



SOCIEDAD
DE BIOLOGIA
DE CHILE
desde 1928

LIBRO DE RESÚMENES

LXVI

Reunión Anual Sociedad de Biología de Chile

 **13 al 15 de Diciembre 2023**

 **Valparaíso, Universidad Técnica
Federico Santa María**

Auspiciadores: 

 **GENE PRESS**
Life Science Business

FUNDACION CHILENA
PARA BIOLOGIA CELULAR



UNIVERSIDAD TECNICA
FEDERICO SANTA MARIA



LXVI

Reunión Anual Sociedad de Biología de Chile

Universidad Técnica Federico Santa María
Valparaíso, 13, 14 y 15 de diciembre 2023

Auspiciadores:

TCLGroup

GENEIPRESS
Life Science Business

FUNDACION CHILENA
PARA BIOLOGIA CELULAR



UNIVERSIDAD TECNICA
FEDERICO SANTA MARIA



FACULTAD DE
CIENCIAS
UNIVERSIDAD DE CHILE



PONTIFICIA
UNIVERSIDAD
CATOLICA
DE CHILE

CONFERENCIA INAUGURAL Dr. Herman Niemeyer

EL CEREBRO PROFUNDO

Francisco Aboitiz, Facultad de Medicina, P. Universidad Católica de Chile

En humanos, el estudio de la actividad neuronal ha estado en gran medida limitado a los análisis electroencefalográficos y hemodinámicos, que poseen la desventaja de ser medidas indirectas de los procesos cerebrales. Una nueva herramienta que está en desarrollo es la electrofisiología intracraneana, que permite registrar la actividad de neuronas directamente en la superficie cortical o en zonas profundas del cerebro en pacientes sometidos a neurocirugía. En colaboración con el grupo de epilepsia de la Universidad Católica, estamos investigando con esta técnica el rol de la actividad en reposo del cerebro humano, la cual ha sido objeto de gran atención científica en los últimos años. La actividad en reposo está involucrada en la mayor parte de nuestros procesos mentales, y es de gran importancia en la generación de distintos trastornos neuropsiquiátricos. Discutiremos estos estudios y sus posibles proyecciones hacia estrategias terapéuticas incluyendo interfaces cerebro-máquina.

CONFERENCIA

El decaimiento de plantas leñosas causado por especies de la Botryosphaeriaceae

Ximena Alejandra Besoain Canales , Vicerrectora de Investigación, P. Universidad Católica de Valparaíso

Durante los últimos 20 años se ha generado un alto impacto asociado a decaimiento y muerte en especies leñosas, especialmente en frutales, árboles forestales y ornamentales. Este problema está asociado al cambio climático, en áreas donde la sequía ha impactado por ser cada vez más prolongadas e intensas, lo que implica que especies que poseen hábito endófito en los árboles a floren como patógenos, los que a su vez poseen la facilidad de dispersarse en períodos de lluvias. Considerando que Chile posee en su zona central un clima Mediterráneo con estación seca prolongada es la condición ideal para que a floren especies de la familia Botryosphaeriaceae. Este tipo de patógenos asociados a enfermedades de la madera, poseen la habilidad de colonizar tejido cortical y vascular en las plantas, por tal motivo terminan causando en unos pocos años la muerte de las plantas. En nuestro país esta familia afecta a vides, *Prunus*, pomáceas, nogal, lo que se ha traducido en importantes pérdidas económicas en estas especies frutales. Afecta a árboles forestales como pino y eucalipto, y a la especie originaria de Chile y Argentina, *Araucaria araucana*, entre muchas otras especies. En esta conferencia se hará referencia a la etiología, nomenclatura y taxonomía, epidemiología y estrategias de control asociadas a las enfermedades causadas por la familia Botryosphaeriaceae, la que incluye especies de los géneros *Diplodia*, *Neofusicoccum*, *Dothiorella* y *Spencermartinsia*

CONFERENCIA

A highly rugged yet easily navigable adaptive landscape of antibiotic resistance

Andreas Wagner¹ (1) University of Zurich, Department of Evolutionary Biology and Environmental Studies

The adaptive landscape is an iconic metaphor in evolutionary biology. It is an analogy to a physical landscape, in which each spatial location corresponds to an organism's genotype. The elevation at each location corresponds to the organism's fitness. Evolving populations of organisms explore such a landscape, whose highest peaks correspond to the best-adapted organisms. Theory predicts that finding such peaks can be extremely challenging if the landscape is rugged and harbors many suboptimal local peaks. Until recently pertinent empirical evidence was completely lacking. We performed an experiment in which we used Crispr-Cas genome editing to create more than 260'000 genotypic variants of the *E.coli* enzyme dihydrofolate reductase (DHFR), which is involved in resistance against the antibiotic trimethoprim. We measured the fitness of all these variants, which allowed us to map the landscape of antibiotic resistance. This landscape is highly rugged, with more than 500 peaks of mostly low fitness. At the same time, it is also highly navigable. That is, many fitness increasing mutational paths exist to high fitness peaks. The majority of adaptive random walks starting from random genotypes lead to high fitness peaks in few steps. In addition, high fitness peaks have large basins of attractions, and the basins of attractions of different peaks overlap to a large extent. Thus, different adaptive walks starting from the same genotype may lead to different high fitness peaks. Our experiments show that ruggedness need not impair the exploration of an adaptive landscape. However, it reduces the predictability of evolution.

CONFERENCIA A LA COMUNIDAD LOCAL

Arcaísmo y relictualidad de la flora leñosa de la “Provincia Chilena”: Significado biogeográfico-patrimonial e importancia de su cuidado**Carolina Elvira Villagrán Moraga¹, Felipe Hinojosa²**

(1) Depto. Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

(2) Depto. Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile

Chile Central exhibe una singular mezcla de componentes biogeográficos, carácter reconocido en la “Provincia Chilena”, del Dominio Andino-Patagónico. Regionalizaciones filogenéticas globales corroboran a Chile Central como una interfase o límite entre dos grandes biotas globales de raíz Gondwánica, denominadas Austral y Holotropical. Usando evidencia filogenética y registro fósil, el objetivo de esta presentación es examinar taxa esclerófilos pertenecientes a estos dos componentes biogeográficos, cuyas actuales disyunciones abarcan el Paleógeno y el Neógeno.

El aislamiento geográfico, asociado a la ruptura del Gondwana Occidental durante el Paleógeno, se ejemplifica con *Drimys*, *Aextoxicon* y *Gayella*. El componente Neotropical diferenciado durante el Neógeno, se ilustra con *Myrceugenia*, *Azara* y *Jubaea*, hoy disyuntos con el este de los Andes. Para finales del Neógeno, a través de los casos de *Archidasyphyllum*, *Porlieria* y *Vasconcellea*, se considera la radiación de leñosas del Elemento Neotropical xérico vinculado al levantamiento andino y desarrollo del Desierto de Atacama. Finalmente, se discute el rol de las glaciaciones del Pleistoceno en los cambios de distribución de la flora de Chile Central, con la expansión de taxa austral-antárticos hacia latitudes menores, particularmente *Nothofagus* y Coníferas.

Se concluye que el cuidado de los bosque subtropicales de Chile Central es prioritario, no solamente por su precario estado de conservación, sino también por el valor evolutivo-biogeográfico de su flora. Se subraya la singularidad de la flora esclerófila de la “Provincia Chilena” y la complejidad de los factores tectónico-climáticos del Cenozoico que han modulado la historia de sus dos componentes principales, los elementos Austral-antártico y Neotropical.

**Conversatorio con motivo del 145 Aniversario del Museo de Historia Natural de Valparaíso:
Historia Natural: Como Conservar, innovar e investigar**

Coordinador: Dr. Enrique Rodríguez

Colecciones Biológicas como Reserva de Biodiversidad: caso colecciones de aves del Museo de Historia Natural de Valparaíso.

Sergio Quiroz Jara¹

Director, Museo Nacional de Historia Natural de Valparaíso, Valparaíso

El Museo de Historia Natural de Valparaíso, es una institución estatal con 145 años, siendo el segundo museo más antiguo de Chile. Resguarda en sus depósitos más de 80.000 piezas de colección, de las cuales el 80% corresponden a colecciones biológicas.

Desde sus orígenes en 1879, el museo ha tenido como objetivo representar e investigar la biodiversidad de la Región de Valparaíso, es así que previo al Gran terremoto de 1906 el museo tenía una representatividad zoológica y botánica con más de 8.000 piezas, liderado por el Dr. Carlos Porter, el equipo del museo centro sus esfuerzos en estudios sistemáticos y morfométricos. Todas esas colectas finalmente conformaron los gabinetes naturalista, que día a día los visitantes e interesados podían apreciar en las salas de exhibición. Lamentablemente el 16 de agosto de 1906, el terremoto grado 9, destruye las salas de museo, generando una gran pérdida.

En 1912 comienza una nueva etapa, ya en la dirección de John Juger, el museo incrementa sus colecciones, en especial las de aves de la región de Valparaíso, a cargo del taxidermista sr. José Carpeneto, se conforma la primera colección ornitológica, que en 41 años (1927-1968) de trabajo pudo representar más del 81% de las especies de la región. Dicha colección, más las antecesoras conforman una reserva biológica muy importante, ya que siendo centenarias, presentan condiciones morfométricas y de ADN, previo a los cambios climáticos que hoy vivimos, por lo esta hipótesis queda disponible para científicas y científicos puedan usar como elementos de estudio las colecciones.

Las colecciones biológicas dispuestas en los museos, son considerados referentes, ya que muchas de ellas, que fueron colectadas en alguna zona en particular, hoy por las modificaciones y los impactos antrópicos ya no se encuentran.

Hoy el museo se encuentra trabajando en el programa de reinventario, organizando todas sus colecciones, trabajando en pro de una política de colecciones biológicas de Chile, como de dar valor y evidencia a través de publicaciones en nuestra Revista científica Anales del Museo.

Relevancia de las colecciones biológicas como herramienta de la investigación integrativa

Laura Tavera Martínez^{1,2}, Carolina Cuevas Cerda¹, Enrique Rodríguez-Serrano³

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

(2) Universidad de Concepción, Investigadora postdoctoral, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Casilla 160-C, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Laboratorio de Mastozoología, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Casilla 160-C, Concepción, Chile

Las colecciones biológicas son los repositorios más importantes de la biodiversidad reciente y pasada, siendo estos una fuente primaria del conocimiento para indagar en una amplia gama de áreas en la biología y ecología. Históricamente, las colecciones estaban conformadas únicamente por el ejemplar físico, no obstante, en los últimos años las colecciones han incursionado en la digitalización de toda la información asociada al ejemplar. Lo que ha permitido explorar nuevas áreas de la investigación biológica integrativa, donde los datos obtenidos de un único ejemplar pueden analizarse de diversas formas, extrayendo información morfológica, genética, ecológica, evolutiva y biogeográfica, lo cual es conocido como el registro del espécimen extendido. Esto contribuye al análisis de problemáticas globales como el cambio climático y los efectos en la biodiversidad a escalas espaciales y temporales. Actualmente, El Museo de Zoología de la Universidad de Concepción, resguarda y preserva el patrimonio zoológico más importante de Chile, albergando un total de ochocientos mil ejemplares distribuidos en veinte colecciones. Provee información física y digital de la biodiversidad local y regional, con estándares globales que facilitan la interpretación de los datos y el intercambio de información en un mismo lenguaje, siendo de fácil acceso para la comunidad. Lo cual fomenta la valoración de la biodiversidad y el desarrollo del conocimiento en áreas como la ecología, evolución y la conservación, junto con el estudio del impacto del cambio climático en la biodiversidad. Por tanto, el Museo de Zoología pretende convertirse en un referente mundial de colecciones biológicas, siendo un proveedor de gran cantidad de datos abiertos de biodiversidad marina y terrestre, potenciando el vínculo con el desarrollo de la investigación y participando en redes colaborativas interinstitucionales a nivel nacional e internacional. Lo que contribuirá en la toma de decisiones políticas en el ámbito de la conservación.

Museo Nacional de Historia Natural sus colecciones, énfasis Botánica**Gloria Isabel Rojas Villegas¹**

(1) Museo Nacional de Historia Natural, Botánica, Interior Parque Quinta Normal, Santiago, Chile

El Museo fue fundado el 14 de septiembre de 1830 por el naturalista francés Claude Gay, quién fue contratado por el gobierno de Chile para realizar un estudio sobre Chile y “... formar un gabinete de Historia Natural, que contenga vegetales, animales y minerales del territorio”. Después de Gay, quién regresa a Francia en 1842, la investigación y recolección de material fue realizada principalmente de forma ad-honorem por varios años y fue un período en el que se sucedieron varios directores, entre 1853 y 1897 asume como director Rudolph Amandus Philippi.

En 1889 por Decreto del Supremo Gobierno, se dictó el Reglamento del Museo Nacional de Chile, nombrando personal de planta y creando áreas, a fines de siglo diecinueve el Museo ya contaba con los jefes de secciones de Zoología, Botánica y Mineralogía, más un preparador, un disector, un mayordomo y dos porteros. La sección de Antropología fue creada en 1915, por el Director Eduardo Moore, muy posteriormente las áreas actuales Zoología de Invertebrados, Entomología y Paleontología. El herbario SGO o el herbario Nacional, a partir de entonces hace un exponencial crecimiento, mientras fue prioritario para el gobierno conocer los recursos naturales de los que disponía el país, financiando expediciones al norte, sur, se incluyeron las islas. En 1908 aparece el primer volumen del Boletín del Museo Nacional, en donde son publicadas hasta el día de hoy parte de las investigaciones que se realizan en el MNHN. El museo ha tenido momentos en que el número de Investigadores ha sido de 20, sin embargo, en la actualidad ha bajado a 11.

El Herbario SGO cuenta con colección de Algas marinas, Hongos, Líquenes, Briofitas, Helechos, Vasculares nativas, y vasculares exóticas, su número de ejemplares es alrededor de 180000.

Financing: Estatal

**Actividad de extensión didácticas a colegios
promover el conocimiento, valoración e importancia de las comunidades de briofitos y hongos
liquenizados**

Coordinador: Dr. Alfredo Torres Benitez

Hongos liquenizados: pequeños pero importantes en este mundo cambiante

Anastasia Vidal Tarraza¹, Catalina Marchant Solar¹, Josefina Paz Carranza Recabal¹, **Alfredo Torres-Benítez²**

(1) Universidad Austral de Chile, Licenciatura en ciencias mención Biología, Facultad de Ciencias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Instituto de Farmacia, Facultad de Ciencias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

Los hongos liquenizados o comúnmente llamados líquenes son una asociación simbiótica formada por la interacción entre un organismo fotosintético (alga o cianobacteria), un hongo ascomiceto o basidiomiceto, y la asociación de un microbioma; debido a su estrategia ecológica de simbiosis pueden encontrarse en una variedad de ambientes, desde desiertos hasta selvas húmedas y páramos, e incluso en ecosistemas acuáticos. Estos organismos pueden desarrollarse sobre diferentes sustratos, entre ellos corteza, roca, suelo, hojas, pero gran parte del agua y los nutrientes son tomados directamente de la atmósfera. Presentan diferentes formas de crecimiento que representan adaptaciones a los hábitats que ocupan: crustáceas, placodioides, escumulosas, foliáceos y fruticulosos. Su fisiología general, resultado de las características de los simbiosistas, han permitido reconocerlos como indicadores de la calidad ambiental, debido a su alta sensibilidad a los cambios en los componentes atmosféricos, que afectan su crecimiento, abundancia, distribución y vitalidad. Además, son productores de compuestos químicos de naturaleza aromática que poseen actividades biológicas de tipo antioxidante, antiinflamatorio, anticancerígeno, antimutagénico, antifúngico, entre otras, y constituyen recursos de importancia médica y farmacológica para el tratamiento de enfermedades. Sin embargo, existe en gran medida el desconocimiento del valor ecológico de los líquenes, por lo cual, a través de una exposición didáctica y la presentación de muestras biológicas, se pretende impactar positivamente a estudiantes de educación secundaria, así como motivar y despertar el interés juvenil hacia la investigación, difusión y conservación.

Financing: Financiamiento: Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia.

El invisible mundo de las briófitas, las primeras pobladoras de la tierra

Anastasia Vidal Tarraza¹, Catalina Marchant Solar¹, Josefina Paz Carranza Recabal¹, Alfredo Torres-Benítez²

(1) Universidad Austral de Chile, Licenciatura en ciencias mención Biología, Facultad de Ciencias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Instituto de Farmacia, Facultad de Ciencias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

Briófitas es el nombre informal que se le da a un grupo de pequeñas plantas terrestres primitivas, incluye 3 divisiones: División Bryophyta, la cual es representada por los musgos; División Marchantiophyta, representada por las hepáticas y División Anthocerotophyta, representada por los antocerotes. Aunque su tamaño y apariencia pueden ser modestos en comparación con las plantas vasculares más desarrolladas, las briófitas desempeñan un papel crucial en los ecosistemas y son evolutivamente fundamentales para comprender la colonización de ambientes terrestres hace aproximadamente 420 Ma, cuando estas pequeñas plantas colonizaron la tierra, allanando el camino para la eventual aparición de plantas más complejas. Las briófitas carecen de raíces, de hojas verdaderas y de tejidos vasculares especializados, como xilema y floema, en cambio, obtienen agua y nutrientes directamente a través de sus células, lo que limita su tamaño y hábitats, suelen poblar ambientes húmedos en donde son capaces de cumplir sus procesos reproductivos y de obtención de nutrientes y agua, aunque no están estrictamente confinadas a estos ambientes. Su ciclo de vida muestra una alternancia de generaciones entre una etapa gametofítica dominante y fotoautótrofa (haploide) y una esporofítica (diploide). Se debe destacar la relevancia ecológica de las briófitas, estas plantas contribuyen a la retención de agua y suelo, previniendo la erosión en áreas frágiles, además, sirven como hábitats esenciales para microorganismos y pequeños animales, fomentando la biodiversidad. Por tanto, es importante cultivar en la sociedad la comprensión y conservación de estas plantas que actualmente son afectadas por la degradación de sus hábitats naturales.

Financing: Financiación: Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia.

SIMPOSIOS

Inmunidad de Organismos Acuáticos cultivados en Chile

Coordinador: Dr. Luis Mercado

Peces, poiquiloteria e infestación: Descifrando el mecanismo estacional de respuesta del epitelio de la piel del salmón del Atlántico (*Salmo salar*) infestado con caligus (*Caligus rogercresseyi*; piojo de mar) en granjas de cultivo marino

Felipe E. Reyes-Lopez¹, Mabel Vidal^{1,2}, Merari Goldstein¹, María J. Santillán-Araneda¹, Andrea Cerda-Celis¹, Eva Vallejos-Vidal^{1,3}

(1) Universidad de Santiago de Chile, Fish health and integrative physiogenomics research team, Centro de Biotecnología Acuícola, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, Edificio Eduardo Morales Santos, Piso 3, 9170002 Estación Central, Santiago, Chile

(2) Universidad San Sebastián, Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Lientur 1457, 4080871, Concepción, Chile

(3) Universidad De Las Américas, Núcleo de Investigación Aplicada en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Walker Martínez 1360, Piso 3, 8250122 La Florida, Santiago, Chile

Los peces son organismos poiquilotérmicos cuyas funciones fisiológicas dependen de la temperatura del medioambiente. Contradictoriamente, la mayoría de los estudios han evaluado los mecanismos de respuesta frente a una variable de interés (agentes estresores; patógenos; otros) utilizando una única temperatura. En el contexto de cambio climático, el calentamiento de las aguas oceánicas acentúa la relevancia de estudios que consideren la temperatura y su efecto en la salud de los peces. En este estudio, evaluamos el transcriptoma de la mucosa epitelial de la piel en verano (temperatura máxima de la superficie del agua de mar) y otoño (temperatura media de rampa descendente entre la temperatura más alta y la temperatura más baja) de salmón del Atlántico infestado naturalmente con caligus en granjas de cultivo en los fiordos patagónicos de la Región de Aysén. Se realizó el muestreo en dos estaciones diferentes: verano (10 semanas después de la transferencia al mar) y otoño (23 semanas después de la transferencia al mar). Para el análisis transcriptómico (RNA-Seq), el ARN total se obtuvo del tejido epitelial de la piel. Utilizamos una estrategia de agrupación para el grupo de peces infestados y no infestados ($n = 3$ grupos por condición; $n = 5$ peces por grupo). Los resultados muestran un perfil de expresión diferente entre fenotipos (infestados; no infestados) y estaciones del año (verano; otoño). Nuestro estudio refuerza la idea del desarrollo de esfuerzos conducentes a la comprensión de los mecanismos de respuesta diferencial en peces desde una perspectiva dependiente de la temperatura.

Financing: Fondecyt (1211841; 11221308) y DICYT-USACH (082344RL_Postdoc; 082344RL_Ayudante)

Bases moleculares de la inmunidad de ostiones y su participación en la resistencia a enfermedades en acuicultura

Paulina Schmitt¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

Los ostiones, moluscos bivalvos marinos, son cultivados globalmente ya que son una fuente de proteína de alta calidad para el consumo humano, a bajo costo. Como organismos filtradores, están continuamente expuestos a gran cantidad de microorganismos del entorno acuático, algunos de ellos patógenos. En consecuencia, se ha reportado altas tasas de mortalidad de ostiones, incluyendo la especie de importancia económica para Chile, *Argopecten purpuratus*. Estos eventos han motivado el estudio de su respuesta inmune y de su participación en la resistencia a infecciones. Nuestro trabajo se ha enfocado en obtener una visión integral de (i) el componente genético asociado a la resistencia del ostión a un *Vibrio* patógeno, (ii) los factores que desempeñan un papel esencial en la respuesta inmune del ostión ante la infección, y (iii) los mecanismos moleculares que subyacen al proceso infeccioso de *Vibrio* en *A. purpuratus*. Hemos demostrado la existencia de una base genética en la resistencia de larvas de ostión a la vibriosis, relacionada con un metabolismo energético eficiente y a la inmunocompetencia. Dotados con una respuesta inmune exclusivamente de tipo innata, la expresión temprana de genes efectores inmunitarios, así como la expresión de genes relacionados con el reconocimiento y con mecanismos antimicrobianos, son determinantes clave de la resistencia. Finalmente, hemos identificado diversos efectores inmunes que previenen la colonización patógena y controlan la proliferación de la microbiota asociada. Nuestros hallazgos contribuyen al conocimiento de las bases moleculares de la resistencia de los ostiones a enfermedades, útiles para mejorar la sustentabilidad de la industria acuícola.

Financing: FONDECYT 1200129

¿Qué hemos aprendido de la respuesta inmune adaptativa mediada por linfocitos en los peces salmónidos?

Monica Imarai Bahamonde¹

(1) Laboratorio de Inmunología, Centro de Biotecnología Acuícola, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología., Universidad de Santiago de Chile, Av. Bernardo O'Higgins, 3363, Santiago, Chile

Entender los mecanismos de respuesta inmune adaptativa en los peces ha sido un gran desafío que ha implicado deshacerse de paradigmas originados en los estudios en los mamíferos, utilizar métodos clásicos de estudio bioquímicos, celulares y genéticos y los análisis con tecnología de punta y desarrollar las propias herramientas de análisis. Los peces constituyen más de la mitad de las especies de vertebrados en el planeta y presentan una enorme diversidad morfológica, de hábitats y biológica, por lo que lo que aprendemos en unas especies no necesariamente aplica a otras. En los peces salmónidos, como la trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) y salmón del Atlántico (*Salmo salar*), la investigación ha llevado a configurar un modelo de respuesta adaptativa donde los linfocitos T juegan un rol clave. Así, se ha demostrado que el timo, que se localiza en la cavidad branquial, contiene las tres poblaciones de linfocitos T inmaduros descritas en mamíferos: los T CD4-1⁺CD8⁺, denominadas timocitos doble positivos, y linfocitos T CD4-1⁺ y T CD8⁺, evidenciando que en este órgano se originan los linfocitos T. Los linfocitos T CD4-1⁺ aislados del bazo o del riñón anterior de la trucha expresan genes del receptor antigénico y correceptores como *tcra*, *tcrb*, *cd3e*, *cd4-1*, *cd8a*, y *cd8b*. Estas células proliferan y expresan *tbet*, *gata3*, *rorgt* y *foxp3*, y diversas citoquinas en respuesta al antígeno, indicando que se diferencian para producir respuestas tipo T *helper* o reguladoras, propias de la respuesta inmune adaptativa. Los estudios destinados a comprender la regulación de la respuesta por citoquinas han evidenciado particularidades de los mecanismos de inmunidad en los peces. Una de ellas es la presencia de múltiples genes que codifican diferentes isoformas de citoquinas y receptores, donde resulta complejo atribuir una función análoga a la conocida en mamíferos. En este aspecto, la caracterización de los perfiles de expresión génica en la respuesta a antígenos modelos, así como en la respuesta que se genera en peces infectados por bacterias como *Piscirickettsia salmonis*, revelan que la expresión transcripcional de los parálogos puede ser diametralmente opuesta, sugiriendo diferentes roles en los mecanismos de respuesta inmune. Por último, la caracterización de la función de interferón gamma-1 (IFN-g1) y interleuquina 4-13A (IL-4/13A) de salmón, utilizando proteínas recombinantes ha evidenciado la capacidad de estas citoquinas de regular la expresión de genes que sugieren un rol clave en la inducción y diferenciación de la respuesta inmune tipo Th1 y Th2 en los peces salmónidos.

Inmunidad innata en branquias de salmónidos: Marcadores moleculares y su contribución a la industria acuícola**Luis Mercado¹**

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Marcadores Inmunológicos, Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330. Campus Curauma. Placilla de Peñuelas, Valparaíso, Chile

Chile destaca como uno de los principales países productores de salmónidos en el mundo, principalmente *Salmo salar* y *Oncorhynchus mykiss*. El ciclo de producción animal posee diversas dificultades asociadas al daño provocado por patógenos o por condiciones ambientales, que afectan la capacidad de defensa de los peces. En los últimos 20 años hemos conocido los principales avances en la caracterización del sistema inmune en los peces, el cual posee una organización similar al de vertebrados superiores. La inmunidad innata es la forma de defensa más ancestral en teleósteos, su caracterización celular y molecular, de componentes efectores y reguladores, ha permitido identificar mecanismos antimicrobianos claves contra patógenos. Las barreras anatómicas más expuestas de los peces son sus mucosas: piel, intestino y branquias. Estas últimas constituyen una superficie epitelial en continuo contacto con el ambiente. Actualmente es bien conocida la existencia de un tejido linfoide asociado a mucosa branquial (GiALT), el cual se organiza en un tejido linfoide interbranquial (ILT). En este simposio presentaremos un modelo de la organización de la inmunidad en branquias de salmónidos, relatando la identificación de receptores tipo NOD (NLRs), el uso de branquias como órgano indicador de peces infectados por *P. salmonis*, y sus marcadores moleculares *nrx1*, catelicidina, *il-1b* y *tnf-a*, asociados a la identificación de un estatus M1/M2. Además, entregaremos información acerca del estatus inmune branquial en salmónidos bajo condiciones de estrés, afectados en su funcionalidad de inmunidad de tipo 1, y en la capacidad sensoria de patógenos. Esto último se entrelaza con los efectos de la hipoxia en el ambiente acuático, que es el mayor desafío actual en la industria acuícola de salmónidos en el mundo.

Financing: FONDECYT 1231206

Salud Mental en investigadores post pandemia

Coordinadora: Dra. Ximena Báez

Salud mental en estudiantes universitarios durante la pandemia: qué aprendimos y qué desafíos emergen para las universidades

Javier Morán Kneer¹

(1) Universidad de Valparaíso, Psicología, Ciencias Sociales, Hontaneda 2653, Valparaíso, Chile

Durante los años 2021 y 2022 se llevaron a cabo dos encuestas dirigidas a estudiantes de educación superior, orientadas a recoger información sobre aspectos sociodemográficos, de adaptación académica y de regulación emocional asociados a la emergencia de sintomatología ansiosa y depresiva en esta población. La primera encuesta se realizó a nivel nacional (n=1002) y la segunda encuesta consideró solamente la región de Valparaíso (n=749).

Los resultados evidencian un aumento en cifras de problemas de SM desde la pandemia. Se releva el ser mujer, principalmente de niveles socioeconómicos más vulnerables, como grupo de riesgo para síntomas en salud mental. La planificación aparece como una estrategia de regulación cognitiva que interactúa con la percepción de un menor apoyo por parte de académicos. En estudiantes de primera año (que no han asistido a la universidad presencialmente) la autoculpabilización media la asociación entre estrés académico y sintomatología depresiva.

Fortalecimiento de funciones ejecutivas asociadas al aprendizaje, mayor feedback por parte de docentes y consideración de factores afectivos y de relación asociados al contexto académico son factores relevantes a considerar en términos preventivos

Estrés, control cognitivo y salud mental ¿cómo se relacionan?**Ignacio Negrón-Oyarzo¹**

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Fisiología, Facultad de Ciencias, Valparaíso, Chile

Los organismos están sometidos a diversas amenazas a su bienestar y supervivencia. Para ello, poseen respuestas fisiológicas que permiten su adaptación a dichas condiciones amenazantes. Así, esta respuesta, denominada estrés, permite a los sujetos hacer frente a su medio ambiente cambiante y hostil. Sin embargo, si la amenaza es mantenida en el tiempo, o el sujeto no es capaz de adaptarse, la respuesta de estrés se hace crónica. Debido al alto gasto energético que ello implica, el estrés crónico tiene efectos deletéreos para el organismo. Mas aun, la vivencia de múltiples periodos de estrés crónico en distintas etapas del desarrollo tiene efectos acumulativos complejos que son difíciles de dilucidar.

Uno de los sistemas más sensibles al estrés crónico es el sistema nervioso central. De hecho, el estrés crónico es uno de los factores mas importantes en el desarrollo de desórdenes mentales como los desórdenes de ansiedad o desórdenes del estado de ánimo como el trastorno depresivo mayor. La evidencia actual sugiere que el origen de estos desórdenes esta relacionado con la pérdida del control cognitivo, es decir, la capacidad de organizar la conducta y los pensamientos de manera adaptativa orientada a metas. Esto se relaciona con los efectos nocivos del estrés crónico sobre estructuras claves en el control cognitivo, como lo es la corteza prefrontal. En el presente simposio se discutiremos las bases neurobiológicas de la relación entre estrés crónico y salud mental.

Carrera del Investigador/a: una relación de amor, dolor, estrés y resiliencia**Ximena Báez-Matus¹**, Asociación Nacional de Investigadoras/es en Postgrado ANIP²

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

(2) Asociación Nacional de Investigadoras/es en Postgrado, Chile

La carrera del Investigador/a es un largo camino que inicia con la entrada al pregrado. Realizar un postgrado es una decisión que debe ser bien meditada, considerando el amor por la investigación, pero también condiciones y oportunidades laboral que hoy existen, sopesar estas variables la convierte en una decisión difícil. La constante incertidumbre en el financiamiento de las investigaciones, la sobrecarga laboral, el fantasma de “publicar o morir” han hecho que las/os investigadoras/es estén en un limbo de salud mental. A esta problemática, en el año 2020 se suma un factor que no teníamos en el horizonte, el incierto futuro y el encierro producto de la pandemia. Diferentes estudios internacionales realizados previos a la pandemia indicaban que los estudiantes de postgrado tienen varios grados de afecciones mentales generados por la adicción al trabajo si quieren obtener un puesto permanente o tener éxito, el acoso laboral o sexual que sufren las mujeres, ambientes laborales hostiles, entre otros. Los estudios revelan que los postgraduados presentan 6 veces más probabilidades de experimentar depresión y ansiedad, que la población en general. En Chile no estamos alejados de esa realidad; el año 2021 la Asociación Nacional de Investigadoras/es en Postgrado realizó una encuesta donde el 70% de los postgraduados manifestó presentar problemas de salud mental. Desafortunadamente esta problemática va en aumento, lo que nos lleva a reflexionar y trabajar en ¿Cuál es nuestro rol y qué estamos haciendo cada uno en nuestros espacios de trabajo para buscar soluciones y cambiar esta realidad?

SIMPOSIO

La Biorremediación y la recuperación de sitios contaminados

Coordinador: Dr. Michael Seeger

Bases comprensivas para la recuperación ecológica de los humedales El Culebrón y El Loto como destino de parques urbanosSalvador Donghi Rojas^{1,2}, Sergio Elórtegui Francioli³

(1) Simbiosis Servicios Integrales SpA, Scipión Borgoño 270, Concón, Chile

(2) Investigador adjunto Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Avda. Brasil 2241, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Magallanes, Centro Internacional Subantárticos Cabo de Hornos, Facultad de Ciencias, Teniente Muñoz 166, Puerto Williams, Chile

El crecimiento urbano ha modificado la dinámica natural de los humedales, afectando su funcionamiento hidrológico y ecológico. Debido a esto, surge la necesidad de hacer diagnósticos ecosistémicos de los humedales urbanos, identificar los fenómenos ecológicos presentes en ellos y que estos sean los fundamentos de diseño en proyectos de mejoramiento de espacios públicos.

En este contexto, se estudiaron los humedales El Loto (Llanquihue) y El Culebrón (Coquimbo), ambos enmarcados en proyectos de construcción y mejoramiento de parques urbanos a través del sistema de licitación pública.

La metodología consistió en una revisión preliminar de antecedentes para crear un marco florístico, vegetacional y biogeográfico. La caracterización de vegetación, avifauna y los distintos fenómenos ecológicos fue realizada mediante el método de indagación naturalista de observación y registro constante. Finalmente, se creó una base cartográfica.

Se identificaron seis fenómenos de protección en el humedal El Culebrón (cortejo y nidificación, migración, metamorfosis, polinización, suelo y fauna fosorial y restauración ecológica) asociados a siete comunidades vegetacionales (Totoral, duna primaria, gramadal, juncal, duna secundaria, ruderal y marisma).

El humedal El Loto evidenció un estado de hipereutroficación asociado principalmente a la nidación del cormorán yeco, favorecido por el efecto percha que generan los eucaliptos. Esto afectó las condiciones biofísicas dado el gran aporte de guano de estas aves y los detritos vegetales aportados por los árboles de hoja caduca y los lotos.

La información recaudada permite incorporar áreas silvestres a los espacios urbanos promoviendo una planificación basada en la identidad ecosistémica del territorio, protegiendo sus bienes y servicios.

Financing: "Construcción Parque Humedal El Culebrón, comuna de Coquimbo, Programa de Parques Urbanos". ID 894863-LQ-20; contratado por SERVIU-Coquimbo. "Mejoramiento de espacios públicos parque humedal el loto, comuna de Llanquihue". ID 1437-16-LP20; contratado por Municipalidad de Llanquihue.

**The challenge of the clean-up of urban soils in Chile: Design of novel bioremediation processes
(El desafío de la descontaminación de suelos urbanos en Chile: Diseño de nuevos procesos de biorremediación)**

Michael Seeger Pfeiffer¹, Constanza Macaya¹, Ximena Báez¹, Roberto E. Durán¹, Flavia Dorochesi¹, Ester G. Rivera¹, Felipe Salazar¹, Patricio Santis¹, Vanessa Ayala-Espinoza¹, María Elena Ducci², Marcel Szantó³, Luis Alvarez³, Salvador Donghi⁴, Roberto Orellana⁵

- (1) Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile
- (2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile
- (3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile
- (4) Simbiosis, Valparaíso, Chile
- (5) Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile

For the sustainable development of cities, the clean-up of polluted industrial urban sites is crucial. Biological, physicochemical, and thermal technologies have been applied for the remediation of polluted sites. Bioremediation is a technology based on microorganisms of increasing application. This biotechnology is natural, efficient, and is useful to restore the ecosystems, and mitigate the climate change. However, the application of bioremediation in Chile is scarce. The aim of this study was to design a set of tailor-made bioremediation strategies for the clean-up of a chronically hydrocarbon-polluted coastal urban soils, including i) bioaugmentation via the application of native bacteria, and ii) biostimulation with nutrients and antioxidants. The growth and hydrocarbon degradation kinetics of selected bacteria (*e.g.*, *Stutzerimonas*, *Acinetobacter*, *Rhodococcus*) were determined. Genome-guided metabolic reconstruction revealed their biodegradation potential and adaptation to environmental conditions. The biodegradation of aliphatic and aromatic hydrocarbons was determined. Bioaugmentation and biostimulation processes of chronically polluted coastal urban soils removed >80% of hydrocarbons. The dynamics of the microbial communities during the bioremediation revealed an increase in the abundance of genera associated with HC degradation. Based on the results, novel bioremediation processes for the clean-up of an urban site in the Valparaíso Region were proposed. The clean-up procedures were approved by the Chilean Environmental Regulation Agency and the Committee of Ministers. These multidisciplinary studies are helpful to increase the bioremediation of soils and a sustainable development of cities.

Financing: ANID PhD fellowship (XB,CM,FD), FONDECYT 1200756 (MS), ANID Anillo GAMBIO ACT172128 (MS), USM (MS, RED), USM PIIC (XB) and Inmobiliaria Las Salinas (MS,CM,MED,MSz,LA,SD,RO) grants, RIABIN (MS) and FEWSUS (MS) networks.

Caracterización de Cuerpos de Agua Costeros Impactados por Contaminación: Aprendizajes y Desafíos desde la Región de Valparaíso

Roberto Andres Orellana Roman^{1,2}, Francisco Pozo-Solar², Josefina Abarca-Hurtado^{1,3}, Alejandra Arancibia^{1,2}, Leonardo Badilla¹, Marcela Cornejo-D'Ottone⁴, Polette Aguilar-Muñoz², Céline Lavergne², Veronica Molina², Michael Seeger³

(1) Universidad de Playa Ancha, HUB Ambiental, Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Playa Ancha, HUB Ambiental, Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile

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

(4) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ciencias del Mar, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

Chile alberga una alta cantidad de cuerpos de agua costeros, incluyendo estuarios, humedales y acuíferos, muchos de los cuales son ecosistemas amenazados por los efectos del cambio climático y la contaminación. Sus efectos se traducen en la disminución de la calidad del agua, la alteración persistente de factores físicos y químicos y del flujo neto de nutrientes, la pérdida potencial de biodiversidad y la afectación de los procesos biogeoquímicos, incidiendo así en los servicios ecosistémicos que estos ambientes proveen. La disponibilidad de metodologías de caracterización espacio-temporal de estos ecosistemas, como también el monitoreo de su perturbación, se hace muy relevantes ya que estos cuerpos de agua son hábitats de una alta biodiversidad debido a la ocurrencia de gradientes de una serie de factores, incluyendo sales, oxígeno y nutrientes, producto de la interacción entre el agua dulce continental con el agua salada del mar. El presente trabajo se enfoca en examinar los principales aprendizajes y desafíos en el monitoreo de dos cuerpos de agua de la región de Valparaíso que han sido altamente impactados por contaminación, el Estero "El Sauce" y el acuífero del Sitio "Las Salinas", ubicados en Laguna Verde y Viña del Mar, respectivamente. La disponibilidad e integración de diversas herramientas basadas en análisis físico-químicos y (micro)biológicos tanto en laboratorio, como también mediciones *in situ*, nos permitió contar con metodologías adecuadas para el diagnóstico de las condiciones en que se encuentran ambos ecosistemas costeros.

Financing: Fondecyt de Inicio 11190863 (R.O.); Fondecyt Regular N°1211977 (V.M.); Proyecto ILS (UTFSM)

Biosurfactants form agricultural wastes as enhancers for the bioremediation of soil contaminated by hydrocarbons

Andrea Franzetti¹, Teklit Gebregiorgis Ambaye², Mentore Vaccari², Alif Chebbi³

(1) Università di Milano Bicocca, Milano, Italy

(2) Università degli Studi di Brescia, Brescia, Italy

(3) Università di Roma 3, Roma, Italy

Various biological techniques are used to remove hydrocarbons from the environment through the metabolism of bacteria or other microorganisms; however, these processes have some limitations, such as the low biological availability and low water solubility of hydrocarbons. As a naturally green material, biosurfactants are presently gaining significant importance because they are eco-friendly, like biodegradation and bioremediation techniques. Compared with chemical surfactants, biosurfactants have many potential advantages, such as high selectivity, biodegradability, biocompatibility, bioavailability, and ecological acceptability, as well as higher efficacy under extreme temperature and salt concentration conditions. Biosurfactants are successfully applied in microbial oil recovery, pharmaceuticals, cosmetics, wastewater treatment, and sludge treatment. The application of biosurfactants makes it possible to increase the bioavailability of hydrocarbons in soil by increasing the rates of microbial biodegradation. This phenomenon depends on the ability of biosurfactants to enhance hydrophobic and hydrophilic interactions in reducing surface tension, thus promoting oil mobilization and micelle formation. However, due to the higher cost, the application of biosurfactants compared with chemical ones is still falling behind. Therefore, for large-scale production of biosurfactants, cheaper and more widely available substrates need to be used. In this regard, much attention has recently been paid to the production of biosurfactants from agroindustrial wastes. This talk will report the main results obtained in the last 10 year regarding the interaction between bacteria, biosurfactant and hydrocarbon, the production of biosurfactant from agricultural wastes by non-pathogenic bacteria and their application up to the pilot scale for the treatment of hydrocarbon-contaminated soils.

Financing: We acknowledge Fondazione Cariplo, the Italian Ministry of the Environment and the Italian Ministry of Research for supporting our research in biosurfactant applications.

Simposio: Comunidades microbianas y microorganismos ambientales

Coordinadora: Dra. Beatriz Cámara

Microorganismos marinos y su dinámica en el ecosistema costero de la zona centro-norte de Chile**Veronica Andrea Molina Trincado**^{1,2,3}(1) Departamento de Ciencias y Geografía y HUB Ambiental UPLA, Universidad de Playa Ancha. Playa Ancha, Valparaíso.

(2) Centro COPAS Coastal, Universidad de Concepción. Concepción.

(3) Laboratorio Internacional Asociado LIA- MAST

El ecosistema costero de la zona centro-norte del Pacífico Sudoriental presenta una alta dinámica espacial y temporal asociada a sistemas de bahías, zonas insulares y montes submarinos, además de procesos oceanográficos como la surgencia que fertiliza las aguas superficiales con agua rica en nutrientes. A esto se suma el aporte continental de agua dulce por escorrentía, fluvial y desarrollo de ecosistemas costeros como humedales y estuarios. Por otra parte, frente a las costas se encuentra la presencia de condiciones deficientes de oxígeno en el agua generados por una Zona de Mínima de Oxígeno que influyen en cómo se estructura la comunidad microbiana y cómo los microorganismos reciclan la materia y energía del ecosistema marino. En este seminario se compartirán enfoques del estudio de las comunidades microbianas basadas en aproximaciones moleculares como la secuenciación masiva 16S rRNA (iTag), la cuantificación de la actividad potencial de grupos funcionales mediante RT-qPCR, y metodologías biogeoquímicas. Estudios basados en series temporales en la zona costera continental y de montes marinos (Archipiélago de Juan Fernández) nos permiten determinar el alto grado de respuesta de las comunidades microbianas a la dinámica física-química del agua. En particular, la influencia de la disponibilidad de nutrientes, oxígeno disuelto y la distribución de estas propiedades del agua fuera de la costa en el Pacífico Sudoriental. Nuestros resultados indican que, en particular, los ensamblajes nitrificantes de ambos dominios (bacterias y arqueas) a pesar de ser poco frecuentes a nivel de ADN son potencialmente muy activos, a nivel de ARN y generan redes de interacción con otros microorganismos relacionados con el reciclaje del azufre en el agua de mar. Las singularidades de las condiciones oceanográficas de la zona centro-norte promueven el desarrollo de una alta biodiversidad microbiana que contribuye al reciclaje de nutrientes y gases de efecto invernadero, comunidades claves que son parte de consorcios microbianos de los ecosistemas costeros.

Financing: FONDECYT grants N° 1110824, 1100358, 1140179, 1140356, 1171324, 1211977, FONDAP Coastal Proyecto ANID FB210021

Aquatic microbial communities and mercury cycle in the Aconcagua watershed, Valparaiso region**Celine Lavergne^{1,2}**

(1) HUB AMBIENTAL UPLA, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile

Neurotoxin methylmercury has the feature, in addition to its high toxicity, to be easily incorporated, bioaccumulated and biomagnified through the aquatic food web. In a context of increasing releases of contaminants to the atmosphere and aquatic environments, it is crucial to elucidate the fate of mercury in aquatic systems under various anthropogenic pressures, from a multidisciplinary and multiscale point of view. Aiming at filling gaps of knowledge associated to mercury methylation in aquatic systems, we explored through a multidisciplinary approach both the microbial diversity and the activity related to mercury methylation in a watershed and a coastal wetland of the Valparaíso region. Sampling was conducted along the Aconcagua watershed (Central Andes, Chile) during the snow-melting season (November 2022) and the glacier-melting period (March 2023). A suite of physicochemical parameters was measured in water, including total mercury (tHg) and nutrient concentrations. Active and present aquatic microbial structure were evaluated by metabarcoding of the 16S rRNA gene, and virus/prokaryotic abundance was measured by fluorescence microscopy. From the glacial lagoon influenced by inorganic input to the coastal zone receiving organic matter and anthropogenic contamination, a decreasing gradient of the virus-prokaryotes ratio (VPR) was observed. Upstream, the river was characterized by highest tHg concentrations, low organic matter, and low prokaryotic abundance. Downstream, in the coastal wetland zone, higher biomass was measured, associated with high sulfate concentration (i.e., 13 mM) and the dominance of cyanobacteria and sulfate reducing Deltaproteobacteria. In this site, an isotope-based measurement revealed mercury methylation in the sediments. This study points out the needs to explore microbial community diversity and activity in natural ecosystems to better understand the effect of an alteration such as global change or contamination.

Financing: ANID FONDECYT 11201072, PCI ECOS-ANID 210007 (ECOS-Sud C21B01), InESI+D INID210013, FIC-R BIP: 40046077, Plan de Fortalecimiento de Universidades del Estado (CUECH) – RED21992

Redes de interacción entre vibrios y bacteriófagos

Roberto Bastías¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Av. Universidad # 330, Valparaíso, Chile

Los vibrios son uno de los grupos más abundantes y diversos en ambientes marinos, entre estos encontramos especies patógenas como *V. cholerae* y *V. parahaemolyticus*. Su abundancia está influenciada por diversos factores ambientales, como la temperatura, salinidad y la presencia de bacteriófagos.

El impacto de los fagos sobre la ecología y evolución de los vibrios ha sido estudiado largamente en sistemas de fagos y bacterias únicos. Sin embargo, en el ambiente existen numerosos fagos y vibrios interactuando entre sí simultáneamente, por lo que se requieren nuevas aproximaciones para el estudio de este tipo de interacciones.

En este trabajo, se utilizaron métodos de bioinformática y de cultivo clásicos para explorar distintos aspectos de estas interacciones. En primer lugar, se evaluó la distribución de profagos portadores de la toxina zot en 4619 genomas de vibrios. Se encontraron 2030 posibles profagos de 13 tipos distintos que son portadores de zot, presentes en 43 especies de *Vibrio*. Algunos profagos, como CTX, se encontraron en sólo tres especies, mientras que otros, como phiVCY, se encontraron en 28 especies distintas, sugiriendo que fagos de amplio rango de hospedero serían más relevantes en la diseminación de la toxina zot en vibrios.

En segundo lugar, se aislaron 29 fagos desde la bahía de Valparaíso (Chile) y se utilizaron 40 vibrios como hospederos para evaluar el efecto de diferentes condiciones ambientales sobre las redes de infección entre estos fagos y bacterias. Se observó que algunos fagos cambian su rango de hospedero, alterando las propiedades de la red. El mayor anidamiento se observó a 15°C, 2.3% de NaCl y pH 7 donde 23 vibrios fueron infectados (NODF 28.74, conectancia 0.25), mientras que el menor anidamiento se observó a 25°C, 2.3% de NaCl y pH 5.5 (NODF 7.64, conectancia 0.23). Esto indica que los cambios en las condiciones ambientales pueden alterar la red de infección entre fagos y vibrios.

Este estudio muestra las interacciones entre vibrios y sus fagos están marcadas por la presencia de fagos especialistas y generalistas, y podrían ser alteradas por las condiciones ambientales, lo que es relevante frente a fenómenos como el calentamiento global.

Financing: FONDECYT 1200521

Actinobacterias marinos del Pacífico sur: un mar de posibilidades

Beatriz Cámara¹ Universidad Técnica Federico Santa María, Centro de Biotecnología DAL, Calle Bari 699, Valparaiso, Chile

La investigación de compuestos bioactivos derivados de fuentes naturales sigue siendo la estrategia primordial para la generación de fármacos innovadores y la lucha contra la crisis actual de patógenos con resistencia a múltiples fármacos. En nuestro país, cuya geografía está marcada por una extensa región costera, se ha planteado la exploración de actinomicetos marinos, donde las variables ambientales ejercen presión selectiva, impulsando la diversificación y síntesis de compuestos novedosos. Nuestro laboratorio ha cultivado una reserva de aproximadamente 450 actinomicetos, aislados de sedimentos y esponjas marinas recolectadas a lo largo de las costas chilenas.

Nuestra metodología de prospección biológica se enfoca en tres aspectos centrales: la identificación y clasificación taxonómica de los microorganismos, el análisis detallado de sus secuencias genéticas, y la identificación de nuevos antibióticos. Específicamente, nos centramos en el análisis de los grupos de genes biosintéticos (BGCs) de estos microorganismos, empleando redes de similitud que facilitan la interpretación de los patrones de distribución. Asimismo, estamos llevando a cabo estudios de ingeniería genética dirigidos a los genes clave de las rutas metabólicas de interés, lo cual nos permite establecer una relación precisa entre los BGCs y los metabolitos resultantes.

Esta estrategia ha permitido la identificación de nuevas especies microbianas, la secuenciación completa de sus genomas, la caracterización de BGC únicos y la identificación de nuevos componentes pertenecientes a una familia de antibióticos. Estos logros evidencian la riqueza de la biodiversidad marina en Chile y subrayan el potencial que albergan los ecosistemas marinos para la búsqueda y el desarrollo de agentes terapéuticos de vanguardia.

Financing: Fondecyt 1221264, 1171555 y 11121571; Anillo ACT172128, Swedish Research Council N° 2013-6713

Simposio de Investigadores(as) Jóvenes “Premio Humberto Maturana”

Coordinador: Dr. Marco Méndez

Estudio de la función mitocondrial durante la regeneración de la médula espinal de *Xenopus laevis*Paula Slater¹

(1) Universidad San Sebastián, Departamento de Ciencias Biológicas y Químicas, Facultad de Medicina y Ciencia, Lota 2465, Providencia, Santiago, Chile

La lesión a la médula espinal (LME) es una aflicción permanente que afecta nervios sensoriales y motores que se encuentren ubicados por debajo de la zona del daño, generando parálisis. Se estima que hay entre 250.000 – 500.000 nuevos casos anualmente a nivel mundial. Existe ausencia de terapias para recuperar la funcionalidad de la médula, y sumado a esto, los seres humanos y mamíferos en general, no poseemos capacidad regenerativa. La existencia de algunos organismos no mamíferos con altas capacidades regenerativas, nos permiten poder estudiar los mecanismos celulares y moleculares que subyacen una regeneración exitosa. Utilizamos *Xenopus laevis* como modelo de estudio debido a su capacidad única de poder regenerar luego de una LME en estadios larvales de su desarrollo, capacidad que se pierde completamente luego de la metamorfosis, permitiendo la comparación entre un estadio regenerativo y uno no-regenerativo dentro de la misma especie.

Interesantemente, las mitocondrias se han descrito como actores cruciales durante distintos eventos celulares, que a su vez también ocurren luego de la LME, sugiriendo que un estudio más profundo sobre la función mitocondrial es necesario para poder identificar posibles blancos terapéuticos para el tratamiento de la LME. El estudio de las mitocondrias nos ha permitido determinar que luego de la LME se observa una disminución del número, acompañado de un aumento del área mitocondrial, además de un cambio de fenotipo mitocondrial, que se correlaciona con una disminución del potencial de membrana mitocondrial, y aumento de transcritos y de actividad de enzimas glucolíticos.

Financing: Fondecyt iniciación 11220624

Integrando la plasticidad fenotípica para comprender respuestas adaptativas y propiedades comunitarias

Víctor M. Escobedo^{1,2}

(1) Universidad de Talca, Instituto de Investigación Interdisciplinaria (I3), Vicerrectoría Académica

(2) Universidad de Talca, Centro de Ecología Integrativa, Instituto de Ciencias Biológicas

La plasticidad fenotípica es la capacidad de un organismo para modificar su fenotipo en respuesta a señales ambientales. Inicialmente, se consideraba que la plasticidad era generalmente adaptativa y una propiedad inherente de un rasgo específico. Sin embargo, la plasticidad no siempre es adaptativa, lo que sugiere que deberíamos considerar una aproximación más integral de este fenómeno. Además, esta aproximación podría mejorar nuestra comprensión del rol de la plasticidad en las comunidades. El presente trabajo demuestra cómo una aproximación integrada de la plasticidad posibilita (estudio 1) revelar respuestas adaptativas que podrían pasarse por alto al considerar los rasgos de forma independiente y (estudio 2) predecir propiedades comunitarias relacionadas con la amplitud del nicho (extensión de los gradientes ambientales ocupados por una especie) y su grado de solapamiento. El primer estudio ilustra cómo una aproximación enfocada únicamente en las respuestas individuales de los rasgos, en lugar de una integración coordinada de los mismos para desarrollar una estrategia, habría impedido detectar respuestas adaptativas a la sequía en la planta invasora *Mesembryanthemum crystallinum*. El segundo estudio revela una relación positiva entre la plasticidad integrada de seis especies dominantes en un ecosistema árido y su amplitud de nicho, un patrón que no se identificó cuando se empleó un enfoque individualizado. Además, este estudio evidencia un vínculo entre la correlación positiva de plasticidades a diferentes factores ambientales y el alto nivel de solapamiento de nicho entre las especies. Esto proporciona nueva información valiosa sobre la coexistencia estable, que podría ser relevante para la restauración ecológica.

Financing: FONDECYT 3200434

Descifrando las bases genéticas y el efecto de la domesticación sobre la activación de la vía de señalización TORC1 en *Saccharomyces cerevisiae*

Eduardo I. Kessi-Pérez^{1,2}, Guilherme Rocha¹, Melissa Gómez¹, Camila Baeza^{3,4}, Francisco Salinas^{3,4}, Claudio Martínez^{1,2}

(1) Universidad de Santiago de Chile (USACH), Centro de Estudio en Ciencia y Tecnología de los Alimentos (CECTA), Santiago, Chile

(2) Universidad de Santiago de Chile (USACH), Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica, Santiago, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Valdivia, Chile

(4) ANID-Millennium Science Initiative-Millennium Institute for Integrative Biology (iBio), Santiago, Chile

Saccharomyces cerevisiae es un organismo modelo de importancia para las ciencias biológicas con variadas aplicaciones biotecnológicas, resaltando su uso en el proceso de fermentación vínica. Uno de los principales problemas en este proceso es la deficiencia de fuentes de nitrógeno en el mosto de uva, siendo un gran desafío el identificar las bases genéticas que subyacen la variabilidad fenotípica en el consumo y metabolismo del nitrógeno. En este contexto cobra importancia el estudio de la vía de señalización TORC1, conservada en todo el dominio eucarionte, dado su papel central en influir en el crecimiento y metabolismo celular en respuesta a la disponibilidad de nutrientes. Además, otro aspecto interesante a estudiar es el efecto que ha tenido la domesticación en ambientes vínicos sobre la activación de TORC1. En un trabajo previo, desarrollamos un método para evaluar la activación de TORC1 utilizando un reportero transcripcional, lo que nos permitió identificar genes vinculados a este fenotipo mediante mapeo de QTLs utilizando una población biparental recombinante. En el presente trabajo, hemos mejorado este método para permitir la fenotipificación de cepas pertenecientes a la población del “1002 Yeast Genomes Project”, que representa el catálogo más completo de variación genética en *S. cerevisiae*. Los datos fenotípicos obtenidos nos han permitido evaluar el efecto de la domesticación sobre la activación de TORC1, a la vez que permitirán identificar nuevas variantes genéticas ligadas a este fenotipo mediante estudios de asociación de genoma completo, conocimiento relevante para el estudio de esta vía en otras especies, incluido humanos.

Financing: ANID/FONDECYT [11220533] a EIKP; ANID/FONDECYT [11170158] e Instituto Milenio iBio – Iniciativa Científica Milenio MINECON a FS; y ANID/FONDECYT [1201104] y ANID/FONDEF IDeA I+D [ID21110198] a CM.

Dinámicas neurobiológicas que subyacen al mejor desempeño de atención y memoria de trabajo en niños que tocan instrumentos musicales

Leonie Kausel¹

(1) Universidad Diego Portales, Centro de Estudios en Neurociencia Humana y Neuropsicología (CENHN), Facultad de Psicología, Vergara 275, Santiago, Chile

La forma en que interactuamos con nuestro mundo en constante cambio está muy influenciada por la información que procesamos y recordamos de nuestro entorno. La función cognitiva clave que nos permite seleccionar información relevante para lograr nuestro objetivo es la atención, la cual puede ser ampliada mediante el entrenamiento. Una actividad que ha demostrado mejorar la atención es el entrenamiento musical. Utilizando dos técnicas diferentes de medición de la actividad cerebral para capturar la dinámica eléctrica (EEG) y metabólica (fMRI) del funcionamiento del cerebro que subyacen al proceso atencional en niños con y sin entrenamiento musical, hemos encontrado que los niños con entrenamiento musical tienen aumentado el poder de alfa relacionado con la atención y el poder de theta y alfa relacionados con el rendimiento de la memoria de trabajo, así como un mayor funcionamiento de la red fronto-parietal de atención y del loop fonológico de codificación auditiva. Estos resultados sugieren que los niños entrenados musicalmente tienen mecanismos neuronales mejorados tanto para la asignación de la atención como para la codificación de la memoria. Nuestros resultados pueden ser importantes para desarrollar intervenciones para personas con dificultades de atención y memoria, así como para prácticas educativas que incluyan el entrenamiento musical.

Financing: Beca Doctorado Nacional nº 21140209; FONDECYT nº 3190914

Simposio: Heridas crónicas: intervenciones multifactoriales basadas en la biología de la cicatrización

Coordinadora: Caroline Weinstein

Rol de los canales de Panexina 1 y Conexina 43 en la cicatrización cutánea: Posibles blancos terapéuticos para el tratamiento de heridas crónicas.

Ricardo Ceriani^{1,2}, Carolina Flores-Muñoz², Jaime Maripillan², Joel Novoa², Caroline Weinstein-Oppenheimer^{1,3}, Agustín Martínez²

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Química y Farmacia, Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093 Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso (CINV), Ciencias, Harrington 287, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación Farmacopea Chilena (CIFAR), Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093. Playa Ancha, Valparaíso, Chile

Las heridas crónicas presentan una capacidad limitada o nula de cicatrización, por ende, comprender los mecanismos de reparación tisular es fundamental para un tratamiento efectivo. En este contexto los canales de membrana compuestos por Panexina 1 (Panx1) y Conexina 43 (Cx43), expresados en la piel, desempeñan un papel fundamental en estos procesos. Surge así el objetivo de esta investigación que es evaluar el rol de los canales de Panx1 y Cx43 en procesos vinculados a la cicatrización y su interrelación con la actividad del Factor de Crecimiento de Fibroblasto beta (β FGF).

Se encontró migración aumentada de fibroblastos dérmicos humanos en ensayos de migración celular hacia una cobertura cutánea (Panexpatch™) que contiene un inhibidor de los canales de Panx1. Asimismo, el tratamiento de heridas isquémicas en ratas envejecidas con Panexpatch™ redujo significativamente el área de la herida. La funcionalidad de los canales de Panx1 y Cx43 en fibroblastos tratados con β FGF (10ng/mL) por 7 y 24 horas, produjo una menor concentración de ATP extracelular, es decir, su función se ve reducida. No se observaron diferencias en la localización y expresión de Panx1 y Cx43 en células tratadas con β FGF. Sin embargo, en fibroblastos tratados con β FGF, se produjo un incremento en la migración y proliferación, aunque, aparentemente este incremento es independiente de la actividad de los canales de Panx1 y Cx43. En conclusión, el bloqueo de los canales de Panx1 aumenta la cicatrización de las heridas y la función regeneradora de β FGF es independiente de los canales de Panx1 y Cx43.

Financing: FONDEF ID21I10153, FONDECYT postdoctorado N°3220470, SIA N°85220025.

Las aproximaciones de la ingeniería de tejidos para promover la cicatrización de úlceras crónicas

Caroline Weinstein Oppenheimer^{1,5}, Ricardo Ceriani¹, Mauricio Reyna-Jeldes¹, Donald Brown González³, Soledad Herrera Jofré², Fernando Albornoz Márquez², Carlos Henríquez-Roldán⁴

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Química y Farmacia, Facultad de Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Chile

(2) Inbiocriotec S.A, Álvarez 662, Viña del Mar, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Laboratorio de Biología de la Reproducción y del Desarrollo Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Av. Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de Valparaíso, Instituto de Estadísticas, Facultad de Ciencias, Av. Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(5) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación Farmacopea Chilena, Facultad de Farmacia, Santa Marta 183, Valparaíso, Chile

Las úlceras crónicas, debido a su estancamiento en la fase inflamatoria, suponen un desafío que puede ser abordado por la ingeniería de tejidos. En esta disciplina se aplican los principios de la ingeniería y las ciencias de la vida con el fin de desarrollar sustitutos biológicos que permitan restaurar, mantener o mejorar la función tisular. Esta presentación tiene por objetivo exhibir el desarrollo de un parche biocompatible orientado a la cicatrización de úlceras crónicas.

El parche desarrollado corresponde a una matriz de gelatina-quitosano-ácido hialurónico que puede ser combinado con un gel de fibrina y células madre mesenquimales (MSC), el cual ha demostrado ser biocompatible tanto en ensayos de reducción de resazurin como por la expresión de marcadores de proliferación celular como PCNA y Ki67 por métodos inmunohistoquímicos. Por otra parte, estudios *in vitro* demostraron su potencial para secretar TGF-beta3, un factor de remodelación que promueve la sanación de heridas sin cicatriz. Asimismo, en modelos preclínicos *in vivo* tratados con este parche cargado con MSC se observó una inducción de la expresión de VEGF, un reconocido factor pro-angiogénico, y, por medio de técnicas histológicas, se apreció una reducción del área de tejido cicatricial y una mejoría en la arquitectura tisular. Finalmente, el sistema de implante celular ha permitido intervenir exitosamente a pacientes con úlceras crónicas, y actualmente se encuentra en un ensayo clínico fase I/II en pacientes con úlcera de pie diabético.

En conclusión, el dispositivo de ingeniería de tejidos diseñado y evaluado promovió la resolución de las úlceras crónicas.

Financing: FONDEF D02I1009; FONIS SA06I20092; FONDEF D07I1075; INNOVA CHILE 12FBCT-13345; INNOVA CHILE 07LE2-5921; CORFO INBIO-EC-2018-01

Resolution of inflammation in wound healing: Administration of specialized pro-resolving mediators as a novel therapeutic strategy in vascular inflammation.**Carolina Campos^{1,2}**, Pamela Rojas^{1,2}

(1) Escuela de Química y Farmacia, Universidad de Valparaíso, Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

(2) Centro de Investigación Farmacopea Chilena, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

The wound environment promotes the inflammation, and if it persists it delays healing becoming a chronic wound. The chronic inflammation produces endothelial dysfunction and vascular damage as consequence the activation of the pro-inflammatory events. Therefore, resolving the inflammation is a potential therapeutic target to improve the wound healing and tissue repair. The resolution of inflammation is an active process, highly regulated and orchestrated by endogenous mediators collectively known as Specialized Pro-Resolving Mediators (SPMs). RvD2, MaR1, and RvE1 correspond to SPMs with higher potency. Together, this allows us to propose that the sequential and combined administration of RvD2, MaR1, and RvE1 synergistically resolve the vascular inflammation induced by angiotensin II in a human 3-D spheroidal vascular model. Multicellular spheroids were formed and incubated with Angiotensin II (1 μ M) for 6 h. Subsequently, RvD2, MaR1, and RvE1 alone, in sequence, and in combination were applied. We standardize a vascular spheroid model induced by angiotensin II. We found a decrease in the leucocyte adhesion to the vascular spheroid with RvE1 and combination conditions ($p < 0.05$). Similarly, we found a significant decrease in proinflammatory cytokines, CD31 expression, and leukocyte infiltration in both experimental conditions. Our results confirm that RvE1 and combination conditions generate a strong effect on inflammatory markers and their resolution, suggesting that RvE1 would be the main mediator of this effect. However, *in vivo* experimentation is required to study the impact of SPMs combination on vascular repair.

Financing: Fondecyt iniciación 11201312

Biopelículas bacterianas en heridas crónicas: Productos naturales para prevenir su formación e inhibir su proliferación

Tania Bahamondez^{1,2}, Daniel Moraga^{1,2}, Ricardo Cerianni¹, Caroline Weinstein^{1,2}

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Química y Farmacia, Facultad de Farmacia, Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación Farmacopea Chilena (CIFAR), Gran Bretaña 1093, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

Las biopelículas son agregados microbianos que crecen protegidos por una sustancia polimérica extracelular (SPE) autosecretada que le confiere protección a la comunidad contra agentes nocivos. Estos agregados sólo logran establecerse en pacientes con enfermedades basales y una vez establecidas, son extremadamente difíciles de erradicar debido a su alta resistencia a los antibióticos y a la acción del sistema inmunológico (Kragh et al., 2023). Sin embargo, la continua e ineficiente acción del sistema inmunológico causa inflamación crónica y daño el tejido circundante, provocando un estancamiento en la fase inflamatoria de la cicatrización. Desde la identificación de biopelículas en un gran porcentaje de heridas crónicas (Garth et al., 2008; Malone et al., 2017), pasaron a ser reconocidas como un nuevo factor a considerar en su tratamiento.

Dentro de las principales bacterias aisladas desde heridas crónicas, se encuentran *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus*. La primera se ha asociado con úlceras de mayor área y peor pronóstico, cuya localización suele ser cercana al lecho de la herida. Mientras que *S. aureus* suele aparecer como agregados superficiales (Fazli et al., 2009). Ambos patógenos se han identificado en forma de biopelículas y, por lo tanto, son los principales patógenos en los que se enfocan las investigaciones en heridas crónicas.

El quitosano es un polímero natural y biodegradable muy usado en parches e implantes para heridas por sus propiedades absorbentes y antimicrobianas. Quitosano presenta un amplio espectro de acción, actuando como bactericida y bacteriostático (Tao et al., 2011). Por otro lado, extractos naturales como el de *Buddleja globosa*, con efecto cicatrizante, antiinflamatorio y antimicrobiano, son candidatos prometedores para ser formulados como implantes para el tratamiento de heridas crónicas (Mensah et al., 2001; Backhouse et al., 2008; Araya et al., 2022). Por lo tanto, los implantes de quitosano representan un excelente vehículo para la administración tópica de *B. globosa*. Primero, se determinó la concentración óptima de cada componente del implante (quitosano, ácido hialurónico y gelatina) en función de sus propiedades biológicas, para luego evaluar diferentes concentraciones de extracto de *B. globosa*. Estos implantes mostraron actividad inhibitoria contra *S. aureus*, antibiopelícula contra *P. aeruginosa* y reducir la viabilidad de *P. aeruginosa* retenida por absorción *in vitro*. Además, estos implantes tuvieron una buena compatibilidad con fibroblastos humanos. Los siguientes pasos en esta investigación abordarán la evaluación del efecto cicatrizante y antimicrobiano en un modelo *in vivo* de herida infectada con biopelículas de *S. aureus* y *P. aeruginosa*.

Financing: Esta investigación ha sido financiada por los proyectos FONDECYT 11190348 (2019) y PAI 77190010 (2019).

SESIÓN DE POSTERS I

The impact of CD44 on the metastatic niche of pancreatic cancer**Leonel Muñoz Sagredo**^{1,2}, Lisa- Marie Mehner², Veronique Orian-Rousseau²

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Angamos 650, Viña del Mar

(2) Karlsruhe Institute of Technology, Institute for Biological and Chemical Systems- Functional Molecular Systems (IBCS-FMS), Hermann-von-Helmholtz-Platz 1, Eggenstein-Leopoldshafen, Alemania

Pancreatic cancer (PC) is highly lethal due to early cell dissemination. Dynamic heterogeneity of PC cells render them a difficult target. However, to establish metastases, cancer cells depend on niches in target organs formed by bone marrow derived cells (BMDCs). Destabilizing the metastatic ecosystem through stable molecular targets on BMDCs, could potentially prevent metastatic progression. In a spontaneous-metastasis murine PC model orthotopically implanted with syngeneic FC1245 cells (Kras/TP53-mutated), we found hematopoietic cell (CD45⁺/CD11b⁺) clusters in the liver. Cells that formed these clusters expressed high levels of CD44 as well as hematopoietic stem/progenitor cell markers as SCA-1 and c-kit. BMDCs isolated from tumor-bearing mice, upregulated CD44 together with an increased proportion of SCA-1⁺/c-kit⁺ cells. They also upregulated CXCR4, VLA4 and MMP9, significantly increasing their chemotaxis towards CXCL12 in transwell assays and adhesion to VCAM-1 on coated plates, underscoring a tumor-factor-induced mobilizing phenotype that could be blocked by anti-CD44 antibodies. BMDCs cultured with conditioned medium (CM) from co-cultures of FC1245 cells, pancreatic stellate cells (ipSCs), and macrophages expressed high levels of proinflammatory cytokines (TNF α , INF γ , IL6) together with regulatory cytokines (TGF β 1, IL10), and chemokines. CM-exposed BMDCs had a transcriptional and functional immunosuppressive phenotype, and were strongly attracted towards CXCL12. Upon a partial knockout of CD44 in approximately 50% of the BMDCs, CM-BMDCs exhibited decreased levels of TGF β 1 signaling, and formed less BMDC clusters in the liver in vivo, underscoring the modulating function of CD44 on BMDC in response to tumor derived factors for pro-metastatic functions.

Financing: DFG OR-124/15-1 (Alemania)

Actividad antimicrobiana de hidrolizados de proteínas de las microalgas *Tetrademus obliquus*, *Dunaliella salina* Y *Chlamydomonas reinhardtii*, contra patógenos bacterianos de peces salmónidos.

Pabla Ugalde Díaz^{1,2}, Tamara Cielo Díaz¹, Claudia Ojeda Magna¹, Nicolás Ojeda Ojeda¹, Paulina Schmitt Rivera¹, M^a Verónica Rojas Durán¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Facultad de Ciencias del Mar, Coquimbo, Chile

Las microalgas presentan un gran potencial biotecnológico debido a la amplia gama de moléculas bioactivas de interés nutracéutico y acuícola. Se ha descrito actividad antimicrobiana de moléculas microalgales de diferente naturaleza química, sin embargo, respecto de hidrolizados de proteínas, se ha limitado a algunas especies del género *Chlorella*. Se evaluó el efecto de proteínas digeridas enzimáticamente de las microalgas *Tetrademus obliquus* (*To*), *Dunaliella salina* (*Ds*) y *Chlamydomonas reinhardtii* (*Cr*), contra dos bacterias marinas patógenas de peces salmónidos, *Piscirickettsia salmonis* (EM90) y *Vibrio anguillarum* (ISP66/12). Las microalgas se cultivaron, cosecharon y la biomasa microalgal se lisó mecánicamente. El lisado se centrifugó y las proteínas se recuperaron en el sobrenadante. La hidrólisis se realizó con pepsina (P) y tripsina (T), y corroborada por electroforesis en gel de Tris-Tricina (16,5%). La concentración mínima inhibitoria de los hidrolizados proteicos (CMI) para *P. salmonis* fue: 0,3 (89%); 1,2 (65%); 0,3 (94%); 0,3 (78%); 0,3 (91%); 18,8 (59%) $\mu\text{g mL}^{-1}$; en *To*-T, *To*-P, *Ds*-T, *Ds*-P, *Cr*-T y *Cr*-P, respectivamente, mientras que para *Vibrio anguillarum* fue: 1,2 (79%); 0,6 (70%); 2,3 (80%); 1,2 (81%); 0,6 (54%); y 1,2 (50%) $\mu\text{g mL}^{-1}$; en *To*-T, *To*-P, *Ds*-T, *Ds*-P, *Cr*-P y *Cr*-T, respectivamente. Estos hidrolizados no presentaron citotoxicidad a bajas concentraciones en células SHK-1 de Salmón del Atlántico (*Salmo salar*), determinada por ensayo MTS. Los resultados demostraron que estos hidrolizados proteicos microalgales presentan actividad antibacteriana, con potencial para la industria nutracéutica y acuícola.

Palabras clave: biotecnología de microalgas, péptidos bioactivos, actividad antibacteriana, acuicultura, patógenos marinos

Financing: Proyectos DI 039.334/2022 y 039.333/2023.

Efecto Inmunomodulador de Hidrolizados de Proteínas Derivados de la Microalga *Chlamydomonas reinhardtii* Sobre La Línea Celular Tipo Macrófagos Shk-1 De Peces

Tamara Cielo Díaz¹, **Cristian Muñoz Bravo**¹, Pabla Ugalde Díaz¹, Verónica Rojas Durán¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

Las microalgas son organismos unicelulares eucariontes fotosintéticos que habitan una gran diversidad de ambientes principalmente acuáticos. Contienen una gran variedad de compuestos bioactivos de distinta naturaleza química con actividad antimicrobiana, anticancerígena, antioxidante, antiinflamatorio o inmunomodulador, con potencial para uso en la dieta y la salud de animales marinos y humanos.

Estudios que utilizan hidrólisis con enzimas proteolíticas han demostrado la presencia de péptidos bioactivos a partir de proteínas microalgales. Se extrajeron, cuantificaron y digirieron con las enzimas tripsina y pepsina proteínas de la microalga *Chlamydomonas reinhardtii*. Se verificó la presencia de péptidos mediante electroforesis de Tricina/SDS-PAGE 16,5%.

Se evaluó el potencial efecto inmunomodulador de estos hidrolizados mediante la expresión a nivel transcripcional y de proteínas, por las técnicas de RT-qPCR y ELISA respectivamente, de citoquinas proinflamatorias (IL-1 β y TNF- α) y antiinflamatorias (IL-10 y TGF- β), en células de macrófagos derivados del riñón cefálico (SHK-1) de *Salmo salar*. Las células se pre-incubaron por 18 horas con 25 μ g/mL de cada hidrolizado, y luego se indujeron con 0,1 μ g/mL del péptido de flagelina (FlaA-2) por 8 y 24 horas. Los resultados demostraron que los hidrolizados obtenidos con pepsina generaron mayor expresión de las citoquinas antiinflamatorias a nivel transcripcional y de proteínas destacando IL-10, mientras que los hidrolizados de tripsina tienden a provocar una baja en la expresión de citoquinas antiinflamatorias enfatizando TNF- α , en ambos niveles evaluados.

La incubación con ambos hidrolizados no generó toxicidad en las células SHK-1. Los resultados sugieren un potencial efecto inmunomodulador de hidrolizados de proteínas de la microalga *C. reinhardtii*.

Financing: Financiamiento: Proyectos 039.342/2021 y 039.333/2023

Rhodococcus sp. aumenta la hidrofobicidad de su membrana celular durante la degradación de hidrocarburos del petróleo de baja biodisponibilidad.

Teresa Esparza Correa^{1,2}, Roberto E. Durán², Ximena Baéz-Matus², Constanza C. Macaya², Francisco Salvà-Serra^{3,4}, Daniel Jaen-Luchoro^{3,4}, Edward R.B. Moore^{3,4}, Roberto Orellana⁵, Sergio Alvarez¹, Michael Seeger²

(1) Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Independencia, Chile

(2) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

(3) Department of Infectious Diseases, Institute for Biomedicine, Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

(4) Culture Collection University of Gothenburg (CCUG) Department of Clinical Microbiology, Sahlgrenska University Hospital and Sahlgrenska Academy, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

(5) Laboratorio de Biología Celular y Ecofisiología Microbiana, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile

La biorremediación de hidrocarburos del petróleo por bacterias hidrocarbonoclasticas se limita por la baja biodisponibilidad de los compuestos. Algunas bacterias pueden aumentar su disponibilidad al modificar su envoltura celular y así aumentar la degradación. *Rhodococcus* sp. fue aislada desde un sitio costero crónicamente contaminado con hidrocarburos en la Región de Valparaíso, Chile. El objetivo del estudio fue evaluar la capacidad de *Rhodococcus* sp. para degradar alcanos de cadena larga (*n*-eicosano) e identificar los genes involucrados en su catabolismo, y la adaptación de su envoltura celular en el proceso. Se incubó la cepa en medio Bushnell-Haas Broth con NaCl 1,75% p/v a 30°C utilizando *n*-eicosano como única fuente de carbono, y se midió su crecimiento por turbidez a 600 nm. Se identificaron monooxigenasas involucradas en la ruta central y periférica de degradación de alcanos en el genoma de la cepa mediante las herramientas BlastKOALA, KEGG Mapper y mejor hit bidireccional. Adicionalmente se determinó la modificación de la envoltura celular mediante ensayo de hidrofobicidad celular. *Rhodococcus* sp. aumentó su hidrofobicidad de membrana durante el crecimiento en *n*-eicosano en comparación al control de células crecidas en acetato como única fuente de carbono, destacándola como atractiva candidata para la biorremediación de hidrocarburos del petróleo.

Financing: proyectos FONDECYT 1200756 (MS; RED; XB) e ILS (MS; RED; XB); Beca Magíster Nacional ANID 2023-22230193 (TE).

Bioestimulación con residuos agroindustriales: Orujo de uva como fuente de antioxidantes en procesos de biorremediación a escala semiindustrial

Ximena Báez-Matus¹, Macaya Macaya¹, Roberto E. Durán¹, Ester G. Rivera¹, Felipe Salazar-Tapia¹, Tamara Gallardo¹, Mario Sepulveda¹, Michael Seeger¹

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

Los agentes contaminantes en suelo, como hidrocarburos, aumentan el estrés oxidativo de los microorganismos, disminuyendo su viabilidad. Adicionar agentes antioxidantes favorecerían los procesos de bioestimulación. Los objetivos de este estudio fueron determinar mediante análisis bioinformáticos los genes involucrados en la respuesta al estrés oxidativo en dos bacterias hidrocarbonoclasticas aisladas de suelos contaminados con hidrocarburos en la Región de Valparaíso, y evaluar el efecto de la bioestimulación con orujo de uva como antioxidante. Los análisis bioinformáticos revelaron la presencia de genes de estrés oxidativo *oxyR*, *katA*, *sodB/C* en el genoma de la cepa A1, y *soxR*, *oxyR*, *katA/G/E*, *sodA/C* en el genoma de la cepa R1. Análisis de composición nutricional del orujo indican niveles de Vitamina C y E de 1,7 y 1,9 mg/100 g respectivamente, junto a niveles de polifenoles totales de 2.322,9 mg EAG/100 ml mta. En ensayos de núcleos de suelo, se observaron mayores tasas de eliminación de hidrocarburos (C16-C34) en suelo contaminado bioestimulado con enmienda orgánica (70%) en comparación con la condición control (50%) después de 15 semanas. Los mayores niveles de remoción de hidrocarburos se observaron mediante bioaumentación con el consorcio bacteriano más bioestimulación con orujo de uva (77%). Se observó un aumento de heterótrofos totales y bacterias hidrocarbonoclasticas después del bioaumentación más bioestimulación con orujo de uva (2 y 1.5 veces) comparado con bioestimulación de enmienda orgánica. Estos resultados sugieren que la bioestimulación con antioxidantes puede favorecer el fitness de las bacterias y su biodegradación en condiciones de estrés oxidativo.

Financing: Beca de doctorado ANID y USM (XB, CM, MS), FONDECYT 1200756 (MS), ANID Anillo GAMBIO ACT172128 (MS), USM PIIC (XB) y Proyecto ILS (MS)

Consorcio microbiano reductor de textiles

Marcela Carvajal Tocornal¹, Alejandra Vergara Calderón¹, Ximena Mónica Fadic Ruiz², Francisco Cereceda-Balic², Michael Seeger Pfeiffer³, Esli Lobaina Lobaina^{1,3}

(1) Laboratorio de Agrobiotecnología, Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica Federico Santa María

(2) Centro de Tecnologías Ambientales, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

(3) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

A nivel mundial y nacional existe un gran problema de contaminación con desechos textiles que no poseen ningún plan de reutilización o degradación. Cada año se generan cerca de 100M de toneladas al año de desperdicios sólidos textiles. Este comportamiento es el resultado del “fast fashion” o moda rápida, cuya premisa es vender ropa “desechable” a bajo costo, producida bajo un ciclo de vida lineal altamente contaminante y donde los recursos naturales son usados de forma intensiva e ineficiente. En Chile, menos del 1% del material utilizado para producir ropa se recicla con un 85% de textiles terminando en los vertederos o son incinerados. Este estudio busca reducir la enorme cantidad de desechos derivados de esta industria mediante el uso de cepas bacterianas con actividad celulítica aisladas del desierto chileno. Se evaluó la capacidad de 35 cepas de degradar tela en medio líquido durante 40 días y se seleccionaron 4 cepas con la capacidad de reducir en un 50 % el peso del textil inicial. Se ensayó la capacidad de degradar celulosa *in vitro* y se determinó que 4 cepas degradan más del 50% de la celulosa presente en el textil. Esta es una tecnología inocua, amigable con el medio ambiente y que promueve la sustentabilidad de los territorios, la salud en zonas más contaminadas minimiza el impacto ambiental y aporta a la economía circular con la reutilización del subproducto de degradación.

Financing: PI_INN_2022_02, proyecto UTFSM de Innovación (MC); Proyecto FONDEF Idea ID22110279 (MC).

Hongos entomopatógenos mejoran el desempeño fisiológico en *Chenopodium quinoa*Shirley L. Alquichire-Rojas¹, Marcia González-Teuber², Luisa Bascuñán-Godoy³

(1) Universidad Católica de la Santísima Concepción, Ecología, Ciencias, Alonso de Ribera 2850, Concepción, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Genética, molecular y microbiología, Ciencias, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(3) Universidad de Concepción, Botánica, Ciencias, Barrio universitario S/N, Concepción, Chile

El nitrógeno es el nutriente más limitante en el crecimiento de las plantas. La adquisición de N puede ser mediada por la intervención de microorganismos del suelo, entre ellos, los hongos entomopatógenos (HEP). Los HEP pueden capturar nitrógeno (N) desde el suelo hacia las plantas incrementando el contenido de N y su crecimiento. En este estudio nos preguntamos si cepas de HEP nativos mejoran la transferencia de nitrógeno y el crecimiento en *Chenopodium quinoa* bajo diferentes condiciones de nitrógeno (urea). Se realizó un experimento utilizando 6 grupos de plantas: 1) plantas inoculadas con HEP *Beauveria*, 2) plantas inoculadas con HEP *Metarhizium*, y 3) plantas no inoculadas (= control). Cada grupo de plantas crecieron a 5 mM (BN) y 15 mM (AN) de N-urea en el suelo. Luego de un mes, se evaluó la biomasa aérea y radicular, contenido de carbono, fotosíntesis, fluorescencia de la clorofila *a*, contenido proteico, y actividades enzimáticas relacionadas al metabolismo del N. A BN, *Beauveria* incrementó significativamente la biomasa total, fotosíntesis y contenido de carbono en las hojas, mientras que *Metarhizium* no afectó estos parámetros. Adicionalmente, a AN ambos HEP mejoraron la concentración de proteína radicular y la actividad enzimática de la glutamina sintetasa en las hojas. Estos datos demuestran que ambas cepas de HEP mejoran ciertos parámetros fisiológicos y de crecimiento en Quinoa, diferencialmente a AN y a BN. A BN *Beauveria* tendría efectos en el metabolismo del C, mientras que a AN, ambas cepas tendrían efectos en metabolismo del N.

Financing: ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21210677

Biodegradación del herbicida simazina por la bacteria *Pseudomonas* sp. ADP en hojas de una planta modelo

Joselyn Breitler Cruz¹, Lisette Hernández¹, Roberto E. Durán¹, Mario Sepúlveda¹, Michael Seeger¹

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

La simazina es un herbicida altamente contaminante que afecta suelos, aguas, cultivos y sus áreas foliares. El objetivo de este estudio fue evaluar si una bacteria modelo degradadora de simazina del género *Pseudomonas* (aislada desde suelo) puede biodegradar el herbicida en el área foliar de una planta modelo. De este modo, se podría incluir la filósfera como una matriz no convencional de biodegradación, entendiendo por matrices convencionales suelo y agua. Se utilizaron hojas de palto como modelo debido al frecuente tratamiento con simazina de este cultivo en Chile. Para monitorear el proceso de biorremediación, se estandarizó un método de extracción de simazina desde hojas y su cuantificación mediante cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) utilizando una columna RP 18e/Chromolith y una fase móvil isocrática compuesta por agua acidificada (70%v/v) y acetonitrilo (30%v/v). La concentración de simazina se determinó utilizando una curva de calibración con estándares auténticos ($R^2=0,999$). El método de extracción consistió en lavar las hojas con metanol mediante agitación mecánica (midiéndose la concentración de simazina del sobrenadante) que permite una tasa de recuperación entre ~80 y 90%. Se realizó un ensayo en el cual se adicionó simazina a 30 hojas (1 mg/hoja) y la mitad se inoculó con la bacteria degradadora. A los 33 días se evidenció que las hojas bioaumentadas presentaban un ~60% de reducción en la concentración de simazina; las hojas no inoculadas mantuvieron una concentración constante. Este ensayo permite validar el método analítico y proyectar la aplicación de la biorremediación de simazina en el nivel foliar.

Financing: ANID PhD fellowship (LH), USM PIIC grant (LH), FONDECYT 1200756 (MS, JBC, MSM, RED) and USM (LH) grants.

Cambios en la composición y funcionalidad de las comunidades bacterianas endófitas en semillas y semillas germinadas de cuatro familias de hortalizas

Milko Jorquera¹, Jacqueline Acuña¹, Qian Zhang², Nitzia Inostroza¹, Jing Ming², Tamara Valenzuela³, Pablo Perez³

(1) Universidad de La Frontera, Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALAB), Departamento de Ciencias Química y Recursos Naturales, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Xiamen University, College of the Environment and Ecology, Xiamen 361102, China

(3) Universidad de La Frontera, Programa de Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

Chile es uno de los principales exportadores de semillas del hemisferio sur. Sin embargo, no se ha explorado el microbioma endófito de semillas. Utilizamos Metabarcoding (gen 16S ARNr) para explorar los cambios en composición y funcionalidad de la comunidad bacteriana endofítica en semillas (S) y semillas germinadas de 2 semanas (GS), en etapa de cotiledón (o brotes), de cuatro familias vegetales: *Apiaceae* (perejil y zanahoria), *Asteraceae* (lechuga), *Brassicaceae* (coliflor y brócoli) y *Solanaceae* (tomate). Los resultados mostraron recuentos desde 10^4 (coliflor; *Brassica oleracea*) a 10^8 (zanahoria; *Daucus carota*) de copias del gen 16S ARNr g^{-1} en S y GS. El análisis de diversidad alfa (índices de Chao1, Shannon y Simpson) no mostró diferencias significativas ($p < 0.05$, t-test) entre S y GS, excepto en miembros de *Solanaceae*. En contraste, el análisis de diversidad beta (PCoA) reveló diferencias significativas (adonis, $p < 0.05$) entre S y GS, excepto en *Apiaceae*. En general, Proteobacteria (Pseudomonadota) y Firmicutes (Bacillota) fueron los taxones dominantes en S y GS. La presencia de rasgos promotores del crecimiento vegetal (PCV) en 143 bacterias endófitas aisladas de S y GS fue también investigados y observados en todas las familias de hortalizas. En particular, 10 a 64 % de las cepas endófitas mostraron rasgos PCV, y 74 % a 82 actividad de biocontrol contra patógenos de plantas. Este estudio muestra los cambios en las bacterias endófitas en S y GS, incluidas cepas bacterianas con potencial como promotoras de crecimiento vegetal y biocontroladores, identificadas principalmente como *Bacillus* y *Microbacterium*.

Financing: FONDECYT no. 1201386 y 1221228.

Cepas nativas de hongos con potencial biorremediador aisladas de la zona de puchuncaví-ventanas exhiben tolerancia a metales pesados

Felipe Reyes², Francisca Soler², Esli Lobaina², **Ximena Mónica Fadic Ruiz**^{1,3}, Romina Cerna², Alejandra Vergara², Francisco Cereceda^{1,3}, Marcela Carvajal^{1,2}

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

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Centro de Biotecnología (CBDAL), Av. España 1680, Valparaíso, Valparaíso, Chile

(3) Universidad Técnica Federico Santa María, Centro de Tecnologías Ambientales (CETAM), Av. España 1680, Valparaíso, Valparaíso, Chile

La contaminación de suelos por metales pesados es una problemática que afecta los ecosistemas y sectores productivos, provocando disminución de la productividad agrícola y pérdida de la biodiversidad. Estudios realizados en el sector de Puchuncaví-Ventanas evidencian altos valores del contenido de metales pesados. La biorremediación fúngica es un enfoque prometedor para eliminar metales pesados de ambientes contaminados. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar la tolerancia a metales pesados de 2 cepas nativas de hongos aisladas de esta zona. Las cepas en estudios se identificaron parcialmente mediante análisis comparativo de secuencia del espaciador transcrito interno (ITS) (*Trichoderma* TM1 y *Mortierella* LA7). Mediante ensayos *in vitro* se evaluó la tolerancia a metales pesados (As, Pb, Cu, Cr, Co) empleando medio de cultivo PDA suplementado. Se determinaron los índices de tolerancia (IT) evidenciando para TM1 altos IT para Pb (100% a 300 y 450 ppm) y 100%, 51% y 35% para 100, 200 y 300 ppm de Cu, respectivamente. LA7 exhibió una alta tolerancia al plomo con IT de 63%, 58% y 71% a 300, 450 y 800 ppm y 69%, 56% y 45% a 100, 200 y 300 ppm (Cu), respectivamente. Mediante microscopía electrónica de barrido se visualizaron las diferencias morfológicas entre los tratamientos con metales y los controles. Las cepas en estudios son candidatas atractivas para formar estrategias que contribuyan al manejo y restauración de ambientes contaminados, principalmente en proceso de biorremediación en ambientes contaminados por metales pesados.

Financing: Proyecto Fondef Idea ID22110279, PM (ELL_2022)

Develando el potencial de los *Streptomyces* marinos: Descubriendo nuevos péptidos antibiótico a través de Molecular Networking e ingeniería genética

Néstor Serna-Cardona¹, Andrés Cumsille¹, Leonardo Zamora-Leiva¹, Valentina González¹, Mauricio Vergara², Claudia Altamirano^{2,4}, Alesia Tietze⁵, Catherine Tessini³, Agustina Undabarrena⁶, Beatriz Cámara¹

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

(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Brasil 2180, Valparaíso, Chile

(3) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Centro Regional de Estudios en Alimentos Saludables (CREAS), Av. Universidad 330, Valparaíso, Chile

(5) Universidad de Gotemburgo, Departamento de Qupimica y Biología Molecular, Kemivägen 10, Gotemburgo, Suecia

(6) Universidad Técnica de Dinamarca, Novo Nordisk Foundation Center for Biosustainability, 2800 Lyngby, Copenague, Dinamarca

A través de la historia, se ha desarrollado diversas estrategias para impulsar el descubrimiento de moléculas antibióticas que combatan patógenos multirresistentes. Un desafío relevante consiste en establecer criterios de purificación que permitan evitar el redescubrimiento de los mismos antibióticos comerciales, tarea compleja y que consume mucho tiempo. En este trabajo, proponemos una aproximación que combina ingeniería genética, y análisis genético y metabolómico de ocho cepas relacionadas a *Streptomyces albidoflavus*, todas aisladas de 5 ecosistemas marinos de la costa chilena. En nuestros resultados observamos que el potencial biosintético y el espacio químicos de cada cepa dependía principalmente del origen de aislamiento y no tanto del taxón de la especie, presentando perfiles metabólicos exclusivos por zona geográfica. Este hecho facilitó la identificación de un nuevo péptido antibiótico de la familia tetrahydroisoquinolina (THIQ), moléculas conocidas por su potente actividad antibiótica y antitumoral, presente en algunas cepas.

Para la identificación de este nuevo y silente *biosynthetic gene cluster* (BGC) se empleó antiSMASH, donde se observó un BGC con baja similitud a cualquier otros depositado en bases de datos MiBiG. La activación del BGC sólo fue posible mediante la sobre-expresión de genes biosintéticos y reguladores usando ingeniería genética en una de las cepas que lo contenía, y cuyo producto se identificó empleando redes de similitud molecular y el software del *Global Natural Product Social Molecular Networking* (GNPS). Fracciones bioactivas de estos péptidos mostraron una notable actividad antibiótica contra *Staphylococcus aureus*, así como una actividad antiproliferativa contra el neuroblastoma humano y el adenocarcinoma colorrectal humano.

Resultados preliminares en el diseño de un protocolo de refrigeración para embriones de Palometa (*Seriola lalandi*)

Ricardo Daniel Moreno Mauro¹, Sebastian Escobar², Jaime Palomino Mackenney³, Jessica Noemi Dörner¹, Eileen Jennifer Narbona Narbona¹, Amanda Escorza¹

(1) Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Av Lib B Ohiggins 340

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Ciencias Animales, Agronomía, Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

(3) Universidad Bernardo O'Higgins, Escuela de Veterinaria, y Facultad de Ciencias Médicas, General Gana #1702, Santiago, Chile

El pez dorado o palometa *Seriola lalandi* es la especie marina con mayor proyección para diversificar la acuicultura chilena. El sistema de cultivo implica la mantención (por 3-4 días) de embriones en estanques hasta su eclosión para luego continuar su desarrollo. Sin embargo, dada la biología reproductiva de esta especie que lo caracteriza como un desovador parcial, la disponibilidad de embriones no siempre es constante. El objetivo de este trabajo fue evaluar la sobrevivencia de embriones de 12 hpf, almacenados por 12 hrs a 4°C en distintos medios de refrigeración (a) Sacarosa 0,25M; b) Sacarosa 0,5M; c) Sacarosa 0,25M+Yema de huevo (YH) al 20% Sacarosa 0,5M+YH al 20%; e) Sacarosa 0,25M+YH al 20% +Metanol 1%). Se evaluó la morfología del embrión y la viabilidad en base a la expresión de genes de muerte celular como *bax*, *caspasa 3* y *9*. Los embriones almacenados en Sacarosa 0,5M mostraron una buena preservación de la morfología, conservando el aspecto esférico, a diferencia de medios poco protectores que ocasionaron morfología elíptica. Por otro lado, la expresión de *caspasa-9* fue baja en todas las condiciones, en tanto que *caspasa-3* aumentó significativamente solo en aquellas muestras a 4°C en presencia de sacarosa 0,25M, en comparación con su control a 20°C. En conclusión, los resultados hasta ahora sugieren que es posible la preservación a 4°C por al menos 12 de embriones de *S. lalandi* al usar Sacarosa 0,5 M.

Financing: FONDEF ID21I10059

Quimeras, las súper-algas que reducen la vulnerabilidad frente al cambio climático

Alejandra Gonzalez Vasquez¹, Fadia Tala², Julio Vasquez², Milen Duarte³, Marcelo Olivares-Arenas⁴, Natalia Sanhueza¹, Octavia Barra¹, Rocio Ramirez¹, Lorena Toledo¹, María Fernanda Gómez¹, Ursula Romero¹, Macarena Bravo², Natalio Godoy⁶, Paula Miranda⁵

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

(2) Departamento de Biología Marina, Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Algas y otros Recursos Biológicos (CIDTA), Instituto Milenio en Socioecología Costera (SECOS), Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte.

(3) Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. Campus Isla Teja. Valdivia

(4) Instituto de Políticas Públicas, Universidad Católica del Norte, Chile

(5) Centro de Estudios en Ciencia Tecnología y Sociedad (CECTS), Universidad Alberto Hurtado

(6) The Nature Conservancy (TNC) Chile

La protección de bosques de macroalgas es una estrategia clave para reducir riesgos del cambio climático, dada su alta capacidad de secuestro de carbono y mantención de la biodiversidad. A pesar de ello, en Chile éstas son cosechadas desde poblaciones naturales, alcanzando desembarques de hasta 400.000 ton/año. Con el objetivo de reducir riesgos por pérdida de servicios ecosistémicos, se utilizaron quimeras de macroalgas (Patente-CL201701827), para generar plántulas de mayor diversidad genética en *Lessonia spicata* y *L. berteroana*. Adicionalmente, se generaron mapeos de poblaciones con mayor resiliencia climática. Se trabajó con 4 AMERB para la co-producción de i) conocimiento local y científico. ii) repoblamiento con quimeras y iii) promoción del repoblamiento. Se identificaron áreas de vulnerabilidad y refugios climáticos proyectados, así como su rol en la mitigación, capturando 4 veces más CO₂ en frondas que discos, y 1.5- 2 veces más que otras macroalgas pardas. Por otra parte, plántulas quiméricas son más resilientes con tolerancias mayores que unitarias a incrementos en temperatura y acidificación; y muestran mayor sobrevivencia en el repoblamiento. A nivel de adaptación, el conocimiento sinérgico fortaleció el enfoque precautorio y ecosistémico de las AMERB frente al cambio climático. La capacitación en el repoblamiento con estas súper-algas promovió el potencial desarrollo económico y social, que asegurará la transición desde recolectores a cultivadores generativos que incorporan la sustentabilidad del recurso. Estos resultados, permitirán generar estrategias efectivas de protección, repoblamiento y restauración de *Lessonia spp.* como una solución basada en la naturaleza (SbN), considerando sinérgicamente las comunidades y el medio ambiente.

Financing: Financiamiento: FONDEF ID20110167, Packard 2021- 73304

Exploración de la comunidad bacteriana asociada al cultivo enriquecido *Trichormus* sp. utilizando una metodología basada en metagenoma.

Daniel Barros Vásquez¹, Claudia Ortiz Calderón¹, Daniela Valdivia Muñoz¹

(1) Laboratorio de Bioquímica Vegetal y Fitorremediación. Facultad de Química y Biología, Departamento de Biología, Universidad de Santiago de Chile., Alameda 3363, Estación Central, Santiago, Chile

Las cianobacterias, productores primarios y fijadoras de nitrógeno, ocupan un rol fundamental en los ecosistemas. Estas bacterias fotosintéticas forman complejas asociaciones con distintos microorganismos en las costras biológicas del suelo (CBS). Este estudio empleó una estrategia basada en metagenómica para investigar la comunidad bacteriana asociada a un cultivo enriquecido de *Trichormus* sp., una cianobacteria filamentosa cultivada a partir de CBS colectadas en el Desierto de Atacama, IV Región de Coquimbo. La extracción de ADN consideró el lavado selectivo de exopolisacáridos con buffer RS. El metagenoma se secuenció a través de dos plataformas: Oxford nanopore y DNBSEQ. La obtención de genomas ensamblados desde metagenoma (MAGs) se realizó mediante binning, y el análisis taxonómico se efectuó usando Kaiju. En las células lavadas con buffer RS, se obtuvo una abundancia relativa de 90.6%, para Cianobacteria, 7.1% Proteobacteria y 1.1% Firmicutes. En contraste, en células no lavadas, se observó 36.4% para Cianobacteria, 27.3% Proteobacteria y 18.2% Firmicutes. La plataforma Oxford nanopore permitió obtener los genomas circularizados de *Trichormus* sp., *Porphyrobacter* sp. y *Algophagus* sp., los géneros presentes en mayor abundancia en ambas aproximaciones. Los resultados son consistentes con otros estudios realizados en cianobacterias. Por ejemplo, un estudio reciente encontró que los géneros *Porphyrobacter* sp. y *Algophagus* sp. eran de los más abundantes en la comunidad bacteriana asociada a *Nostoc* sp., colectada desde el Lago Chungará, XV Región de Arica y Parinacota. La presencia constante de *Porphyrobacter* sp. sugiere una complementación metabólica conservada entre especies, resaltando la importancia de estas relaciones interdependientes en entornos extremos.

Financing: FONDEF ID23I10119; Beca de apoyo a la investigación Facultad de Química y Biología; ANID, Beca de doctorado Nacional 21201081.

Evolución de la amplitud de nicho en los mamíferos: conservadurismo vs divergencia en el origen de la biodiversidad

Cristián E. Hernández¹, Nicolas Espinoza Aravena¹, Oscar Inostroza Michael², Reinaldo Rivera Jara¹, Enrique Rodríguez Serrano¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Ocenográficas, Barrio Universitario sn., Casilla 160-C, Concepción, Chile

(2) Centro de Investigación en Recursos Naturales, HOLON SpA., Concepción, Chile

Los esfuerzos científicos desarrollados para explicar el origen y la complejidad de la biodiversidad han adoptado predominantemente un enfoque centrado en perspectivas ecológicas que destacan la importancia de procesos deterministas basados en diferenciación de nichos. Este enfoque postula que los factores ambientales son los responsables de mantener la riqueza de especies, surgida a raíz de la heterogeneidad ambiental (conocida como la hipótesis de divergencia de nicho – ND). Sin embargo, esta visión ha sido cuestionada por la Teoría Neutral de la Biodiversidad, que afirma que las diferencias biológicas entre especies, al igual que la capacidad competitiva, son irrelevantes (neutrales) para su éxito. El mecanismo atrás de este proceso neutral es la equivalencia ecológica, que se promueva cuando el nicho entre especies tiende a conservarse y son estocásticamente reemplazables sin afectar el funcionamiento de las comunidades (hipótesis del conservadurismo del nicho - NC). Aquí, utilizamos un enfoque filogenético comparativo para estudiar la relevancia de las hipótesis de ND y NC, evaluando la evolución de la amplitud del nicho climático-ambiental para los mamíferos terrestres. Se contrastaron dos tipos de modelos de evolución del volumen del nicho: 1.- divergentes por aumento de varianza con tasa constante o heterogénea en el marco de un modelo de evolución Browniano (BM); versus 2.- modelos de evolución que tienden a disminuir la varianza a través del tiempo o de “conservadurismo” con tasa simple o heterogénea en el marco de un modelo de evolución Ornstein-Uhlenbeck (OU). Estimamos el volumen del nicho según Blonder et al. (2014). Los resultados sustentan un modelo de evolución tipo OU de tasa heterogénea, con 13 regímenes evolutivos diferenciales, caracterizados por una importante fuerza de atracción, α , hacia un valor óptimo teórico en la mayoría de los linajes. Estos resultados indican que el nicho de los mamíferos evoluciona disminuyendo la varianza a través del tiempo o de manera conservadora, soportando la hipótesis de NC que promueve la equivalencia ecológica a través del tiempo, resaltando la importancia de la “Teoría Neutral” para explicar el origen de la biodiversidad.

Financing: FONDECYT- Regular Nº 1201506 y 1220998

Efectos de la estacionalidad térmica en la evolución de historias de vida en Aves

Joaquín Cárcamo Gallardo¹, Nicolás Espinoza-Aravena¹, Enrique Rodríguez Serrano², Cristián Esteban Hernández Ulloa¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Laboratorio de Ecología Evolutiva y Filoinformática, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Laboratorio de Mastozoología, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

El esfuerzo reproductivo de Aves presenta heterogeneidad espacial; en ambientes altamente estacionales presentan mayor inversión reproductiva en comparación con zonas tropicales. Patrón investigado principalmente desde aproximaciones ecológicas, sin considerar procesos evolutivos. Se ha propuesto que la estacionalidad limita la diversidad de estrategias reproductivas, seleccionando o filtrando aquellas basadas en alta inversión energética (Hipótesis-Filtro, HF); alternativamente la Hipótesis de Conservadurismo de Nicho-Tropical (HCNT) plantea que ambientes estacionales favorecerían cambios evolutivos novedosos que permiten adaptarse a estas condiciones, aumentando la diversidad de estrategias. En el presente estudio, utilizamos el modelo Fabric para evaluar las predicciones evolutivas de la HF e HCNT, con cuatro atributos de historia de vida de Aves terrestres en respuesta a la estacionalidad climática histórica. Fabric permite detectar cambios evolutivos direccionales en las ramas de la filogenia y cambios en la tasa evolutiva de un clado (evolabilidad). Mientras la HF predice una disminución de evolabilidad hacia ambientes estacionales, HCNT predice una mayor evolabilidad y/o cambios direccionales en estos ambientes, reduciendo la evolabilidad y/o la frecuencia cambios direccionales en ambientes estables. Nuestros resultados revelan que en ambientes estacionales predominan cambios direccionales hacia estrategias de alta inversión reproductiva. Contrariamente, en ambientes estables hay cambios direccionales en dirección opuesta, resultados que no apoyan a las hipótesis propuestas. Esto sugiere una nueva Hipótesis de Divergencia de Historias de Vida (HDHV) dependientes de la estacionalidad, sin efecto en la evolabilidad. Por lo tanto, la colonización de ambientes estacionales no está asociada a reducción en evolabilidad, refutando la idea de un filtro ambiental macroevolutivo.

Financing: ANID21201552, 22230769FONDECYT 1201506, 122099817

Biocontrol mediante bacterias nativas y sus compuestos orgánicos difusibles y volátiles del hongo *Neofusicoccum parvum*, agente causal de la enfermedad *Botryosphaeria dieback* en vid

Diyaira Constansa María Castillo Novales^{1,2}, Paulina Vega Celedón^{1,2}, Alejandra Larach Vega^{1,2}, Ximena Besoain Canales², Michael Seeger Pfeiffer¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Avenida España 1680, Valparaíso 2390123, Chile., Valparaíso 2390123, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, Quillota 2260000, Chile., Quillota, Chile

Las enfermedades del tronco de la vid (GTDs) incluyen la muerte regresiva por *Botryosphaeria* causada por patógenos fúngicos como *Neofusicoccum parvum*. Las bacterias son productoras de una amplia gama de compuestos orgánicos difusibles y volátiles (DOCs y VOCs), que pueden ser utilizados para el biocontrol de fitopatógenos. En este estudio se analizó el efecto *in vitro* de cuatro bacterias del género *Pseudomonas* (GcR15a, AMCR2b, AMTR8 y TmR1b) frente a tres cepas de *N. parvum* (PUCV 1547, PUCV 1557 y PUCV 1560). Para el estudio de DOCs se utilizó el método de difusión en tapón de agar en el medio de cultivo PDA, evaluando a los 3, 5 y 7 días. Para el estudio de VOCs se utilizó el método de doble placa con medio de cultivo YM para las bacterias y PDA para los hongos, evaluando a 12, 24 y 48 h, a 10, 15, 22 y 35°C. Las bacterias fueron capaces de producir DOCs y VOCs que inhibieron *in vitro* el crecimiento micelial de las distintas cepas de *N. parvum* a distintas temperaturas. A 10°C se alcanzó 15% inhibición del crecimiento micelial de *N. parvum*, mientras que a 15°C se observó 40% inhibición. Asimismo, a 22 y 30°C se observaron inhibiciones del crecimiento micelial de 30% y 45%. En los distintos tratamientos, las cepas GcR15a y AMCR2b presentaron una mayor inhibición frente al patógeno. Estos resultados permitieron la selección de dos cepas de *Pseudomonas* como potenciales agentes de biocontrol.

Financing: Becas de Doctorado UTFSM (DC-N) y PUCV (DC-N); Proyectos Fondecyt Regular 1211094 (DC-N, AL, XB, MS) y 1200756 (MS).

No estaba muerto: determinación del efecto nodriza de individuos quemados de *Vachellia caven*

Alvaro Javier Plaza Valencia^{1,2,4}, Paulette I. Naulin², Miguel Castillo Soto³, Claudio Madriaza Villalobos⁴

- (1) Universidad de Chile, Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Campus Sur
- (2) Universidad de Chile, Laboratorio Biología de Plantas, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza
- (3) Universidad de Chile, Laboratorio de Incendios Forestales, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza
- (4) Asociación de Guías y Scouts de Chile

En experimentos realizados en epitelios de ala de *Drosophila*, se ha encontrado que las células “no-muertas” (células que han iniciado la apoptosis pero que tienen mutaciones que les impiden concretarla) son capaces de evadir la exclusión competitiva. Luego de evidenciar similitudes entre las células no-muertas y árboles quemados con capacidad de rebrotar, planteamos la hipótesis de que individuos quemados (“no-muertos”) de *Vachellia caven* podrían ser mejores nodrizas que sus contrapartes testigo, al disminuir la competencia con sus especies asociadas. Para explorar esta idea, se plantaron individuos de *Neltuma chilensis*, *Quillaja saponaria* y *Fraxinus ornus*, junto a individuos quemados y testigos de *V. caven*; como control, se plantaron también individuos de las tres especies, sin nodriza, en los sectores quemado y testigo (20 individuos de cada especie por cada sector y condición). Las plantas recibieron riegos mensuales durante un año. Asimismo, se monitoreó mensualmente la sobrevivencia, como aproximación del éxito de establecimiento. Se encontró que, en cuanto a sobrevivencia de las plantas asociadas, los individuos quemados de *V. caven* resultaron ser mejores nodrizas para las tres especies. Si bien hacen falta más experimentos para poder realizar generalizaciones, estos resultados podrían contribuir a mejorar el manejo forestal que se realiza después de los incendios, así como el entendimiento del rol biológico que los organismos “no-muertos” podrían tener en la naturaleza.

Financing: Proyecto CONAF 010/2019 “Determinación de las interacciones biológicas y químicas intra e interespecíficas para mejorar el hábitat de *Prosopis chilensis* en el Bosque Espinoso”. Estudios de postgrado financiados por ANID-PFCHA/Doctorado Nacional/2020-21201582.

Cuando el sueño se transforma en pesadilla: inestabilidad laboral en la investigación, un análisis crítico

Marianela Aravena¹, Carola Díaz¹, José Manuel Jiménez¹, Paulina Aravena¹, Ximena Baez-Matus¹

(1) Asociación Nacional de Investigadoras/es en Postgrado, Chile. directiva.anipchile@gmail.com

La Asociación Nacional de Investigadoras/es en Postgrado (ANIP), instauró la frase “investigar es trabajar”, resumiendo su principal demanda por mejores condiciones laborales en la carrera del investigador, donde gran parte de los trabajos o actividades de estudio quedan sujetos a boletas de honorarios o convenios de financiamiento.

Para caracterizar a las/os socias/os, se realizó un censo en 2022 a los miembros activos de la corporación (n=400 aproximadamente). De la muestra, el 50,75% son mujeres, un 43,28% estudiaron su enseñanza media en establecimientos subvencionados y un 29,85% en establecimientos municipales, además un 12,69% pertenecen a la comunidad LGBTQ+.

Se observó que la mayoría de socias/os ejercen su trabajo por medio de boletas de honorarios y convenios de financiamiento, predominando la precariedad por sobre la estabilidad, siendo escasos los contratos indefinidos. El rango de salario mayoritario de las/os investigadoras/es en postgrado fluctúa entre \$500.000 y \$1.000.000 de pesos. Además, el 27,5% de las/os socias/os ANIP trabaja bajo boleta de honorarios, mientras que otro 25% trabaja bajo convenio de beca.

Esta caracterización evidencia que la gran mayoría de las/os socias/os representan un segmento de la población que vive algún tipo de precariedad laboral. El trabajo colaborativo entre autoridades de gobierno e instituciones de la sociedad civil es fundamental. La consideración de estos factores nos permiten pensar políticas públicas con una mirada interseccional, donde se considere tanto el género como la clase de origen.

Diversidad Genética de las especies del género *Histiotus* (Chiroptera, Vespertilionidae) de Chile.**Enrique Rodríguez-Serrano¹, Fulgencio Lisón², Cristián E. Hernández³, Kateryn Pino¹, Veronica Yung⁴**

(1) Laboratorio de Mastozoología, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(2) Laboratorio de Ecología y Conservación de Fauna Silvestre, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(3) Laboratorio de Ecología Evolutiva y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

(4) Departamento Laboratorio Biomédico, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile.

Diversidad Genética de las especies del género *Histiotus* (Chiroptera, Vespertilionidae) de Chile.

La familia Vespertilionidae es una de las más diversas de mamíferos con cerca de 400 especies. Muchos géneros de esta familia se distribuyen ampliamente en el Neotrópico. Incluso, y a pesar de la contrastante realidad de la diversidad de Chiroptera en Chile, esta familia representa más del 50% de la diversidad de especies en nuestro territorio. Dentro de esta diversidad escasa pero interesante, destacan las especies del género *Histiotus* recientemente revalidado. En Chile ocurren tres especies con rangos geográficos levemente organizados latitudinalmente y en algunos casos fuertemente sobrepuestos. En este trabajo, evaluamos por primera vez la diversidad inter e intraespecífica de ejemplares correctamente asignados a las especies del género en Chile y a lo largo de la mayor parte del rango de distribución conocido de las mismas. Para ello utilizamos datos SNPs y algunas pruebas generales acordes a esta evidencia molecular.

Agradecimientos: FONDECYT 1220998, 1201506

Financing: FONDECYT 1220998, 1201506

Estudio de la variación morfológica en poblaciones de *Telmatobius marmoratus*, del Norte de Chile**Katherine Llaves Joglar¹, Marco A. Mendez¹, Pablo Fibla¹, Felipe Hinojosa¹, Paola Saez¹**

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

Telmatobius marmoratus es un complejo de especies que habita el altiplano andino y tiene la distribución más amplia del género. Estudios previos con evidencia molecular de *T. marmoratus* sugieren que existen varios linajes independientes adscritos a esta entidad. La evidencia molecular ha sido una de las herramientas más consideradas para la delimitación de linajes de *Telmatobius* y, por lo tanto, existe una desconexión entre la genética y la morfología debido al estado polifilético de *T. marmoratus*. En este trabajo se consideran 13 variables morfométricas para examinar los patrones de variación morfológica de 47 individuos repartidos en 9 localidades: Lauca Sur (Región XV), Colpa (Región XV), Parinacota (Región XV), Pacollo (Región XV), Allane (Región XV), Quebe (Región I), Isluga (Región I), Toculla (Región I) y Pumiri (Región I). Aunque este género *Telmatobius* tiene una morfología generalmente conservada se espera observar variaciones intraespecíficas entre localidades. Los resultados muestran diferencias entre rasgos morfológicos como forma del hocico y presencia/ ausencia de espinas corneas en diferentes regiones corporales de los machos. Se discute la variación genética (DNA mitocondrial) con la morfológica lineal y multivariada (PCA) en este grupo y su utilidad para la sistemática del grupo.

Financing: ANID/FONDECYT 1200419; ANID/FONDECYT 1221214; ANID PIA/BASAL FB0002.

Diversidad y estructura genética de las poblaciones de *Orestias agassii* del lago Huiñaymarca (Lago Menor, Titicaca): evaluando hipótesis de refugio y recolonización.

Viviana Araya Enero¹, Soraya Barrera², Jaime Sarmiento², Franco Cruz-Jofré^{1,3}, Talía del Pozo⁴, Marco A. Méndez¹

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

(2) Museo Nacional de Historia Natural, Colección Boliviana de Fauna, La Paz, Bolivia

(3) Universidad Santo Tomás, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Limonares 190, Viña del Mar, Chile

(4) Universidad de Las Américas, Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía, Av. Manuel Montt 948, Santiago, Chile

La historia del Altiplano ha estado marcada por numerosos ciclos de altas precipitaciones y eventos de Paleolagos en los últimos 130.000 años, conectando cuencas a diversa escala geográfica y temporal. De hecho, el Lago Titicaca ha sufrido cambios en los niveles de agua, incluyendo la desecación del Lago Menor y, por ende, la desconexión con el Lago Mayor en el holoceno temprano y medio. *Orestias agassii*, es una especie ampliamente distribuida en el Altiplano de Chile, Perú y Bolivia, con poblaciones en ambas sub-cuencas del lago Titicaca (Lago Mayor y Menor).

En este trabajo, evaluamos la contribución de las poblaciones de *Orestias agassii* de las cuencas hidrográficas y/o afluentes adyacentes en la repoblación del Lago Menor del Titicaca, determinando patrones de estructuración y de diversidad genética mediante el uso de los marcadores moleculares mitocondriales Cytb y Dloop. Nuestros resultados señalan que, a pesar de que existe un aporte de individuos de parte del Lago Mayor, la cuenca La Paz y el Desaguadero hacia el Lago Menor, se comparten solo tres de los 61 haplotipos.

Se infiere que existió contacto entre las zonas geográficas estudiadas, habiendo un escaso aporte desde el Lago Mayor al Lago Menor y desde la cuenca La Paz a ambas subcuencas del Lago Titicaca. Lo cual, sumado a la alta diversidad genética existente en el Lago Menor, sugiere que la recolonización o repoblamiento se produjo a partir de poblaciones relictas remanentes del Lago Menor.

Financing: FONDECYT 1200419, FONDECYT 1221214, Proyecto ANID PIA/BASAL FB0002.

Respuesta antiviral de ostras *Crassostrea gigas* producidas en Chile: Selección asistida frente a la expansión global del virus OsHV-1 μ var.

Daniel Oyanedel Trigo¹, Paulina Schmitt¹, Katherina Brokordt^{2,3,4}

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Grupo de Marcadores Inmunológicos, Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Instituto de Biología, Av. Universidad 330, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Laboratorio de Fisiología y Genética Marina (FIGEMA), Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

(3) Universidad Católica del Norte, Centro de Estudios avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Coquimbo 1780000, Coquimbo, Chile

(4) Universidad Católica del Norte, Centro de Innovación Acuícola (AquaPacífico), Coquimbo 1780000, Coquimbo, Chile

El Síndrome de Mortalidad de la Ostra del Pacífico (POMS) afecta preferentemente a los estadios juveniles de la especie *Crassostrea gigas*. El POMS involucra una infección por el virus OsHV-1 μ Var y una consecuente infección bacteriana oportunista. La resistencia al POMS ha sido relacionada a la expresión basal diferencial de una serie de componentes de vías de señalización de la inmunidad innata como TLR-NF κ B, JAK-STAT y RLR-STING.

La producción de *C. gigas* en Chile se centra tanto en la producción de semillas para exportación como para uso nacional. De forma preocupante, el OsHV-1 ha alcanzado una distribución global y aunque no ha reportado en Chile, ha sido detectado en Argentina.

Proponemos caracterizar la respuesta antiviral de las ostras nacional con el objetivo de aportar con una herramienta de cría selectiva que considere la inmunidad de las ostras producidas en el país, agregando así valor al producto exportado y anticipando una eventual aparición del OsHV-1 μ var en Chile.

Se evaluó la expresión basal de 7 genes antivirales en 17 familias biparentales, identificando diferentes perfiles de expresión, destaca la co-sobrexpresión, en ciertas familias, de un factor regulador de interferón (IRF) y una proteína de la vía JAK/STAT, los cuales han sido relacionados a la resistencia al POMS.

En conclusión, se evidenció que la cría asistida puede potenciar características que aún no ha sido considerados por la industria nacional y se generó un valioso material biológico para estudiar la inmunidad de las ostras producidas en Chile.

Financing: Proyecto de Postdoctorado Fondecyt N°3220530

Genómica microbiana desde una perspectiva multidisciplinaria: Desarrollo de software de visualización de datos y aplicaciones de aprendizaje de máquinas para el apoyo a la investigación genómica en microbiología

Roberto E. Durán Vargas¹, Andrés Cumsille¹, Daryl Hernández², Andrea Rodríguez-Delherbe³, Vicente Saona-Urmeneta^{4,5}, Ester R. González¹, Camila Astorga-Alarcón⁶, Óscar Guajardo-Menas², Fabián Guerrero-Maureira², Yeriel Paz², Claudia Clavero-León⁷, Beatriz Cámara¹, Michael Seeger¹, Mauricio Araya², Nicolás Jara², Carlos Buil-Aranda⁵

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

(2) Departamento de Electrónica, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

(3) Radcliffe Department of Medicine, MRC Weatherall Institute of Molecular Medicine, University of Oxford, Oxford, United Kingdom

(4) Centro Científico Tecnológico de Valparaíso, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile.

(5) Departamento de Informática, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

(6) Departamento de Ingeniería Química y Ambiental, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

(7) Centro de Investigación en Recursos Naturales y Sustentabilidad (CIRENYS), Universidad Bernardo O'Higgins, Santiago, Chile

Una cantidad explosiva de genomas a partir de aislados bacterianos y muestras metagenómicas refleja la viabilidad actual de la secuenciación de microorganismos y de muestras ambientales. Sin embargo, los software disponibles carecen de automatización y personalización, algunas bases de datos están sobrerrepresentadas con cepas clínicas y la anotación de elementos no codificantes puede mejorar mediante técnicas no convencionales. En este trabajo presentamos enfoques multidisciplinarios (genómica, informática, ciencia de los datos) y basados en las necesidades de lo(a)s usuario(a)s para hacer frente a los desafíos de la genómica microbiana. GenoVi, una herramienta capaz de crear representaciones genómicas circulares para el análisis y visualización de genomas microbianos, se diseñó enfocándose en solucionar problemas encontrados frecuentemente por investigadores. La integración de 25 paletas de colores y el uso de genomas en borrador como archivos de entrada en GenoVi, fueron requerimientos solucionados por la herramienta. Dos bases de datos curadas manualmente con evidencia experimental, HMR_gen y RHO_ds, fueron desarrolladas enriqueciendo en datos de secuencias de cepas ambientales e incluyendo en su metadata una comprensión mayor de los mecanismos moleculares involucrados. Finalmente, la utilización de redes neuronales convolucionales y arquitecturas simples concluyó en el desarrollo de PromoterLCNN, un modelo de predicción de promotores multiclasa de dos etapas, rápido y simple, que clasifica los promotores sigma de *Escherichia coli* en subclases ?70, ?24, ?32, ?38, ?28 y ?54. El desarrollo de herramientas bioinformáticas basadas en problemas encontrados por investigadores y su apoyo en otras disciplinas nos permite enfrentar los nuevos desafíos de la genómica microbiana.

Financing: Proyectos Internos USM PI_M_2020_43 y PI_M_23_02 (RED, AC, DH, AR-D, VS-U, EGR, MS, NJ, MA, CB-A), Instituto Milenio Fundamento de los Datos (IMFD) (CB-A), Proyecto Basal-ANID FB0008 (AC3E; MA), ANID PIA/APOYO AFB180002 (CCTVal; MA).

Identification and characterization of an Aniline Dioxygenase from *Rhodococcus ruber* R1 involved in the degradation of the malodorous heterocyclic compound skatole

Sandra Galaz-Farías¹, Barbara Saavedra-Orellana¹, Danilo Pérez-Pantoja¹, **Raúl Donoso¹**

(1) Universidad Tecnológica Metropolitana, Programa Institucional de Fomento a la I+D+i (PIDi), Santiago, Chile

Skatole, a malodorous aromatic compound, is generated by microorganisms via anaerobic tryptophan fermentation. It significantly affects pork flavor and is associated with respiratory diseases in humans and cattle. Despite its persistence and environmental impact, skatole biodegradation remains poorly understood. In a prior study, we isolated *Rhodococcus ruber* R1, a gram-positive bacterium capable of using skatole as its sole carbon and energy source. Genome sequencing revealed a single circular chromosome and two plasmids in R1. Comparative analysis with non-skatole-degrading *R. ruber* strains identified around 500 unique genes in R1, including a large operon containing 14 genes encoding aromatic monooxygenase and dioxygenase systems, potential candidates for skatole catabolism. Furthermore, qPCR analysis showed increased expression of these genes when R1 was cultured with skatole, indicating their role in its degradation. Notably, growth assays with skatole-exposed R1 revealed transient aniline accumulation, suggesting its role as a pathway intermediate. Bioinformatic analysis identified a subset of candidate genes (named *sktABCDEF*) encoding a putative aniline dioxygenase enzyme, capable of converting aniline into catechol. We transferred this potential aniline degradation cluster into heterologous strain *Cupriavidus pinatubonensis* JMP134. While JMP134 cannot grow on aniline, it efficiently degraded catechol, the product of aniline dioxygenase conversion. Growth assays demonstrated that modified strain JMP134, carrying *sktABCDEF* genes, fully metabolized aniline. Resting cell assays with this strain displayed its capacity to convert various aniline analogs into catechol derivatives. Further R1 exploration shows promise for bioremediation in environments contaminated with these compounds.

Financing: This study was supported by grants FONDECYT N° 11220354, FONDECYT N° 1201741, ANID-PIA BASAL FB0002 and UTEM LE19-05.

Análisis proteómico de una *Streptomyces* marina: Dilucidando el mecanismo de degradación de la queratina de plumas

Valentina González Fuenzalida¹, Nestor Serna-Cardona¹, Walter Beys-da-Silva², Roger Karlsson³, Leonarda Alarcon³, Michael Seeger¹, Beatriz Cámara¹

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

(2) Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Farmácia, Porto Alegre, Brazil

(3) University of Gothenburg, Centre for Antibiotic Resistance Research (CARE), Gothenburg, Sweden

La industria avícola genera millones de toneladas de plumas como subproducto cada año. Estas contienen un 90% de queratina y, por lo tanto, representan una valiosa fuente de aminoácidos para alimento animal y aplicaciones biotecnológicas. Sin embargo, su conversión en productos de valor agregado es todavía muy limitada. El desafío radica en la compleja estructura de la queratina, con numerosos enlaces disulfuro, y modificaciones postraduccionales. Una prometedora alternativa para su bioconversión es el uso de microorganismos queratinolíticos, o sus enzimas denominadas “queratinasas”. Sin embargo, cuando estas son purificadas desde el cultivo, ya no son capaces de degradar la queratina. Hasta ahora, el mecanismo de queratinolisis aún no está bien comprendido. Este trabajo presenta el primer estudio proteómico de una *Streptomyces* marina que abarca una comprensión integrada del mecanismo de degradación de la queratina. Mediante la identificación de péptidos por LC-MS/MS de *Streptomyces* sp. G11C, que evidencia un 80% de degradación de las plumas al quinto día de cultivo, se detectó la secreción de una variedad de enzimas que posiblemente cumplen un papel clave en este proceso. Entre las proteínas más abundantes destacan algunas proteasas, predichas como potenciales queratinasas y algunas oxidorreductasas que podrían estar actuando sobre las modificaciones postraduccionales de la queratina. Estos resultados contribuyen a dilucidar este mecanismo microbiológico, y abren la puerta para la generación de estrategias para la revalorización de residuos ricos en queratina. De esta manera se fomenta la economía circular y se otorga un valioso reconocimiento a los biorecursos naturales de nuestro país.

Financing: Fondecyt Postdoctorado N° 3230679, Postdoctorado UTFSM 2022, Beca Conicyt Doctorado N° 21161188, Fondecyt Regular N° 1171555 y Fondecyt Regular N° 1221264

Estudio de la infección de *Piscirickettsia salmonis* planctónica y sésil en células epiteliales de intestino de trucha arcoíris RTGutGC

Diego Ignacio Cárcamo Agüero^{1,2}, Natacha Santibañez Caro^{1,2}, Carla Escalona Oñate^{1,2}, Tatiana Pérez Cárdenas^{1,2}, Francisco Dann Noriega¹, Cristian Oliver Hernández¹, Alex Patricio Romero Zuñiga^{1,2}

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Patología Animal, Ciencias Veterinarias, Independencia 631, Valdivia, Chile

(2) Centro de Investigación Interdisciplinario para la Acuicultura Sustentable (INCAR), Centro FONDAP, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

La *Piscirickettsiosis* es una enfermedad infectocontagiosa que se caracteriza por su alta mortalidad y difícil tratamiento en salmónidos. Esta enfermedad es causada por *Piscirickettsia salmonis*, una bacteria Gram negativa y formadora de biofilm, capaz de infectar a las principales especies de salmónidos cultivados en Chile. Las primeras etapas de infección ocurren en la mucosa de la piel, branquias e intestino. A nivel intestinal, las bacterias enteropatógenas son capaces de inducir una perturbación de la funcionalidad de la barrera epitelial, como mecanismo de infección de enterocitos intestinales, asociado a la expresión de genes de inmunidad y uniones intercelulares. Por tal motivo, el objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de la infección de *P. salmonis* en estado sésil (biofilm) y planctónico sobre la expresión de genes de inmunidad y de uniones intercelulares de células epiteliales de intestino de trucha arcoíris RT-GutGC. Los resultados indicaron que en una cinética de infección, *P. salmonis* tipo LF-89^T y EM-90 en ambas condiciones de cultivo, tiene un efecto sobre la expresión de los genes inmunes *il-8*, *il-1β*, *tgf-β* y de genes asociados a uniones intercelulares *Zonula Ocludens*, *claudina-3* y *E-cadherina*, medidos por RT-qPCR. Paralelamente, se estableció una disminución de la resistencia transepitelial (TEER) en células infectadas con *P. salmonis* planctónica y sésil. Estos hallazgos sugieren que *P. salmonis* modula la expresión de genes claves de inmunidad y morfo-funcionalidad de epitelios como potencial mecanismo de perturbación de la función epitelial en su proceso de infección

Financing: FONDECYT 1231761, FONDAP INCAR 1522A0004

Rol de Panexina 1 en el inicio de la sensibilización central espinal y su interacción con el receptor TrkB en la médula espinal de la rata.

Jonathan Aranguiz Barrera¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Biología, Química y Biología, Santiago, Chile

Introducción

Existen antecedentes que evidencian la participación de BDNF en el proceso de sensibilización central, especialmente en etapas iniciales del proceso nociceptivo. La administración de BDNF a nivel espinal a demostrado cambios conductuales como Alodinia al frío (Constandil y cols., 2012) y disminución del umbral nociceptivo (Marcos y cols., 2017).

A su vez, se ha evidenciado que el canal de Panexina 1 tiene un importante rol en el proceso de sensibilización central (Bravo y cols., 2014), (Zhang y cols., 2015).

Metodología

Evaluación de la conducta algesimétrica de ratas macho adultas Sprague-Dawley, mediante el test de Randall- Selitto.

Resultados

En las evaluaciones realizadas, se observó una disminución del umbral de retirada de la pata en 1 punto promedio para los animales que recibieron administración intratecal de BDNF, iniciándose este descenso a los 5 minutos post administración. El comportamiento en los días fue aun mas significativo evidenciando una disminución de 2 puntos promedio durante los 10 días de la evaluación. En cuando a los animales que recibieron 10Panx previo a la administración de BDNF podemos mencionar que durante las primeras 4 horas se genera un aumento de 1 punto promedio, el cual disminuye al día siguiente generando su mayor descenso entre el día 3 y el día 5 volviendo a valores cercanos al basal el día 10 de la evaluación.

Además, se observó que la administración de ANA12 un antagonista del canal de TrkB y PP2 un inhibidor selectivo de Src, generan cada uno, por si solo, una modificación de la sensibilización central generada por BDNF.

Financing: Fondecy regular N° 1231042

El secretoma de astrocitos corticales primarios durante el envejecimiento

Constanza Rubio-Torrealba^{1,2}, Camila Gudenswager^{1,3}, C. Bruce Mousseau⁴, Manuel Muñoz-González², Belén Ojeda-Mañán², Liangliang Sun⁵, Matthew M. Champion⁴, Dasfne Lee-Liu^{1,2}, Christian González-Billault^{1,3,6}

(1) Geroscience Center for Brain Health and Metabolism (GERO), Santiago, Chile

(2) Universidad San Sebastián, Facultad de Medicina y Ciencia, Neuron Glia Interaction Laboratory, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Laboratory of Cellular and Neuronal Dynamics, Santiago, Chile

(4) University of Notre Dame, Department of Chemistry and Biochemistry, Notre Dame, Indiana, Estados Unidos

(5) Michigan State University, Department of Chemistry, East Lansing, Michigan, Estados Unidos

(6) The Buck Institute for Research on Aging, Novato, California, Estados Unidos

En el cerebro, el astrocito y la neurona trabajan en equipo de forma interdependiente, para lograr el funcionamiento óptimo del cerebro. Durante el envejecimiento, ocurren cambios funcionales que llevan a la alteración de la memoria, capacidad motora y sensorial, entre otros, pero los mecanismos moleculares del astrocito que provocan esto aún no se han elucidado completamente. En particular, no se ha caracterizado cómo cambia el conjunto de proteínas secretadas, o “secretoma”, del astrocito durante el envejecimiento. Para responder a esta pregunta, se realizaron cultivos primarios de astrocitos corticales de ratones jóvenes (6-7 meses) y envejecidos (24-26 meses), se caracterizaron, y luego se obtuvo el medio condicionado de cada condición para analizarlo mediante proteómica cuantitativa. Los datos obtenidos fueron procesados usando análisis bioinformáticos para determinar genes y vías de señalización reguladas de forma diferencial al comparar el secretoma de astrocitos jóvenes con envejecidos. Entre estas diferencias estaban proteínas asociadas a: 1) La regulación de proteínas de unión al factor de crecimiento de la insulina (Igfbp5, Igfbp6, Igfbp7); 2) El sistema inmune (Plau, Serping1, Cbp2); 3) Guía y remodelamiento de neuritas (Slit2, Sema3d, Dpysl3, Pdlim5, Efemp1); y 4) Regulación de especies reactivas de oxígeno (Nqo2, Ddah1/2), entre otras. Se realizó también un análisis integrativo con bases de datos de transcriptómica de neuronas, durante la neurotransmisión y el envejecimiento. Estos análisis nos permitieron identificar cuáles cambios observados en el secretoma del astrocito durante el envejecimiento, son candidatos para regular las vías necesarias para la función neuronal, que se ven alteradas durante el envejecimiento.

Financing: FONDAP 15150012, FONDECYT Postdoctorado 3180180, y Vicerrectoría de Investigación y Doctorados de la Universidad San Sebastián – proyecto USS-FIN-23-FAPE-01.

Agglomerative Clustering of Retinal Ganglion Cell Types in a diurnal rodent (*Octodon degus*).

Francisco Miquelès^{1,2}, Jorge Portal^{2,4,5}, David Neira^{1,2}, Pablo Reyes^{4,5}, Daniela Ponce^{1,2}, Jean-Gabriel Minonzio³, María José Escobar^{4,5}, Adrian G Palacios^{1,2}

- (1) Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso
- (2) Instituto de Sistemas Complejos de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
- (3) Escuela de Ingeniería Informática, Facultad de Ingeniería, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
- (4) Advanced Center for Electrical and Electronic Engineering (AC3E), Valparaíso. Chile.
- (5) Departamento de Electrónica, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso. Chile.

The retina is a multilayered neural network that receives and encodes reflected light, processing this information from photoreceptors to retinal ganglion cells (RGCs). In our study, we employed an unsupervised agglomerative clustering approach to categorize the functional types of RGCs. We used multi-electrode recordings from the retinas of *Octodon degus* (young $n=4$ and adult $n=4$) exposed to a 3-second flashlight stimulus. These signals, sorted using the SpykingCircus algorithm, facilitated the functional identification of ON, OFF, and ON-OFF RGC units. We utilized the SPIKE-distance estimator to construct a dissimilarity matrix, then processed using Ward's agglomerative method to produce a dendrogram grouping functionally similar units. Analysis of the dendrogram distance between clusters revealed that 61.9% of young and 70.23% of adult ON RGCs exhibited sustained responses, while 38.1% of young and 29.76% of adult RGCs were transient. For OFF RGCs, 19.03% of young and 11.18% of adult units were sustained, in contrast to 80.97% of young and 88.82% of transient adult units. In the ON-OFF RGC category, 28.72% of young and 15.79% of adult units were transient, 21.28% of young and 10.25% of adult units were sustained, 28.72% of young and 62.05% of adult units were ON sustained and OFF transient, and 21.22% of young and 11.91% of adult units were ON transient and OFF sustained. Notably, young *degus* exhibited RGCs responding at higher frequencies compared to adult *degus*. These findings highlight the diversity of RGCs types and their distinct functional combinations, associated with the retinal response as the organism ages.

Financing: FONDECYT 1200880

Papel de los Cationes Divalentes Extracelulares que Controlan la Permeabilidad de los Hemicanales Formados por Conexina 36.

Aníbal García Vega¹, Magdiel Salgado¹, Jaime Maripillán¹, Paola Fernández¹, Nicolás Palacios-Prado¹, Juan Carlos Sáez¹

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

Introducción: La conexina 36 (Cx36) es una proteína expresada principalmente por neuronas inhibitoras y células beta pancreáticas donde probablemente forma hemicanales (HC) que desempeñan un papel fundamental en la señalización celular autocrina y paracrina. La actividad de todos los hemicanales formados por conexina (Cx HC) estudiados hasta ahora es inhibida por el Ca^{2+} extracelular. El objetivo de este trabajo fue estudiar si esta última propiedad es compartida por los HC Cx36. **Métodos:** Se utilizaron células HeLa Cx45 KO transfectadas con Cx36-EGFP de ratón. La actividad de HC se evaluó con ensayos de captación de colorante y en las mediciones de corriente de membrana aplicando pulsos de voltaje de 20 mV de -120 a +120 mV usando una pinza de voltaje de célula completa. La señal de Ca^{2+} intracelular se evaluó con Fura-2 AM. **Resultados:** La ausencia de cationes divalentes extracelulares aumentó drásticamente tanto la captación de colorante como la corriente de membrana en las células que expresaban Cx36-EGFP, que fueron completamente inhibidas por La^{3+} . La actividad del HC estudiada por la captación de DAPI no se vio afectada por la ausencia de Ca^{2+} extracelular, pero aumentó considerablemente por la ausencia de Mg^{2+} , lo que permitió la entrada de DAPI y Ca^{2+} . Se observó un aumento similar en la actividad de HC en células HeLa Cx36 expuestas a pH alcalino extracelular. **Discusión:** El estudio contribuye a la comprensión de la actividad de HC de Cx36 en diversas condiciones fisiológicas o fisiopatológicas donde la homeostasis de estos iones está alterada.

Financing: ANID-1231523.

Uso de mucus como matriz para la determinación de maduración ovárica en individuos adultos de *Seriola lalandi* aclimatados al cautiverio**Jaime Palomino**¹, Natalia Lam²

(1) Universidad Bernardo O'Higgins, Escuela de Medicina Veterinaria, Ciencias Médicas, Avenida Viel 1497, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Producción Animal, Ciencias Agronómicas, Santa Rosa 11315, Santiago, Chile

Seriola lalandi es la especie nativa que presenta las mayores expectativas para diversificar la acuicultura chilena. Sin embargo, el éxito de su producción depende de un eficiente manejo reproductivo, para lo cual se requieren métodos de estimación de la madurez gonadal, que sean poco invasivos y que contribuyan al bienestar de los peces. Con el fin de valorar el uso de mucus como matriz de fácil acceso para el análisis de hormonas y proteínas relacionadas con la maduración ovárica, en este trabajo se compararon los niveles de estradiol y vitelogenina en muestras de mucus y plasma provenientes de individuos adultos de *S. lalandi* (5 a 10 años-15 a 25kg) aclimatados al cautiverio y en temporada de desove. Se utilizaron los kits comerciales E2 ELISA (Abx574169) y Fish Vitellogenin (Abx157269). Las lecturas se desarrollaron a 450 nm en un Elisa Reader Biotek 800™ utilizando el programa Gen5. Solo fue posible detectar estradiol en plasma de algunos individuos con concentraciones que no superaron los 2 ng/mL. Sin embargo, la vitelogenina si se pudo detectar en mucus (0,1 a 4 ng/mL), pero con valores cercanos a la décima parte de los niveles en plasma (1 a 40 ng/mL). Cuando la concentración de vitelogenina en plasma superó los 20 ng/mL, se pudo observar una correlación positiva (Coef. Pearson 0,9) entre mucus y plasma. Estos resultados, indican que el mucus de adultos de *S. lalandi* es una matriz que puede ser utilizada para la evaluación del desarrollo ovárico y proceso de vitelogénesis en esta especie. Financing: Fondecyt 1201343, Fondef ID22110131, Corfo 15PTEC-45861

Efectos de la exposición crónica a material particulado fino 2.5 derivado del humo de la combustión de leña de uso intradomiciliario sobre morfología y fisiología uterina en ratas nulíparas**Francisca Villarroel^{1,2}, Paulo Salinas¹**

(1) Laboratorio de Morfología Animal & Experimental, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile

(2) MSc. Programa de Magister en Ciencias Biológicas, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

La matriz extracelular (MEC) desempeña un papel crucial a la hora de proporcionar apoyo y facilitar la comunicación celular. El colágeno constituye un componente esencial de la MEC y es fundamental en la preservación de la morfología, integridad estructural de los tejidos y en la regulación de procesos como migración, proliferación, diferenciación y supervivencia celular. Este estudio propone que la exposición crónica a PM_{2,5} proveniente del humo de la combustión de leña puede provocar modificaciones en la estructura y en la síntesis de colágeno en el útero de ratas nulíparas. Evaluamos los efectos de la exposición a PM_{2.5} sobre la morfología vascular y expresión de colágeno (COL I, COL III Y COL IV) en el tejido uterino en ratas. Se utilizaron cámaras de exposición que recibieron aire-filtrado (grupo AF;n=12; control) y no-filtrado (grupo ANF;n=12). Ratas Sprague-Dawley hembras fueron expuestas a PM_{2.5} desde el nacimiento hasta la madurez reproductiva (60 días). Se realizó histología e inmunohistoquímica. Se realizaron pruebas de normalidad y pruebas t (IC:95%; p<0,05). El análisis histológico del útero de rata reveló que la exposición a PM_{2.5} generó cambios en la estructura endometrial, incluidos densidad del tejido conectivo laxo superficial, el aumento de células inmunes y en la vascularización. La exposición a PM_{2.5} aumentó La expresión total de colágeno tipos I ($p=0,0171$), Colágeno III ($p=0,0213$) y colágeno IV ($p=0,0283$). Este estudio sugiere que la exposición a PM_{2.5} genera alteraciones en estructura uterina y la composición del colágeno, repercutiendo en la integridad uterina y salud reproductiva.

Financing: FONDECYT INICIACION 11200775

SESIÓN PANELES II

La vitamina C potencia la secreción de colágeno y la invasividad del glioblastoma**Eder Ramírez**¹, Katterine Salazar^{1,2}, Francisco Nualart^{1,2}

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio universitario s/n, Concepción, Chile

(2) Centro de Microscopía Avanzada CMA Bío-Bio, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

Introducción: El glioblastoma (GB) es un tumor cerebral altamente invasivo, y su malignidad correlaciona con la cantidad de colágeno secretado. Además, sobreexpresan GLUTs, los cuales transportan glucosa y algunos, vitamina C (VitC) oxidada (ácido dehidroascórbico, DHA). Proponemos que las células de GB captan DHA, la reducen intracelularmente y compartimentalizan en el retículo endoplásmico (RE) favoreciendo la síntesis de colágeno y un fenotipo invasivo.

Materiales y métodos: Células BTIC-13, HSVT-C3 y U87MG de GB, fueron utilizadas para la caracterización de los transportadores de VitC mediante RT-PCR, Western-blot e inmunofluorescencia. Además se definió la forma de vitC captada. Se adquirieron imágenes por microscopía confocal espectral y de súper-resolución SIM. Se evaluó el efecto del DHA sobre la migración *in vitro* de esferoides de GB y *ex vivo* sobre cultivos organotípicos de cortes cerebrales. Se realizaron ensayos *in vivo* con xenotrasplantes en cobayos sanos y escorbútics y análisis *in situ* en cortes histológicos de muestras de pacientes.

Resultados: Los principales transportadores de VitC en GB son GLUT1, GLUT3 y SVCT2. La captación de DHA es mediada principalmente por GLUT1, mientras que SVCT2 colocaliza con el RE y parece no tener función en la membrana celular. El DHA favorece la migración y la secreción de colágeno IV. Finalmente, se observó una deposición de colágeno reducida y una menor invasión en animales escorbútics.

Conclusión: La forma oxidada de vitC potencia la invasividad del GB mediante la secreción de colágeno. Nuestros datos sugieren que pacientes con GB no deberían suplementarse con megadosis de VitC.

Financing: Financiamiento: FONDECYT 3230595 (ER), FONDECYT 1221147(FN), CMA BIO-BIO PIA-ANID ECM-12.

Efecto de los ácidos grasos en la expresión del receptor de lipoproteínas de baja densidad oxidada (LOX-1) y su relación con la progresión del cáncer colorrectal

Elizabeth Santana Hernández¹, Felipe Sandoval Sandoval¹, María Palma Vejares¹, Carla Villavicencio Acurio¹, Jorge Roberto Toledo Alonso¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Edmundo Larenas 234, Concepción, Chile

El cáncer colorrectal (CCR) es uno de los tipos de cáncer con mayores tasas de incidencia y mortalidad a nivel mundial, y una de las neoplasias que más afectan a la población chilena. La obesidad/dislipidemia son factores de riesgo asociados con el desarrollo y progresión del CCR. La activación del receptor LOX-1 por su ligando oxLDL induce la expresión de LOX-1, la proliferación, migración, invasión celular y angiogénesis en CCR, destacando el rol de LOX-1 y la obesidad/dislipidemia en la progresión tumoral. Los pacientes obesos/dislipidémicos tienen niveles elevados de ácidos grasos (FAs) circulantes, entre ellos, el ácido palmítico (PA). El PA incrementa la expresión de LOX-1 en varios tipos celulares como los macrófagos. Niveles elevados de PA están asociados positivamente con el riesgo de cáncer rectal. Sin embargo, no se ha estudiado la relación entre los FAs y la expresión de LOX-1 en el CCR. Nuestra hipótesis es que el PA regula la expresión de LOX-1 en celulares tumorales de CCR modulando así mecanismos de progresión tumoral. En este estudio, el PA incrementa los niveles de ARNm y proteico de LOX-1 en células de CCR en una manera dosis dependiente. El PA regula vías de inducción transcripcional de LOX-1 como la formación de especies reactivas del oxígeno, así como, diferentes marcadores de progresión tumoral. Estos resultados sugieren que en un estado de obesidad/dislipidemia, elevados niveles de FAs como el PA, favorecen la sobreexpresión de LOX-1 y la progresión tumoral en pacientes con CCR.

Financing: FONDECYT REGULAR 1201217Beca de Doctorado Nacional (ANID) 21200356

Acción sinérgica entre ox-LDL y TNF- α y su relación en la proliferación celular en cáncer colorrectal.

María Palma Vejares¹, Felipe Saldoval Sandoval¹, Elizabeth Santana Hernández¹, Carla Villavicencio Acurio¹, Jorge Toledo Alonso¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Edmundo Larenas 234, Concepción, Chile

En Chile, el cáncer colorrectal (CCR) es uno de los tipos de cáncer de mayor incidencia y mortalidad en la población reportados hasta el año 2020. Se ha observado que al menos el 70% de los casos ocurre de forma espontánea, existiendo factores de riesgo como obesidad y dislipidemia, que aumentan la probabilidad de desarrollar la enfermedad. Algunas de estas enfermedades están asociadas a un proceso de inflamación crónica y estrés oxidativo que promueven la formación de especies reactivas del oxígeno (ROS), que a su vez es una de las principales fuentes de oxidación de la lipoproteína de baja densidad (LDL). Lo anterior promueve la liberación de citoquinas pro-inflamatorias como el Factor de Necrosis Tumoral (TNF- α) y se conoce su relación con la progresión de este cáncer. Sin embargo, no se ha observado el efecto sinérgico que tiene ambas moléculas. En este contexto, hipotetizamos que la acción sinérgica entre ox-LDL y TNF- α promueve la proliferación celular y la expresión de marcadores tumorales en líneas celulares de CCR. En este estudio comprobamos que existe un aumento en la proliferación celular en líneas de CCR cuando se realizan co-tratamientos entre estas moléculas en comparación a cuando se tratan cada una por separada, modulando también la expresión de marcadores tumorales. También se pudo comprobar que los co-tratamientos producen un aumento en la formación ROS. Con estos resultados podemos concluir que la acción sinérgica entre ox-LDL y TNF- α , presente en procesos inflamatorios crónicos, pueden influir en el desarrollo en cáncer colorrectal.

Financing: Fondecyt regular 1201217

Producción del bioplástico polihidroxibutirato y el compuesto violaceína por *Janthinobacterium* sp. BmR6b usando distintas fuentes de carbono y estrategias de recuperación

Loreto Sáez Ortega^{1,2}, Mario Sepúlveda¹, Michael Seeger¹, Alejandra Urtubia²

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, 1Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de química & centro de biotecnología, Casa central, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Ingeniería Química y Ambiental, Casa Central, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

La bacteria *Janthinobacterium* sp. BmR6b aislada de la rizosfera del calafate (*Berberis microphylla*) tiene la capacidad de sintetizar bioplástico biodegradable polihidroxibutirato (PHB) y el pigmento violaceína. Debido al alto costo de producción se investiga el uso de distintas fuentes de carbono y la obtención de otros productos (e.g., violaceína) junto con métodos de recuperación que sean más sustentables. Se estudiaron ácidos orgánicos y carbohidratos como fuente de carbono, evaluando el escalamiento a matraz de 2L usando sacarosa. Se evaluaron métodos de recuperación alternativos al cloroformo. De acuerdo a análisis cualitativos se encontró presencia de PHAs usando acetato, valerato y hexanoato pero no propanoato. Se evaluó la cinética del crecimiento usando distintos ácidos orgánicos para la producción de PHB, encontrándose que sólo el hexanoato sintetizó el polímero. La cepa BmR6b produjo altos niveles de PHB (hasta 80 %) usando sacarosa, glucosa y fructosa mostrando presencia de violaceína. En matraz de 2L la bacteria no superó el 50 % en PHB. De los métodos evaluados se determinó que el cloroformo es el método más eficiente y que presenta mayor pureza. Sin embargo, el método con carbonato de propileno a partir de biomasa húmeda mostró los mejores resultados de eficiencia (48,38 %) y pureza (80,10 %). La bacteria BmR6b presenta potencial para la síntesis de PHA a partir de distintas fuentes de carbono, donde el escalamiento del matraz presenta diferencias en la producción de PHB. Se estableció una estrategia más sustentable para la recuperación de PHB usando carbonato de propileno.

Financing: Proyecto Fondecyt 1200756 (LSO, MS), Beca doctorado PUCV (MSM)

Evaluación del efecto antibiopelícula de metabolitos de *Rhodococcus* sp. contra *Pseudomonas aeruginosa*

Alison Acosta Roa¹, Leonardo Zamora¹, Eduardo Sánchez¹, Francisco Salvà-Serra^{2,3,4}, Eduard Moore^{2,3}, Beatriz Camara¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso 2340000, Chile, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Centro de Biotecnología DAL, General Bari 699, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Gotemburgo, Gotemburgo, Departamento de Enfermedades Infecciosas, Gotemburgo, Suecia

(3) Universidad de Gotemburgo, Centro de Investigación de la Resistencia a los Antibióticos (CARE), Gotemburgo, Suecia

(4) Universidad de las Islas Baleares, Departamento de Biología, Microbiología, Palma de Mallorca, España

Las biopelículas son un ecosistema microbiano organizado que está compuesto por una o varias especies de microorganismos adheridos a una superficie viva o inerte [1].

Chile se caracteriza por su geografía extensa y muy diversa, siendo la costa un ecosistema rico en biodiversidad [2]. En este contexto, la búsqueda de metabolitos bioactivos provenientes de bacterias marinas podría abrir nuevas perspectivas en la lucha contra infecciones bacterianas utilizando inhibidores de biopelículas.

Este estudio se enfoca en la evaluación de metabolitos secundarios obtenidos a partir de extractos crudos de una cepa marina de *Rhodococcus*. Se seleccionaron dos cepas, *Rhodococcus* sp.Vc622-4 y la cepa *Rhodococcus* sp H-CA8f, aisladas de diferentes regiones costeras de Chile

Los resultados indican un 60% de inhibición de la formación de biopelícula de cultivos de *Pseudomonas aeruginosa*, a una concentración de 0,06 mg/ml del extracto crudo de la cepa *Rhodococcus* sp Vc622-4. Tras la de-replicación de los extractos crudos, se postula que los posibles metabolitos activos podrían pertenecer a la familia de las fenazinas o de la familia β -carbolino. Bajo este contexto, se analizó la presencia de genes en la cepas de *Rhodococcus* para la síntesis de los posibles metabolitos activos, este análisis se realizó mediante herramientas bioinformáticas como antiSMASH para la búsqueda de agrupaciones de genes biosintéticos. Además, se utilizó Multiple Sequence Alignment (clustal W) para el estudio de conservación de genes y secuencias de proteínas.

Este estudio sugiere que una cepa de *Rhodococcus* sp. aislada de la costa de Valparaíso, Chile, produce metabolitos antibiopelículas contra *Pseudomonas aeruginosa*.

Financing: Fondecyt Regular N° 1221264

Redes de similitud de BGCs en *Spiractinospora alimapuensis* (Chile) y la familia *Nocardiopsaceae* para evaluar novedad de los potenciales RiPPs

Fernanda Paz Claverías Ramos¹, Andres Cumsille¹, Eduardo Sánchez¹, Beatriz Cámara¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Microbiología Molecular & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

Ante la creciente resistencia a los antibióticos, es esencial intensificar la búsqueda de nuevos compuestos farmacológicos. Los péptidos ribosomalmente sintetizados y modificados (RiPPs) son una clase de productos naturales caracterizados por sus complejas estructuras químicas y potentes actividades biológicas.

Las bacterias de la familia *Nocardiopsaceae* destaca por la producción de metabolitos secundarios, incluyendo RiPPs. *Spiractinospora alimapuensis*, recientemente descrita como nuevo género perteneciente a *Nocardiopsaceae*, fue aislada desde la bahía de Valparaíso (Chile). Estudios preliminares demostraron actividad antimicrobiana, mientras que el análisis genómico identificó 6 agrupaciones génicas biosintéticas (BGCs) que codifican RiPPs.

El objetivo de este trabajo fue el estudio de BGCs que codifican RiPPs en *S. alimapuensis* y evaluar su novedad genómica, mediante la construcción de redes de BGCs con otras cepas de *Nocardiopsaceae*. Mediante herramientas bioinformáticas se estudiaron los BGCs de *S. alimapuensis*. Luego, con los genomas disponibles de *Nocardiopsaceae* desde la base de datos del NCBI, se compararon los BGCs de cada cepa mediante redes de similitud.

Se identificaron 2 RiPPs interesantes de tipo LAP y tiopéptido en *S. alimapuensis*, se analizar cada uno de los genes y se propusieron estructuras químicas de sus potenciales productos. Aunque estos BGCs pertenecen a familias de RiPPs descritos, las posibles estructuras presentarían modificaciones novedosas.

Las redes de BGCs construidas con 103 genomas de cepas de *Nocardiopsaceae*, no mostraron agrupamiento de los RiPPs de *S. alimapuensis* con BGCs de la familia ni con productos conocidos. Este estudio muestra los BGCs únicos de *S. alimapuensis* y de *Nocardiopsaceae*, destacando su prometedor potencial biotecnológico.

Financing: Beca Conicyt Doctorado N° 21171494 & Fondecyt Regular N° 1221264.

Modelación y Caracterización *in silico* de reductasa Férrica/Cúprica de *Trichoderma* y su putativo rol en la biotransformación de metales pesados

Williams Vergara², Esli Lobaina², Alejandra Vergara², Ximena Mónica Fadic Ruiz^{1,3}, Laura Rodríguez², Marcela Carvajal^{1,2}

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

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Centro de Biotecnología (CBDAL), Av. España 1680, Valparaíso, Valparaíso, Chile

(3) Universidad Técnica Federico Santa María, Centro de Tecnologías Ambientales (CETAM), Av. España 1680, Valparaíso, Valparaíso, Chile

Trichoderma es un género de hongos filamentosos conocidos por su potencial de uso agrícola como agente de biocontrol y promotor del crecimiento vegetal. Además, se ha descrito su gran tolerancia a contaminantes de diferentes índoles, incluyendo los metales pesados (MP). Como parte de los mecanismos de biotransformación de MP se han reportado reductasas férrica/cúprica, que si bien no se han descrito para *Trichoderma* pueden ser un foco de análisis interesante. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar y comparar reductasas férricas/cúpricas de *Saccharomyces cerevisiae* con las de *Trichoderma* mediante análisis *in silico*. Para este estudio se realizó un análisis filogenético de 41 reductasas y mediante alineamiento múltiple de las regiones conservadas. Se seleccionaron 5 reductasas de *Trichoderma* con mayor cercanía filogenética a 2 reductasas de *S. cerevisiae* caracterizadas. Se analizaron las secuencias secundarias mediante el servidor SOPMA y se modelaron las estructuras usando AlphaFold. Los modelos obtenidos se compararon mediante el empleo del software Chimera y con MEME server se determinaron los motivos conservados. Se encontró que las reductasas de *Trichoderma* más cercanas a las de *Saccharomyces cerevisiae* presentan 1 motivo conservado, 7 regiones conservadas asociadas a sitios de unión. En base a los resultados se postula que las reductasas férricas/cúpricas de *Trichoderma* en estudio tienen potencial biotransformador, haciendo de estas cepas atractivas para contribuir en los procesos de recuperación de suelos contaminados por metales y procesos de biotransformación *in situ*.

Financing: Proyecto Fondef Idea ID22I10279, PM (ELL_2022)

Uso de IgY como herramienta de análisis de una biblioteca de nanoanticuerpos bloqueadores de TNF alfa humano

Matheus Soares Alves¹, María Angélica Contreras Vera¹, Frank Camacho Casanova², Nicolas Antonio Gutierrez Mella¹, Natalie Parra Pereira¹, Oliberto Sánchez², Jorge Roberto Toledo Alonso¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Edmundo Larenas 234, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Edmundo Larenas 234, Concepción, Chile

La producción de inmunoglobulinas Y (IgY) en aves permite obtener anticuerpos policlonales a un bajo costo y con un mínimo de manipulación y estrés animal. Nuestro objetivo es producir y evaluar anticuerpos IgY, generados en huevos de gallinas ponedoras contra nanoanticuerpos bloqueadores de TNF alfa. Se obtuvo una mezcla de nanoanticuerpos desde el periplasma de bacterias HB2151 genéticamente transformadas y se purificaron por cromatografía de afinidad (HPLC) utilizando una columna IMAC *high performance*. La mezcla de nanoanticuerpos purificados se formuló en adyuvante ISA-61VG y se administró a gallinas ponedoras de la raza *Isa brown*, mediante inyección subcutánea. Se desarrolló un esquema de inmunización administrando la formulación en el día 0, seguido de refuerzos en los días 14 y 28. Se administraron 83 ug/animal/inyección, y se colectaron huevos semanalmente hasta el día 47 post-administración. La IgY se extrajo desde la yema mediante la adición de polietilenglicol 6000 seguido de cinco pases de centrifugación y una diálisis durante 24 horas. Para medir el reconocimiento de la IgY por los nanoanticuerpos se realizó un ELISA indirecto, recubriendo la mezcla de nanoanticuerpos que se usó para la inmunización. Nuestros resultados indican que la IgY extraída de los huevos reconocen los nanoanticuerpos con títulos entre 1/10.000 y 1/20.000, y que se pueden utilizar como anticuerpo primario para ensayos de detección. Por lo tanto, concluimos que el uso de IgY como una herramienta de bajo costo y fácil de obtener para la detección de proteínas por ELISA es completamente factible. Financing: Financiamiento propio.

Caracterización de cepas nativas chilenas de ambientes extremos con capacidades de resistencia a radiación UV y halotolerancia

Lisette Hernández¹, Inaudis Álvarez Hubert¹, Paulina Vega-Celedón¹, Ingrid-Nicole Vásconez¹, Bárbara Barra¹, Michael Seeger¹

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

Chile posee variados ambientes extremos, como el Altiplano, Cordillera de los Andes, Patagonia y Antártida. La búsqueda de microorganismo capaces de adaptarse y/o sobrevivir en ambientes hostiles es relevante dado su gran potencial biotecnológico. Se muestrearon 6 lugares con características adversas. En la zona norte, se mostraron sedimentos y vegetación de Las Lagunas de Amuyo. Se muestreó vegetación en la zona central (Paso Los Libertadores, Valparaíso), zona sur (Valle Las Trancas, Región del Ñuble), zona extrema sur (Punta Arenas) y muestras marinas de la Bahía San Vicente (Región del Biobío) y la Bahía de Quintero (Región de Valparaíso). Estos lugares poseen altos niveles de salinidad, gran oscilación térmica y altos índices de radiación solar, por lo tanto, son un atractivo nicho para aislar nuevas cepas bacterianas con capacidades halotolerantes y resistencia a radiación ultravioleta. Se evaluó la halotolerancia por crecimiento bacteriano en R2A y concentraciones de NaCl (0-10%). Para evaluar resistencia a UV se realizaron diluciones desde cultivos cargadas en placas de medio rico y expuestas a radiación UVB. Se estudiaron >30 cepas bacterianas, identificando 4 cepas resistentes a alta radiación UV y >10 cepas halotolerantes. La diversidad de lugares de muestreo con condiciones extremas favorece la selección de bacterias con un amplio espectro de respuestas adaptativas al estrés ambiental, cepas halotolerantes, y resistentes a radiación. Las cepas obtenidas poseen gran potencial para ser utilizadas en agricultura para protección de radiación UV de cultivos, o en procesos de biorremediación.

Financing: Becas ANID (LH) y Proyectos Fondecyt 1200756 (MS).

NetworkFlow: Una herramienta bioinformática automatizada para la búsqueda de nuevos Agrupamiento de Genes Biosintéticos

Leonardo Zamora Leiva¹, Eduardo Sánchez Carvajal¹, Fernanda Paz Claverías Ramos¹, Néstor Serna-Cardona¹, Beatriz Patricia Cámara Herrera¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Centro de Biotecnología CB-DAL

La búsqueda de nuevos compuestos antimicrobianos es una necesidad importante, debido a que la aparición de patógenos multirresistentes es un problema cotidiano. Esto, sumando a altas tasas de redescubrimiento de compuestos químicos, provoca una situación crítica que incluso la Organización Mundial de la Salud catalogó como crisis global. Para contribuir a este problema, hemos recogido muestras marinas del litoral chileno para la búsqueda de cepas de actinobacterias con actividad antibiótica. Estas cepas presentan una amplia distribución filogenética, demostrando la extensa biodiversidad del medio marino chileno. Para priorizar el estudio de estas cepas y evaluar su potencial biosintético, se secuenció el genoma completo de 25 cepas de *Streptomyces*, los cuales se utilizaron para la minería de sus Agrupamientos Genéticos Biosintéticos (BGCs), grupos de genes encargados de la síntesis de metabolitos especializados. Aquí presentamos NetworkFlow, un flujo de trabajo escrito en Python que puede utilizarse para priorizar la búsqueda de BGC, cuyas funciones principales son: clasificar taxonómicamente una cepa, descargar los genomas más cercanos de la base de datos RefSeq, analizar la calidad y filtrado de los genomas mediante CheckM y Quast, predecir la presencia de BGCs con AntiSMASH, visualizar redes de similitud mediante BiG-SCAPE y finalmente generar una métrica de novedad de cepa/BGC. Este flujo de trabajo nos permitió analizar, comparar y caracterizar eficientemente los BGCs de nuestra colección frente a sus cepas filogenéticas más cercanas y frente a la base de datos MIBiG. Con esto, priorizamos el estudio de 5 cepas, las cuales poseen mayores posibilidades de producir nuevos compuestos.

Financing: Fondecyt Regular N° 1221264

Estrategias de biorremediación no-convencionales para la descontaminación de suelos urbanos-costeros crónicamente contaminados con hidrocarburos

Constanza Macaya¹, Roberto E. Durán¹, Felipe Salazar-Tapia¹, Ester G. Rivera¹, Ximena Báez-Matus¹, Andrea Franzetti², Ana Espinoza-Tofalos³, Michael Seeger¹

(1) Universidad Tecnica Federico Santa Maria - Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Molecular, Departamento de Química, Departamento de Química, Avenida España 1680, Valparaiso, Chile

(2) Università degli Studi di Milano-Bicocca, Department of Earth and Environmental Sciences, Science, Piazza dell'Ateneo Nuovo, 1 - 20126, Milan, Milan, Italy

(3) Luxembourg Institute of Science and Technology - Environmental Research and Innovation (ERIN), Esch-sur-Alzette, Luxembourg, Luxembourg

El cambio climático y el derrame accidental de combustibles fósiles degrada numerosos sitios inmersos dentro del contexto urbano. Chile alberga >600 sitios urbanos contaminados. Como tecnología de descontaminación, la biorremediación destaca por ser ecológica y de bajo costo, sin embargo, puede limitarse por salinidad, metales pesados y baja supervivencia de bacterias inoculadas. El objetivo del estudio fue evaluar estrategias de biorremediación no-convencionales en suelos urbanos-costeros contaminados con hidrocarburos (HC) a escala semi-industrial por 100 días. Se evaluaron estrategias de biorremediación y el efecto de co-contaminación con cobre sobre estos procesos. Bioestimulación (orujos de uva) y bioaumentación (inmovilización de bacterias) no-convencionales se realizaron mediante valorización de residuos agroindustriales. Se evaluaron periódicamente parámetros operacionales, fisicoquímicos, microbiológicos y moleculares. La dinámica de la comunidad microbiana fue monitoreada por NGS. La mayor tasa de remoción (>80%) se observó en condición de bioaumentación y presencia de cobre. El consorcio-inmovilizado aumentó la población degradadora de HC en un orden de magnitud, mientras el orujo incrementó bacterias totales cultivables y degradadoras de HC en dos órdenes de magnitud. La inmovilización favoreció el asentamiento del consorcio y el seguimiento de genes catabólicos de HC hasta por 42 días post-inoculación. Se observaron en la bioaumentación (inmovilizada) un aumento de abundancia relativa del consorcio y, filos Pseudomonadota y Bacteroidota. La mejora de estrategias de biorremediación, mediante valorización de residuos agroindustriales favoreció el seguimiento de biomarcadores de biorremediación, y promovió el crecimiento de comunidad nativa y degradadora. La combinación de estrategias permitió una mayor remoción de HC en suelos urbanos-costeros contaminados.

Financing: Becas ANID PhD (CM, XB), proyectos FONDECYT 1200756 (MS), USM (MS, RED), USM PIIC (CM, XB) e Inmobiliaria Las Salinas.

Cepas nativas de *Trichoderma* de la Región de Valparaíso tolerantes a metales pesados y salinidad exhiben potencial biocontrolador

Esli Lobaina¹, Laura Rodríguez³, Alejandra Vergara¹, Romina Cerna¹, Ximena Fadic², Michael Seeger¹, Marcela Carvajal¹

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

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Centro de Tecnologías Ambientales, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Química, Av. Universidad 330, Valparaíso, Chile

Enfermedades causadas por fitopatógenos producen grandes daños en la producción agrícola, generando pérdidas superiores a 40% de las cosechas. Las prácticas agrícolas modernas demandan tecnologías de bajo impacto ecológico, que contribuyan a la reducción de la aplicación de agroquímicos, con el fin de mejorar la sostenibilidad en la producción de alimentos y restablecer los ecosistemas. *Trichoderma* spp. son hongos filamentosos ampliamente utilizados en agricultura para el control biológico de fitopatógenos y estimulación del crecimiento vegetal, con capacidades metabólicas que favorecen su adaptación y colonización en diferentes tipos de suelo. Este estudio tiene como objetivo evaluar la tolerancia a estrés abiótico (metales pesados, salinidad) de *Trichoderma* spp. y su capacidad antagonista frente a fitopatógenos. *T. asperellum* cepas Ta34 y TaB3 y *T. harzianum* cepas Ta40 y TaMV se identificaron mediante análisis comparativos de secuencia ITS. Ensayos *in vitro* empleando medio PDA suplementado con metales a diferentes concentraciones, permitieron determinar los porcentajes de los índices de tolerancia. Las pruebas de antibiosis contra cepas fitopatógenas de *Fusarium* se evaluaron *in vitro* mediante técnicas de cultivo dual. Los mayores efectos antagonistas frente a diferentes cepas patógenas de *Fusarium* fueron i) TaMV: PHP-01 (74%), Fonsp (54%); ii) TaB3: PHP-01 (62%), Fonsp (57%), F9 (55%); iii) Ta40; Fonsp (61%), PHP-01 (58%), F9 (57%); Ta34: PHP-01 (54%), F9 (50%). Estas cepas de *Trichoderma* poseen gran capacidad de antagonismo sobre fitopatógenos y evidenciaron tolerancia a metales superior al 50 %, siendo atractivas candidatas para el manejo agroecológico en cultivos y el desarrollo de una agricultura sustentable.

Financing: Agradecimientos: Becas USM (EL), proyectos Fondef Idea ID22110279 (MC), PM (ELL_2022) y Fondecyt 1200756 (MS).

Aspectos del nicho que permiten la coexistencia de los carnívoros en distintos hábitats del Parque Radal Siete Tazas

Francisca Zamora-Cornejo¹, Paulo Vallejos-Garrido^{1,2}, Boris Castillo-Ravanan¹, Raiza Sánchez¹, Pablo Fuentes², Cristian E. Hernández³, Enrique Rodríguez-Serrano¹

(1) Laboratorio de Mastozoología, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

(2) Vida Silvestre Investigadores Limitada

(3) Laboratorio de Ecología Evolutiva y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

La competencia es producto del solapamiento de nichos, especialmente en especies morfológica, ecológica, filogenéticamente similares y simpátricas. Sin embargo, si los recursos son suficientes, las especies realizarán una partición de estos en 3 ejes fundamentales del nicho: comida, espacio y tiempo. Entender la interacción entre depredadores, permite comprender mejor las relaciones ecológicas dentro de una comunidad. En Chile central habitan ocho mamíferos carnívoros terrestres, y a su vez, concentra una mayor antropización del hábitat, llevando a las especies a coexistir en un ambiente con menor disponibilidad de recursos. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es comprender como dichos ejes permiten la coexistencia de estos depredadores en ambientes donde los recursos son limitados. Para ello, comparamos un hábitat antropizado y uno nativo en el Parque Radal Siete Tazas. El eje temporal y espacial se evaluó mediante el monitoreo con cámaras trampa y para el eje trófico se colectaron heces y se capturaron micromamíferos. Obtuvimos datos de seis carnívoros, donde la mayoría mostró un comportamiento nocturno, a excepción del quique. Además, en la zona antropizada se observó un mayor solapamiento trófico del puma y el zorro respecto a la güiña, mientras que en la zona nativa solaparon puma/colocolo y colocolo/güiña, adicionalmente estos felinos mostraron una menor amplitud dietaria en comparación al zorro. Por su parte el eje espacial fue el aspecto de nicho con mayor segregación entre las especies, lo que nos sugiere que podría ser un factor clave para la coexistencia de estos carnívoros en el parque.

Financing: Agradecimientos VRID 220.113.100-INV; FONDECYT 1201506, 1220998

Variación morfológica en individuos post-metamórficos de *Rhinella spinulosa* del norte de Chile y Chile central.**Matias Hernández Bravo¹**, Marco A. Méndez¹

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

Rhinella spinulosa es un anfibio con una amplia distribución en Chile. Estudios realizados en la especie muestran que los adultos de la población que habita los géiseres de El Tatio (II Región, 4200 msnm) muestra el tamaño corporal (SVL) menor de toda la distribución de esta especie en Chile, en contraste, la población de Farellones (Región Metropolitana, 2340 msnm) muestra el tamaño corporal mayor. En este trabajo se examina la variación morfológica de 23 mediciones en 155 individuos post-metamórficos de cinco poblaciones: Zapahuira (XV Región); Quebe (I Región); El Tatio (II Región); Catarpe (II Región) y Farellones (Región Metropolitana). Los resultados sugieren la existencia de variación morfológica en función de un gradiente latitudinal, siendo los individuos de El Tatio los de mayor tamaño corporal mientras que los individuos post-metamórficos de Farellones mostraron una menor talla. La variación multivariada (PCA) mostró una separación en el espacio morfométrico distinta al patrón latitudinal observado en los adultos. Se discute el patrón observado en los post-metamórficos en función de la historia de vida en la etapa larval.

Financing: ANID/FONDECYT 1200419/ 1221214; ANID PIA/BASAL FB0002.

Patrones macroecológicos en la diversidad trófica de la familia Phyllostomidae en el Neotrópico

Samuel Venegas-Rave¹, **Nicolas Espinoza-Aravena**¹, Cristian E. Hernandez¹, Joaquin Carcamo¹, Paula Roa¹, Enrique Rodriguez-Serrano²

(1) Laboratorio de Ecología Evolutiva y filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile

(2) Laboratorio de Mastozoología, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción, Chile

El gradiente latitudinal de riqueza de especies (LDG) señala una tendencia de aumento de especies hacia latitudes bajas (trópico). El LDG está asociado a la existencia de áreas que sustentan una variada cantidad de especies, debido a su oferta de recursos, conocidas como regiones de Hotspots (HS) y Coldspots (CS) de biodiversidad. Sin embargo, estos patrones se basan en variaciones de la riqueza de especies, sin considerar aspectos funcionales como la diversidad trófica, lo cual permitiría buscar explicaciones mecanicistas para estos patrones de la biodiversidad. En este trabajo evaluamos la relación de la diversidad trófica (DT) con la riqueza de especies (RE) y su importancia para explicar los patrones de biodiversidad del Neotrópico (LDG, HS, CS). Como modelo de estudio se utilizó la familia Phyllostomidae, y usando análisis espaciales se contrastó las predicciones de hipótesis basadas en Teoría de Nicho (i.e. alta disponibilidad de recursos en zonas HS disminuye el efecto de los procesos de competencia) con hipótesis basadas en Teoría Neutral (i.e. regiones ricas en especies por procesos estocásticos promovidos por equivalencia ecológica emergente); donde regiones con abundantes recursos tróficos deberían mostrar alto número de especies, alta redundancia trófica y relación positiva DT vs RE. Nuestros resultados sustentan el patrón LDG y la existencia de una gran área HS, que se generaría en un escenario de alta redundancia trófica (50% de las especies son frugívoras), y una relación positiva DT vs RE, lo cual sustentaría la importancia de los procesos neutrales en el origen y mantención del LDG.

Financing: ANID 21201552, FONDECYT 1201506, FONDECYT 1220998

Incidencia de los hongos *Gigaspora rosea* y *Corioloopsis rigida* en el crecimiento de *Quillaja saponaria* cultivada en sustrato arenoso con adición de lodos residuales

Diyanira Constansa Maria Castillo Novales², Guillermo Pereira Cancino¹, Cristian Salazar Montalba¹, Cristian Atala Bianchi³, Michael Seeger Pfeiffer², Cesar Arriagada Escamilla⁴

(1) Universidad de Concepción, Departamento Ciencias y Tecnología Vegetal, J. A. Coloma 0201. Casilla 341,, Los Ángeles, Chile

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de la Frontera, Departamento de Ciencia Forestal, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestal, Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile

Quillaja saponaria Mol. es una planta endémica de Chile. De esta planta se extrajeron saponinas, moléculas de importancia económica utilizadas con fines farmacéuticos, industriales, ambientales y agronómicos. En este estudio se evaluó la incidencia del hongo micorrízico *Gigaspora rosea* y del hongo saprófito *Corioloopsis rigida* en la sobrevivencia y crecimiento de plántulas de *Quillaja saponaria* cultivada en sustrato arenoso con adición de lodos residuales. Para los tratamientos se utilizaron plántulas que lograron su primer par de hojas e iniciaron crecimiento radicular secundario y se les aplicó 2 g del hongo micorrízico (HM) *Gigaspora rosea*, 2 g del hongo saprofito (HS) *Corioloopsis rigida*, y la mezcla de ambos (1 g HM y 1 g HS) dependiendo de cada tratamiento. Transcurridas 8 semanas de la inoculación se aplicaron diferentes dosis de lodo líquido, equivalentes a 0, 75 y 100% de la capacidad de campo del sustrato arenoso empleado. Los resultados indicaron que a once meses de la viverización de las plántulas, se observó un efecto positivo de los microorganismos empleados en el crecimiento de *Q. saponaria*. Las mayores respuestas se obtuvieron en los tratamientos que contemplaron el HS *C. rigida*, en altura, diámetro de cuello, biomasa aérea y radicular, y el porcentaje de micorrización, observándose un incremento a medida que aumentaron las dosis de lodo aplicadas. Estos resultados indican que la aplicación conjunta de microorganismos y lodos residuales se podría utilizar como estrategia sustentable para el crecimiento de plantas.

Morfometría craneal del género *Myotis* (Chiroptera, Vespertilionidae) en Chile: Implicaciones taxonómicas

Belén Veloso-Frías^{1,2}, Fulgencio Lisón Gil¹, Enrique Rodríguez-Serrano²

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Laboratorio de Ecología y Conservación de Fauna Salvaje, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Laboratorio de Mastozoología, Concepción, Chile

El género *Myotis* es conocido por su gran diversidad global, siendo la delimitación de especies un gran desafío debido a su escasa variación fenotípica. En Chile la diversidad de *Myotis* ha no ha estado libre de discrepancias.

Inicialmente, se dividió en tres subespecies: *M. c. atacamensis*, *M. c. chiloensis* y *M. c. arescens*. Sin embargo, en un estudio reciente, se reconoció a estos tres grupos como especies plenas, aunque con marcadas debilidades metodológicas.

Este estudio se centró en analizar las diferencias morfológicas entre estos grupos mediante medidas craneales y mandibulares en 121 muestras de murciélagos de diferentes localidades de Chile. Los resultados destacaron una clara diferenciación morfológica en *M. atacamensis* en comparación con los otros dos grupos. Esto respalda la idea de que *M. atacamensis* es morfológicamente distinto y merece ser considerado una especie plena.

Sin embargo, no se pudo separar morfológicamente a *M. arescens* de *M. chiloensis* debido a su escasa diferenciación en los análisis de PCA y DFA que agruparon distintas medidas morfométricas. Esto sugiere que *M. arescens* y *M. chiloensis* podrían ser la misma especie o subespecies indistinguibles morfológicamente.

Basándonos en antecedentes de la literatura y en los resultados analizados, revalidamos a *M. atacamensis* como una especie distinta morfológicamente. Por el contrario, no fue posible separar a *M. arescens* de *M. chiloensis*. Si bien la morfometría es una herramienta indispensable en la categorización e identificación de especies, herramientas moleculares permitirán contribuir a explicar las diferencias y similitudes aquí obtenidas.

Financing: Agradecimientos FONDECYT 1220998

The olfactory organ as a site for neuroendocrine modulation of reproduction in zebrafish**Eugene tine¹**, Ingrid Pinto Borguero², Ricardo Fuentes², John Ewer¹, Kathleen E. Whitlock¹

(1) Universidad de Valparaíso. CINV, Neurociencias, Ciencias, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias, Chacabuco Sin número, Concepción, Chile

Gonadotropin-releasing hormone (Gnrh) is a neuroendocrine decapeptide highly conserved across vertebrate species that is essential not only for the onset of puberty but also for the maintenance of reproductive state. In addition to its role as hypothalamic releasing hormone, Gnrh has multiple functions including modulator of neural activity within the nervous system and of different behaviors including those associated with kin recognition and feeding. Our work showing loss of the *gnrh1* gene, and that of others showing *gnrh2* and *gnrh3* do not control reproduction, led to the interpretation that these highly conserved Gnrh peptides are not involved in the endogenous control of reproduction.

Zebrafish present a unique situation where the neuromodulatory neurons clearly express Gnrh3 and the peptide controlling reproductive function is currently unknown. To determine whether modulation of the GnRH signaling pathway is controlled at the receptor level, we generated a CRISPR/Cas9 loss of function mutant. The *gnrhr3*^{-/-} males have defective testes and do not produce sperm, in contrast the *gnrhr3*^{-/-} females produce few mature oocytes, thus making them infertile. Previously we, and others, have shown that GnrhR3/*gnrhr3* is expressed in the olfactory epithelia of the adult zebrafish. Recently we have shown that Gnrh3 neuroendocrine cells associated with the developing olfactory organ appear to be coupled to an extensive olfactory blood-lymphatic vasculature (Palominos et al., 2021). Taken together, these results support a model where exogenous Gnrh controls reproduction via Gnrh receptors in the olfactory epithelia, potentially acting through an olfactory-portal system involved in neuroendocrine communication.

Financing: FONDECYT: 1160076 (KEW), 1221270 (JE), 11201118 (RF); CINV; ICM ANID ICN09-022, CINV (KEW, JE, EMT), Doctoral fellowships FIB-UV Universidad de Valparaíso (EMT), ANID 21221268 (IPB).

Estructura genética de *Seriola lalandi* en el océano Pacífico

Eduardo Martínez-Matus^{1,2,3}, Felipe Aguilera⁴, Claudia Farfán¹, Wayne Knibb⁵, Fabiola A. Sepúlveda⁶, M. Teresa González⁶, Raquel Muñoz-Salazar⁷, Cristian Araneda-Tolosa⁸, Fabiola Lafarga-De la Cruz¹

(1) Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada (CICESE), Ensenada, México

(2) Universidad Técnica Federico Santa María (UTFSM), Valparaíso, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de Concepción (UdeC), Concepción, Chile

(5) University of the Sunshine Coast (USC), Maroochydore, Australia

(6) Universidad de Antofagasta (UA), Antofagasta, Chile

(7) Universidad Autónoma de Baja California (UABC), Ensenada, México

(8) Universidad de Chile (UC), Santiago, Chile

El Dorado, *Seriola lalandi*, es una especie marina ampliamente distribuida de importancia económica para la pesca y la acuicultura. Sin embargo, existe cierto debate sobre si *S. lalandi* representa una especie global única con distintas subpoblaciones a lo largo del Océano Pacífico, o corresponde a diferentes especies. Además, la relación genética entre *S. lalandi* de origen silvestre o cultivado ha sido poco estudiada. Para abordar estas preguntas, se realizó un estudio de la estructura genética de *S. lalandi* proveniente de diversas localidades. Nuestros resultados demuestran la existencia de tres grupos genéticos de *S. lalandi*. Un grupo está restringido al Noroeste del Pacífico (México-Estados Unidos), mientras que los otros se encuentran en el Sureste (Chile) y Suroeste del Pacífico (Australia). Los patrones migratorios coinciden con una fuerte divergencia genética entre las poblaciones de los hemisferios norte y sur, e indican que existe un flujo genético limitado entre las localidades del Pacífico Sur. Inesperadamente, se identificó estructura genética en las localidades del Noroeste del Pacífico y se observaron diferencias genéticas entre grupos silvestres y de cultivo. Estos datos confirman la hipótesis de la subdivisión interespecífica entre poblaciones de *Seriola* sp., de ambos hemisferios, y revelan una diferenciación poblacional en el Pacífico Sur, con una clara subdivisión entre las poblaciones chilenas y australianas. Esta información podría utilizarse para mejorar el manejo reproductivo de la especie, asegurando la conservación genética e implementando las prácticas acuícolas apropiadas para esta especie de importancia comercial.

Financing: Agradecemos a Baja Ocean Labs S.A. (Mexico), especialmente Luis Astiazarán (CEO), Roberto Flores (Technical manager) y Mauricio Moreno (Hatchery manager). Gracias a CONACYT-Mexico 394575, INAPESCA-SAGARPA 2505160166 y ANID Beca Doctorado Nacional 21232432.

Biomarcadores Epigenéticos para el Control de Patógenos en Ganadería y Acuicultura: Una Revisión Sistemática Integral de Aplicaciones Terapéuticas

Karla Penton¹, Jose Gallardo-Matus¹, Débora Torrealba¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Laboratorio de Genética y Genómica Aplicada, Escuela de Ciencias del Mar, Av. universidad 330, Curauma, Valparaíso, Chile

El crecimiento de la industria ganadera y acuícola se encuentra constantemente afectado por la incidencia de enfermedades infecciosas. Es por ello, que se han implementado diversas estrategias que permiten mitigar el impacto de estos patógenos, basadas principalmente en el uso de antibióticos y vacunas. Sin embargo, para algunas enfermedades, se ha descrito que estos métodos no son del todo eficientes, o atentan contra la sostenibilidad de la industria en el mediano o largo plazo, como es el uso excesivo de antibióticos. Por esta razón, se requiere del desarrollo de nuevas estrategias o terapias que resuelvan algunas de sus limitaciones. En este sentido, se ha propuesto que el estudio y uso de biomarcadores epigenéticos, como determinantes de la expresión de genes implicados en la respuesta inmune, tienen el potencial de convertirse en una herramienta valiosa para la industria ganadera y de acuicultura. El objetivo de esta revisión sistemática es resumir el conocimiento actual acerca del empleo de biomarcadores epigenéticos como herramientas para el desarrollo y mejora de terapias con aplicación en el control de patógenos en las industrias de la ganadería y la acuicultura. La búsqueda bibliográfica se realizó en las bases de datos electrónicas PubMed, Scopus y Web of Science; y se seleccionaron 15 artículos para su inclusión en el análisis, de acuerdo con las pautas metodológicas establecidas en la Declaración PRISMA 2020. Nuestros hallazgos revelan que los patógenos evaluados son responsables de enfermedades con un gran impacto sanitario y económico a nivel global, para las cuales no existe un tratamiento efectivo. Las modificaciones epigenéticas analizadas incluyeron la metilación del ADN, la metilación N6-metiladenosina (m6A) del ARN y el uso de micro-ARN, siendo la metilación del ADN la más estudiada (74%). En su mayoría, las aplicaciones terapéuticas propuestas se centran en la selección genómica de animales resistentes a patógenos mediante biomarcadores epigenéticos, aunque aún no se ha demostrado su eficacia de manera experimental. A la luz de las aplicaciones exitosas en medicina humana, se plantea la necesidad de investigaciones futuras enfocadas en el desarrollo de mejores vacunas y la identificación de dianas terapéuticas para mejorar los tratamientos veterinarios. Este estudio subraya el potencial de los biomarcadores epigenéticos como una herramienta valiosa en la lucha contra las enfermedades infecciosas en la industria ganadera y acuícola, alentando la investigación continua en este campo prometedor.

Financing: ANID-Subdirección de Capital Humano/Doctorado Nacional/2023- N° 21232059.

Divergencia filogenómica ligada a la novedad biosintética de péptidos no ribosómicos en cuatro *Streptomyces* marinos de la Región de Aysén, Chile.**Eduardo Sánchez Carvajal¹, Neri Vargas Bermúdez¹, Andrés Cumsille¹, Beatriz Cámara¹**

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental y Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, General Bari 699, Cerro Placeres, Valparaíso, Valparaíso, Chile

Las cepas bacterianas aisladas de hábitats poco explorados pueden poseer nuevas capacidades químicas para la biosíntesis de productos naturales. Campañas previas de bioprospección permitieron el aislamiento de cuatro cepas *Streptomyces*, AB3.3, AD6.2, AG4.12 y AG4.13, a partir de sedimentos marinos de las costas de la Región de Aysén, Chile. Con el objetivo de estudiar su potencial para producir péptidos no ribosómicos (NRPs) bioactivos, se realizó la secuenciación de sus genomas por plataforma Illumina, y su ensamblaje utilizando Trimmomatic y Unicycler. Los ensamblajes obtenidos permitieron realizar los análisis filogenómicos utilizando TYGS y GTDB-tk, la identificación de grupos de genes biosintéticos (BGCs) utilizando antiSMASH, el cálculo del índice de novedad biosintética (BiNI) NRPS y la construcción de redes de similitud por BiG-SCAPE. Los resultados filogenómicos sugieren que al menos dos de las cuatro cepas estudiadas son potenciales nuevas especies, y sus valores de BiNI NRPS parecen estar relacionados con tal divergencia. Además, según los resultados de BiG-SCAPE, los BGCs tipo NRPS de la cepa AG4.13 fueron los que tuvieron más coincidencias en el repositorio MIBiG, mientras que solo dos BGCs de las cepas AB3.3 y AG4.12 tuvieron coincidencias, y los de la cepa AD6.2 no mostraron coincidencias relevantes, reflejando la novedad de sus capacidades biosintéticas. Estos estudios sugieren que las cuatro cepas de *Streptomyces* podrían ser productoras potenciales de nuevos análogos de productos naturales bioactivos con aplicaciones biotecnológicas, destacando las capacidades de las cepas AB3.3 y AD6.2 por su novedad.

Financing: Fondecyt Regular N° 1221264; Proyecto Multidisciplinario UTFSM PI_M_2022_02; ANID - Subdirección de Capital Humano / Doctorado Nacional / 2023 / 21231991 (ESC).

IL-12 induce la polarización de linfocitos periféricos a células tipo Natural Killer en trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*)

Matias Ilufi¹, Felipe Ramirez¹, Marco Azua¹, Nicolas Salinas¹, Cristian Valenzuela¹, Luis Mercado¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Laboratorio de Genética e Inmunología, Grupo de Marcadores Inmunológicos en Organismos Acuáticos, Facultad de Ciencias, Av. Universidad #330, Valparaíso, Chile

En vertebrados superiores, las células Natural Killer (NK) forman parte del sistema inmune innato y tienen actividad citotóxica contra células infectadas por patógenos contribuyendo a la potenciación de la respuesta inmune. En peces teleósteos, existe evidencia de un tipo de células citotóxicas, identificadas como células citotóxicas no específicas (NCC), además, se han encontrado marcadores de superficie celulares, factores de transcripción y factores solubles en peces que podrían indicar la presencia de células NK. Por otro lado, la evidencia científica ha permitido establecer la relación entre células presentadoras de antígenos, como macrófagos, y células NK en mamíferos. Los macrófagos activados por PAMPs incrementan la expresión de citoquinas proinflamatorias, como IL-12. Esta última, conduce principalmente a la secreción de IFN- γ por las células NK, lo que potencia la actividad fagocítica de los macrófagos y consecuentemente la respuesta inmunitaria. Nuestra investigación consistió en estudiar el efecto de IL-12r en células linfoides de sangre periférica (PBL) de trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*). A través de RT-qPCR se compararon los niveles transcripcionales de marcadores asociados a células NK, presentando un incremento a las 6 horas de inducción con IL-12r en cd56, eomes, ifng, il12rb1, il12rb2, perforina y granzima. Además, mediante citometría de flujo e inmunofluorescencia se detectó marcaje positivo del marcador de membrana CD56. Esta investigación corresponde a la **primera evidencia** sobre la caracterización de células tipo NK en *O. mykiss*, donde demostramos que hay un porcentaje de linfocitos en la sangre de truchas arcoíris que son inducibles por IL-12 a un fenotipo NK.

Financing: Fondecyt 1231206

Rol clave de una proteína de unión a LPS/bactericida de incremento de la permeabilidad (ApLBP/BPI3) en la resistencia del ostión *Argopecten purpuratus* a una infección por *Vibrio*.

Antonia Jorquera Uribe¹, Camila Montecinos Tabilo¹, Yurubí Borregales Reveron¹, Katherine Muñoz-Cerro¹, Roxana Gonzalez Opazo², Max Santelices Mujica¹, Luis Mercado Vianco⁴, Fanny Guzman Quimbayo⁵, Rodolfo Farlora Zapata^{6,7}, Cristian Valenzuela Ibarra⁴, Felipe Ramirez Cepeda⁴, Katherina Brokordt Guzman², Paulina Schmitt Rivera¹, Rodrigo Rojas Araya³

- (1) Grupo de Biomarcadores de Holobionte Molusco de Interés Acuícola (BIHOMA), Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
- (2) Laboratorio de Fisiología y Genética Marina (FIGEMA), Departamento de Acuicultura, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.
- (3) Laboratorio de Patobiología Acuática, Departamento de Acuicultura, Universidad Católica del Norte, Coquimbo, Chile.
- (4) Grupo de Marcadores Inmunológicos, Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
- (5) Núcleo Biotecnología Curauma, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
- (6) Laboratorio de Biotecnología Acuática y Genómica Reproductiva (LABYGER), Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.
- (7) Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales (CIGREN), Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

Las proteínas de unión a lipopolisacáridos (LBP) y las proteínas que aumentan la permeabilidad bactericida (BPI) son esenciales en la respuesta inmunológica ante patógenos bacterianos. Estas proteínas solubles, reconocen y se adhieren a los lipopolisacáridos bacterianos (LPS) de bacterias Gram negativas. Propusimos investigar el papel de una nueva LBP/BPI en la resistencia del hospedador a la infección por *Vibrio*, que se encontró sobreexpresada a nivel transcripcional en ostiones *Argopecten purpuratus* de familias resistentes. La proteína ApLBP/BPI3, de peso molecular 56,78 kDa, consta de tres dominios: uno citoplasmático (78aa), otro transmembrana (25aa) y uno extracelular de (403aa). Tras su escisión, el dominio extracelular se convierte en una proteína soluble de 44,99 kDa, con un bolsillo de unión apolar, una interfaz de dimerización BPI y 2 dominios BPI/LBP/CETP. El análisis filogenético destaca similitudes significativas entre ApLBP/BPI3 y otras proteínas LBP/BPI de moluscos. Los transcritos de ApLBP/BPI3 mantuvieron su expresión de manera constante y elevada en varios tejidos, además se indujo en larvas y hemocitos de ostiones después de la infección por *Vibrio*. ApLBP/BPI3 se localizó en hemocitos no infectados y se detectó su unión a la superficie de *V. bivalvica*, mediante inmunofluorescencia. La proteína ApLBP/BPI3 aumentó tanto en las larvas infectadas como en el plasma, según se reveló por Western blot y ELISA, respectivamente. Finalmente, la inhibición de ApLBP/BPI3 mediante interferencia de ARN resultó en un aumento en las tasas de mortalidad de ostiones juveniles después de la infección, subrayando el rol de esta molécula en la resistencia a *V. bivalvica*.

Financing: FONDECYT REGULAR 1200129

Detección y cuantificación de genes bacterianos de resistencia a antibióticos y degradación de herbicidas en sedimentos del Lago Villarrica

Milko Jorquera¹, Javiera Manquián¹, Elizabeth Carrazana^{1,2}, Cristobal Reyno^{1,2}, Nicole Huerta¹, Junhong Bai³, Ling Zhang³, Rong Xiao⁴, Jacqueline Acuña¹

(1) Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALAB), Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Universidad de La Frontera, Programa de Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(3) Beijing Normal University, State Key Laboratory of Water Environment Simulation, School of Environmental, Beijing 100875, Beijing, China

(4) Fuzhou University, College of Environmental & Safety Engineering, Fuzhou 350108, Fuzhou, China

Los lagos del sur de Chile son importantes proveedores de “servicios ecosistémicos”, siendo el Lago Villarrica uno de los más representativos. Sin embargo, como resultado el crecimiento económico y poblacional, sus aguas se han eutrofizado, causando preocupación pública y su categorización como “zona saturada”. Por esta razón, se están implementando estudios y programa de descontaminación y gestión hídrica basado en propiedades fisicoquímicas y modelaciones matemáticas de la columna de agua. Sin embargo, estos programas no incluyen aspectos microbiológicos, a pesar que los microorganismos son importantes para la salud del lago y pública. En este estudio, genes de resistencia a los antibióticos betalactamas (bla-TEM), tetraciclinas (tetM) y anfenicoles (catA1), y genes de degradación de los herbicidas atrazina (atzA) y glifosato (phnJ) fueron detectados y cuantificados en muestras de sedimentos mediante qPCR. Nuestros resultados revelaron abundancias bacterianas de 10^6 a 10^7 copias de 16S ARNr g^{-1} sedimento. La presencia de genes de resistencia antibióticos (10^2 a 10^3 copias g^{-1} sedimento) y degradación de herbicidas (10^1 a 10^3 copias g^{-1} sedimento) también fueron detectados en los sedimentos, representando proporciones de 10^{-3} a 10^{-1} respecto al recuento de 16S ARNr. Estos antecedentes pueden servir como línea base para que mayores estudios sobre bacterias ambientales en los sedimentos de los lagos para evaluar su uso potencial como bioindicadores de salud ambiental y pública para la gestión política de los recursos hídricos de los lagos al sur de Chile.

Financing: Investigación Conjunta Chile-China, código NSFC190012, ANID, Chile.

Aislamiento y caracterización de bacteriófagos líticos que infectan a *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*

Romina Espinoza Farías¹, Camila Santos¹, Rodrigo Herrera¹, Bernardo Latorre¹, Andrea Mahn², Antonio Castillo¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, 9170022, Estación Central, Santiago, Chile, Santiago, Chile

(2) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, 9170022, Estación Central, Santiago, Chile, Santiago, Chile

Pseudomonas syringae pv. *syringae* (*Pss*) es una bacteria fitopatógena, causante de enfermedades en una variedad de plantas de importancia agrícola a nivel mundial. Una alternativa prometedora para el control de este microorganismo es la utilización de bacteriófagos líticos. En este trabajo se caracterizaron dos fagos líticos, denominados AB5 y AB6. Se determinó que son capaces de infectar a distintas cepas de *Pss* y otros patovares de la especie, produciendo placas claras de lisis. Ambos fagos poseen un genoma de DNA con un tamaño aproximado de 48 kpb y se demostró que eran clones distintos analizando el patrón de bandas obtenido mediante RAPD-PCR. El tiempo de muerte bacteriano correspondió a 120 min post infección y se determinó que alrededor del 90% de las partículas virales se adsorben en un tiempo aproximado de 1 minuto en ambos casos. El análisis estructural mediante SDS-PAGE y microscopía electrónica de transmisión, indicó la presencia de proteínas asociadas a miembros del género *Caudovirales* y una estructura cabeza-cola, característica de la familia *Podoviridae*. El tamaño de la explosión (*burst size*) fue de 112 y 182 para los fagos AB5 y AB6, respectivamente. Los estudios de estabilidad indican que el fago AB5 es más estable frente a los cambios de pH, pero ambos se inactivan completamente a pH 3 y a pH11. Ambos bacteriófagos son estables en un amplio rango de temperaturas, perdiendo completamente su viabilidad a 60°C. Los resultados obtenidos sugieren que ambos fagos podrían ser utilizados en el control biológico de *Pss*.

Financing: Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IDeA ID22I10173

Capacidad antioxidante del extracto orujo de uva y su efecto sobre el crecimiento en hidrocarburos de *Acinetobacter* sp. en condiciones salinas

Tamara Gallardo Vega¹, Ximena Báez Matus¹, Mario Sepúlveda Mardones¹, Alejandra Urtubia², Michael Seeger Pfeiffer¹

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

(2) Departamento de Ingeniería Química y Ambiental, Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

Las bacterias en los ecosistemas pueden estar sometidas a estrés oxidativo por la degradación de hidrocarburos y la presencia de NaCl. La búsqueda de microorganismos capaces de degradar los hidrocarburos de petróleo y tolerar condiciones salinas es crucial para procesos de biorremediación de matrices salinas. Los antioxidantes permiten reducir el estrés oxidativo celular. El orujo de uva, residuo escasamente valorizado en Chile, se caracteriza por un alto contenido de compuestos antioxidantes. El objetivo de este estudio fue determinar la capacidad antioxidante de un extracto de orujo de uva *Vitis vinifera* variedad *Cabernet sauvignon* y caracterizar su efecto sobre el crecimiento en hidrocarburos de *Acinetobacter* sp. en condiciones salinas. Se evaluó la capacidad antioxidante del orujo (750 mg/L) por método DPPH, que indicó un 82% de reducción a los 30 min. Se estudió el efecto del orujo de uva (7,5%) sobre el crecimiento bacteriano, en medio líquido dos fuentes de carbono: acetato 20 mM y diesel 1%v/v en presencia y ausencia de orujo de uva y NaCl 300 mM. Se observó un mayor crecimiento bacteriano (UFC/ml) en presencia de orujo de uva (7,5%) en condiciones salinas. Estos resultados sugieren que la bioestimulación con extracto de orujo de uva, potencia la capacidad de *Acinetobacter* sp. para crecer en presencia de hidrocarburos de petróleo en condiciones salinas. La bioestimulación con orujo de uva podría ser de gran utilidad en procesos de biorremediación en escala industrial.

Financing: Becas ANID y USM (XB, MS), Proyecto Fondecyt N° 1200756 (MS) y Proyecto ILS (MS)

Potential airborne human pathogens: A relevant inhabitant in built environments but not considered in indoor air quality standards

Elizabeth Carrazana^{1,6}, Tay Ruiz Gil¹, So Fujiyoshi^{2,3}, Daisuke Tanaka⁴, Jun Noda⁴, Fumito Maruyama^{2,3}, Milko Jorquera^{1,2,5}

(1) Universidad de La Frontera, Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada, Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Avenida Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Center for Holobiome and Built Environment (CHOBE), Hiroshima University, Japan

(3) Microbial Genomics and Ecology, PHIS, The IDEC institute, Hiroshima University, Hiroshima, Japan

(4) School of Science Academic Assembly, University of Toyama, Toyama, Japan

(5) Network for Extreme Environment Research (NEXER), Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

(6) Programa de Doctorado en Ciencias Mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

Potential airborne human pathogens (PAHPs) may be a relevant component of the air microbiome in built environments. Although PAHPs can cause infections, particularly in immunosuppressed patients at medical centers, they are scarcely considered in indoor air quality standards (IAQ) worldwide. We reviewed the current information on microbial aerosols and PAHPs in different types of built environments (e.g., medical centers, industrial and non-industrial), including the main factors involved in their dispersion, the methodologies used in their study and their associated biological risks. Our analysis identified the human occupancy and ventilation systems as the primary sources of dispersal of microbial aerosols indoors. We also observed temperature and relative humidity as relevant physicochemical factors regulating the dispersion and viability of some PAHPs. Our analysis revealed that some PAHPs can survive and coexist in different environments, while others are limited or specific to an environment. About the methodologies, the nature of PAHPs and sampling type is pivotal. In this context, indoor airborne viruses are the least studied because of their small size, environmental liability, and absence of efficient sampling techniques and universal molecular markers for their study. Finally, it is noteworthy that PAHPs are not commonly considered and included in IAQ standards worldwide. When they are included, the total abundance is the single parameter considered, and biological risks are excluded. We propose revising, designing, and establishing regulations, and IAQ standards, considering the interactions of diverse factors, such as the nature of PAHPs, human occupancy, and the type of built environments where they develop.

Financing: UFRO Scholarship and Programa Doctorado en Ciencias Mención Biología Celular y Molecular Aplicada from Universidad de La Frontera.

Bacterias cultivables con resistencia a antibióticos y capaces de utilizar herbicidas en sedimentos del Lago Villarrica

Javiera Manquién Yáñez¹, Elizabeth Carrazana^{1,3}, Cristobal Reyno^{1,3}, Nicole Huerta¹, Junhong Bai⁴, Ling Zhang⁴, Rong Xiao⁵, Jacqueline Acuña^{1,2}, Milko Jorquera^{1,2}

(1) Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALab), Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Ingeniería y Ciencias, Ave. Francisco Salazar, 01145, Temuco, Chile

(2) Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Ingeniería y Ciencias, Ave. Francisco Salazar, 01145, Temuco, Chile

(3) Programa de Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de La Frontera, Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, Ingeniería y Ciencias, Ave. Francisco Salazar, 01145, Temuco, Chile

(4) School of Environmental, Beijing Normal University, 19, Xijiekouwaida Street, Haidian District, Beijing. 100875, China

(5) College of Environmental & Safety Engineering, Fuzhou University, Fuzhou, China

El lago Villarrica es uno de los principales cuerpos de agua dulce del sur de Chile y debido a la creciente problemática de eutrofización se ha declarado “zona saturada de nutrientes”. A su vez, el uso de compuestos orgánicos como antibióticos y herbicidas en actividades antropogénicas, provoca contaminación en diversos ambientes acuáticos, siendo esto, una amenaza potencial para la salud pública. En este contexto, el presente estudio investigó la presencia de bacterias cultivables resistentes a antibióticos y capaces de utilizar herbicidas en sedimentos del Lago Villarrica. Para ello se aislaron 46 cepas bacterianas multirresistentes a antibióticos (amoxicilina, cloranfenicol y oxitetraciclina), las cuales también, mostraron resistencia a cefotaxima, vancomicina, eritromicina y oxacilina en rangos de 83-100%. El 56% de los aislados crecieron en medio mínimo suplementado con atrazina y glifosato. Los análisis de patogenicidad y virulencia resultaron positivos en rangos de 26-39% y 17-59% de los aislados, respectivamente. La secuenciación del gen 16S ARNr reveló que, la mayoría de los aislados tuvieron afiliación taxonómica con bacterias provenientes de planta, suelo y agua. Interesantemente, se obtuvieron 10 aislados con resistencia a todos los antibióticos ensayados, identificándolos como miembros de los géneros *Afipia*, *Pantoea* y *Pseudomonas*. Nuestro estudio indicó que bacterias presentes en el lago Villarrica poseen multirresistencia a antibióticos y son capaces de utilizar herbicidas como fuente de nutrientes. Esta investigación representa los primeros pasos para la exploración de comunidades bacterianas como indicadores de salud ambiental y pública en el Lago Villarrica.

Palabras claves: Resistencia a antibióticos, bacteria, lago Villarrica, sedimento, Chile.

Financing: Proyecto ANID, código NSFC190012.

Caracterización de dos bacteriófagos líticos que infectan importantes patovares de *Pseudomonas syringae*

Gustavo Ibarra¹, Loreto Rubilar¹, **Camila Santos**¹, Rodrigo Herrera¹, Bernardo Latorre¹, Andrea Mahn², Antonio Castillo¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Alameda 3363, 9170022, Estación Central, Santiago, Chile., Santiago, Chile

(2) Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Química y Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, Alameda 3363, 9170022, Estación Central, Santiago, Chile., Santiago, Chile

Pseudomonas syringae es una especie bacteriana fitopatógena de relevancia mundial que afecta a diversos cultivos. El patovar *syringae* de esta especie produce la enfermedad denominada Cancro Bacteriano en el cerezo generando grandes pérdidas económicas a los productores. Considerando que Chile se consolidó como el principal productor y exportador de cerezas del hemisferio sur y que el año 2018 fue el cuarto productor de cerezas del mundo, este microorganismo fitopatógeno constituye un grave problema. Una alternativa interesante para el control de esta enfermedad es la utilización de bacteriófagos líticos. Se aislaron, desde muestras obtenidas de huertos de cerezos de la zona centro sur de Chile, dos bacteriófagos líticos denominados AB8 y AB11. El análisis estructural de los fagos mediante microscopía electrónica de transmisión, reveló una conformación cabeza-cola, característica de la Familia *Podoviridae* perteneciente al Orden *Caudovirales*, los cuales poseen un genoma de dsDNA. Además, la determinación del efecto de la temperatura y del pH sobre la capacidad infectiva de los virus, reveló que se mantienen viables entre 4 a 40°C y entre pH 5 y pH 10. Por otra parte, se determinó que requieren entre 1 a 3 h para reducir la población bacteriana en un 50% y que, según el ensayo de rango de hospedador, ambos fagos infectan a los patovares *syringae*, *tomato* y *phaseolicola*, lo que indica que actúan como bactericidas eficientes contra *Pseudomonas syringae*, sugiriendo su uso potencial como agentes de biocontrol para esta bacteria fitopatógena.

Financing: Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IDeA ID22I10173

Retinal Responses in 5xFAD and TgXBP1s/5xFAD Mice: A Preliminary Model for Gene Therapeutic Approaches.

Daniela Ponce^{1,2}, **David Neira**^{1,2}, Vannia Ordenes^{1,2}, Joaquin Araya-Arriagada³, Francisco Miqueles^{1,2}, Claudio Hetz⁶, Jorge Portal^{1,4,5}, Claudia Duran-Aniotz⁷, Adrian G Palacios^{1,2}

(1) Instituto de Sistemas Complejos de Valparaíso, Valparaíso, Chile

(2) Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Chile.

(3) Escuela de Tecnología Médica, Universidad Santo Tomás, Chile.

(4) Advanced Center for Electrical and Electronic Engineering (AC3E), Valparaíso. Chile.

(5) Departamento de Electrónica, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso. Chile.

(6) Instituto de Neurociencia Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Santiago, Chile.

(7) Latin American Brain Health Institute (BrainLat), Center for Social and Cognitive Neuroscience (CSCN), Universidad Adolfo Ibáñez, Chile.

We analyzed the retinas of young (3-month-old) and adult (6-month-old) 5xFAD mice, a recognized model of Alzheimer's disease, to investigate the impact of the transcription factor XBP1s on neurodegeneration. The retinal function of the 5xFAD and TgXBP1s crosses, characterized by overexpression of XBP1s, was also examined. Using a multielectrode array device, we meticulously recorded the micro electroretinogram (μ ERG) and the spike firing rate (FR) of retinal ganglion cells (RGCs). In our observations in young mice, the μ ERG a-wave response to a brief 3-second light flash was significantly smaller in the 5xFAD group ($-279.9 \pm 61.5 \mu\text{V}$) when compared to the TgXBP1s/5xFAD group ($-658.1 \pm 194.2 \mu\text{V}$). However, this disparity was not observed in adult mice, where the responses were nearly identical: 5xFAD at $-461.3 \pm 204.9 \mu\text{V}$ versus TgXBP1s/5xFAD at $-456.1 \pm 74.6 \mu\text{V}$. Moreover, the uses of a full-field chirp stimulus revealed that young 5xFAD mice exhibited a reduced FR for ON RGCs (5.1 ± 3.0 Hz) as compared to their TgXBP1s/5xFAD counterparts (6.0 ± 1.8 Hz). While the FR of OFF RGCs remained comparable between groups. Finally, the FR of ON-OFF RGCs was significantly reduced in the 5xFAD group. This pattern persisted in adult mice for all RGC types. In summary, our findings indicate that TgXBP1s/5xFAD mice exhibit increased retinal activity compared to 5xFAD mice, suggesting an improvement in the physiological state of their retina. This highlights the potential role of XBP1s in retinal function. Further investigation is required to fully understand the physiopathological implications of these observations.

Financing: FONDECYT 1200880

A CapsNet-based artificial neuron model to emulate retinal function

Jorge Armando Portal Diaz^{1,3,4}, Francisco Miqueles¹, David Neira^{1,2}, Daniela Ponce^{1,2}, Adrian Palacios^{1,2}, María-José Escobar^{1,2,3,4}

(1) Instituto de Sistemas Complejos de Valparaíso, Chile

(2) Instituto de Neurociencia, Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Chile

(3) Departamento de Electrónica, Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

(4) Advanced Center for Electrical and Electronic Engineering (AC3E), Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

We present a bio-inspired artificial retina model that combines the robustness of Capsule Networks (CapsNet) with the dynamic capabilities of Spiking Neural Network (SNN) architectures. This model adeptly simulates the intricate responses of Retinal Ganglion Cells (RGCs) to synthetic visual stimuli, focusing on white noise (WN). At its core, the CapsNet architecture integrates a fully connected layer, feeding into an SNN. This SNN then emulates the RGCs' responses, leveraging the characteristics of Leaky Integrate-and-Fire neurons. We employed the Poisson loss metrics coupled with the Adam optimizer to ensure the model's precision and adaptability. Our comprehensive dataset, meticulously derived from retina recordings of *O. degus* a diurnal rodent utilized WN and a state-of-the-art 252-channel multielectrode array recording. This dataset encompassed 10 rigorous experiments, 7 dedicated to training and 3 reserved for validation. The training was conducted using WN images as input and generating spike-like responses as output, where the metrics showcasing convergence for training and validation loss stand to the model's effective learning capabilities. The performance of the artificial retinal model was tested on the data of three experiments covering 200 RGCs. The model allowed us to carefully search the receptive field (RFs) features, analyzing aspects like maximum diameter, minimum width, and crucial temporal response metrics. In conclusion, the fusion of CapsNets and SNNs supports a groundbreaking bio-inspired representation of the retina. Beyond its adapted response to WN, this model holds great promise, especially in its potential for generalization—underscored by its ability to recover RFs that mirror natural systems.

Financing: Fondecyt 1230170, 1200880. Programa de Iniciación en Investigación (PIIC) N° 033/2022. ANID, Beca de Doctorado 2021. This study is approved by CICUAL-UV Bioethics Committee (BEA156-20).

Efecto antioxidante de Huperzina A en un modelo de la enfermedad de Alzheimer en el nemátodo *C. elegans*.

Cristina Pinto¹, Damaris Barrientos-Morales¹, Rodrigo G. Mira¹, Nibaldo C. Inestrosa^{1,2}

(1) Centro de Excelencia en Biomedicina de Magallanes (CEBIMA), Universidad de Magallanes, Los Flamencos 01364, Punta Arenas, Chile

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

La huperzina A (HupA) es un alcaloide que se encuentra en el musgo *Huperzia serrata*, que se caracteriza por su capacidad de inhibir a la enzima acetilcolinesterasa en sinapsis colinérgicas. También se ha descrito que presenta capacidad antioxidante y un efecto neuroprotector en diversos modelos neuronales. En este trabajo hemos evaluado los posibles efectos antioxidantes de HupA en un modelo del nemátodo *C. elegans* que expresa constitutivamente el péptido β amiloide ($A\beta$) humano. Para corroborar el efecto protector de HupA frente a agentes oxidantes, se utilizaron células SH-SY5Y y *C. elegans* cepa JV2 sensora de la razón GSSG/2GSH. Se observó que el tratamiento con HupA recupera la viabilidad celular, reduce marcadores de daño oxidativo, y reduce la razón GSSG/2GSH frente a tratamiento con H_2O_2 . Luego, con el objetivo de evaluar la relevancia de estos efectos en la enfermedad de Alzheimer (EA), se utilizaron las cepas CL2120 y CL2006 que expresan $A\beta$ en células musculares. El tratamiento con HupA disminuye los niveles de marcadores de estrés oxidativo como: proteínas Nitrotirosinadas (NTR), peroxidación lipídica (4HNE) y 8-hidroxi-2'-desoxiguanosina (8-OHdG). Interesantemente esta disminución se acompaña de un incremento significativo del tiempo de sobrevivencia. Sumado a esto, la incubación con HupA en la cepa modelo de EA reduce significativamente el número de agregados de $A\beta$ positivos al marcador Tioflavina-S. Nuestros resultados sugieren que el efecto neuroprotector anti- $A\beta$ de la HupA en *C. elegans* se acompaña de una disminución del estrés oxidativo y de un aumento de la sobrevivencia de los nemátodos.

Financing: Financiado por la Facultad de Ciencias Biológicas de la PUC, Vice Rectoría de Investigación y Postgrado de la PUC e IFAN-CORFO.

El estrés crónico deteriora el acoplamiento entre los Sharp Wave Ripples hipocampales y las oscilaciones gamma de la corteza prefrontal durante la recuperación de la memoria espacial

Robert Stevenson Flores^{1,2}, Lorena Chacana Veliz^{1,3}, Nelida López Quilodrán^{1,3}, Ignacio Negrón Oyarzo^{1,4}

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Fisiología, Facultad de Ciencias, Chile

(2) Programa de Magister en Biología mención Neurociencia, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Chile

(3) Programa de Doctorado en Neurociencia, Facultad de ciencias, Universidad de Valparaíso, Chile

(4) Autor Correspondiente, ignacio.negron@uv.cl

Se sabe que la vivencia de eventos estresantes por periodos prolongados afecta diversas funciones cognitivas. Sin embargo, se desconoce si el estrés crónico afecta la formación y recuperación de la memoria espacial y los procesos neurofisiológicos involucrados.

El hipocampo (HPC) y la corteza prefrontal (mPFC) participan en la formación y recuperación de la memoria espacial. Este proceso esta soportado por la sincronización entre patrones de actividad neural, como los *sharp-wave ripples* (SWRs) hipocampales con las oscilaciones gamma corticales. Por lo tanto, postulamos que el estrés crónico afectaría la recuperación de la memoria espacial y la sincronización SWR-gamma durante este proceso. Para evaluar esta posibilidad, ratones macho adultos fueron sujetos a estrés crónico por restricción de movimiento. Como control se utilizaron animales no sometidos a estrés. Posteriormente ambos grupos fueron sometidos al registro de la actividad cerebral durante la adquisición y recuperación de memoria espacial en el laberinto Barnes.

Nuestros resultados mostraron una menor recuperación de la memoria espacial a largo plazo en animales del grupo estrés comparados con los control. A nivel electrofisiológico, encontramos una disminución de la sincronización entre los SWRs hipocampales y las oscilaciones gamma en la mPFC en el grupo estrés comparado con el grupo control. Este fenómeno fue observado específicamente durante la recuperación de la memoria a largo plazo. No encontramos diferencias entre los grupos control y estrés que en las características de los SWRs hipocampales. Estos resultados brindan información relevante sobre la relación entre los neurofisiológicos afectados por el estrés crónico y sus consecuencias cognitivas.



SOCIEDAD
DE BIOLOGIA
DE CHILE
desde 1928

LXVI

Reunión Anual
Sociedad de Biología
de Chile

