tanycytes proliferate and differentiate into mature neurons that moderate body-weight, suggesting that hypothalamic neurogenesis is an adaptive mechanism in response to metabolic changes. Previous studies have shown that the tanycyte glucose-sensing mechanism depends on connexin-43 hemichannels (Cx43 HCs), purine release, and increased intracellular free calcium ion concentration $[(Ca^{2+})_i]$ mediated by purinergic P2Y receptors. Since, Fibroblast Growth Factor 2 (FGF2) causes similar purinergic events in other cell types, we hypothesize that this pathway can be also activated by FGF2 in tanycytes to promote their proliferation. Here, we used bromodeoxyuridine (BrdU) incorporation to evaluate if FGF2-induced tanycyte cell division is sensitive to Cx43 HC inhibition in vitro and in vivo. Immunocytochemical analyses showed that cultured tanycytes maintain the expression of in situ markers. After FGF2 exposure, tanycytic Cx43 HCs opened, enabling release of ATP to the extracellular milieu. Moreover, application of external ATP was enough to induce their cell division, which could be suppressed by Cx43 HC or P2Y1-receptor inhibitors. Similarly, in vivo experiments performed on rats by continuous infusion of FGF2 and a Cx43 HC inhibitor into the 3V, demonstrated that FGF2-induced tanycyte proliferation is sensitive to Cx43 HC blockade. Thus, FGF2 induced Cx43 HC opening, triggered purinergic signaling, and increased tanycytes proliferation, highlighting some of the molecular mechanisms involved in the cell division response of tanycyte.

Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDECYT) grant numbers 1180871 (MAG), 1191329 (to JCS), as well as the grant ICM-ANID P09-022-F from the Centro Interdisciplinario de Neurociencias de Valparaíso (to JCS).



10. La liberación de calcio desde el retículo endoplásmico participa en la inducción de muerte celular por ferroptosis en neuronas primarias del hipocampo.

Silvia Gleitze¹, Gina Sanchez⁴, Andrea Paula-Lima^{1,2,3}, Cecilia Hidalgo^{1,3,4}

(1) Universidad de Chile, Instituto de Neurociencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Instituto de Ciencias Odontológicas, Facultad de Odontología, Olivos 943, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Departamento de Neurociencias, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(4) Universidad de Chile, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

Introducción: La ferroptosis, una forma regulada de muerte celular, se caracteriza por la peroxidación lipídica dependiente de hierro, el agotamiento de glutatión y la alteración de la morfología mitocondrial. La enzima glutatión peroxidasa 4 (Gpx4) se considera el regulador antioxidante clave en la ferroptosis, ya que su inhibición promueve este tipo de muerte en algunos tipos celulares. El calcio, como segundo mensajero universal, y en particular la liberación desregulada de calcio desde el retículo endoplásmico mediada por los receptores de ryanodina (RyR), participa de los mecanismos que producen diferentes tipos de muerte celular. Sin embargo, no se sabe si la liberación de calcio mediada por RyR participa en la ferroptosis en neuronas hipocampales. **Hipótesis:** La inhibición de Gpx4 induce ferroptosis en neuronas primarias del hipocampo de rata a través de vías de señalización estimuladas por la liberación de calcio mediada por RyR. **Metodología:** Se incubaron cultivos primarios de hipocampo con RSL3, un inhibidor de Gpx4, en presencia o ausencia de 20 mM ryanodina, una concentración que suprime la actividad de RyR, y se determinó la viabilidad celular por el ensayo de MTT. **Resultados:** La incubación con RSL3 (30 mM) por 24 horas indujo aproximadamente 50% de muerte celular en los cultivos de hipocampo, efecto que fue parcialmente inhibido en las células previamente incubadas con ryanodina. **Conclusión:** Las neuronas de hipocampo en cultivo son susceptibles a la ferroptosis y la liberación de calcio mediada por RyR contribuye parcialmente de este tipo de muerte celular, que parece ocurrir en algunas enfermedades neurodegenerativas.

Este trabajo fue financiado por la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) / Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas / DOCTORADO BECAS CHILE/2020 - 21200346BNI P-09-015FBMBF180051



11. Determinación de la citotoxicidad de extractos de borra de café en neuroblastoma humano (línea celular SH-Sy5y).

Alejandra Arancibia Diaz^{1,2}, Carmen Soto², Mauricio Vergara Castro², Claudia Altamirano Gomez^{1,2}, Carolina Astudillo Castro^{2,3}, María Elvira Zuñiga Hansen^{1,2}

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Ingeniería, Avenida Brasil 2085, Valparaíso, Chile

(2) Centro Regional de Estudios en Alimentos Saludables, CREAS, GORE-CONICYT R17A10001, Laboratorio de Recuperación de Biomoléculas, Avenida Universidad 330 Curauma-Placilla, Valparaíso, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Alimentos, Ciencias agronómicas y alimentos, Waddington 716, Valparaíso, Chile

La borra de café (BC) es un residuo generado por la industria del café, que puede ser valorizado por la presencia de compuestos bioactivos. Se caracteriza por contener una fracción de compuestos fenólicos (CF) tales como: ácido clorogénico (ACG), ácido cafeico (AC) y ácido quínico (AQ). El ácido clorogénico es reconocido por sus efectos neuroprotectores en el aprendizaje, memoria y en enfermedades neurodegenerativas como el Alzheimer. El objetivo de este trabajo fue determinar el contenido de ACG de extractos acuosos de BC y evaluar su capacidad citotóxica (IC₅₀) en la línea celular SH-Sy5y, neuroblastoma humano, modelo utilizado para el estudio de enfermedades neurodegenerativas. El contenido de compuestos fenólicos totales en el extracto acuoso fue de 27,59 mg GAE/ 100 g BC en base seca. Los valores de la capacidad de absorción de radicales de oxígeno (ORAC) fueron 9097 μ M TE / 100 g de BC. El contenido de ACG fue de 6,56 mg ACG/g BC en base seca. El valor de IC₅₀ en SH-Sy5y fue de 750 μ g/mL y 1400 mg/L para el extracto de SCG y ACG puro, respectivamente. Los resultados obtenidos reflejan una alta tolerancia de la línea celular antes mencionada al extracto de SCG, lo que permitiría evaluar los efectos neuroprotectores de sus componentes en un amplio rango de concentraciones. La BC emerge como una interesante fuente de compuestos bioactivos con potencial terapéutico (farmacológico).

Proyecto FONDEF PAI- Tesis 7818D20003



12. Estudio de la actividad biológica de los metabolitos secundarios producidos por distintas especies fúngicas del género *Aleurodiscus*.

Alejandro Inostroza¹, Jaime Cabrera Pardo⁴, José Becerra¹, Andrés Opazo³, Jorge Fuentealba², **Bernardo Candia Herrera¹**, Cristian Riquelme¹, Aline Wendt Serra²

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Biológicas, Victor Lamas 1290, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Laboratorio de Screening de Compuestos Neuroactivos, Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Victor Lamas 1290, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Laboratorio de Investigación de Agentes Antibacterianos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Victor Lamas 1290, Concepción, Chile

(4) Universidad del Bío-Bío, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Avenida Collao 1202, Concepción, Chile

En este trabajo se evaluó la actividad biológica de los metabolitos secundarios que producen distintas especies fúngicas del género *Aleurodiscus*. Estos hongos destacan por vivir en los hostiles y desafiantes bosques andino-patagónicos ubicados entre Chile y Argentina. Se estudió la actividad neuroprotectora de los metabolitos mediante un ensayo en donde se co-incubaban células PC-12 junto a distintas concentraciones de los metabolitos secundarios fúngicos, además, estas células estaban sometidas a la presencia del péptido beta-amiloide, un péptido considerado altamente tóxico y responsable principal en la progresión de la enfermedad de Alzheimer. Los resultados indican que al menos 2 especies presentan compuestos capaces de proteger la viabilidad de estas células frente al tóxico. También se estudió el efecto antibacteriano de los metabolitos frente a 4 cepas bacterianas multirresistentes y de relevancia clínica, aisladas directamente de los hospitales chilenos. Se encontró que una de las especies inhibió significativamente el crecimiento celular de estas bacterias patógenas. Por último, mediante la técnica de GC-MS, se analizó la similitud en la composición química de los metabolitos secundarios fúngicos en comparación con el benzofurano “fomanoxina”, un compuesto químico que ya ha presentado un efecto neuroprotector importante en las células PC-12. Se encontraron similitudes en los perfiles m/z de las especies fúngicas estudiadas y este compuesto. Los resultados obtenidos en esta investigación dan un punto de partida para seguir investigando la química de hongos del género *Aleurodiscus* y sus posibles aplicaciones en los campos de la farmacología y la medicina.

FONDECYT 1190652



13. Determinación de la eficiencia de bacteriófagos líticos para el control de patovares importantes de *Pseudomonas syringae*.

Luis Cottet¹, Carla Trigo¹, **Javiera de los Angeles Cayunao¹**, Antonio Castillo¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Biología, Química y Biología, Alameda 3363, 9170022 Estación central, Santiago, Chile

Pseudomonas syringae es uno de los patógenos de plantas más importantes a nivel mundial, afectando diversos cultivos de interés comercial y produciendo importantes pérdidas económicas. Una alternativa promisorio para el control de esta especie bacteriana, es el uso de bacteriófagos líticos. En este trabajo se caracterizaron tres bacteriófagos con capacidad lítica sobre *P. syringae* pv. tomato y pv. phaseolicola. Los fagos denominados 2111, E y EGF, se aislaron desde muestras de agua y muestras de hojas de *Actinidia deliciosa* (kiwi), provenientes de un área agrícola de la Región Metropolitana. El análisis por microscopía electrónica de transmisión, reveló fagos con estructura cabezocola, probables miembros de la familia Podoviridae, perteneciente al orden Caudovirales. La caracterización de la infección viral, reveló que los fagos poseen un corto periodo de latencia y requieren 2.5 h para reducir en un 50% la población bacteriana. A su vez, ensayos in vivo, mostraron que los fagos mantienen su viabilidad y estabilidad en plantas de tomate durante 14 días, luego de aplicar la mezcla de los tres fagos (1.0×10^8 UFP/mL) como principio activo de un prototipo de formulación bactericida. Asimismo, el ensayo de protección con los fagos frente a la infección de *P. syringae* pv. tomato, mostró que las plantas tratadas con el prototipo de formulación, disminuyen significativamente la infección bacteriana, comparado con las plantas no tratadas luego de 14 días. Los resultados demuestran, que los tres bacteriófagos actúan como agentes de biocontrol eficientes, siendo una buena alternativa para el desarrollo de un producto bactericida comercial.

Financiado por el proyecto Fundación COPEC-UC 2017.J.939



14. Evaluación de la eficacia de un biofungicida tribacteriano para el control del hongo fitopatógeno BOTRYTIS CINEREA en manzanas, cerezas y arándanos.

Bernardo Latorre Guzmán¹, Andrea Mahn Osses¹, **Felipe González Iturriaga¹**, Antonio Castillo Nara¹, Alvaro Moya Ulloa¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Biología, Química y Biología, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins nº 3363 , Estación Central, Santiago, Chile

Botrytis cinerea es un hongo fitopatógeno de amplio rango de hospedero infectando a más de 586 géneros de plantas vasculares, lo que representa más de 1400 especies de plantas. La enfermedad más importante producida por este hongo es la pudrición gris en uvas, cerezas, arándanos y manzanas, entre otros frutos de importancia económica. En el presente estudio se evaluó la eficacia de control de un biofungicida tribacteriano, cuyo principio activo corresponde a tres cepas bacterianas de los géneros *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* y *Bacillus*, sobre *B. cinerea* en manzanas, arándanos, cerezas y hojas de cerezas. Los resultados revelaron que el biofungicida tribacteriano fue más eficaz en el control del hongo fitopatógeno que su contraparte comercial Serenade de Bayer CropScience e igualmente eficaz que el fungicida químico Teldor. Además, se determinó la compatibilidad del biofungicida tribacteriano con fungicidas químicos habitualmente usados para el control de la pudrición gris, obteniéndose compatibilidad con 5 de 6 fungicidas analizados. Los resultados son interesantes y proyectan al biofungicida tribacteriano como un agente de control biológico de alta eficacia y que podrá utilizarse en un programa de manejo integrado para el control de *B. cinerea*.

trABAJO FINANCIADO POR EL pROYECTO fondef idEa id15i20589



15. Síntesis y ensayos biológicos de compuestos heterocíclicos bioactivos como posibles fármacos para patologías del sistema nervioso central.

Claudio Méndez-Rojas¹, Hernán Pessoa-Mahana¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Química Orgánica y Fisicoquímica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santos Dumont 964, Santiago, Chile.

La síntesis de compuestos heterocíclicos con actividad biológica ha sido desde hace décadas el núcleo principal para la obtención de fármacos como antimicrobianos, antihipertensivos, antivirales, antineoplásicos y fármacos para múltiples patologías que afectan el sistema nervioso central. Las patologías que afectan al sistema nervioso central presentan una prevalencia e incidencia elevada a nivel mundial donde destacan la enfermedad depresiva, trastornos de ansiedad, trastorno bipolar y también patologías neurodegenerativas como la enfermedad de Alzheimer y Parkinson. El objetivo de esta investigación es la obtención de derivados del indol como compuestos neuroactivos, considerando la participación de la serotonina (un indol) en los trastornos nerviosos, incluyendo los neurodegenerativos. Presentaremos los principales derivados sintetizados a partir del núcleo indólico y como estos dan resultados promisorios para las enfermedades del sistema nervioso central.



16. Efecto sumatorio de la inducción de sueño REM por pulsos de oscuridad (enmascaramiento fótico) y la presión homeostática del sueño REM en la rata albina.

Norma Barrera¹, Alejandro Bassi¹, Jorge Estrada¹, **Adrián Pedro Ocampo Garcés**¹

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Sueño y Cronobiología, Programa de Fisiología y Biofísica, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

En la rata albina, el sueño de movimientos oculares rápidos (REM, por su nombre en inglés) puede ser inducido mediante pulsos de oscuridad durante su fase de reposo. Interesa evaluar si la inducción de sueño REM interfiere con la respuesta de rebote homeostático del estado. Ratas albinas fueron crónicamente implantadas para registro polisomnográfico y mantenidas en un régimen de 12:12 horas de luz:oscuridad.. Durante la fase de luz, y en días no consecutivos, fueron sometidas a 4 diferentes condiciones: BL= no perturbadas; 10D=pulsos de 10 minutos de oscuridad; 4R= 4 horas de privación selectiva de sueño REM; 4R10D= 4 horas de privación selectiva de sueño REM seguida de pulsos de oscuridad. En condición BL la probabilidad promedio de sueño REM observada es 0.1 y durante el pulso de oscuridad la probabilidad máxima de sueño REM fue de 0.47 y 0.56 para 10D y 4R10D, y se obtuvieron a los 225 seg. y 240 seg respectivamente. Comparados a la condición BL, se obtuvo un exceso de sueño REM de 152% durante los pulsos 10D, y 92% y 297% en el período de rebote compensatorio de 4R y 4R10D. El rebote compensatorio en 4R10D es equivalente a la suma del efecto inducido por el pulso de oscuridad (en 10D) y al rebote de sueño REM puro (4R). Nuestros resultados sugieren que los mecanismos que generan el exceso de sueño REM por enmascaramiento fótico (pulso de oscuridad) son independientes del circuito de control homeostático de sueño REM. Estudio financiado por Fundación Guillermo Puelma.

Estudio financiado por Fundación Guillermo Puelma.



17.Efectos neuroprotectores de Eudesmin, lignano de Araucaria Araucana (Molina) K. Koch frente a la toxicidad del péptido β -Amiloide.

Aline Wendt Serra¹, Oscar Ramírez¹, Pamela Godoy¹, Javiera Gavilan¹, Jessica Panes¹, Claudia Perez³, Jaime Cabrera Pardo², Jorge Fuentealba¹

(1) Universidad de Concepción, Fisiología, Ciencias Biológicas, Laboratorio de Screening de Compuestos Neuroactivos, Concepción, Chile

(2) Universidad del Bio-Bio, Química, Ciencias, Avenida Collao 1202, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Botánica, Ciencias naturales y oceanográficas, Laboratorio de Química de Productos Naturales, Concepción, Chile

La enfermedad de Alzheimer (EA) es una enfermedad neurodegenerativa que se caracteriza por un deterioro cognitivo. Uno de los signos del Alzheimer es la acumulación del péptido β -Amiloide (β A) en el cerebro, siendo los oligómeros solubles del péptido β -amiloide (A β Os) la especie más tóxica a nivel neuronal. Eudesmin es un lignano extraíble de la madera de Araucaria Araucana (Mol.) K. Koch que presenta propiedades biológicas; sin embargo, no hay estudios de sus propiedades neuroprotectoras. El objetivo de este trabajo fue evaluar la neuroprotección de Eudesmin frente a la falla sináptica inducida por A β Os. Usando células PC12, observamos que Eudesmin (30 nM, 24h) evitó la disminución de la viabilidad celular inducida por A β Os. En neuronas hipocámpicas, Eudesmin preservó la estructura sináptica ante la toxicidad de A β Os, manteniendo estables los niveles de la proteína presináptica SV2. En este mismo modelo Eudesmin preservó la función sináptica ante la toxicidad de A β Os, evitando la disminución de la frecuencia de transientes de Calcio citosólico. Nuestros resultados en conjunto, sugieren que Eudesmin ejerce una protección de la red neuronal contra la toxicidad inducida por A β Os, la determinación del mecanismo de acción preciso de su acción neuroprotectora, está ahora en estudio.

FONDECYT 1190652 y FONDECYT 1200908



SESIÓN PANELES II

Filogeografía - Conservación - Ecofisiología - Ecología de Comunidades -
Ecología de Poblaciones - Ecosistemas y Paleoecología - Vegetación y ecología
de las plantas - Invasiones Biológicas - Microbiología - Biotecnología

1. Análisis filogeográfico en *Mesodesma donacium* revela la presencia de dos linajes altamente divergentes con historias demográficas independientes.

Carmen R. Liza², Wolfgang Stotz^{1,2}, Pilar A. Haye²

(1) Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Coquimbo, Chile

(2) Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.

La macha *Mesodesma donacium* es un bivalvo endémico del Sistema de Corriente de Humboldt, que presenta una larva pelágica con una extensa duración entre 30 y 46 días y una amplia distribución geográfica entre los 5° y 43°S. Evidencia genética previa detectó de forma general la presencia de dos linajes en la zona comprendida entre los 32° y 34°S, en el extremo sur del quiebre biogeográfico a los 30°-33°S. En el presente trabajo se realizaron análisis filogeográficos usando 278 secuencias del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (COI) de siete bancos naturales de macha entre los 16° y 42°S. Los resultados confirmaron la presencia de dos linajes altamente divergentes, con una discontinuidad ubicada más al norte de lo reportado anteriormente, entre los 28° y 32°S, presentando una mayor coincidencia con el quiebre filogeográfico reportado para otras especies. Además, cada linaje presentó una estructura y flujo genético diferente, siendo el linaje norte una sola población panmíctica altamente diversa. Mientras que, el linaje sur se compone de dos grupos con menor diversidad genética y un modelo de flujo genético tipo stepping stone con dirección norte-sur. Sin embargo, no se logró identificar el quiebre dentro del linaje sur, ya que existe un vacío en el muestreo entre Cucao, que es el sitio más diferenciado, y el más cercano al norte, Concón. Estos resultados tienen implicancias en la administración del recurso, dado que la presencia de dos linajes con historias independientes sugiere planes de manejo específicos para cada uno, y no seguir considerando a la especie como un único stock.

Beca de Magíster República de Chile 2017-AGCI. Grupo ECOLMAR-UCN.



2. Percepción del impacto del cambio climático sobre la calidad de vida y el bienestar de los habitantes de Cerro Blanco, comunidad agrícola del Limarí, Chile.

Andrea Alejandra Alfaro Silva¹, **Manuel Enrique Cortés Cortés**²

(1) Liceo Experimental Manuel de Salas, Universidad de Chile, Departamento de Biología, Brown Norte # 105, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Universidad Bernardo O'Higgins, Departamento de Ciencias Pedagógicas, Facultad de Educación, Avenida Viel # 1497, Santiago, Chile

Desde hace siglos las comunidades agrícolas representan un componente fundamental de la tradición rural del Norte Chico chileno. Estas comunidades han sido amenazadas por la pobreza, la marginación, la desertificación y las fuertes sequías durante décadas y, más recientemente, por el cambio climático. El objetivo de esta investigación es reportar la percepción del impacto del cambio climático en la calidad de vida y el bienestar de los habitantes de la Comunidad Agrícola Cerro Blanco, localidad de la comuna de Ovalle, provincia de Limarí, Chile. Para este propósito, se realizaron entrevistas estructuradas a comuneros (N = 22) y salidas a terreno a dicha comunidad (ubicación geográfica 30°52'31.0"S 71°24'24.2"W). La mayoría de los entrevistados (n = 21; 95,45%) percibió consecuencias significativas en su bienestar y calidad de vida debido al cambio climático. En cuanto al tipo de consecuencia, destacan tres de ellas: (i) efectos sobre la salud física (n = 8; 36,36%), (ii) efectos sobre la salud psicológica (n = 5; 22,72%), y (iii) efectos sobre aspectos educativos y socioeconómicos (n = 7; 31,81%). Estos resultados permiten concluir que los habitantes de Cerro Blanco perciben consecuencias notorias del cambio climático en su calidad de vida y bienestar relacionadas principalmente con la salud física y psíquica y con aspectos educativos y socioeconómicos. En el futuro se continuará estudiando esta comunidad agrícola a fin de que sus habitantes puedan lograr un mayor desarrollo, inclusión, calidad de vida y bienestar, unido esto a una mejor relación con su medioambiente, a la conservación de su entorno natural y a la mantención de sus antiguas tradiciones.

Esta investigación no ha recibido financiamiento de ningún proyecto o agencia. Los autores declaran que no poseen ningún conflicto de interés.



3. Respuestas fisiológicas y del comportamiento durante el desarrollo temprano del poliqueto pecilogonio *Boccardia wellingtonensis* frente a distintas condiciones de salinidad.

Alvaro Figueroa Cabrera¹, Leyla Cárdenas Travie^{1,3}, Oscar Chaparro⁴, **Camila del Carmen Miranda Cerna¹**, Antonio Brante Ramírez²

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

(2) Universidad Católica de La Santísima Concepción, Centro de Investigación en Biodiversidad y Ambientes Sustentables (CIBAS), Facultad de Ciencias, Concepción, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Centro FONDAP de Investigación dinámica de ecosistemas marinos de altas latitudes (IDEAL), Facultad de Ciencias

(4) Universidad Austral de Chile, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

En estuarios y zonas intermareales la salinidad se considera un factor clave en la estructura y funcionamiento de las comunidades que ahí habitan. Para sobrevivir en estos hábitats, los organismos marinos deben presentar diferentes mecanismos adaptativos, siendo aún mas críticos durante estados tempranos del desarrollo. *Boccardia wellingtonensis* es un poliqueto intermareal que habita en sectores cercanos a desembocaduras de ríos, con fuertes fluctuaciones de salinidad. Su estrategias reproductiva del tipo poecilogonio presenta hembras (Tipo I) que producen solo larvas planctotróficas y hembras (Tipo III) que producen larvas planctotróficas y adelofágicas. En este estudio investigamos las habilidades de ambos tipos larvales para hacer frente a cambios en la salinidad. Para ello, expusimos larvas planctotróficas Tipo I y adelofágicas a diez tratamientos de salinidad: 1, 5, 8, 12, 15, 18, 22, 26, 30 y 33 ppm. Se estimó la mortalidad larval (%), tasa de consumo de oxígeno ($\text{mgO}_2 \cdot \text{h}^{-1} \cdot \text{ind}^{-1}$) y comportamiento de alimentación. Observamos que las larvas adelofágicas toleran entre 5 y 33 ppm, mientras las planctotróficas aumentan significativamente la mortalidad bajo 12 ppm. En larvas adelofágicas, la baja salinidad (<12 ppm) reduce significativamente el consumo de oxígeno, consumo de alimento y movilidad. Mientras, a salinidades mayores a 26 ppm se observó un aumento significativo en el consumo de oxígeno y una reducción en el consumo de alimento, sin afectar su movilidad. Nuestros datos sugieren que los diferentes modos reproductivos de *B. wellingtonensis* produce larvas con diferentes ventajas adaptativas a factores ambientes variables, revelando luces sobre la evolución de la poecilogonia.

Fondecyt Regular 1170598 y Fondecyt Postdoctorado 3190571



4. Contribution of native and exotic coccinellids to the consumption of aphids in alfalfa: experiments with sentinel aphids. (Contribución de coccinélidos nativos y exóticos al consumo de áfidos en alfalfa: experimentos con áfidos centinela.).

María Gabriela Molina¹, Audrey Alejandra Grez Villarroel¹, Tania Zaviezo Palacios²

(1) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Sta. Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad Agronomía e Ingeniería Forestal, Avenida Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Macul, Santiago, Chile

Los coccinélidos (Coleoptera: Coccinellidae) son los principales responsables de la depredación de áfidos (Hemiptera: Aphididae) en alfalfa. En alfalfa de Chile central, la mayor diversidad de coccinélidos es de origen nativo mientras que la mayor abundancia es de origen exótico. A pesar de ser los menos abundantes, los coccinélidos nativos solían jugar un rol importante en el control de áfidos en este cultivo. Sin embargo, luego de la invasión de *Harmonia axyridis*, ellos han disminuido en los últimos años, poniéndose en riesgo su función en el servicio de control de plagas. En este trabajo se analiza el rol de coccinélidos nativos y exóticos en el consumo de áfidos en alfalfa. En 15 oportunidades, se realizaron experimentos presa-centinela, ubicándose cada vez 60 placas con los áfidos *Acyrtosiphon pisum* y *Aphis craccivora* en el alfalfa. Las placas se monitorearon con videocámaras, reuniendo 750 horas de grabación. De las 2369 visitas totales de coccinélidos registradas, 73,2% fueron coccinélidos exóticos y 26,8% nativos. Los coccinélidos exóticos estuvieron dominados por *Hippodamia variegata* (69,7% del ensamble total), y los coccinélidos nativos por *Eriopis chilensis* (15,6%) y *Eriopis eschscholtzii* (11,2%). La significativa menor frecuencia de visitas de coccinélidos nativos a áfidos centinela en comparación de lo que sucedía hace una década (> 50%, estimado mediante el mismo método) es preocupante, y releva la necesidad de tomar medidas para revertir esta pérdida.

Proyecto FONDECYT 1180533



5. Temporal variability of aphidophagous coccinellids and body size of their assemblages as a function of aphid abundance (Variabilidad temporal de coccinélidos afidófagos y del tamaño corporal de sus ensambles en función de la abundancia de áfidos).

Romina Oberti Burgos¹, Audrey A. Grez Villarroel¹, Tania Zaviezo Palacios²

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Av. Santa Rosa 11735, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Fruticultura y Enología, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

Los coccinélidos (Coleoptera: Coccinellidae) son importantes enemigos naturales áfidos (Hemiptera: Aphididae) en cultivos. Las especies pueden variar su dinámica poblacional en la temporada, pudiendo complementarse en su rol como controladoras de plagas. Por otra parte, el tamaño corporal de los ensambles (conjunto de especies) puede también variar en el tiempo, siendo mayor cuando los áfidos son abundantes, ya que los ensambles estarían dominados por especies más voraces de mayor tamaño. Para evaluar esto, entre agosto de 2018 y marzo de 2019, en 19 oportunidades, se muestrearon coccinélidos afidófagos (200 redadas) y áfidos (15 ramillas) en 20 alfalfaes de la Región Metropolitana. Además, con los adultos, se calculó para cada fecha y alfalfal la media ponderada del tamaño corporal de la comunidad (CWM). En total se encontraron 27.162 coccinélidos (80% adultos) de 13 especies. Hubo dos picos de abundancia de coccinélidos adultos y larvas, uno en primavera y otro en verano tardío, coincidiendo con los picos de abundancia de áfidos. Sin embargo, las especies variaron sus patrones de abundancia en el tiempo, con algunas presentes a lo largo de toda la temporada, y otras con distribución temporal acotada a ciertas épocas del año, desacopladas de los áfidos. El CWM del tamaño corporal del ensamble fue mayor a mayor abundancia de áfidos. Estos resultados sugieren que 1) existe una complementariedad de nicho temporal entre las especies de coccinélidos, posiblemente siendo algunas más afidófagas que otras y 2) el tamaño corporal de los ensambles depende de la abundancia de áfidos.

FONDECYT 1180533



6. Dinámicas espacio-temporales revelan escasa presencia de bancos naturales fuente en el recurso macha *Mesodesma donacium* en Perú y Chile.

Carmen R. Liza¹, Pilar A. Haye¹, Wolfgang Stotz^{1,2}

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Coquimbo, Chile

(2) Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Coquimbo, Chile

La macha *Mesodesma donacium* es un recurso bentónico de gran importancia en Chile y Perú, que durante las últimas décadas ha sufrido una fuerte disminución en sus desembarques, afectando el sector pesquero artesanal. Además, este recurso ha presentado fuertes fluctuaciones espaciales y temporales, con bancos que aparecen, se explotan intensamente y luego colapsan. Su distribución en parches a lo largo de la costa y la extinción-colonización de sus bancos, sugieren que la macha se comporta como una metapoblación. En este estudio, se colectó información de desembarques y estructuras de tallas de 27 bancos naturales (16°-42°S), durante los años 2000-2018, para identificar posibles bancos fuente-sumidero utilizando el Índice de Recurrencia de Clases (IRSC). Los resultados identificaron a un banco fuente en Perú a los 16°S (La Punta) y dos en Chile, a los 30° y 39°S (Coquimbo y Mehuín) durante un mayor período (11, 9 y 7 años respectivamente). Mientras que, los bancos restantes se caracterizaron principalmente como banco sumidero o desaparecían en el tiempo. Conociendo esta particular dinámica, se podría aplicar medidas de manejo acorde a este enfoque, brindando una mayor protección a los bancos fuente, con el fin de garantizar la sostenibilidad de esta especie en beneficio del ecosistema marino costero y de las comunidades pesqueras dependientes de este recurso.

Beca de Magíster República de Chile 2017-AGCI. Grupo ECOLMAR-UCN.



7. Relación entre propiedades ópticas, concentración de clorofila y plancton en lagos Caburgua y Villarrica.

Angel Contreras¹, Gladys Lara¹, Mirtha Latsague¹, **Patricio De los Rios-Escalante^{1,2}**, Carlos Esse³

(1) Universidad Católica de Temuco, Departamento de Ciencias Biológicas y Químicas, Facultad de Recursos Naturales, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(2) Universidad Católica de Temuco, Núcleo de Estudios Ambientales UC Temuco, Casilla (PO-Box) 15-D, Temuco, Chile

(3) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Estudios del Hábitat (IEH), Coordinador de la Unidad de Cambio Climático y Medio Ambiente (UCCMA), Facultad de Arquitectura y Construcción, Avenida Alemania 1090, Temuco, Chile

Los lagos Caburgua y Villarrica pertenecen a los denominados lagos del norte de la Patagonia, o antiguamente llamados lagos Araucanos. El objetivo del presente trabajo consistió en comparar las propiedades ópticas obtenidas por imágenes LANDSAT OLI, concentraciones de clorofila, y abundancias de bacterias, ciliados mixotróficos y zooplancton en ambos lagos, mediante análisis de componentes principales. Los resultados arrojaron marcadas diferencias en ambos lagos, encontrándose que hubo alta reflectancia en los sitios del lago Villarrica, principalmente en los sitios con ciudades, en que hubo alta riqueza de especies zooplanctónicas, altas abundancias de bacterias y zooplancton y ausencia de ciliados mixotróficos. Mientras que en el lago Caburgua, la situación fue diferente, encontrándose una baja reflectancia, asociada con bajas concentraciones de clorofila y riqueza de especies zooplanctónicas, pero alta abundancia de ciliados mixotróficos. Los resultados concuerdan con observaciones para lagos del norte de la Patagonia, mientras que en sitios con ausencia de ciliados mixotróficos hay mayor concentración de clorofila y altas abundancias de zooplancton.

Proyectos VIPUCT 2017 N°2017RE-PR-06 y MECESUP UCT 0804



8. Relationship between the community of corticolous lichens and phorophytes in a sub-andean forest in the central region of Colombia (Relación entre la comunidad de líquenes cortícolas y forófitos de un bosque subandino en la región central de Colombia).

Alfredo Jose Torres Benitez^{1,2}, Simón Urrea-Florián³

(1) Universidad de Ibagué, Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Ibagué, Colombia

(2) Universidad Austral de Chile, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

(3) Servicio Nacional de Aprendizaje - SENA, Tolima, Ibagué, Colombia

Los líquenes cortícolas conforman una simbiosis mutualista entre un hongo, alga y/o cianobacteria asociados a la corteza de árboles de forma generalista o especialista. El objetivo de este estudio fue identificar la relación entre las especies de líquenes cortícolas y los forófitos de un bosque subandino en la región Central de Colombia (Ibagué, Tolima). Se seleccionaron los forófitos de acuerdo al índice de valor de importancia, y se escogieron cinco individuos por cada uno; se estimó la abundancia de las especies liquénicas (% cobertura); se calculó la riqueza, diversidad alfa y análisis multivariados para la asociación líquen-forófito. Se registraron 11724 cm² de cobertura liquénica distribuida en 8 familias, 14 géneros y 21 especies. El forófito *Trichilia pallida* estuvo asociado con los líquenes *Leptogium submarginellum*, *Heterodermia japonica*, *Cryptothecia* sp.1, *Cryptothecia* sp.2; el forófito *Cecropia angustifolia* se relacionó con *Leptogium diaphanum*, *Physcia alba*, *Physcia crispa*, *Bacidia* sp.1, *Phyllopsora* sp.1; el forófito *Guarea guidonia* se asoció con *Parmotrema bangii*, *L. diaphanum*, *Opegrapha* sp.1, *Herpothallon* sp.2; el forófito *Tetrorchidium rubrivenium* se relacionó con *Physcia aipolia*, *Porina* sp.1, *Physcia* sp.1, *Pyrenula* sp.1, *Opegrapha* sp.2; el forófito *Anacardium excelsum* se asoció con *Cryptothecia striata*, *Physcia tenuis*, *Leptogium azureum*, *Herpothallon* sp.1. Las asociaciones entre la comunidad liquénica y las especies de forófitos expresaron agrupaciones específicas, solo *C. angustifolia* y *G. guidonia* mostraron una especie liquénica en común (*L. diaphanum*). Los forófitos ecológicamente prioritarios para la conservación del bosque, evidencian una comunidad liquénica particular, y representan insumos para abordar planes de restauración en la zona de protección ambiental.

A la Universidad de Ibagué por la financiación del proyecto 17-484-SEM.



9. Structure And Floristic Composition Of The Anaime Paramo In The Central Colombian Cordillera: An Input For The Delimitation Of The Forest-Paramo Ecotone (Estructura y Composición Florística Del Páramo De Anaime En La Cordillera Central De Colombia: Un Insumo Para La Delimitación Del Ecotono Bosque-Páramo).

Alfredo Torres-Benítez^{1,2}, Francisco Villa-Navarro¹, Diana Jiménez-Restrepo³

(1) Universidad del Tolima, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas, Ibagué, Colombia

(2) Universidad Austral de Chile, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

(3) Instituto de Investigaciones de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, Bogotá, Colombia

Las diversas intervenciones antrópicas han degradado los ecosistemas de alta montaña en Colombia, manifestando la necesidad de priorizar planes de manejo y delimitar los paisajes a través de criterios biológicos. El objetivo del estudio fue determinar la estructura y composición de las comunidades vegetales del páramo de Anaime, ubicado en el flanco oriental de la cordillera Central colombiana. Se establecieron cuatro estaciones de muestreo (E1: bosque altoandino, E2: arbustal, E3: arbustal-pastizal, E4: frailejonal-pajonal) en un gradiente altitudinal entre 3200-3600 msnm; en cada estación se trazaron parcelas para el registro de los individuos y abundancia; se calcularon índices de diversidad alfa y beta. Se identificaron 546 individuos, agrupados en 24 familias y 53 especies con una representatividad general del 80%; las familias con mayor riqueza de especies fueron Asteraceae (12), Ericaceae (5), Rosaceae (5), Melastomataceae (4) y Poaceae (4); las estaciones E2 (3401 m)-E3 (3491-3502 m) mostraron mayor número de especies, y la E4 (3596 m) el más bajo, el cambio de diversidad fue más evidente entre E1 (3250 m) y E2; las unidades arbustal, arbustal-pastizal y frailejonal-pajonal presentaron una baja similaridad con el bosque altoandino, el cual junto a la unidad arbustal, evidenciaron mayor recambio de especies; las especies con mayor valor estructural fueron *Espeletia hartwegiana*, *Diplostephium* sp., *Hypericum laricifolium*, *Weinmannia rollotii*, *Calamagrostis* sp., *Miconia salicifolia*, *Ageratina tinifolia* y *Chusquea* sp., *Gynoxys* cf. *tolimensis* y *Escallonia myrtilloides*. Existe un cambio en la composición florística entre el gradiente 3200-3400 m, indicando la franja de transición entre bosque altoandino y subpáramo.

Al convenio de cooperación no. 13-12-092-044ce celebrado entre el Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt y la Universidad del Tolima.



10. Diversidad de rasgos e índices de diversidad funcional estudiados en artrópodos depredadores enemigos naturales de plagas.

Fernanda Bravo Sayes¹, Audrey Alejandra Grez¹

(1) Universidad de Chile, Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile

La diversidad de enemigos naturales se asocia positivamente con el control biológico de plagas, lo que puede deberse a la complementariedad de nichos. Gran parte de la literatura considera en esta relación la diversidad taxonómica de enemigos naturales, basada en especies. Sin embargo, la diversidad funcional (DF), basada en rasgos, ha sido menos explorada. En este trabajo, analizamos los rasgos funcionales de depredadores enemigos naturales de plagas e índices de diversidad funcional utilizados en la literatura a nivel mundial. Se hizo una búsqueda en World Wide Science, ISI Web of Science, Scopus, Science Direct, Wiley Online Library y Scholar Google. Entre 2010 y 2020, se encontraron 34 publicaciones, con un incremento desde el año 2017. El continente europeo tiene el mayor número de publicaciones. La mayor parte de los trabajos estudian arañas (Araneae; 40%) y carábidos (Carabidae; 41%) y los rasgos más empleados han sido morfológicos y de comportamiento, destacando el tamaño corporal y la dieta. La mayor parte de las publicaciones utilizan índices de DF multirasgo (79%), basados en entre 2 y 10 rasgos, destacándose el uso de la entropía cuadrática de Rao, la dispersión, uniformidad y divergencia funcional. Entre los índices monorasgo, la media ponderada de la comunidad es el más utilizado. Estos resultados sugieren que los estudios de DF en artrópodos depredadores enemigos naturales de plagas son aún escasos y restringidos geográfica y taxonómicamente, y requieren un mayor desarrollo para una mejor comprensión de la relación entre la diversidad de este grupo con el control biológico.

FONDECYT 1180533



11. On the potential use of *Ulex europaeus* as bioherbicide in the control of *Lolium rigidum* in *Avena sativa* crops (Uso potencial de *Ulex europaeus* como bioherbicida sobre *Lolium rigidum* en cultivos de *Avena sativa*).

Marina Briones Rizo¹, Silvia Medina Villar², M.Esther Pérez Corona¹

(1) Universidad Complutense de Madrid, Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución (UD Ecología)., Facultad de Ciencias Biológicas, Calle Jose Antonio Novais, 12, 28040, Madrid, España

(2) Universidad de La Serena, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Avda. Raúl Bitrán Nachary 1305, 1700000, La Serena, Chile

Este trabajo valoró el uso potencial del espino (*Ulex europaeus*) como bioherbicida en el control de las plantas adventicias, *Lolium multiflorum* y *Lolium rigidum*, en cultivos de avena (*Avena sativa*) en Chile, donde el espino es una especie invasora problemática. Primero, se realizó un experimento de invernadero en maceta utilizando carbón activado (CA) para analizar el efecto alelopático de la biomasa de espino sobre el porcentaje y velocidad de emergencia (%E y VE) y altura de las especies diana *L. multiflorum*, *L. rigidum* y avena. Segundo, se valoró el efecto legado que deja durante 2 meses en el sustrato la combinación de biomasa y extracto acuoso (10 %) de espino sobre el porcentaje y velocidad de germinación (%G y VG) de las especies diana. En ausencia (pero no en presencia) de CA, la biomasa de espino redujo %E y VE de *L. rigidum*, pero no de *L. multiflorum* y avena. Por tanto, *L. rigidum* es sensible a compuestos alelopáticos liberados al suelo por la biomasa de espino. La altura de las especies diana no fue afectada por la biomasa de espino. No se observó efecto legado por la biomasa y extracto de espino. Nuestros resultados indican la posibilidad de utilizar biomasa de espino como bioherbicida de preemergencia en cultivos de avena, siendo efectivo contra *L. rigidum* y seguro para la especie de cultivo. Además, supondría una alternativa sostenible al empleo de herbicidas sintéticos y una forma de compensar el gasto requerido en la eliminación de esta invasora.

Proyecto Fondecyt-Conicyt 3180289 (Chile) y ayuda a grupos Universidad Complutense de Madrid (UCM)



12. Assessment of intestinal parasites in the coexisting *Bombus terrestris* (Apidae) and *Xylocopa augusti* (Apidae) in central Chile (Detección de parásitos intestinales en *Bombus terrestris* (Apidae) y *Xylocopa augusti* (Apidae) en Chile Central mediante técnicas moleculares).

Kiara Fernández Loyola¹, Jennifer Alcaíno Gorman¹, Dionisia Sepúlveda², Rodrigo Medel Contreras¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Centro de Biotecnología, Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

Bombus terrestris es un abejorro comercializado a nivel mundial para la polinización de cultivos. En Chile fue introducido en el año 1997 y después del escape de las colonias de los cultivos se estableció en el extremo sur del país y en la Patagonia Argentina. La abeja carpintera *Xylocopa augusti*, a su vez, se ha establecido recientemente en Chile Central, y como *B. terrestris*, esta especie se ha vuelto cada vez más común y a menudo se encuentra en simpatria con *B. terrestris* en algunas localidades. Si bien los parásitos intestinales que afectan al género *Bombus*, como *Apicystis bombi*, *Crithidia bombi* y *Nosema bombi*, son patógenos exclusivos del género, se sabe que los parásitos a menudo aumentan su rango de hospederos, especialmente después de invadir nuevos hábitats, creando así nuevos escenarios de enfermedades infecciosas. En este trabajo, se evaluó la presencia de parásitos intestinales mediante técnicas moleculares en *B. terrestris* y en *X. augusti* colectados en diferentes localidades de la Región Metropolitana. Los resultados revelaron la presencia de los 3 parásitos estudiados sólo en *B. terrestris*, con prevalencias de infección similares a la reportadas en otros estudios. La abeja carpintera *X. augusti* no mostró evidencia de infección por los parásitos que afectan a *B. terrestris*, indicando que esta especie no ha sido incluida como un nuevo hospedero de los parásitos examinados.

Proyecto FONDECYT Nro. 1180850



13. Isolation And Evaluation Of The Development Of *Mycosphaerella Fijiensis* Morelet, Collected In The Center And Border Of A Planting Of *Musa* Sp. *Aaa* (Aislamiento Y Evaluación Del Desarrollo De Micelios De *Mycosphaerella Fijiensis* Morelet, Provenientes Del Centro Y Lindero De Una Plantación De *Musa* Sp. *Aaa*).

Yimabel Jacqueline Lalangui Paucar¹, Abrahan Rodolfo Cervantes Alava², Adriana Beatriz Sánchez Urdaneta³, Ciolys Beatriz Colmenares de Ortega³, Edwin Edison Jaramillo Aguilar²

(1) Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Biológicas, Iquique N14-121 y Sodiro -Itchimbia, Sector El Dorado, Quito, Ecuador

(2) Universidad Técnica de Machala, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Km.5 1/2 Via Machala Pasaje, Machala, Ecuador

(3) Universidad del Zulia, Facultad de Agronomía, Av. 16 (Guajira) con calle 67B, Maracaibo, Venezuela

En el estudio se evaluaron tres medios de desinfección para obtener cultivos in vitro de *M. fijiensis*, a partir de muestras de hojas de banano (*Musa* sp. AAA), recolectadas en el centro, codificado como bajo impacto (BI) y lindero o alto impacto (AI), de una bananera, Hacienda El Playón, cantón Pasaje, provincia de El Oro. Para la descarga de ascosporas, en el laboratorio se realizaron cortes de hojas de 7 x 7 cm con síntomas de SN (Sigatoka negra) estadio de mancha 5 y 6; posteriormente se colocaron dentro de contenedores plásticos con capacidad de 500 mL e incubaron por 72 horas. La siembra se realizó en medio de cultivo papa-dextrosa-agar (PDA) en cajas de Petri, con evaluaciones a 7, 14 y 21 dds, a una temperatura promedio de $27^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$. El diseño experimental fue totalmente al azar, con seis tratamientos y tres repeticiones. A los 7 días después de la siembra, los tratamientos T1 al T4 no fueron diferentes estadísticamente, sin embargo se evidenció que a mayor tiempo de inmersión en medio de desinfección (etanol 70% + hipoclorito de sodio al 1%), generó menor porcentaje de crecimiento micelial (48,33% tanto para T3L como para T4C), mientras que para T1L y T2C los valores fueron de 56,67 y 61,67; respectivamente. Por el contrario, el medio de desinfección (agua destilada estéril) T5L y T6C presentaron los valores más altos (83,33% para ambos tratamientos). Esto evidenció que el agua destilada estéril es suficiente en el proceso de asepsia.



14. Aporte potencial de la comunidad bacteriana de *Peltigera frigida* a la simbiosis líquénica correlación al ciclado de nitrógeno, fósforo y azufre.

Claudio Valenzuela Reyes¹, Diego Leiva Cáceres¹, Margarita Caru¹, Julieta Orlando¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

Un líquen se define como la simbiosis mutualista entre un hongo y al menos un fotobionte. Sin embargo, en el último tiempo se ha propuesto que otros microorganismos presentes en el taloliquénico, en especial bacterias, también formarían parte activa de esta simbiosis. Se ha sugerido que ellas participan en la obtención de nutrientes y la protección frente a patógenos, entre otras funciones. En este trabajo estudiamos el posible aporte a la simbiosis líquénica de las bacterias asociadas al cianolíquén *Peltigera frigida*, enfocándonos en los ciclos del nitrógeno, fósforo y azufre. Para esto, recolectamos 10 muestras de líquenes y sus sustratos adyacentes en la Reserva Nacional Coyhaique, Región de Aysén, Chile. Para cada una de estas muestras secuenciamos el marcador molecular 16S, con primers que excluyen cianobacterias, mediante secuenciación masiva Illumina MiSeq. Estas secuencias se analizaron utilizando el programa bioinformático PICRUSt2 para inferir las funciones potenciales de las comunidades bacterianas tanto de líquen como de sustrato. Los resultados sugieren que estas bacterias pueden aportar a la simbiosis líquénica nutrientes, degradando compuestos orgánicos de nitrógeno y fósforo, en las partes viejas del talo, y con la obtención de fósforo y azufre desde las principales formas inorgánicas de estos elementos en el suelo. Además, sus funciones se asocian a la degradación de compuestos nitrogenados tóxicos que pueden inhibir la fotosíntesis y compuestos sulfurados contaminantes. En conclusión, inferimos que la microbiota asociada a líquenes *P. frigida* sería relevante en el ciclado de nutrientes y la eliminación de compuestos tóxicos.



15. Mutagenesis by NTG for the identification of new elements that participate in the regulatory pathway of SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein) of *Xanthophyllomyces dendrorhous*. (Mutagénesis mediante NTG para la identificación de nuevos elementos que participen en la ruta de regulación de SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein) de *Xanthophyllomyces dendrorhous*.)

Maximiliano Alberto Venegas Ruiz¹, Esteban Abarca¹, Salvador Barahona¹, Dionisia Sepúlveda¹, Marcelo Baeza¹, Víctor Cifuentes¹, Jennifer Alcaíno¹

(1) Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura basidiomicete que produce carotenoides, principalmente astaxantina, que destaca por su interés biotecnológico. La síntesis de carotenoides y de esteroides comparten los mismos precursores y antecedentes sugieren que ambas rutas estarían reguladas por la vía SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein). Esta ruta se encuentra parcialmente descrita en *X. dendrorhous* donde se han descrito dos genes : SRE1 y STP1, que codifican el factor de transcripción Sre1 y la proteasa Stp1 activadora de Sre1, respectivamente. En trabajos anteriores se diseñó y realizó un método de selección de mutantes de la vía SREBP mediante mutagénesis con NTG utilizando una cepa sobreproductora de carotenoides de la levadura debido a que posee la vía SREBP activa. Como resultado, se seleccionaron 28 mutantes con pigmentación silvestre y sensibles a azoles. Luego, los genes SRE1 y STP1 fueron secuenciados en estos mutantes, y nueve de ellos presentaron mutaciones en estos genes por lo cual fueron descartados para los posteriores análisis. Los 19 mutantes restantes sumado a 1 mutante obtenido de una mutagénesis anterior, posiblemente sean mutantes de genes de componentes de la vía SREBP aun no descritos, por lo cual fueron secuenciados mediante WGS y analizados mediante "SNPs callers". Se identificaron 7661 SNPs de los cuales aproximadamente el 50% fueron en regiones CDS y el 82% de estos polimorfismos fueron del tipo transiciones. El paso siguiente contempla identificar bioinformáticamente a él/los posible/s responsable/s del fenotipo producido en cada una de estas cepas y validar esta identificación.

FONDECYT 1160202, Beca de la fundación María Ghilardi Venegas.



16. Caracterización de parámetros fisicoquímicos y biológicos de mieles sometidas a radiación gamma como método de control de enfermedades apícolas.

Enrique Mejías Barrios¹, Ethel Velasquez Opazo¹, Jorge Mendoza Crisosto², Tatiana Garrido Reyes²

(1) Comisión Chilena de Energía Nuclear, Tecnologías Nucleares, División de Investigación y Tecnologías Nucleares, Nueva Bilbao 12501 - Las Condes, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Departamento de Química Inorgánica y Analítica, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santos Dumont 964 - Independencia, Santiago, Chile

En Chile se produce una amplia variedad de mieles con múltiples atributos biológicos debido a las especies melíferas distribuidas en todo el territorio. Sin embargo, en los últimos años la producción apícola ha enfrentado escenarios adversos, que han puesto en riesgo la salud de las abejas (*Apis mellifera*) y, por consiguiente, la viabilidad de las colmenas. Entre las principales problemáticas esta la aplicación de agroquímicos, efectos asociados al cambio climático y el aumento de enfermedades. La enfermedad de la Loque americana, provocada por *Paenibacillus larvae*, se encuentra entre las patologías más dañinas que afectan a las abejas debido a que existe la prohibición de tratamiento con antibióticos y por otro lado la alta resistencia de las esporas del agente causal. Por tal motivo, el tratamiento actual implica la eutanasia de los individuos y la destrucción completa de la colmena infectada mediante incineración, generando grandes pérdidas para la apicultura nacional. La irradiación de alimentos con radiación ionizante se utiliza actualmente para reducir la carga de microorganismos en alimentos, por lo cual la tecnología nuclear ofrece una interesante alternativa para controlar la enfermedad, al aplicarla en productos apícolas potencialmente contaminados con *Paenibacillus larvae*. En este trabajo, se presentan los resultados obtenidos al comparar los parámetros fisicoquímicos y perfil de compuestos descriptores de la calidad de mieles de distintos orígenes botánicos, antes y después de recibir diversas dosis de radiación gamma.

Financiado por Proyecto PAI – Inserción Sector Productivo PAI I7819010001



ÍNDICE

A

Abarca Esteban 75
Acevedo Francisca 16
Acuña Enzo 48
Alcaino Jennifer 38, 44, 45, 46, 72, 75
Alfaro Silva Andrea Alejandra 62
Almendras Katerin 20, 39
Altamirano Gómez Claudia 54
Álvarez Felipe 28
Álvarez Varas Rocío Esmeralda 10
Alviz-Gazitua Pablo 17
Angulo Jeremy 35
Arancibia Diaz Alejandra 54
Arias María Belén 19
Astudillo Castro Carolina 54
Ayala Espinoza Vanessa 17

B

Báez Matus Ximena 17
Baeza Marcelo 38, 44, 45, 46, 75
Barahona Salvador 38, 75
Barona Gómez Francisco 24
Barra Sanhueza Bárbara 17
Barrera Norma 59
Bassi Alejandro 59
Becerra José 42, 55
Beltrametti Fabrizio 50
Benítez Hugo A. 10
Bernal Duran Valentina 21
Betancourt Julio 25
Beys Da Walter O. 50
Bläser Marcel 13
Bozinovic Francisco 3
Brante Ramírez Antonio 63
Bravo Guillermo 17
Bravo Sayes Fernanda 70
Briones Rizo Marina 71

C

Cabrera Pardo Jaime 55, 42, 60
Cabrol Léa 22
Cámara Beatriz 49, 50
Cámara Herrera Beatriz Patricia 14
Campusano Sebastián 38, 44, 45, 46
Candia Herrera Bernardo 42, 55
Cárdenas Travie Leyla 63
Carreño Eriko 34
Carú Margarita 20, 74
Castillo Antonio 56
Castillo Nara Antonio 40, 57
Castro Nallar Eduardo 14
Cayunao Javiera De Los Angeles 56
Cervantes Alava Abraham Rodolfo 73
Chaparro Oscar 63
Chávez Renato 41
Chinga Chamorro Javiera Beatriz 11
Cifuentes Víctor 38, 44, 45, 46, 75
Colmenares De Ortega Ciolys Beatriz 73
Cominetti Roberto 24
Contreras Angel 67
Contreras Abarca Rocío 23
Coral Santacruz Diana Elizabeth 37
Corcoran Barrios Derek 24
Correa Araneda Francisco 34
Cortés Cortés Manuel Enrique 62
Cottet Luis 56
Cumsille Andrés 14, 49

D

De Los Ríos Escalante Patricio 31, 34, 67
Díaz Anaí 41
Dorador Ortiz Cristina Inés 5
Dorochesi Flavia 17
Durán Roberto E. 17



ÍNDICE

E

Elfekih Samia 19
Encina Francisco 34
Esquerré Damien 10
Esse Carlos 34, 67
Estrada Jorge 59

F

Fajardo Javier 24
Farías Avendaño Jorge 9, 31
Fernández Loyola Kiara 72
Figueroa Cabrera Alvaro 63
Figueroa Villalobos Elías 7, 8, 9
Folch Paiva Carolina Verónica 47
Fuentealba Jorge 55, 60

G

G. Farias Jorge 8
García María De Los Angeles 52
Garrido Reyes Tatiana 76
Gavilan Javiera 60
Gerard Karin 21
Gianoli Ernesto 26
Gleitze Silvia 53
Godoy Pamela 60
Gómez Ríos Melissa 38
González Myriam 17
González Fuenzalida Valentina Alejandra 50
González Iturriaga Felipe 40, 57
González Pinilla Francisco Javier 25
González Wevar Claudio 21
Greiz Audrey Alejandra 32, 64, 65, 70
Gutiérrez María Soledad 38

H

Hartle Mougiou Katherine 19
Haye Pilar A. 33, 37, 48, 61, 66
Hernández Lisette 17
Herrera Marco 42
Herrero Méndez Asier 26
Hidalgo Cecilia 53
Houston John 25

I

Ibáñez Arancibia Eliana 31
Inostroza Alejandro 55

J

Jaramillo Aguilar Edwin Edison 73
Jiménez Restrepo Diana 69

K

Kaune Heidy 30

L

Lagos Marcelo E. 27
Lalangui Paucar Yimabel Jacqueline 73
Lanas Fernando 35
Lara Gladys 67
Latorre Claudio 25
Latorre Guzmán Bernardo 40, 57
Latsague Mirtha 67
Leiva Cáceres Diego 20, 74
Liza Carmen R. 61, 66



ÍNDICE

M

Macaya Constanza C. 17
Mahn Osses Andrea 40, 57
Maldonado Antonio 25
Maldonado Karin 28
Maliqueo Manuel 30
Marquet Pablo 24
Martínez González Ingrid 36
Martínez Moya Consuelo Del Pilar 44, 45, 46
Medel Contreras Rodrigo 72
Medina Villar Silvia 26, 71
Mejías Barrios Enrique 76
Méndez Valentina 17
Méndez Rojas Claudio 58
Mendoza Crisosto Jorge 76
Miranda Cerna Camila Del Carmen 63
Molina María Gabriela 64
Montanares Mariana 41
Montiel Juan F. 30
Moya Ulloa Alvaro 40, 57
Muñoz Manuel Andrés 36, 47
Muñoz Yasna 30
Muñoz Ramírez Carlos Patricio 12

N

Naretto Javier 21
Navarrete Parra Lucas 28
Navia Rodrigo 16
Nespolo Roberto 28

O

Oberti Burgos Romina 65
Obreque Ignacio 35
Ocampo Garcés Adrián Pedro 59
Oliva Vicente 41
Opazo Andrés 55
Orellana Roberto 17
Orlando Julieta 20, 22, 39, 74
Otárola Fabiola 29

P

Páez Isis 35
Paiva Maldonado Luis 9
Palma Diego 41
Palma Verónica 29
Panés Jessica 60
Paula Lima Andrea 53
Peña Villalobos Isaac 28, 29
Peñaranda Diego A. 23
Pérez Claudia 42, 60
Pérez Yosbany 20
Pérez Corona M. Esther 26, 71
Pérez Pantoja Danilo 15
Pérez Trautmann María Fernanda 11
Pessoa Mahana Hernán 58
Pezoa Matías 20
Poulin Elie 21, 22
Prado Yalena 35
Predel Reinhard 13

Q

Quade Jay 25

R

R. Vázquez De Aldana Beatriz 26
Ragionieri Lapo 13
Rajchenberg Mario 42
Ramírez Katherine A. G. 48
Ramírez Oscar 60
Recabal Antonia 52
Reyes Fernando 49
Riesgo Ana 19
Riginos Cynthia 10
Riquelme Cristian 42, 55
Risopatron Jennie 8,9
Rocuant M. Ignacia 25
Rodríguez Castro Laura 17
Rojas Maisa 25
Romero Gamba Violeta 32
Ruiz Doris 42



ÍNDICE

S

Saavedra Kathleen 35
Saavedra Nicolás 35
Sabat Pablo 29
Sabat Kirkwood Pablo 28
Saéz Juan C. 52
Salazar Luis A. 35
Salazar Tapia Felipe 17
Sánchez Gina 53
Sánchez Urdaneta Adriana Beatriz 73
Sanhuesa Claudia 16
Santi Lucélia 50
Santis Cortés Patricio 17
Santoro Calogero 25
Santos Manuel 4
Saucède Thomas 21
Schwob Guillaume Pierre Julien 22
Seeger Pfeiffer Michael 16, 17, 51
Segovia Nicolás 21, 22, 33, 37, 48
Sepúlveda Dionisia 38, 44, 45, 46, 72, 75
Sepúlveda Mario 51
Simonetti Javier A. 23
Soto Carmen 54
Soto Constanza 20
Stotz Wolfgang 61, 66

T

Taboada Sergi 19
Torres Benítez Alfredo 68, 69
Trigo Carla 56
Turón Xavier 33

U

Ubilla Carmen Gloria 35
Undabarrena Canusso Agustina 14
Urbina Foneron Mauricio A. 27
Uribe Gallegos Marco Antonio 36, 47
Urrea Florián Simón 68

V

Vaca Inmaculada 41
Valdebenito Iván 8, 9
Valencia Pedro 50
Valencia Ricardo 14
Valenzuela Reyes Claudio 74
Vargas Straube María José 50
Veas Karla 20, 39
Vega Felipe 41
Vega Celedón Paulina 51
Velásquez Opazo Ethel 76
Véliz David 10
Venegas Ruiz Maximiliano Alberto 75
Vergara Castro Mauricio 54
Verschae José 24
Vianna Juliana A. 10
Villa Navarro Francisco 69
Villanueva Pablo 41
Vogler Alfried P. 19

W

Wendt Serra Aline 55, 60
Woolery Matt 49

Z

Zamora Leonardo 14
Zaviezo Tania 32
Zaviezo Palacios Tania 64, 65
Zuñiga Hansen María Elvira 54
Zúñiga - Reinoso Alvaro 13



AUSPICIADORES



