



SOCIEDAD
DE BIOLOGÍA
DE CHILE
desde 1928

LXVIII

Reunión Anual

SOCIEDAD DE
BIOLOGÍA
DE CHILE

LIBRO DE RESÚMENES



AUSPICIA



BioGEM •
Millennium Nucleus
Bioproducts, Genomics, and
Environmental Microbiology



UNIVERSIDAD TECNICA
FEDERICO SANTA MARIA



PRIONLAB
TECHNOLOGY AND SCIENCE



AMBASSADE
DE FRANCE
AU CHILI

*Liberté
Égalité
Fraternité*



LXVIII
Reunión Anual

**SOCIEDAD DE
BIOLOGÍA
DE CHILE**



**SOCIEDAD
DE BIOLOGÍA
DE CHILE**
desde 1928

CONFERENCIAS



BIOMINERALIZACIÓN: PROVOCATIVA HISTORIA DESDE LA BIOLOGÍA A LA CIENCIA DE LOS MATERIALES

José Luis Arias Bautista¹

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

Los minerales de origen geológico o sintético se forman por cristalización a partir de precursores gaseosos o líquidos. Para ello, la relación entre los componentes químicos disueltos o sólidos presentes en la disolución originaria debieron sobrepasar el producto de solubilidad, determinando la nucleación y posterior crecimiento del cristal formado de acuerdo con equilibrios termodinámicos y cinéticos específicos. Ello ocurre mediante evaporación del solvente o adición de solutos realizados a altas presión, temperatura y largo tiempo. Contrariamente, los seres vivos fabrican estructuras mineralizadas en condiciones ambientales de presión y temperatura y de corto tiempo. Ejemplos notables son exoesqueletos, conchas, caparazones, huesos, dientes y cáscaras de huevo. ¿Podemos aprender de ellos acerca de los mecanismos utilizados en la elaboración de estos biominerales? Conocer los mecanismos que controlan los procesos de biomineralización es crucial para el desarrollo de nuevos materiales con propiedades deseables. Mediante el estudio celular, estructural, bioquímico, cristalográfico y físico-mecánico de modelos como cáscaras de huevo, conchas de moluscos y crustáceos, hemos propuesto que los procesos de biomineralización se pueden describir en cuatro etapas temporal y espacialmente sincronizadas: 1) Fabricación del sustrato; 2) Nucleación en la superficie; 3) Crecimiento en solución; y 4) Detención de la mineralización. Estas cuatro etapas abren un nuevo campo para el diseño de procesos sintéticos

bioinspirados con el fin de fabricar nuevos compuestos con propiedades deseables. Aquí se presenta nuestra visión resumida de cuatro décadas de investigación acerca de la organización, composición y propiedades de la cáscara de huevo para el diseño de materiales híbridos bioinspirados.

Keywords: Biomineralización, Materiales bioinspirados, Biomateriales

Financing: Proyectos nacionales e internacionales

IRON SULFUR PROTEIN COFACTORS: ESSENTIAL COMPANIONS IN CELLULAR EVOLUTION AND KEY ACTORS IN STRESS ADAPTATION

Frederic Barras¹

(1) Institut Pasteur, SAME Unit, Departement of Microbiology, Université Paris Cité, UMR CNRS 6047, Paris, France, 25-28 rue du Dr Roux, Paris, France

Iron-sulfur ([Fe-S]) clusters are protein cofactors found in most living organisms and some viruses. They have played a crucial role in the emergence of life. In both prokaryotes and eukaryotes, [Fe-S] cluster-containing proteins assist, regulate, or catalyze essential processes such as gene expression, DNA replication, RNA modification, bioenergetics, central metabolism, and nutrient biosynthesis. Additionally, malfunctions in [Fe-S] proteins are linked to several human diseases. [Fe-S] protein biogenesis refers to the process by which cells acquire iron and sulfur, assemble [Fe-S] clusters, and deliver them to target proteins that require them for activation. Drawing on studies in physiology, genetics, phylogenomics, biochemistry, and structural



biology, I will explore the emergence, evolution, mechanisms, and functioning of [Fe-S] biogenesis systems. Using selected bacterial and archaeal models, I will discuss the strategies that modern organisms have developed to sustain a lifestyle dependent on [Fe-S] clusters.

Keywords: iron sulfur, prokaryotes, evolution, bioenergetics

Financing: Institut Pasteur Paris, ANR



CONFERENCIA HERMANN NIEMEYER

BIOQUÍMICA DE LA FUNCIÓN NEURONAL: SINAPSIS Y EXCITABILIDAD INTRÍNSECA

Andrés Barría¹

(1) Department of Neurobiology and Biophysics School of Medicine – University of Washington.

El cerebro cumple su función esencial de guiar el comportamiento y la cognición gracias a la capacidad de las neuronas de ajustar su comunicación sináptica y su excitabilidad, lo que posibilita la adaptación a un entorno dinámico y sostiene procesos de aprendizaje y memoria. Estos ajustes ocurren en dos niveles complementarios: en las sinapsis, donde se regulan los receptores de glutamato que permiten la transmisión excitatoria, y en las propiedades intrínsecas de la membrana, que determinan cómo la neurona integra las señales sinápticas recibidas.

En esta conferencia presentaré avances en nuestro entendimiento molecular de cómo se regulan las sinapsis excitatorias para sostener cambios en la fuerza de la conexión sináptica, un proceso conocido como plasticidad sináptica, el modelo celular más ampliamente aceptado de memoria y aprendizaje. También discutiré mecanismos regulatorios de la excitabilidad intrínseca de las neuronas.

En los últimos años, hemos descubierto que señales de la familia Wnt, tradicionalmente vinculadas al desarrollo, también cumplen un rol esencial en neuronas maduras, regulando el tráfico de receptores de glutamato hacia las sinapsis. La señalización por Wnt también controla el metabolismo de fosfolípidos de membrana, lo que impacta directamente en las propiedades intrínsecas de la célula.

Finalmente, presentaré evidencia de que la acetilcolina ajusta la resonancia de las neuronas en primates, modulando sus propiedades intrínsecas y favoreciendo que disparen en sincronía, lo que genera la actividad rítmica de microcircuitos hipocámpales observada durante la exploración del entorno, el aprendizaje y la atención.

La comprensión de los mecanismos bioquímicos que ajustan la función neuronal de manera dinámica ha avanzado significativamente, mostrando que los mecanismos sinápticos y de excitabilidad intrínseca actúan de forma complementaria para sustentar la función cognitiva y abrir nuevas perspectivas en la comprensión de trastornos neurológicos.



CONFERENCIA PREMIOS NACIONALES DE CIENCIAS NATURALES

CIENCIA QUE LATE: PASIÓN, DESCUBRIMIENTOS Y ESPERANZA

Sergio Lavandero^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Advanced Center for Chronic Diseases (ACCDiS), Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas 6 Facultad de Medicina, Olivos 1007, Santiago, Chile

(2) University of Texas Southwestern Medical Center, Internal Medicine, Cardiology Division, 6000 Harry Hines Blvd, Dallas, United States of America

En esta conferencia compartiré mi trayectoria de vida científica, marcada por la pasión que despierta la biología y la convicción de que la investigación puede transformar la salud y la sociedad. A lo largo de mi carrera he buscado comprender los mecanismos moleculares y celulares que subyacen a las enfermedades cardiovasculares, particularmente la hipertrofia e insuficiencia cardíaca, así como el papel de las mitocondrias, la inflamación y nuevas rutas de señalización. Estos estudios han permitido no solo generar conocimiento fundamental, sino también abrir perspectivas terapéuticas innovadoras.

Más allá de los descubrimientos, esta exposición resaltaré el valor del trabajo en equipo, la colaboración interdisciplinaria y la formación de nuevas generaciones de científicas y científicos. La ciencia es, ante todo, una construcción colectiva que requiere pasión, creatividad y perseverancia.

Finalmente, presentaré una mirada de futuro: la esperanza de que la investigación científica en Chile siga creciendo, fortaleciendo su impacto en la salud de las personas y en el desarrollo de un país que confíe en el conocimiento como motor de progreso y bienestar.

Keywords: Enfermedades cardiovasculares, transducción de señales, comunicación celular, organelos

Financing: FONDECYT 1240443; FONDAP Apoyo 1523A0008.



CONFERENCIA FRANCISCO BOZINOVIC

TRAYECTORIAS DE TRANSFORMACIÓN PARA LA BIODIVERSIDAD EN CHILE, EMPUJADAS POR LA PRÁCTICA CIENTÍFICA DE LA CONVERSACIÓN...UPS...DIGO DE LA CONSERVACIÓN!!

Barbara Saavedra¹

(1) Wildlife Conservation Society-Chile, Bustamante 72, Of. 22, Providencia, Santiago, Chile

El Dr. Francisco Bozinovic, la persona a la que honra esta conferencia, amaba las ciencias. Y las desarrolló en todo su esplendor durante su prolífica carrera. En sus inicios, sin embargo, conocía poco sobre conservación de biodiversidad. La miraba desde lejos, y la veía difusa, poco concreta, con mucha palabrería y poco rigurosa. La llamaba de hecho “biología de la conversación”.

Yo soy bióloga, ecóloga y llevo un tiempo intentando desplegar esta disciplina nueva y urgente que es la práctica científica de la conservación en Chile y más allá. Me subí al carro de Wildlife Conservation Society, una ONG de conservación global, y vengo navegando estas aguas ignotas desde una balsa verdeazulada, el Parque Karukinka en Tierra del Fuego. Instalada en la complejidad, he venido fusionando la ciencia con la gestión efectiva de conservación, promovido la conexión de la política pública con el cuidado del patrimonio natural, intentado abrir espacios personales e institucionales para la restauración ecológica y cultural fueguina, en otras. Compartiré visión, métodos y algunos ejemplos concretos que ilustran esta práctica, con foco en la conservación de bosques y turberas fueguinas, y más. El objetivo es empujar cambios de trayectoria de los patrones de degradación que presenta

hoy la biodiversidad en Chile, promoviendo el conocimiento y valoración de la biodiversidad como un pilar fundamental para el bienestar actual y futuro de nuestra sociedad. Una conversación imaginaria sobre conservación que honre a Pancho, muestre el valor de las ciencias que tanto amamos, y ayuden a mostrar su rol en beneficio de sociedades diversas habitando un planeta altamente degradado.

Keywords: conservación biodiversidad Tierra del Fuego Política

Acknowledgments: A todo el Equipo de Wildlife Conservation Society-Chile, desplegado desde Santiago a Tierra del Fuego,



LXVIII
Reunión Anual

**SOCIEDAD DE
BIOLOGÍA
DE CHILE**



**SOCIEDAD
DE BIOLOGÍA
DE CHILE**
desde 1928

SIMPOSIOS



ONE HEALTH

Coordinador: Dr. Michael Seeger

RECUBRIMIENTO NANOFIBROSO CARGADO CON COLECALCIFEROL SOBRE IMPLANTES DE TITANIO PARA ACELERAR LA OSEOINTEGRACIÓN

Francisca Acevedo^{1,2,3}, Jeyson Hermosilla^{3,4}, Alexis Vera⁵, Felipe Galvez-Jirón⁶, Vanessa Campos-Bijit³, Rodrigo Navia^{3,7}, Nicolas Cohn⁸, Pablo Navarro⁹, Pablo Acuña-Mardones⁹, Luis Diaz-Gomez¹⁰, María Cristina Manzanares¹¹, Iván Valdivia-Gandur¹², Víctor Beltrán^{1,9}

(1) Universidad de La Frontera, Faculty of Medicine, Department of Basic Sciences, Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile.

(2) Universidad de La Frontera, Faculty of Medicine, Center of Excellence in Translational Medicine (CEMT), , , and Scientific and Technological Bioresource Nucleus (BIOREN), Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile.

(3) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123 Valparaíso, Chile.

(4) Doctorate Program in Sciences of Natural Resources, Universidad de La Frontera, Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile.

(5) Universidad de La Frontera, Master in Dentistry, Faculty of Dentistry, Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile.

(6) Universidad de La Frontera, Faculty of Medicine,, Programa de Doctorado en Ciencias, mención Biología Celular y Molecular aplicada, Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile.

(7) Facultad de Ingeniería, Universidad San Sebastián, Bellavista 7, Santiago, Chile

(8) Instituto Universitario de Investigación y Desarrollo Tecnológico (IDT), Ignacio Valdivieso 2409, Santiago, 8940000, Chile

(9) Universidad de La Frontera, Dental School, Clinical Investigation and Dental Innovation

Center (CIDIC), Avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, Chile.

(10) Departamento de Farmacología, Farmacia y Tecnología Farmacéutica, I+D Farma (GI-1645), Facultad de Farmacia,, Instituto de Materiales (iMATUS) and Health Research Institute of Santiago de Compostela (IDIS),, Universidade de Santiago de Compostela, 15782 Santiago de Compostela, Spain

(11) Human Anatomy and Embryology Unit, Experimental Pathology and Therapeutics Department,, Faculty of Medicine and Health Sciences, University of Barcelona, Spain.

(12) Biomedical Department, Universidad de Antofagasta, Av. Angamos 601, Antofagasta, Chile

El envejecimiento poblacional ha incrementado la necesidad de biomateriales capaces de favorecer la reparación y regeneración ósea. El éxito de los implantes depende principalmente de la oseointegración, proceso frecuentemente limitado en pacientes con condiciones sistémicas como diabetes, osteoporosis o terapias prolongadas con bifosfonatos. La modificación superficial de implantes surge como estrategia para mejorar la oseointegración, siendo el electrospinning una técnica promisorio al generar nanofibras que imitan la matriz extracelular, promueven la osteoconductividad y permiten la encapsulación y liberación controlada de moléculas osteogénica, como colecalciferol (Chol).

Este estudio tuvo como objetivo desarrollar y evaluar un recubrimiento de nanofibras con Chol en implantes de titanio (Ti), en función de sus propiedades fisicoquímicas



y biológicas. Nanofibras de policaprolactona (PCL) cargadas con Chol se depositaron exitosamente sobre el implante, mostrando morfología adecuada, propiedades mecánicas favorables y biocompatibilidad. Los ensayos in vitro evidenciaron que nanofibras PCL, cargadas o no, favorecieron la viabilidad celular, además de incrementar la deposición de colágeno, mineralización cálcica y actividad de fosfatasa alcalina, mostrando respuesta osteogénica.

En un modelo in vivo de tibia de rata Sprague-Dawley, los recubrimientos Chol-PCL promovieron la formación ósea periimplantaria y la oseointegración en comparación con controles sin recubrimiento, sin inducir toxicidad sistémica. Futuros estudios en modelos diabéticos son recomendados para validar el desempeño de estos implantes recubiertos, bajo condiciones regenerativas comprometidas.

Acknowledgments: ANID-FONDECYT N°1230544, ANID-Milenio-NCN2023_054. Este trabajo fue parcialmente financiado por Universidad de La Frontera, Proyecto PP24-0019.

DESCUBRIENDO EL POTENCIAL ANTIMICROBIANO DE LAS ACTINOBACTERIAS MARINAS DEL PACÍFICO SUR

Beatriz Patricia Cámara Herrera¹, Eduardo Sánchez-Carvajal¹, Néstor Serna-Cardona¹, Thomas Dacal¹, Fernanda P. Claverías¹, Valentina González¹, Karla Pentón¹, Eduardo Martínez-Matus¹

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química & Centro de Biotecnología DAL, General Bari 699, Valparaíso, Chile

Los productos naturales (NPs) de actinobacterias marinas representan una fuente prometedora para descubrir nuevos compuestos terapéuticos. Aunque tradicionalmente la bioprospección se ha centrado en actinobacterias del suelo, sus contrapartes marinas ofrecen un potencial igualmente valioso debido a su evolución química en entornos ecológicos muy distintos. En este contexto, nuestro laboratorio ha trabajado durante la última década en la exploración de actinobacterias marinas del Pacífico Sur, aplicando un enfoque multidisciplinario que combina taxonomía, secuenciación genómica, minería de genomas, desreplicación química y redes moleculares. El grupo ha reunido una colección de aproximadamente 450 cepas de actinobacterias marinas, aisladas de sedimentos y esponjas marinas a lo largo de las costas chilenas. A través del análisis comparativo de genomas, se han estudiado agrupaciones de genes biosintéticos (BGCs), con especial atención a las sintetasas de péptidos no ribosomales, las policétido sintasas y los péptidos sintetizados ribosomalmente con modificaciones postraduccionales. Además, el uso de redes de similitud ha permitido identificar patrones de distribución y dinámicas evolutivas de estos BGCs.

La implementación de técnicas de ingeniería genética en BGCs seleccionados ha facilitado la identificación de genes biosintéticos clave, relacionándolos directamente con los compuestos producidos. Asimismo, el análisis químico mediante espectrometría de masas ha sido esencial para la desreplicación y la construcción de redes moleculares. Gracias a esta integración de métodos, el laboratorio ha logrado describir nuevas especies, genomas y BGCs únicos, revelando el potencial genético y la diversidad química de estas actinobacterias marinas como fuente de antibióticos innovadores.



Keywords: actinobacterias marinas, agrupamientos genéticos biosintéticos, productos naturales

Acknowledgments: ANID-Fondecyt Regular 1221264, ANID Vinculación Internacional FOVI240071 y ANID Milenio NCN2023_054.

EL DECAIMIENTO DE PLANTAS DE VID CAUSADO POR ESPECIES DE LA FAMILIA BOTRYOSPHAERIACEAE

Ximena Alejandra Besoain Canales¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Agronomía, Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, San Francisco s/n La Palma, Quillota, Chile

Durante los últimos 20 años se ha observado un incremento sostenido en el decaimiento y muerte de la vid, posiblemente asociado al impacto del cambio climático. Estas condiciones favorecen la emergencia de hongos endófitos del complejo Botryosphaeriaceae como patógenos activos, capaces de colonizar tejidos corticales y vasculares, provocando severas pérdidas económicas. En Chile, este complejo está asociado a *Diplodia seriata* y *Neofusicoccum parvum* como los agentes más prevalentes y de mayor impacto. En estudios de campo, se estimaron pérdidas de rendimiento de hasta un 46% en 2018, confirmando la relevancia económica del Botryosphaeria dieback. A partir de estos estudios se determinó que *D. seriata* afecta vides cv. Cabernet Sauvignon de mayor edad y ataca principalmente en invierno, en comparación a *N. parvum* que prefiere tejidos más jóvenes y es más activo en primavera verano. También fruto de este estudio se determinó la eficacia de *Rhodococcus* sp. en el control de ambos patógenos en invierno

en tejido joven y de mayor edad, mientras que *Pseudomonas* spp. controla en forma efectiva ambos patógenos en primavera-verano en tejidos jóvenes.

Keywords: Bot Canker, *Vitis vinifera*, Biocontrol, *Diplodia seriata*, *Neofusicoccum parvum*
Financing: Fondecyt Regular 1211094Núcleo Milenio BioGem ANID NCN2023_054

CANELO AS A NATIVE SOURCE OF DRIMANE SESQUITERPENES WITH APPLICATIONS IN AGRICULTURE, HEALTH SCIENCES, AND AQUACULTURE

Iván Montenegro^{1,2}, Mauricio Cuellar Fritis³, Alejandro Madrid^{1,4}, Guillermo Bravo^{1,2,5}, Miryam Valenzuela^{1,5}, Michael Seeger^{1,5}

(1) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Center of Interdisciplinary Biomedical and Engineering Research for Health (MEDING), Escuela de Obstetricia y Puericultura, Facultad de Medicina, Angamos 655, Viña del Mar, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación, Desarrollo e Innovación de Productos Bioactivos (CINBIO), Facultad de Farmacia, Escuela de Química y Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093, Valparaíso 2340000, Chile, Valparaíso, Playa Ancha, Chile

(4) Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Laboratory of Natural Products and Organic Synthesis (LPNSO), Department of Science and Geography, Faculty of Natural and Exact Sciences, Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile

(5) Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso 2390136, Chile, Departamento de Química y Centro de Biotecnología "Dr. Daniel



Alkalay Lowitt", Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

Drimys winteri, a tree native to southern Chile and Argentina, is a significant source of bioactive compounds.[1] Its chemical composition is rich in drimane sesquiterpenes, notably polygodial, isopolygodial, and drimenol. These natural products, along with their synthetic derivatives, have demonstrated a spectrum of biological activities, including antibacterial, antifungal, and larvicidal properties. The ongoing search for novel antimicrobial agents has highlighted the potential of terpenes, which constitute a structurally diverse class of natural products, with studies indicating that 75% of antibacterial drug enhancers are of terpenoid origin.

The drimane class of sesquiterpenes is characterized by a bicyclic farnesane-type skeleton and exhibits a wide array of bioactivities such as antimicrobial, cytotoxic, and antifeedant effects.[2] Polygodial, a prominent sesquiterpene dialdehyde found in various plants and marine organisms, has been a particular focus of research. Its potent antipathogenic activity is attributed to the electronic properties around the $\Delta^{7,8}$ double bond.

Polygodial has shown efficacy against both Gram-positive and Gram-negative bacteria, with reported minimum inhibitory concentrations (MICs) ranging from 2 to 20 $\mu\text{g/mL}$. Specifically, it has demonstrated moderate activity against *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus aureus*, *Salmonella choleraesuis*, and *Escherichia coli*. Furthermore, it inhibits the growth of the phytopathogen *Ralstonia solanacearum* at an MIC of 25 $\mu\text{g/mL}$. Recent studies have also confirmed its activity against plant pathogens like *Clavibacter michiganensis* and *Pseudomonas syringae*,

as well as the fungus *Botrytis cinerea*. The mechanism of action for polygodial involves the disruption of microbial membranes and the inhibition of ATP synthase, acting as a nonionic surfactant that interferes with hydrogen bonding.

Keywords: Canelo, Drimanico, Poligodial, Drimenol y epipoligodial

Financing: Fondecyt regular 1210745 and Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM) NCN2023_054"BioGEM

Acknowledgments: Fondecyt Regular 1210745 and NCN2023_054"BioGEM Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM)

FROM ENVIRONMENTAL MICROBES TO BIOPRODUCTS: TAILORED BIOREMEDIATION STRATEGIES FOR ENVIRONMENTAL MATRICES CONTAMINATED WITH PERSISTENT POLLUTANTS IN CHILE

Constanza Macaya^{1,2}, Roberto E. Durán^{1,2}, Ximena Báez-Matus^{1,2}, Ester G. Rivera¹, Felipe Salazar-Tapia¹, Patricio Santis-Cortes¹, Lisette Hernández^{1,2}, Anna Espinoza-Tofalos³, Andrea Franzetti³, Michael Seeger^{1,2}

(1) Molecular Microbiology and Environmental Biotechnology Laboratory, Center of Biotechnology CBDAL, Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Millenium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM) Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(3) Università degli Studi di Milano- Bicocca, Dipartimento di Scienze dell'Ambiente e della



Terra, Milano, Italy

Microorganisms are key actors for both human and environmental health, directly connecting the dimensions encompassed by the One Health concept. Chile harbors more than 3,300 sites contaminated with hydrocarbons, pesticides, and heavy metals, over 600 of which are located in urban areas. In this context, the development of site-specific, sustainable, and cost-effective treatments is essential for remediation. In this study, conventional and à la carte bioremediation strategies were evaluated across different environmental matrices: chronically petroleum-contaminated urban soils, seawater, and the phyllosphere of agriculturally relevant plant species. Following circular bioeconomy principles, local agro-industrial residues were valorized—grape pomace (biostimulation) and walnut shell (immobilized bioaugmentation)—and applied together with native bacterial consortia showing robust responses to environmental stresses such as salinity, UV radiation, and co-contaminants. Microbial monitoring included molecular biomarkers (absolute qPCR), CFU counts, and 16S rRNA V4 amplicon sequencing to assess degradative capacity, stress adaptation, and effects on microbial community dynamics.

Results showed that organic amendments significantly influenced bacterial composition. Conventional treatments reduced the abundance of Proteobacteria and Actinobacteria, while à la carte strategies enhanced bacterial diversity and promoted the enrichment of hydrocarbonoclastic genera such as Sphingobium, Chryseolisin, and Paenibacillus, belonging to underrepresented phyla (Pseudomonadota, Bacteroidetes, Bacillota).

Beyond demonstrating the effectiveness of tailored strategies, this work highlights the

potential of environmental microorganisms—from their isolation and molecular characterization to their transformation into functional bioproducts—as drivers of contaminant degradation, ecosystem resilience, and environmental sustainability.

Keywords: bioremediation, microbial heritage, hydrocarbons, Persistent Organic Pollutants
Financing: ANID/USM/PUCV PhD fellowships (CCM, LH, XB-M, EGR), FONDECYT 1250809 (MS, CCM,RED), ILS (MS, CCM, FS-T) and ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS, CCM, LH, XB-M) grants.

Acknowledgments: Laboratory of Molecular Microbiology and Environmental Biotechnology (UTFSM), Las Salinas, Dipartimento di Scienze dell'Ambiente e della Terra, Università degli Studi di Milano-Bicocca, Italy, and M3R



PREMIO DE JÓVENES CIENTÍFICOS-PROFESOR DR. HUMBERTO MATURANA ROMESÍN

Coordinador: Dr. Michael Seeger

ESTRATEGIAS DE BIOCONTROL MEDIANTE BACTERIAS NATIVAS DE NEOFUSICOCCUM PARVUM AGENTE CAUSAL DE BOTRYOSPHERA DIEBACK EN VITIS VINIFERA

Diyanira Constanza Maria Castillo Novales^{1,2,3}, Paulina Vega Celedón^{1,2,3}, Mario Sepulveda Mardones^{1,3}, Ivan Montenegro Venegas³, Natalia Riquelme Alveal^{2,3}, Ximena Besoain Canales^{2,3}, Michael Seeger Pfeiffer^{1,3}

- (1) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de
- (2) Laboratorio de Fitopatología, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y
- (3) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM)

Las enfermedades del tronco de la vid (GTDs), en particular el Botryosphaeria dieback causado por Neofusicoccum parvum, representan una amenaza creciente para la viticultura sustentable. Esta investigación se evaluó el potencial biocontrolador de cepas bacterianas nativas (Pseudomonas spp. AMCR2b, GcR15a y Rhodococcus sp. PU4) contra N. parvum, mediante un enfoque que combinó ensayos in vitro e in situ, junto con análisis bioquímicos, fisiológicos, genómicos y metabolómicos. Los resultados demostraron que las bacterias seleccionadas inhiben significativamente el crecimiento del hongo y reducen la severidad de la enfermedad en plantas de Vitis vinifera. A nivel molecular, se evidenció la inducción de genes de defensa vegetal (GLUC, PPO, LT) y

la modulación de biomarcadores fisiológicos (clorofila, TBARS, prolina), lo cual indica una activación de mecanismos de resistencia sistémica adquirida. El análisis metabolómico reveló la producción de compuestos orgánicos volátiles (VOCs) y difusibles (DOCs) con acción antifúngica, incluyendo fenazinas, terpenos y lípidos de cadena larga. Este estudio ofrece evidencia integral del modo de acción de bacterias benéficas como agentes de biocontrol, destacando su valor como herramientas sostenibles frente a las GTDs. Los hallazgos apoyan el desarrollo de bioinsumos microbianos para la viticultura resiliente al cambio climático, con aplicaciones potenciales en otros sistemas agrícolas leñosos.

Keywords: Botryosphaeria dieback, bacterias, Neofusicoccum parvum

Financing: Financiamiento: Proyecto FONDECYT Regular N°1211094; Proyecto FONDECYT Regular N°1200756 y ANID Núcleo Milenio de Bioproducts, Genómica y Microbiología Ambiental (BioGEM) NCN2023_054 Chile.

LA ECOLOGÍA DEL CÁNCER

Simon P. Castillo¹

- (1) The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Translational Molecular Pathology and Institute for Data Science in Oncology, Houston, TX 77030, USA



Una aproximación ecoevolutiva al cáncer implica el entendimiento de la manifestación oncológica desde la ecología celular; desde la emergencia del fenotipo neoplásico hasta sus implicancias traslacionales. En esta charla abordaré los aspectos fundacionales de esta aproximación, así como la visión a través de distintas escalas, pasando por dinámicas poblacionales y el modelamiento de propagación metastática. En cuanto a esto último, presentaré los patrones emergentes de la metástasis cuando se la considere desde una visión de redes. En particular, identificaremos que las propiedades canónicas de redes ecológicas, como el anidamiento y la modularidad, también se encuentran presentes en la red metastática y pueden estar mediadas por la heterogeneidad de nutrientes entre los distintos órganos. Finalmente abordaré cómo la ecología se puede integrar con la biología celular a través del uso de herramientas computacionales de aprendizaje automatizado (“machine learning”) en el estudio mecanístico del cáncer. Lo focalizaré en glioblastoma, un tumor cerebral con altísima tasa de mortalidad y recurrencia postratamiento. En este caso abordaré la interdisciplina a través de la identificación de los diálogos morfológicos y moleculares y los fenómenos topológicos emergentes de la coexistencia multicelular a lo largo de la evolución de la enfermedad. Estos, sostendré, estarían potencialmente involucrados en la resistencia al tratamiento que involucra radio, quimio e inmunoterapias. En resumen, esta aproximación está construida sobre la interdisciplina que nos permite avanzar en el conocimiento de la biología tumoral y sus implicancias traslacionales a través de la ecología celular.

Keywords: Ecología, Cancer

Acknowledgments: A la Sociedad de Biología de Chile por otorgarme el reconocimiento a Científicos Jóvenes durante el 5.º Simposio

de jóvenes científicos – Profesor Dr. Humberto Maturana Romesín.

DESARROLLO Y OPTIMIZACIÓN DE LÍNEAS CELULARES MAMÍFERAS UTILIZANDO INGENIERÍA GENÉTICA PARA SU USO EN LA BIOMANUFACTURACIÓN DE CARNE CULTIVADA

Camilo Riquelme Guzmán¹

(1) Tufts University, Biomedical Engineering Department, Medford, MA, USA

Durante las próximas décadas, se proyecta un aumento sobre el 50% en la producción global y consumo de alimentos de origen animal. A pesar de su importancia, la industria ganadera esta asociada con problemas de salud pública y de degradación de ecosistemas, por lo que las “proteínas alternativas” han cobrado relevancia por su potencial de generar nuevos productos que aborden dichos desafíos. Entre ellas, la carne cultivada presenta un nuevo paradigma, el cual disocia su producción de la ganadería tradicional mediante el uso de cultivos celulares a escala industrial.

La biomanufacturación de carne cultivada requiere una manipulación precisa y costo-efectiva de progenitores celulares a través de complejos procesos biológicos in vitro. Sin embargo, las células animales, como mioblastos y adipocitos, presentan limitaciones innatas que las hacen inadecuadas para este bioproceso (e.g. proliferación finita y diferenciación ineficiente). Por ello, nuestra investigación se enfoca en el desarrollo de nuevas líneas celulares mamíferas que posean fenotipos optimizados para su uso en biomanufacturación.

Con este fin, hemos utilizado una gama de



herramientas de ingeniería genética para: (1) introducir nuevas vías metabólicas para la producción endógena de omega-3 en adipocitos porcinos; (2) facilitar la proliferación de mioblastos bovinos en medio químicamente definido en ausencia del factor de crecimiento FGF2 a través de la edición genómica de su receptor FGFR1; (3) generar nuevas variantes del factor transcripcional PPAR γ para promover una diferenciación más eficiente de adipocitos porcinos. Mediante modificaciones genéticas, buscamos generar líneas celulares que faciliten la producción de carne cultivada y su escalado a nivel industrial.

Keywords: Carne, Biología Celular, Ingeniería Genética

Financing: U.S. Department of Agriculture

Acknowledgments: Natsu Sugama, Alexis M. Walker, Juan Aguilera-Moreno, Erik Wicher, Anson Kwan, David L. Kaplan

EFFECTO DE LA HUMEDAD, LA MORFOLOGÍA Y LOS METABOLITOS SECUNDARIOS EN LA INFLAMABILIDAD DE LÍQUENES DEL SUR DE CHILE

Korina Ocampo Zuleta^{1,2}, Carolina Quintero³, Melisa Blackhall³, Cecilia Rubio⁴, Carla Hernández⁵, Lorena Espinoza⁶, Fabian Guerero⁶, Natalia Quiñones⁷

(1) Instituto de Ecología y Biodiversidad, Victoria 490, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Laboratorio de Invasiones Biológicas, Ciencias Forestales, Concepción, Chile

(3) INIBIOMA, CONICET-Universidad Nacional del Comahue, Quintral 1250, San Carlos de Bariloche, Argentina

(4) Universidad de Valparaíso, Departamento de Química y Recursos Naturales, Facultad de

Farmacia, Herbario de Líquenes UV, Valparaíso, Chile

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

(6) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Ingeniería Mecánica, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(7) Centro de Investigación, Desarrollo e Innovación de Productos Bioactivos (CInBio), Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile

Los líquenes, organismos criptogámicos que cubren cerca del 8% de la superficie terrestre, son frecuentemente ignorados en estudios sobre dinámica del fuego, pese a su potencial como combustibles de escalera en ecosistemas templados y boreales. Este estudio evaluó la inflamabilidad de cuatro especies de líquenes del sur de Chile, analizando el impacto del contenido de humedad, la morfología del talo (foliosa vs. fruticosa) y los metabolitos secundarios en la ignición y combustión, con implicancias para la gestión de incendios. Los resultados muestran que el contenido de humedad varía entre especies: los líquenes foliosos absorben más agua cuando están hidratados, mientras que los fruticosos retienen más en condiciones secas. Todas las especies presentaron alta frecuencia de ignición (98-100%), comparable a la de plantas vasculares nativas. El tiempo de ignición fue 10-72% mayor en condiciones húmedas, mientras que el tiempo de combustión aumentó un 110% en condiciones secas. *Nephroma antarcticum* destacó por mantener alta inflamabilidad incluso hidratada, sugiriendo que factores como metabolitos secundarios (terpenoides y fenólicos) podrían contrarrestar el efecto del contenido de agua. Aunque la morfología tuvo un rol menos determinante, los terpenoides parecen incrementar la inflamabilidad, con interacciones complejas según la especie. Estos hallazgos subrayan la relevancia de los líquenes como potenciales combustibles



en ecosistemas propensos a incendios, destacando la necesidad de integrarlos en modelos de comportamiento del fuego y estrategias de manejo forestal.

Keywords: Región de la Araucanía, foliosos, fruticosos, morfología de líquenes, talos

Financing: ANID-FONDECYT 1231580 y ANID-FONDECYT 11200922

Acknowledgments: Agradecimientos a la administración del Parque Nacional Conguillío, a la Corporación Nacional Forestal (CONAF) y al Grupo de Investigación en Ciencias Forestales Aplicadas (ECIFA). KOZ agradece la subvención del IEB ANID/BASAL FB210006/ Fundación Anglo American.



CIENCIA EN ESCENA: DIVULGACIÓN CREATIVA PARA MENTES INQUIETAS

Coordinador: Dra. Constanza Macaya

DEL TITULAR AL ENTENDIMIENTO: ESTRATEGIAS PERIODÍSTICAS FRENTE A LA DESINFORMACIÓN CIENTÍFICA

Manuel Narbona Arregui¹, Michael Seeger¹,
Domi X. Quezada¹

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental (LaMMBA), Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso, Chile

En un escenario digital marcado por la sobreabundancia informativa y la proliferación de noticias falsas, el periodismo científico enfrenta el desafío de transformar titulares llamativos en contenidos comprensibles, rigurosos y socialmente relevantes. Esta ponencia explora cómo la comunicación de la ciencia puede ir más allá de la simple transmisión de datos, utilizando relatos humanos, recursos artísticos y un enfoque ético para acercar la investigación a la vida cotidiana de las personas.

La propuesta destaca el rol del periodismo científico como puente entre la comunidad académica y la ciudadanía, capaz de traducir hallazgos complejos en narrativas claras que fomenten el pensamiento crítico y el diálogo informado. En un entorno saturado de desinformación, se enfatiza la importancia de recuperar la confianza del público a través de la transparencia, la verificación de fuentes y la creación de mensajes que

no solo informen, sino que también inspiren y movilicen. Asimismo, se reflexiona sobre cómo las estrategias narrativas y visuales pueden contribuir a democratizar el acceso al conocimiento, ampliando la llegada de la ciencia a públicos diversos y no especializados. El periodismo, concebido como un ejercicio de responsabilidad social, se presenta aquí como una herramienta clave para enfrentar el desinterés por la ciencia, las brechas de acceso a la información y los riesgos de la manipulación mediática.

De esta manera, la ponencia invita a repensar la comunicación científica desde la creatividad, la ética y la interdisciplinariedad, para que la ciencia se integre de forma más plena en la conversación social contemporánea.

Keywords: Desinformación, Comunicación Digital, Comunicación Científica, Posverdad
Financing: ANID-Milenio-NCN2023_054

Acknowledgments: A Michael Seeger, Constanza Macaya y Domi X. Quezada, quienes han aportado y colaborado enormemente en esta tan relevante disciplina.



NARRATIVAS AUDIOVISUALES E INMERSIVAS PARA HUMANIZAR LA CIENCIA

Pepe Rovano PhD^{1,3}, Michael Seeger^{2,3},
Constanza Macaya^{2,3}

(1) Universidad de Viña del Mar, Arquitectura,
Comunicación y Diseño, Diego Portales 90,
Viña del Mar, Chile

(2) Universidad Técnica Federico Santa María,
Química, Av. España 1680, Valparaíso, Chile

(3) Millenium Nucleus Bioproducts, Genomics
and Environmental Genomics (BioGEM),
Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

El cine documental y las narrativas inmersivas XR se consolidan como herramientas innovadoras y poderosas para la divulgación científica en el siglo XXI. A través del lenguaje audiovisual y el uso de tecnologías interactivas, no solo es posible generar vínculos emocionales con el público, sino también estimular el pensamiento crítico y abrir espacios de diálogo en torno a problemáticas urgentes como la crisis climática, la pérdida de biodiversidad y el desarrollo biotecnológico.

Esta línea de trabajo se ha fortalecido con la incorporación de experiencias basadas en realidad virtual (RV), aumentada (RA) y tecnologías inmersivas. Ejemplos destacados incluyen simulaciones interactivas RV en las que el usuario se transforma en una bacteria ambiental que degrada petróleo, facilitando la comprensión de procesos complejos como la biorremediación, así como el desarrollo de tarjetas de RA que permiten visualizar información sobre bacterias nativas al ser exploradas mediante dispositivos móviles. Estas experiencias logran traducir conceptos abstractos en vivencias cercanas y comprensibles, generando un aprendizaje activo y participativo.

El impacto de estas estrategias radica en su capacidad de expandir el alcance

del conocimiento científico más allá de la academia, conectando con comunidades diversas, desde espacios urbanos hasta territorios rurales. Al integrar arte, ciencia y tecnología, se construyen narrativas que no solo comunican información, sino que también inspiran, movilizan y contribuyen a combatir la desinformación. En este cruce interdisciplinario, los lenguajes creativos se convierten en catalizadores de conciencia social y educación científica, abriendo caminos innovadores para enfrentar los desafíos contemporáneos en la comunicación del conocimiento.

Keywords: Realidad Aumentada, Realidad Virtual, XR, Experiencias Inmersivas, Divulgación Científica

Acknowledgments: Universidad de Viña del Mar, Facultad de Arquitectura, Comunicación y Diseño. Carrera de Animación Digital. Asociación Gremial Valpo XRNúcleo Milenio BioGEM NCN2023_054Totoral Media Lab S.P.A.

“PLACAS PETRI QUE CUENTAN HISTORIAS: LA CIENCIA CONVERTIDA EN ARTE”

Jacqueline Vásquez Navarrete^{1,2}, Constanza Macaya Ramos^{1,2}, Ximena Báez Matus^{1,2}, Michael Seeger Pfeiffer^{1,2}

(1) Millenium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Genomics (BioGEM), Química, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

(2) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, UTFSM, Química, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile

La intersección entre ciencia y arte abre nuevas



oportunidades para comunicar conocimientos complejos de manera cercana, creativa y significativa. En esta ponencia se presenta una experiencia de divulgación que convierte resultados de laboratorio en expresiones artísticas, utilizando como base bacterias nativas de Chile y su potencial biotecnológico. A través del proyecto MicroArte, plasmado en un libro de memorias, se ilustra cómo el trabajo científico con microorganismos puede trascender el ámbito académico para transformarse en relatos visuales y narrativos capaces de generar conexión emocional con la comunidad.

El proceso combina técnicas microbiológicas con lenguajes artísticos, creando placas Petri que, más allá de ser un espacio experimental, se convierten en lienzos que cuentan historias. Esta propuesta busca resignificar la ciencia, mostrando que detrás de cada colonia bacteriana existe no solo un potencial biotecnológico, sino también una oportunidad de inspirar y educar mediante la estética y la creatividad.

La presentación enfatiza cómo iniciativas interdisciplinarias pueden transformar la percepción social de la biotecnología bacteriana, derribando barreras de acceso al conocimiento y fomentando la curiosidad. Al integrar arte y ciencia, se construyen nuevas formas de comunicación que invitan a imaginar, dialogar y valorar el patrimonio microbiano como parte de la identidad cultural y científica del país.

De esta manera, se propone que la divulgación científica no se limite a transmitir información, sino que se expanda hacia experiencias artísticas que movilicen y fortalezcan los lazos entre ciencia, educación y sociedad.

Keywords: Arte, Ciencia, Biotecnología, Microbiología, Divulgación científica

Financing: Financiamiento: ANID/USM/PUCV PhD fellowships (JVN, XBM), INCA220010 USM (JVN), and ANID-Milenio-PME-NCN2023_054 (JVN, CMR, MS) grants.



CENTRO INTERDISCIPLINARIO DE NEUROCIENCIA DE VALPARAISO: UNIDAD DENTRO DE LA DIVERSIDAD

Coordinador: Dr. John Ewer

RELACIONES INTERESPECIE MODULAN LA HIBERNACIÓN EN AMBIENTES NATURALES

Andrea Calixto¹

(1) CINV, Universidad de Valparaíso.

Las interacciones microbianas dan forma a la estabilidad ecológica, sin embargo, la forma en que las bacterias, las amebas y los nematodos influyen en los comportamientos de los demás sigue siendo poco conocida. La formación de Dauer (etapa de hibernación) es una estrategia clave de supervivencia de los nematodos, pero sus desencadenantes naturales siguen siendo en gran parte desconocidos. En este estudio, desarrollamos un marco para examinar las interacciones a largo plazo entre microbios y animales en ambientes templados y extremos.

De muestras de suelo recolectadas en un clima templado y semiárido, aislamos *Comamonas*, *Stenotrophomonas*, *Chryseobacterium* y *Rhodococcus*, y la ameba *Tetramitus*. Este conjunto microbiano, alimentado a *C. elegans* durante más de 20 generaciones, indujo la Formación de Dauer en Conjuntos Derivados Naturalmente (DaFNE), un fenómeno en el que los nematodos entran en diapausa después de múltiples generaciones en un entorno microbianamente estable, intensificándose con el tiempo y dependiendo de la biosíntesis de feromonas del nematodo y de las vías de interferencia de ARN (ARNi).

Después, exploramos los microbiomas del suelo

del desierto de Atacama, descubrimos que las comunidades bacterianas enriquecidas con vitamina B12 se correlacionan con la presencia de nematodos. Descubrimos que las bacterias productoras de vitamina B12, así como la suplementación con B12 por sí sola, aumentaron significativamente la penetrancia de dauer a 27 °C. Esto sugiere que metabolitos bacterianos específicos actúan como señales ecológicas que influyen en la persistencia de los nematodos y la formación de dauer en ambientes hostiles.

SUMOILACIÓN, UNA NUEVA REGULACIÓN POSTRADUCCIONAL DE CX26

Agustin Martinez¹, Felipe Vergara^{1,2}, Joel Novoa¹, Benjamín Hernández¹, Marcelo Brante¹, Camila Almarza¹, Isaac Garcia², John Ewer¹

(1) Universidad de Valparaíso, Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Instituto de Neurociencia, Ciencias, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Odontología, Altamirano Subida Carvallo 211, Valparaíso, Chile

SUMOylation is a post-translational modification that involves the covalent attachment of a small ubiquitin-like protein, known as SUMO, to lysine residues within specific protein motifs. Our previous studies, using *Drosophila* clock neurons as a model for ectopic connexin expression and transgenic lines carrying siRNAs targeting regulatory genes, suggest



that Cx26 can undergo SUMOylation. This finding is consistent with a high-throughput study in cancer cells reporting hundreds of SUMOylated proteins, among which Cx26 was identified.

In this work, we investigated the effects of SUMOylation on the morphology of gap junctions (GJs) and the functional state of hemichannels (HCs) and GJs formed by Cx26 in HeLa cells and in the *Drosophila* epithelial cell line S2R+. We found that pharmacological inhibition of SUMOylation with compound 2D08 significantly reduced the number of GJ-like structures at the plasma membrane and altered plaque morphology, fragmenting them into smaller pieces. However, this treatment did not affect GJ functionality, as assessed by FRAP (Fluorescence Recovery after Photobleaching). Moreover, in both HeLa and S2R+ cells, SUMO co-localized with Cx26 in GJ plaques. Notably, overexpression of Cx26 in S2R+ cells expressing SUMO-GFP promoted a shift in SUMO subcellular localization from the nucleus to the cytoplasm. Our molecular models, generated using AlphaFold 3 and Boltz 2, suggest that SUMO could physically block the pore of the Cx26 channel.

Altogether, we propose that SUMO stabilizes GJ plaques while simultaneously blocking channel activity. This model provides a potential explanation for previous observations indicating that channels within large GJ plaques at cell-cell appositions may be non-functional.

Keywords: Cx26, SUMO, *Drosophila*, Gap Junction, Hemichannels

Financing: Proyecto Exploración 13240159 FONDECYT 1241048

Acknowledgments: Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso

INVOLVEMENT OF HEMICHANNELS IN NEUROINFLAMMATION AND BRAIN DYSFUNCTION OF CHRONIC DISEASES

Juan Carlos Saez¹

(1)CINV, Universidad de Valparaíso.

Connexin hemichannels have emerged as upstream amplifiers of neuro-inflammation. Under stress as in the presence of depolarization, Ca^{2+} overload, redox shift or cytokine exposure elevates the activity of hemichannels in glial cells. The hemichannels allow the release of ATP, glutamate and other danger signals that activate P2X/P2Y and NMDA receptors, ignite NLRP3 inflammasomes and propagate Ca^{2+} /ROS waves between resident immune cells (mast cells and microglia) and parenchymal cells (astrocytes, oligodendrocytes, and neurons). Evidence across chronic brain disease models (e.g., epilepsy, Alzheimer's, and multiple sclerosis) show that genetic ablation or pharmacological blockade of hemichannels shrinks lesions, preserves synaptic plasticity, restores blood brain barrier integrity and rescues cognition. Translational leads include mimetic peptides (e.g., Gap19, 10panx1), the nanomolar, gap-junction-sparing small-molecule D4, and the pleiotropic alkaloid boldine, all of which curb neurodegeneration and brain dysfunctions (epileptiform activity, and depressive-like behavior). Yet, key gaps persist such as the long-term safety of chronic inhibition, which remains poorly defined and will be relevant to translate these "gatekeeper" channels into new-generation of neuro-anti-inflammatory therapeutics.

Funding: FONDECY 1231523



INTERACCIONES NEUROINMUNES EN EL EPITELIO OLFATORIO: IMPLICACIONES PARA LA SALUD Y LA ENFERMEDAD HUMANAS

Kathleen Whitlock¹

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

Anteriormente, descubrimos, de manera sorprendente, que existe una gran población de neutrófilos residentes en los órganos olfatorios, exclusivamente en el cerebro. Tras el daño inducido por cobre en el epitelio olfatorio adulto, los neutrófilos aumentan en los órganos olfatorios y, sorprendentemente, también se encuentran a lo largo del nervio olfatorio, los bulbos olfatorios y el telencéfalo ventral, lo que sugiere una migración hacia el sistema nervioso central en respuesta al daño en el sistema olfatorio periférico. Mediante una línea fotoconvertible Tg(mpx:dendra2), confirmamos que los neutrófilos migran desde el órgano olfatorio hacia el cerebro. Además, mi laboratorio ha demostrado que las neuronas de la hormona liberadora de gonadotropina (GnRH) se encuentran en la interfaz neurovascular de los órganos olfatorios, que la GnRH participa en la neurogénesis tanto en neuroesferas derivadas del hipotálamo adulto como en el hipotálamo de animales adultos intactos; y, más recientemente, que la GnRH puede actuar directamente sobre el epitelio olfatorio. El sistema sensorial olfatorio está íntimamente relacionado con la enfermedad de Alzheimer (EA), donde la pérdida del olfato es un biomarcador diagnóstico precoz; se han localizado agregados de beta-amiloide ($A\beta$) en el epitelio olfatorio de pacientes humanos y modelos de ratón; y se puede detectar $A\beta$ en la secreción nasal de pacientes con EA, donde sus niveles se correlacionan con el grado de deterioro cognitivo. Debido a que el sistema sensorial

olfatorio está íntimamente involucrado en la EA, donde la anosmia es un biomarcador de diagnóstico temprano, y la disfunción de GnRH puede desempeñar un papel en enfermedades neurodegenerativas como la EA, estamos investigando el potencial de GnRH para reducir la inflamación/degeneración neurovascular celular en el sistema olfatorio como un posible tratamiento terapéutico.



EDUCACIÓN CIENTÍFICA: ESTRATEGIAS DIDÁCTICAS PARA PROMOVER EL CONOCIMIENTO Y VALORACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD Y LA INTERCULTURALIDAD"

Coordinador: Dra. Marta Fuentealba–Dr. Luis Pastenes

ARTEFACTOS CULTURALES DIDÁCTICOS: MEDIADORES ENTRE EL CONOCIMIENTO CIENTÍFICO ESCOLAR Y EL CONOCIMIENTO DE LAS COMUNIDADES LOCALES

Eduardo Andrés Martín Sanabria¹

(1) Universidad Católica del Maule, Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales, Facultad de Ciencias Básicas, Avenida San Miguel 3605, Talca., Talca, Chile

La pluralidad epistemológica permite comprender que otros sistemas de conocimiento, distintos a la ciencia moderna occidental, perviven en los territorios y son dinamizados por las comunidades locales. Estos sistemas de conocimiento se diferencian del conocimiento científico clásico por sus propósitos, historicidad, ontología, episteme y modos de construcción particular. No obstante, los currículos escolares suelen excluir estos otros sistemas de conocimiento durante el proceso de formación de los estudiantes. Este trabajo expone que los artefactos culturales didácticos (ACD), como dispositivos tangibles, pueden mediar intencionalmente los sistemas de conocimiento científico y los conocimientos de las comunidades no hegemónicas a través de las prácticas docentes. Los ACD representan símbolos, significados y valores de la cultura local y, por sus características materiales, son susceptibles de ser analizados desde el conocimiento científico escolar. Por ejemplo, un artefacto cultural didáctico puede ser la construcción gradual de un poncho, una

prenda elaborada tradicionalmente en lana de oveja por las comunidades campesinas. Este poncho puede expresar elementos de la identidad cultural campesina. Desde los conocimientos científicos, se podría analizar su composición química, los componentes biológicos de las fibras naturales y algunas propiedades físicas, como su resistencia o su elasticidad. Desde los conocimientos locales, los estudiantes aprenderían acerca de sus formas de construcción, relatos y significados. En conclusión, los ACD ofrecen diversas posibilidades de creación de diseños didácticos para el aprendizaje de las ciencias y la valoración del patrimonio cultural.

Financing: Beca Doctoral UCM-Bases 2023. Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales.

Acknowledgments: El autor de esta comunicación agradece a la Universidad Católica del Maule por la Beca Doctoral UCM-Bases 2023 y al Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales.



DESARROLLO DE HABILIDADES CIENTÍFICAS ESCOLARES MEDIANTE APRENDIZAJE BASADO EN EL LUGAR: UN ESTUDIO DE CASO

Diego Urbina Miranda^{1,3}, Marta Fuentealba Cruz², Luis Pastenes Opazo², Rafael Lozada Yavina³

(1) Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales, Universidad Católica del Maule, Facultad de Ciencias Básicas, Talca, Chile

(2) Universidad Católica del Maule, Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Talca, Chile

(3) Universidad Santo Tomás, Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Ciencias, Talca, Chile

El presente trabajo analiza el desarrollo de habilidades científicas en estudiantes secundarios mediante la metodología de Aprendizaje Basado en el Lugar (ABL), a partir de un estudio de caso sobre la caracterización de residuos antrópicos (RA) en nidos de aves terrestres en la comuna de Talca, Chile. La investigación se inició con la participación de estudiantes de enseñanza secundaria, quienes realizaron la recolección de nidos en una primera etapa como parte de un proyecto escolar. Posteriormente, la recolección la continuó exclusivamente el equipo de investigadores entre 2020 y 2024, exceptuando los años de pandemia. En total, se analizaron 62 nidos correspondientes a seis especies de aves, determinando que el 90% contenía RA, principalmente plásticos (97%), seguidos por papeles (2,6%) y metales (0,4%). Los plásticos más frecuentes fueron líneas (51,3%), fibras sintéticas (30%), bolsas (14,8%) y fragmentos (0,8%). Estos resultados se enmarcan en un fenómeno global descrito en la literatura, pero con implicancias particulares para los ecosistemas locales de la zona central de Chile. A partir de esta experiencia es posible inferir el fortalecimiento de habilidades científicas

y transversales en estudiantes, como la observación sistemática, el pensamiento crítico, el trabajo colaborativo y la toma de decisiones en contextos reales. Asimismo, esta investigación favoreció la conciencia proambiental, vinculando el currículo escolar con problemáticas concretas de la comunidad. Este estudio evidencia el potencial del ABL como estrategia didáctica para articular la enseñanza de las ciencias con el entorno sociocultural y ecológico, promoviendo así una formación ciudadana crítica ante los desafíos ambientales actuales.

Keywords: Aprendizaje Basado en el Lugar, Habilidades científicas, Residuos antrópicos, Educación ambiental, aves terrestres

Acknowledgments: Beca de doctorado nacional ANID (Número de folio 21251587) y Doctorado en didáctica de las ciencias experimentales de la Universidad Católica del Maule.

IMPACTO DE UNA GUÍA DIDÁCTICA EN EL APRENDIZAJE DE LA BIODIVERSIDAD Y LOS ECOSISTEMAS, UTILIZANDO AL CARPINTERO NEGRO (CAMPEPHILUS MAGELLANICUS) UNA ESPECIE ENDÉMICA DE LA REGIÓN DEL MAULE

Javiera Carrasco-Rojas^{1,2}, Felipe N. Moreno-Gómez^{1,2}, Marta Fuentealba Cruz^{1,2}

(1) Universidad Católica del Maule, Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales. Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Av. San Miguel #3605, Talca, Chile

(2) Universidad Católica del Maule, Laboratorio de Ecología y Bioacústica. Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Av. San Miguel #3605, Talca, Chile



Durante la última innovación curricular de 2019 se incluyó e implementó la Educación Ambiental como parte del contenido formal desde el curriculum nacional, a través de la asignatura de Ciencias para la Ciudadanía que permite abordar temáticas ambientales desde la contextualización del contenido. Al ser ésta una disciplina incipiente dentro de la formalidad pedagógica, es necesario generar instrumentos didácticos que integren la educación ambiental y la contextualización educativa. El objetivo de este trabajo fue desarrollar una guía didáctica enfocada en biodiversidad, ecosistemas y bioacústica y centrada en el carpintero negro (*Campephilus magellanicus*), un ave endémica de Chile y Argentina, con graves problemas de conservación en la Región del Maule y que es considerada una especie paraguas de los ecosistemas que habita. La metodología contempló un pre y post-test donde se evaluó el impacto de la guía didáctica, mediante una conceptualización breve en 28 estudiantes pertenecientes a tres cursos de tercer año medio de dos establecimientos educacionales de la Región del Maule. Los resultados evidencian un cambio en la frecuencia de conceptos relacionados a biodiversidad y ecosistemas, donde se aprecia un aumento en el conocimiento e internalización de los contenidos abordados en la intervención didáctica. La implementación y uso de esta guía incentiva cambios en los conocimientos de los estudiantes, mostrando ser un elemento que contribuye al aprendizaje profundo y a la alfabetización científica medioambiental del estudiantado de enseñanza media.

Keywords: Educación Ambiental, Didáctica de las Ciencias, Servicios Ecosistémicos
Acknowledgments: Beca Doctoral UCM, Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Universidad Católica del Maule y Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales, Universidad Católica del Maule

ETIMOLOGÍA Y EDUCACIÓN CIENTÍFICA: RECURSOS LINGÜÍSTICOS PARA EL CONOCIMIENTO DE LA FAUNA CHILENA NATIVA

Marta Fuentealba Cruz¹, Luis Miño Gonzalez², Luis Pastenes Opazo²

(1) Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales, Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Av. San Miguel 3605 Talca, Universidad Católica del Maule, Chile

(2) Universidad Católica del Maule, Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Av. San Miguel 3605 Talca, Universidad Católica del Maule, Chile

La etimología es considerada una herramienta didáctica básica que facilita y favorece la comprensión y asimilación del vocabulario científico. No obstante, esta herramienta didáctica no está incluida en el currículo escolar chileno. El presente trabajo analizó el impacto de una intervención didáctica, incorporando a la etimología de conceptos biológicos taxonómicos en la adquisición de conocimientos sobre la fauna nativa chilena. Para ello se aplicó, antes y después de la intervención, cuatro instrumentos de evaluación a 42 estudiantes que cursaban tercer año de enseñanza media. El análisis de los resultados arrojó un valor de diversidad léxica de 0,3 para antes y 0,4 para después de la intervención. También se detectaron diferencias significativas en el nivel de conocimiento del estudiantado antes (8,5 puntos) y después (11,4 puntos) de la intervención. Esto sugiere que el uso de la etimología de conceptos biológicos taxonómicos favorece el incremento del vocabulario y el nivel de conocimiento sobre la fauna nativa chilena. El estudiantado incorporó en su acervo cognitivo las características propias de estos animales. Además, ellos



incluyeron nuevos conceptos que integran los morfemas de raíz, con otros que ya existen en sus repertorios. En conclusión, esta estrategia permitió fomentar el desarrollo de habilidades científicas, como la comprensión profunda de conceptos y la deducción, así como promover el interés y la motivación por la conservación de fauna nativa y su entorno, contribuyendo así al fortalecimiento de la alfabetización científica en estudiantes de enseñanza secundaria.

Keywords: Alfabetización científica, Didáctica de las ciencias, Educación ambiental

Acknowledgments: Doctorado en Didáctica de las Ciencias Experimentales. Universidad Católica del Maule



DIPLOMACIA CIENTIFICA

Coordinador: Dra. Ximena Baez

DIPLOMACIA CIENTÍFICA: PUENTES ENTRE CONOCIMIENTO, POLÍTICA PÚBLICA Y COOPERACIÓN INTERNACIONAL

Ximena Báez-Matus^{1,2}

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

(2) Núcleo Milenio Bioproductos, Genómica y Microbiología Ambiental (BioGEM), Valparaíso, Chile

La diplomacia científica se ha consolidado como un campo emergente en la intersección entre el conocimiento y la política exterior. Su propósito es tender puentes entre la ciencia y la toma de decisiones, favoreciendo la cooperación internacional y el diálogo entre Estados para enfrentar desafíos globales que trascienden fronteras, tales como el cambio climático, las pandemias o la transición energética.

En distintos países, la diplomacia científica se ha ido institucionalizando como parte de las políticas públicas, integrando la evidencia en los procesos de política exterior y fortaleciendo los vínculos internacionales de la ciencia. Para América Latina, su valor es estratégico: la región comparte problemáticas comunes, pero también posee un enorme potencial en biodiversidad, conocimiento local y capacidades científicas que pueden ser potenciadas mediante esquemas de cooperación Sur-Sur. Sin embargo, persisten

tensiones vinculadas a la desigualdad en el acceso a financiamiento, la brecha de género y la escasa articulación entre gobiernos, academia y sociedad civil.

Este simposio busca ofrecer una mirada integral sobre la diplomacia científica como herramienta de política pública y cooperación internacional. A través de tres perspectivas, institucional, regional y académica, se abordarán los avances, oportunidades y desafíos para consolidar este campo en Chile y América Latina. Al reunir estas miradas, se espera abrir un espacio de reflexión sobre cómo fortalecer la diplomacia científica como puente entre conocimiento y acción, con el fin de avanzar hacia políticas más inclusivas, justas y basadas en evidencia.

Keywords: Diplomacia Científica, Políticas Públicas, Cooperación Internacional

Financing: Becas doctorales ANID, UTFSM y PUCV (XBM), beca PIIC UTFSM (XBM), UTFSM Ciencia+ (XBM). ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS, XBM), FONDECYT 1250809 (MS).

Acknowledgments: Agradecimientos: Becas doctorales ANID, UTFSM y PUCV (XBM), beca PIIC UTFSM (XBM), UTFSM Ciencia+ (XBM). ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS, XBM), FONDECYT 1250809 (MS).



LA DIPLOMACIA CIENTÍFICA DESDE LAS POLÍTICAS PÚBLICAS

Carolina Gainza Cortés¹

(1) Universidad Diego Portales, Comunicación y Letras

Los desafíos científicos contemporáneos tienen, al menos, dos escalas: una global y otra situada. ¿Cómo contribuir a esos desafíos desde América latina, y Chile en particular? En este escenario, la diplomacia científica se ha vuelto un eje relevante en cuanto provee de evidencia para informar la política exterior y las negociaciones internacionales – por ejemplo, en materia de cambio climático o gobernanza de la inteligencia artificial–, generar confianza, mejorar relaciones bilaterales o multilaterales, y fortalecer el diálogo entre países. Por otra parte, la diplomacia en materia de ciencia contribuye a facilitar la cooperación científica, la movilidad de investigadores y el acceso a infraestructuras internacionales de gran escala, lo cual permite posicionar la investigación Latinoamericana y chilena como ciencia de calidad y que aporta al avance del conocimiento en materias relevantes en lo local y global.

En el Simposio “Diplomacia Científica en América Latina: Conectar saberes, construir políticas” se compartirá la experiencia de trabajo en esta materia en la Subsecretaría de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación, a través de iniciativas impulsadas en el Ministerio (entre 2022 y 2024) como el programa de capacitación en diplomacia científica para funcionarios/as (2023 y 2024) y el trabajo con el Ministerio de RR.EE., junto con otras iniciativas del periodo. También se abordarán los desafíos identificados en esta materia para avanzar en el fortalecimiento de la diplomacia científica desde las políticas públicas de ciencia.

Keywords: Diplomacia científica, políticas públicas, ciencia y tecnología, investigación

DIPLOMACIA CIENTÍFICA

Pedro Figueroa¹

(1) DiploCientífica – Red y observatorio de diplomacia científica en América Latina y el Caribe.

Los desafíos globales no pueden abordarse únicamente por contextos nacionales o locales. Dotar a las relaciones internacionales de los más actualizados conocimientos científicos es fundamental para lograr avances significativos en la arena internacional. Así, la diplomacia científica juega un rol fundamental en la respuesta a algunos de los mayores problemas transfronterizos de nuestro tiempo. La diplomacia científica puede describirse como un esfuerzo para aprovechar el compromiso y el intercambio científico en apoyo de objetivos que van más allá de la expansión de la frontera del saber.

Keywords: diplomacia científica

Acknowledgments: DiploCientífica – Red y observatorio de diplomacia científica en América Latina y el Caribe.



BIOLOGÍA DEL DESARROLLO: ENTRE FUERZAS, CODIGOS Y DESTINOS: EL ARTE DEL DESARROLLO.

Coordinador: Dra. Verónica Palma

TENSIONES QUE MOLDEAN EL DESARROLLO: MECÁNICA Y AUTO-ORGANIZACIÓN CELULAR EN LA EMBRIOGÉNESIS DE VERTEBRADOS

Carmen Gloria Lemus¹, Constanza Vásquez¹, Carlos Navarro¹, Néstor Guerrero¹, Paulo Casagrande³, Margarita Meynard¹, Cristina Bertocchi⁴, Andrea Ravasio⁵, Marcela Torrejón⁶, Steffen Hartel², Ignacio Bordeu³, Rodrigo Soto³, Mauricio Cerda^{1,2}, Miguel Concha^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Núcleo de Biología y Genética, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Instituto de Neurociencia Biomédica, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Departamento de Física, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Santiago, Santiago

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Instituto de Ingeniería Biológica y Médica, Santiago, Chile

(6) Universidad de Concepción, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

Las etapas más tempranas del desarrollo animal son cruciales, pues establecen los fundamentos del plan corporal del embrión. En los vertebrados, los peces anuales han desarrollado una estrategia evolutiva singular para sobrevivir en entornos extremos y estacionales, en la que las fases iniciales

del desarrollo dependen fuertemente de procesos de auto-organización. Su desarrollo comienza con una población celular dispersa que migra de forma aleatoria, la cual transita hacia un estado de movimientos coordinados y direccionales que culminan en la agregación celular, evento que marca el inicio efectivo de la embriogénesis. Los mecanismos que regulan esta transición clave del desarrollo permanecen, sin embargo, en gran medida desconocidos. En nuestro laboratorio investigamos este fenómeno mediante microscopía de fluorescencia con sábanas de luz, análisis cuantitativos basados en imágenes, y evaluaciones de la dinámica del citoesqueleto de actomiosina. Nuestros resultados demuestran que la transición de dispersión a agregación en el pez anual *Argolebias nigripinnis* está estrechamente acoplada a cambios mecánicos mediados por tensión en el entorno extra-embionario, particularmente aquellos asociados a la epibolia—un movimiento morfogenético que permite a los tejidos extra-embionarios envolver el huevo en desarrollo. Estos hallazgos destacan el papel esencial de las fuerzas físicas y de las interacciones biomecánicas con el entorno extra-embionario en la guía de eventos auto-organizativos que desencadenan el inicio de la embriogénesis en vertebrados.

Keywords: Fuerzas mecánicas, auto-organización, desarrollo embrionario, transiciones del desarrollo, peces anuales
Financing: Proyectos ANID: Fondecyt 1230919, Núcleo Milenio SELFO NCN2024_068 y Fondecip EQM130051 / EQM210020.



TIRANDO DE LAS CUERDAS: GAI2 EN EL CONTROL DE LA TENSIÓN Y LA POLARIDAD

Marcela Torrejón¹, J. Ignacio Leal¹, L. Mariana Tovar¹, Ignacio Marín¹, Jossef Guajardo¹, Roberto Mayor², Soraya Villaseca¹

(1) Universidad de Concepción, Laboratorio de señalización y Desarrollo, Depto. Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

(2) University College London, Department of Cell and Developmental Biology, Gower Street, London, UK

Las células de la cresta neural craneal (CNC) son una población transitoria y multipotente que, al igual que las células mesodermales durante la gastrulación de *Xenopus*, experimentan una migración colectiva altamente regulada, esencial para la morfogénesis. La correcta inducción, polaridad y migración de estas células requiere una coordinación precisa entre la remodelación del citoesqueleto y la respuesta a señales químicas y mecánicas. En este contexto, hemos identificado a la subunidad Gai2 de las proteínas G heterotriméricas como un regulador clave. La pérdida de función de Gai2 en etapas tempranas altera la expresión del marcador de CN snail2 y modifica la localización de proteínas de polaridad como Par3, Rac y Rho, revelando un rol no reconocido previamente en los procesos de inducción y migración. Además, Gai2 es esencial para la regulación de la polaridad, la morfología y la dinámica de adhesiones durante la migración colectiva de células mesenquimales y epiteliales. Mediante silenciamiento génico, microscopía en célula viva, y de fuerza de tracción, demostramos que Gai2 controla la dinámica de microtúbulos y su interacción con los filamentos de actina, siendo crítico para la organización del citoesqueleto, la

distribución de fuerzas y la respuesta a gradientes de rigidez. Las células deficientes en Gai2 presentan una organización anormal del citoesqueleto, adhesiones más estables y persistentes, y una incapacidad de responder a las señales mecánicas del microambiente. En conjunto, nuestros resultados posicionan a Gai2 como un mediador central de la mecanotransducción y de la migración colectiva mecanosensible de poblaciones celulares embrionarias

Acknowledgments: Fondecyt 1180926; VRID 2022000483INV; FCB-I-2022-03, NCN2024_068.

“ONE MITE TO RULE THEM ALL”: COMO ELEMENTOS TRANSPONIBLES FUERON DOMESTICADOS EN PROMOTORES FUERTES EN XENOPUS

Sylvain Marcellini¹, Japhet Rojas¹, Marco Mundaca¹, Hector Castillo¹, Roberto Amigo¹, Braulio Valdebenito²

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

(2) Memorial Sloan Kettering Cancer Center, Department of Epidemiology and Biostatistics, Computational Oncology Service, New York, USA

Los elementos transponibles fueron inicialmente calificados como “ADN basura” o “parásitos moleculares” de nuestro genoma. Sin embargo, hoy día, se sabe que pueden cumplir numerosas funciones celulares, un proceso conocido como “domesticación”. Aunque en ratón y humano se ha demostrado que transposones de ARN pueden domesticarse en elementos distales de la regulación transcripcional (enhancers), poco se sabe de este fenómeno en animales no-mamíferos. Es por este motivo que combinamos análisis de



transcriptómica (RNA-Seq) y accesibilidad de la cromatina (ATAC-Seq) en dos organismos modelos anfibios: las ranas *Xenopus tropicalis* y *Xenopus laevis*. Identificamos un elemento transponible de ADN en su forma de MITE (Miniature Inverted-repeat Transposable Elements) que fue domesticado en promotores fuertes antes de la divergencia de ambas ranas. Encontramos que este MITE activa la transcripción de forma ubicua, y tomó el control de alrededor de 60 genes por fenómeno de captura de exones y posterior eliminación del promotor original. Estos genes participan en procesos celulares fundamentales, incluyendo biología lisosomal, homeostasis del retículo y metabolismo. Nuestros resultados revelan que el MITE se propaga preferentemente por “saltos pequeños” en el genoma, favoreciendo la captura de genes cercanos a genes previamente domesticados. En esta charla, presentaré evidencia adicional basada en filogenia de copias de MITEs, presencia de sitios de unión para factores de transcripción, y ensayos reporteros en embriones transgénicos. Globalmente, nuestra data ilustra por la primera vez como la amplificación y propagación de un MITE permite capturar genes bajo una lógica regulatoria derivada de un transposón.

Keywords: Transposones, Domesticación, Promotores ubicuos, *Xenopus*, MITEs
Financing: FONDECYT 1241095

EL ALTO PRECIO DE UNA CONVERSACIÓN INTERRUMPIDA: EL ORIGEN NEUROVASCULAR DE LA ESQUIZOFRENIA

Verónica Palma¹

(1) Universidad de Chile, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Lab. de Células

troncales y Biología del Desarrollo (CTYBD). Las Encinas 3370 Edificio Milenio piso 3, Santiago, Chile

La barrera hematoencefálica (BHE) es una interfaz dinámica que regula el paso de moléculas entre la sangre y el cerebro, asegurando tanto el suministro de nutrientes como la homeostasis neuronal. Su formación depende de la interacción coordinada entre neuronas, astrocitos y células endoteliales, que conforman la unidad neurovascular (UNV). Cuando este equilibrio se altera, pueden surgir trastornos del neurodesarrollo como la esquizofrenia (EZ), una enfermedad de alta prevalencia y curso crónico sin terapias curativas.

Nuestro proyecto busca entender cómo fallas tempranas en la construcción de la UNV pueden debilitar la BHE y alterar la comunicación neuronal en EZ. Empleamos células madre humanas reprogramadas (hiPSCs) de individuos sanos y pacientes, generando neuronas, astrocitos y células endoteliales, que analizamos en términos de función, secreción de moléculas e interacción. Además, complementamos estos estudios con análisis de proteínas en plasma de pacientes, vinculando los resultados con datos clínicos. Los modelos celulares derivados de hiPSCs de pacientes mostraron fallas claras: las células endoteliales tenían respuestas vasculares deficientes; los astrocitos mantenían un estado proinflamatorio con efectos negativos sobre los vasos; y las redes neuronales revelaban déficits tempranos de conectividad. Notablemente, los niveles plasmáticos de Netrina-1 estaban alterados en los pacientes EZ y variaban según el tratamiento, apuntando a su potencial como biomarcador farmacodinámico.

Estos hallazgos sugieren que la EZ involucra defectos tanto neuronales como vasculares desde etapas tempranas del desarrollo,



y destacan nuevas vías de señalización neuroangiogénica como posibles blancos terapéuticos.

Keywords: Esquizofrenia Desarrollo cerebral
Barrera hematoencefálica Nicho neurovascular
hiPSC

Financing: Fondecyt Regular N°1221522 y 1190083

Acknowledgments: Laboratorio Dr. S. Rehen
(IDOR; Brasil).



SANEAMIENTO Y LEGISLACION AMBIENTAL

Coordinador: Dr. Michael Seeger

“DE DESAFÍO AMBIENTAL A OPORTUNIDAD URBANA: LA TRANSFORMACIÓN DE LAS SALINAS EN VIÑA

Stephanie Rotella¹

El proyecto Las Salinas, en Viña del Mar, constituye una iniciativa pionera en Chile de saneamiento y recuperación de suelos con pasivo histórico industrial, orientada a habilitar un nuevo espacio urbano con altos estándares ambientales y urbanos.

Durante más de 80 años, el terreno fue utilizado para el almacenamiento de combustibles, generando impactos relevantes en el suelo y subsuelo. Ante este desafío, Las Salinas impulsó un proceso de remediación integral, diseñado bajo lineamientos técnicos internacionales y la normativa ambiental chilena, con acompañamiento de científicos de prestigiosas universidades regionales y comunidades locales.

El enfoque aplicado se basa en la biorremediación, una solución basada en la naturaleza que aprovecha la capacidad de microorganismos presentes en el suelo para degradar hidrocarburos. Esta técnica, inédita en proyectos de esta escala en Chile pero ampliamente utilizada a nivel mundial, asegura resultados efectivos y seguros para la salud y el medio ambiente, reduciendo riesgos y aportando a la regeneración de suelos urbanos.

Un elemento distintivo del proyecto ha sido la implementación del Plan de Monitoreo

Participativo, que incorpora a representantes de la comunidad en el seguimiento colaborativo de la remediación. Esta experiencia ha fortalecido la confianza, validado las decisiones técnicas y consolidado un modelo de gobernanza ambiental basado en la corresponsabilidad.

Con la fase de saneamiento en ejecución, Las Salinas proyecta un desarrollo urbano a escala humana, inspirado en principios de circularidad, identidad local y sostenibilidad. La propuesta busca reintegrar un área estratégica a la ciudad, transformando terreno ex industrial en un espacio con valor social, económico y ambiental para Viña del Mar y como referente para la regeneración de suelos en Chile y Latino

LA BIORREMEDIACIÓN FRENTE AL MARCO NORMATIVO AMBIENTAL CHILENO: AVANCES Y LIMITACIONES

Salvador Donghi^{1,2}, Roberto Orellana³

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

(2) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultad de Ciencias del Mar y Geografía, Avda Brasil 2241, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Playa Ancha, Laboratorio de Biología Celular y Ecofisiología Microbiana, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Subida Leopoldo Carvallo 270, Playa Ancha, Valparaíso, Chile



La Ley sobre bases generales del medio ambiente define la recuperación como la acción de restituir el medio ambiente, uno o más de sus componentes, a una calidad similar a la previa al daño causado o de restablecer sus propiedades básicas si lo primero no es posible (Art. 2, Ley 19.300). El DS 40/2013 RSEIA establece que los proyectos de reparación o recuperación de áreas contaminadas iguales o mayores a 1 hectárea generan impacto ambiental (Art. 3, N° 11).

Entre 1999 y 2024, Chile otorgó 95 resoluciones de Calificación Ambiental favorable para iniciativas de saneamiento, con una inversión cercana a US\$ 830 millones. Sin embargo, solo 6 proyectos han cumplido plenamente con la exigencia de reponer la calidad ambiental original, representando apenas el 14,6 % del monto invertido. La técnica que ha permitido cumplir este estándar ha sido la biorremediación, aunque su elevado costo la hace poco atractiva desde un punto de vista económico (Las Salinas, Viña del Mar; Orellana et al., 2022).

A pesar de ello, la biorremediación ofrece ventajas relevantes: es sustentable, reduce la disposición final de residuos peligrosos y disminuye los riesgos asociados al transporte de contaminantes. Asimismo, favorece la recuperación de funciones ecológicas del suelo, incrementando su fertilidad y resiliencia (Orellana et al., 2022).

Estos antecedentes plantean desafíos que van más allá de lo técnico y económico, considerando que el éxito de los procesos de recuperación ambiental depende también de motivaciones sociales como la reciprocidad, la justicia y el bien común, y no únicamente del interés individual (Claro, 2007).

Keywords: Recuperación ambiental, saneamiento, biorremediación

Financing: Fondos aportados por Simbiosis Servicios Integrales SpA

“MICROORGANISMOS AL RESCATE CONTRA QUÍMICOS AL ATAQUE: LA NECESARIA BATALLA POR SALVAR LOS SUELOS CONTAMINADOS EN CHILE MEDIANTE TECNOLOGÍAS BIOLÓGICAS SOSTENIBLES FRENTE A SOLUCIONES FISICO-QUÍMICAS RÁPIDAS PERO COSTOSAS Y MENOS AMIGABLES CON EL MEDIO AMBIENTE”

Germán Monge¹

(1) Sin Afiliación

La remediación de suelos contaminados en Chile enfrenta un desafío crucial: elegir entre tecnologías biológicas y fisico-químicas. Con más de 9.000 sitios potencialmente contaminados, principalmente por minería e hidrocarburos, la falta de normativa específica agrava el problema. Las tecnologías biológicas, como biopilas y fitorremediación, aprovechan microorganismos y plantas para degradar contaminantes, ofreciendo soluciones sostenibles, de bajo costo y con menor impacto ambiental. Sin embargo, requieren más tiempo y son menos efectivas frente a metales pesados.

Por otro lado, las tecnologías fisico-químicas, como lavado de suelos, estabilización y electrorremediación, destacan por su rapidez y alta eficiencia en la remoción de metales, aunque implican costos elevados, consumo energético y generación de residuos secundarios. Esta presentación compara ambos enfoques mediante una tabla visual y ejemplos prácticos, resaltando ventajas y limitaciones.

Con un tono distendido y creativo, se propone



ver las biopilas como “spas ecológicos para suelos” y las soluciones físico-químicas como “cirugía invasiva con bisturí químico”. El objetivo es inspirar a optar por estrategias más sostenibles, sin perder de vista la necesidad de combinar métodos según el tipo de contaminante y contexto local. En definitiva, la batalla no es solo tecnológica, sino también ética y ambiental: ¿apostamos por la naturaleza o por la química? La respuesta marcará el futuro de nuestros suelos y ecosistemas

BIORREMEDIACIÓN DE ECOSISTEMAS CONTAMINADOS MEDIANTE MICROORGANISMOS CON EFICIENTES CAPACIDADES METABÓLICAS Y RESILIENTES AL ESTRÉS

Michael Seeger Pfeiffer^{1,2}, Constanza C. Macaya^{1,2}, Ximena Báez-Matus^{1,2}, Lisette Hernández^{1,2}, Roberto E. Durán^{1,2}, Teresa Esparza^{1,2}, Joselyn Breitler^{1,2}, Josefina Abarca^{1,2,3}, Karol Quiroz^{1,2}, Mario Sepúlveda^{1,2}, Guillermo Bravo^{1,2}, Valentina Méndez^{1,2}, Anna Espinoza-Tofalos⁴, Andrea Franzetti⁴, Roberto Orellana^{2,3}

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Avenida España 1680, 2390123 Valparaíso, Chile

(2) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123 Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Playa Ancha, Laboratorio de Biología Celular y Ecofisiología Microbiana, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Leopoldo Carvallo 270, 2360001 Valparaíso, Chile

(4) Università degli Studi di Milano-Bicocca,

Dipartimento di Scienze dell’Ambiente e della Terra, Milan, Italia

La restauración de ecosistemas contaminados o degradados es un desafío mayor que debe ser enfrentado mediante enfoques multidisciplinarios. La contaminación impacta negativamente los servicios ecosistémicos de los ecosistemas, incluyendo su empleo para una amplia gama de actividades humanas como la vida urbana, la agricultura y la pesca. Para poder remediar ecosistemas impactados, se han empleado diversas tecnologías fisicoquímicas y biológicas. La biorremediación microbiana es una biotecnología eficiente, sostenible y rentable, que requiere la caracterización fisicoquímica y biológica de las matrices. Los objetivos de este estudio fueron caracterizar las capacidades metabólicas y los mecanismos de adaptación a estrés de bacterias en presencia de contaminantes (hidrocarburos de petróleo, pesticidas y metales pesados), y determinar su eficiencia en procesos de biorremediación. Se estudió el crecimiento y la remoción de contaminantes por bacterias. Los estudios de genómica funcional en bacterias permitieron su reconstrucción metabólica, el descubrimiento de circuitos bioquímicos y eléctricos, y la exploración de sus múltiples mecanismos de adaptación bajo diversas condiciones de estrés (Méndez et al. 2025. FEMS Microbiol Rev). Los mecanismos adaptativos favorecieron la tolerancia celular a contaminantes y otros factores de estrés, incrementando la remoción de contaminantes. Se seleccionaron diversas cepas para establecer consorcios bacterianos para la biorremediación. Se compararon estrategias de bioestimulación y bioaumentación, y se caracterizaron sus efectos sobre la dinámica de las comunidades microbianas. Las proteobacterias y los actinomicetes desempeñaron funciones claves y complementarias en la biorremediación. Se diseñaron tecnologías de biorremediación



ambiental basados en microorganismos con eficientes capacidades metabólicas y mecanismos de adaptación al estrés.

Keywords: biorremediación, contaminación, metabolismo bacteriano, adaptación, estrés
Financing: Becas ANID, USM & PUCV (XB,LH,RED,TE,JA), Proyectos ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS,CM,XB,RED,JB,LH,VM,RO,JA), FONDECYT 1250809 & 1200756 (MS,CM,RED,XB,LH,JB,KQ,VM), USM (MS,RED), ILS (MS,CM,XB,RED,TE,RO), M3R (AET,AF), Ciencia +2030-C203020002 USM (MS,LH,RED,KQ).



PLANTAS Y PRÁCTICAS SUSTENTABLES. PROYECTO BIOGEM

Coordinador: Dra. Diyanira Castillo

MANEJO SOSTENIBLE DE BOTRYOSPHERA DIEBACK EN VIDES MEDIANTE EL USO DE BACTERIAS ANTAGONISTAS.

Diyanira Constansa María Castillo Novales^{1,2,3},
Paulina Vega Celedón^{1,2,3}, Michael Seeger
Pfeiffer^{1,3}, Ximena Besaoin Canales^{2,3}

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Center de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, Valparaíso 2390123, Chile

(2) Laboratorio de Fitopatología, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, San Francisco s/n La Palma, Quillota 2260000, Chile

(3) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, Valparaíso 2390123, Chile

Botryosphaeria dieback es una de las enfermedades del tronco más importantes que afectan a los viñedos a nivel mundial, y se asocia con diversos hongos de la familia *Botryosphaeriaceae*. Esta investigación compara los perfiles de biocontrol de *Diplodia seriata* y *Neofusicoccum parvum*, basándose en ensayos de enfrentamientos realizados in vitro y bajo condiciones de campo en brotes y brazos de *Vitis vinifera*, en las variedades Cabernet Sauvignon y Sauvignon Blanc utilizando bacterias con capacidad el potencial biocontrolador de cepas bacterianas nativas (*Pseudomonas*

spp. AMCR2b, GcR15a y *Rhodococcus* sp. PU4). Los resultados muestran diferencias evidentes entre ambos patógenos según el tipo de tejido afectado. *D. seriata* fue más agresivo en madera con más de 7 años de edad, mientras que *N. parvum* presentó mayor severidad en brotes jóvenes. A nivel varietal, Sauvignon Blanc fue consistentemente más susceptible que Cabernet Sauvignon frente a ambos patógenos en brotes jóvenes.

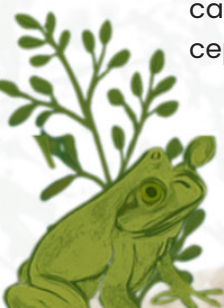
En cuanto a la severidad promedio, *N. parvum* mostró valores más altos en Cabernet Sauvignon y Sauvignon Blanc en brotes, en comparación con *D. seriata*. Por su parte, *D. seriata* también tuvo valores más elevados en ambas variedades, pero específicamente en tejido leñoso (brazos).

Por otro lado, se destacan los efectos de biocontrol observados a distintas temperaturas, tanto para *N. parvum* como para *D. seriata*, y su confrontación con biocontroladores en condiciones de baja, media y alta temperaturas.

Estos hallazgos indican una diferenciación en los mecanismos de infección y daño según el patógeno, tipo de tejido y variedad, lo cual es clave para diseñar estrategias de manejo integrado y para la aplicación específica de agentes de biocontrol.

Keywords: *Diplodia seriata*, *Neofusicoccum parvum*, Cabernet Sauvignon, Sauvignon Blanc, biocontrol

Financing: Proyecto FONDECYT Regular



N°1211094; Proyecto FONDECYT Regular N°1200756 y ANID Núcleo Milenio de Bioproductos, Genómica y Microbiología Ambiental (BioGEM) NCN2023_054 Chile.

POTENCIAL INSECTICIDA DE LOS ACEITES ESENCIALES DE BACCHARIS MACRAEI: UN ENFOQUE ECOLÓGICO DE SU COMPOSICIÓN VOLÁTIL EN EL MANEJO DE INSECTOS

Evelyn Muñoz¹, Manuel Martínez Lobos¹, Alejandro Madrid Villegas¹

(1) Universidad de Playa Ancha de Ciencias de la Educación, Departamento de Ciencias, Facultad de Ciencias naturales y exactas, Leopoldo Carvallo 270, Valparaíso, Chile

El control de plagas agrícolas depende en gran medida del uso de insecticidas sintéticos, cuyo empleo indiscriminado ha generado resistencia, toxicidad ambiental y riesgos para la salud humana. Como alternativa sostenible, este estudio evaluó los aceites esenciales (AEs) de *Baccharis macraei*, una especie endémica de Chile, con énfasis en su composición volátil e impacto insecticida. Se recolectaron muestras de dos zonas costeras de la región de Valparaíso y se obtuvieron AEs mediante destilación por arrastre de vapor. Su composición química fue analizada por GC-MS, identificándose principalmente sesquiterpenos oxigenados como espatulenol, α -cadinol y óxido de cariofileno. La bioactividad se evaluó frente a larvas de *Drosophila melanogaster*, *Tenebrio molitor* y *Galleria mellonella*. Los AEs mostraron actividad larvicida dependiente de la dosis, con valores de DL_{50} entre 46.5 y 465.8 $\mu\text{g/mL}$, siendo *D. melanogaster* el organismo más sensible. Además, ambos extractos inhibieron significativamente la acetilcolinesterasa ($CI_{50} \approx 12 \mu\text{g/mL}$), sugiriendo

un mecanismo de acción neurotóxico. Los análisis de acoplamiento molecular revelaron una fuerte interacción de α -cadinol con el sitio activo de la enzima. Predicciones in silico mediante InsectiPAD y ProTox-III confirmaron la similitud estructural de los metabolitos mayoritarios con insecticidas conocidos y una toxicidad reducida hacia mamíferos. Estos hallazgos posicionan a *B. macraei* como una fuente prometedora de biopesticidas de origen vegetal, con potencial aplicación en el manejo integrado de plagas. Se recomienda explorar formulaciones avanzadas, como nanoemulsiones, para mejorar la estabilidad y eficacia en condiciones de campo.

Keywords: *Baccharis macraei*, Aceites esenciales, Sesquiterpenos oxigenados, Actividad insecticida, Acetilcolinesterasa (AChE)

Financing: Fondecyt Post Doctoral N° 3230296

Acknowledgments: Laboratorio de Productos Naturales y Síntesis orgánica Universidad de Playa Ancha

CONTROL BIOLÓGICO A BAJAS TEMPERATURAS: USO DE CEPAS PSICROTOLERANTES DE PSEUDOMONAS SPP. CONTRA CEPAS DEL COMPLEJO PSEUDOMONAS SYRINGAE DE CEREZO

Paulina Andrea Vega Celedón^{1,2,3}, Diyanira Castillo-Navales^{1,2,3}, Guillermo Bravo^{1,2,3}, Boris Sagredo⁴, Michael Seeger^{1,3}, Ximena Besoain^{2,3}

(1) 1Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, Valparaíso, Chile.
(2) 2Laboratorio de Fitopatología, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, Pontificia Universidad



Católica de Valparaíso, Quillota, Chile.

(3) 3Millennium Nucleus of Bioproducts, Genomics, and Environmental Microbiology (BioGEM)

(4) 4Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Rayentué, Avenida Salamanca s/n, Sector Los Choapinos, Rengo, Chile.

El cerezo es el cultivo de mayor importancia económica de Chile. Una de las enfermedades más importantes de este frutal es el cáncer bacterial, que provoca grandes pérdidas económicas. Bacterias del complejo de *Pseudomonas syringae* (cPs) son el principal agente causal de esta enfermedad. Algunas cepas del cPs presentan la actividad nucleadora de hielo, la cual magnifica el daño provocado por las heladas, que en cultivos de cerezo en Chile ha alcanzado ~40% de pérdidas. La naturaleza endofítica de estos patógenos hace que el control de esta enfermedad sea desafiante. Por ende, se requiere de un enfoque preventivo, como la búsqueda de microorganismos biocontroladores resistentes a las bajas temperaturas. El objetivo de este trabajo fue establecer el efecto biocontrolador de cepas de *Pseudomonas* psicrotolerantes contra distintas cepas del cPs a bajas temperaturas. La actividad antagonista de 5 cepas de *Pseudomonas* contra 5 cepas del cPs (entre ellas *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, *P. syringae* y *P. viridiflava*) fue analizada in vitro en placas Petri con medio King B. Se evaluó la producción de posibles compuestos orgánicos difusibles y volátiles, mediante los métodos de rayas radiales y placa dividida, respectivamente. Las placas se incubaron a 4°C durante 12 días y se evaluó su efecto mediante registro fotográfico. Dos cepas de *Pseudomonas* presentaron los mejores resultados de inhibición completa y atenuación en ambos ensayos contra cepas del cPs. Estos resultados permitieron seleccionar cepas de *Pseudomonas* psicrotolerantes

biocontroladoras para ser aplicadas de forma preventiva en futuros ensayos en cerezos bajo estrés por frío.

Keywords: Biocontrol, Cáncer bacterial, *Pseudomonas* psicrotolerantes, *Pseudomonas syringae*, Bajas temperaturas

Financing: Proyecto Fondecyt Postdoctorado 3230205, ANID Millenium Nucleus of Bioproducts, Genomics, and Environmental Microbiology (BioGEM) NCN2023_054 Chile.

Acknowledgments: Proyecto Fondecyt Postdoctorado 3230205, ANID Millenium Nucleus of Bioproducts, Genomics, and Environmental Microbiology (BioGEM) NCN2023_054 Chile.

REVOLUCIONANDO LA AGRICULTURA CON MICROORGANISMOS Y NANOEMULSIONES: ESCALAMIENTO DE PRODUCTOS BIOLÓGICOS PARA UNA FUTURO SOSTENIBLE

Guillermo Bravo Cortes^{1,2,4,5}, Ivan Montenegro^{3,4}, Xlmena Besoain Canales^{2,4}, Paulina Vega-Celedon^{4,5}, Fabiola Cadiz², Michael Seeger^{4,5}

(1) Universidad Federico Santa Maria, Química y Medio ambiente, Valparaíso, Chile

(2) Laboratorio de Fitopatología, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agronómicas y de los Alimentos, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Quillota, Chile.

(3) Facultad de obstetricia y puericultura, Universidad de Valparaíso, Angamos 655, Reñaca, Viña del Mar, Chile.

(4) Millennium Nucleus of Bioproducts, Genomics, and Environmental Microbiology (BioGEM)

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



La agricultura enfrenta el desafío de avanzar hacia sistemas más sostenibles y resilientes. En este contexto, los productos biológicos surgen como herramientas capaces de proteger cultivos y al mismo tiempo reducir la dependencia de agroquímicos sintéticos. Nuestro trabajo busca demostrar cómo el escalamiento de soluciones basadas en microorganismos y nanoemulsiones puede transformar el futuro agrícola.

Las nanoemulsiones de polygodial, un compuesto natural del canelo (*Drimys winteri*), han mostrado alta estabilidad y un potente efecto bactericida contra *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis*, uno de los principales patógenos del nogal. Su producción a gran escala ha sido posible gracias al uso de operaciones unitarias como la homogeneización de alta presión, ha permitido obtener emulsiones estables en grandes volúmenes y avanzar hacia niveles de TRL 4–5.

En paralelo, el consorcio microbiano PUCV-VBL, compuesto por *Hanseniaspora osmophila* y *Gluconobacter cerinus*, ha demostrado eficacia en el control de pudrición gris y pudrición del racimo en vides. Su escalamiento en biorreactores ha permitido dar el salto desde experimentos en matraces hacia la producción industrial, alcanzando actualmente un TRL 8 y validando su potencial como bioinsumo agrícola.

Estos avances muestran que la combinación de innovación biotecnológica, infraestructura universitaria y visión sostenible permite convertir descubrimientos de laboratorio en soluciones reales para la agricultura, marcando el inicio de una nueva era donde la ciencia y la naturaleza trabajan juntas para garantizar un futuro sostenible.

Keywords: Control Biológico, Bioprocesos,

Nanoemulsiones, Biorreactor, Homogeneización de alta presión

Financing: Núcleo Milenio BioGEM NCM2023_054, Startup Ciencia SUC2400139

Acknowledgments: Núcleo Milenio BioGEM NCM2023_054, SUC2400139, FONDECUP EQM170194



LXVIII
Reunión Anual

**SOCIEDAD DE
BIOLOGÍA
DE CHILE**



**SOCIEDAD
DE BIOLOGÍA
DE CHILE**
desde 1928

COMUNICACIONES LIBRE



COMUNICACIONES LIBRE I

DESARROLLO DE UN BIOPROCESO INTEGRADO PARA LA PRODUCCIÓN DE ORGANOIDES ÓSEOS BASADOS EN CÉLULAS MADRE DE PULPA DENTAL HUMANA Y ALGINATO

Mauricio Zamorano¹

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

La ingeniería de tejido óseo (BTE, por sus siglas en inglés) ha surgido como una estrategia para superar las limitaciones de la industria protésica, integrando biología del desarrollo, ingeniería y medicina con el fin de generar tejido óseo funcional. Las células madre mesenquimales destacan por su autorrenovación y diferenciación, siendo base para BTE. Entre ellas, las células madre de pulpa dental humana (hDPSCs) muestran mayor proliferación, menor tiempo de duplicación, menor senescencia y osteogénesis más eficiente que las células de médula ósea (hBM-MSCs) bajo condiciones específicas. Las hDPSCs son accesibles mediante procedimientos poco invasivos y plantean menos cuestionamientos éticos, lo que las convierte en una fuente celular prometedora para reemplazar a las hBM-MSCs. Sin embargo, su estudio sigue siendo limitado, existiendo necesidad de profundizar en bioprocesos que permitan generar constructos óseos viables y homogéneos a escala clínica.

En este trabajo se evaluó la diferenciación osteogénica de hDPSCs encapsuladas en hidrogeles de alginato, cultivadas en suspensión en un biorreactor de perfusión

diseñado in-house. El sistema se comparó con metodologías tradicionales de cultivo 3D estático y de alimentación discontinua (fed-batch). El biorreactor desarrollado mostró mejor desempeño, con mayor actividad de fosfatasa alcalina y constructos más homogéneos, densos y funcionales. Además, los tejidos producidos contenían una mayor proporción de células maduras con fenotipo osteoblasto y osteocito en mineralización.

En conclusión, se presenta un bioproceso innovador capaz de generar constructos óseos a partir de hDPSCs, aportando nuevas perspectivas terapéuticas y un sistema transferible del laboratorio a entornos clínicos.

Keywords: ingeniería de tejido óseo, organoides de alginato, perfusión, biorreactor, hDPSCs
Financing: Fondecyt de iniciación n° 11230701 Fondecyt regular n° 1240197

EFFECTO COMBINADO DE LA PRESIÓN HIDROSTÁTICA E HIPERCAPNIA AGUDA EN LAS BRANQUIAS DEL PEZ MARINO LUMPFISH (CYCLOPTERUS LUMPUS)

Javier Santander¹, Jaime Soto-Neira¹, Vimbie Machimbirike¹

(1) Memorial University of Newfoundland, Department of Ocean Sciences, Faculty of Science, 1 Marine Lab Road, St John's, Canada
El CO₂ es un tema central para científicos y gobiernos, ya que contribuye al calentamiento global. Para ayudar a reducir los niveles atmosféricos de CO₂, se están llevando a cabo diversos esfuerzos para capturar y almacenar



CO₂ bajo el fondo marino. Sin embargo, un resultado colateral de estas estrategias es el riesgo de fugas accidentales de CO₂. Además de las fuentes antropogénicas, los altos niveles de CO₂ también pueden originarse por actividades tectónicas naturales. La respuesta molecular y fisiológica de los peces a la exposición de corto plazo al CO₂ en combinación con la presión no ha sido explorada. Esto debido en parte a los desafíos técnicos de estudiar organismos vivos bajo presión.

El lumpfish (*Cyclopterus lumpus*) es un pez marino de importancia ecológica que se encuentra a ambos lados del Atlántico Norte. Aunque normalmente se registran dentro de los primeros 60 metros, también se han observado a profundidades de hasta 800 m. Las branquias, como órgano respiratorio principal, son especialmente vulnerables a los cambios en el ambiente marino. Por lo tanto, en este estudio evaluamos los efectos de una exposición de corto plazo e intensa al CO₂ bajo presión creciente (a 6 °C) sobre la fisiología branquial del lumpfish. Los peces fueron colocados en cámaras hiperbáricas y expuestos a diferentes presiones (hasta 1000 m) bajo concentraciones bajas y altas de CO₂ (0.8–98 mg/L) durante 24 h. Posteriormente, los tejidos branquiales fueron sometidos a análisis histológicos y transcriptómicos para evaluar los impactos fisiológicos del CO₂ y la presión.

Keywords: Presión hidrostatica, Peces marinos, Branquias, CO₂, Transcriptómica

Financing: ExxonMobil-Hebron project, Canada

LA CONCENTRACIÓN SANGUÍNEA DE VESÍCULAS EXTRACELULARES QUE CONTIENEN HSP70 ESTÁ ASOCIADA CON UNA MENOR LESIÓN RENAL INDUCIDA POR ISQUEMIA/REPERFUSIÓN EN RATONES.

Paola Soto¹, Gonzalo Méndez², Carlos Irarrázabal¹

(1) Universidad de los Andes, Departamento de Fisiología, Facultad de Medicina, Av. Monseñor Álvaro del Portillo 12455, Santiago, Chile

(2) Inmunocel, Anatomía Patológica, Del Inca 4446, Santiago, Chile

Introducción. La lesión renal aguda (LRA), que afecta al 20% de pacientes hospitalizados, puede progresar a enfermedad renal crónica (ERC). La isquemia seguida de reperfusión (I/R) renal genera estrés oxidativo y activa procesos apoptóticos, contribuyendo a la LRA. Las vesículas extracelulares (VE) actúan en la comunicación intercelular y pueden proteger órganos como el corazón y riñón. La proteína chaperona HSP70, puede estar presente en la membrana de estas vesículas (VE-HSP70) bajo estrés celular e inflamación, ejerciendo un papel antiapoptótico. Por lo tanto, se planteó la hipótesis de que VE-HSP70 previenen el daño renal por I/R.

Métodos. Ratones C57BL/6 fueron sometidos a 30 minutos de isquemia renal y 48 horas de reperfusión. Se midieron creatinina sérica (SCr), nitrógeno ureico en sangre (BUN), biomarcadores de daño renal (TIMP-2, IGFBP-7, NGAL) y se realizó análisis histológico. Algunos ratones recibieron geranilgeranil acetona (GGA), un inductor de HSP70, y se cuantificaron los niveles plasmáticos de VE-HSP70 por ELISA. **Resultados.** Se observaron incrementos en SCr, BUN, biomarcadores de daño renal y alteraciones histológicas en ratones C57BL/6 sometidos a I/R respecto al grupo control (sham). La administración de GGA previno este fenómeno. Los niveles de VE-HSP70 se



modificaron en el grupo I/R, y el tratamiento con GGA recuperó su nivel plasmático.

Discusión. Los niveles sanguíneos de VE-HSP70 están asociados con la lesión renal inducida por I/R y representan un potencial biomarcador y estrategia terapéutica para reducir la lesión renal aguda.

Keywords: Vesículas extracelulares, Isquemia-reperusión, daño renal, HSP70

Financing: ANID, Fondecyt Postdoctorado 3230322

Acknowledgments: Agradecimientos, ANID, Fondecyt Postdoctorado 3230322

AEROMONAS SALMONICIDA PATOGÉNESIS E INMUNIDAD DE PECES MARINOS DE AGUAS FRÍAS.

Javier Santander¹

(1) Memorial University of Newfoundland, Department of Ocean Sciences, Faculty of Science, 1 Marine Lab Road, St John's, Canada

Aeromonas salmonicida es el agente causal de la enfermedad de peces llamada furunculosis. *A. salmonicida* tiene un rango de hospedero amplio y de distribución global, causando mortalidades en peces silvestres y cultivados. Aquí hablare de nuevos aspectos de la biología de *A. salmonicida* y respuesta inmune de peces marinos de aguas frías. La diversidad de *A. salmonicida* es altamente influenciada por elementos móviles termo-inducibles. Una vez inducidos estos elementos móviles causan mutaciones endógenas. El impacto genómico y fenotípico de estas mutaciones endógenas en *A. salmonicida* no ha sido explorado. Nuestros estudios indican que estas mutaciones endógenas impactan la

clasificación fenotípica clínica y virulencia. Análisis genómicos indican que la clasificación fenotípica no está relacionada a la filogenia de *A. salmonicida*. Estudios animales indican que las mutaciones endógenas causan cepas menos virulentas, pero más crónicas. Esto sugiere un potencial efecto del cambio climático en la virulencia de *A. salmonicida*. También, hemos explorado los efectos del ambiente marino en *A. salmonicida* y la respuesta del hospedador a la infección. En general, *A. salmonicida* infecta las branquias y causa un shock sistémico letal en salmónidos y otros peces. Una vez que infecta al hospedador, *A. salmonicida* es opsonizada, fagocitada por células presentadoras de antígenos, donde se propaga. Al parecer *A. salmonicida* inhibe la apoptosis de los macrófagos, controla su citoesqueleto, y se propaga en el endosoma. Finalmente, estudios inmunológicos indican que ciertas cepas de *A. salmonicida* no son adecuadas para su utilización en vacunas, ya que causan inmune supresión.

Keywords: *Aeromonas*, peces marinos, Infección, cambio climático, virulencia

Financing: NSERC Discovery Grant competition # RGPIN-2018-05942



COMUNICACIONES LIBRE II

DETERMINACIÓN DE LA EFICACIA BACTERICIDA DE FORMULACIONES BASADAS EN BACTERIOFAGOS LÍTICOS MICROENCAPSULADOS

Camila Moore Franco¹, Claudio Pizarro¹, Rodrigo Herrera¹, Bernardo Latorre¹, Antonio Castillo¹

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

Chile lidera la exportación de cerezas en el hemisferio sur, con envíos superiores a 2.200 millones de dólares entre noviembre de 2023 y febrero de 2024. Sin embargo, *Pseudomonas syringae* (Ps) puede reducir el rendimiento de la producción hasta en un 75% en plantas jóvenes y entre un 10–20% en árboles adultos. En Chile, los patovares tomato (Pst), *syringae* (Pss) y *actinidiae* (Psa) presentan alta prevalencia. La aparición de cepas resistentes a antibióticos y compuestos de cobre ha generado la necesidad de nuevas estrategias de control para este fitopatógeno. Una alternativa de interés es el uso de bacteriófagos líticos, reconocidos por su eficacia y especificidad contra su hospedador bacteriano. No obstante, los fagos son sensibles a condiciones ambientales adversas —altas temperaturas, cambios de pH, deshidratación y radiación UV— lo que limita su aplicación en campo. Para superar estas limitaciones, se ha propuesto la microencapsulación, técnica que protege la suspensión fágica dentro de matrices poliméricas y permite controlar su liberación.

En estas condiciones, se evaluaron tres formulaciones: fagos en suspensión, fagos

encapsulados y una combinación de ambos con aditivos. Los bioensayos in vitro en tejido vegetal mostraron porcentajes de protección superiores al 90% en todos los tratamientos. Asimismo, los ensayos in vivo en plantas de tomate confirmaron la efectividad de los fagos frente a la Peca Bacteriana. Finalmente, se determinó que los bacteriófagos encapsulados permanecen viables después de 2 meses sobre el tejido vegetal y almacenados en el laboratorio a 4°C, con una disminución del título viral de dos órdenes de magnitud.

Keywords: Bacteriófagos, *Pseudomonas syringae*, Microencapsulación, Bioensayos
Financing: Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IDeA ID22110173

SÍNTESIS DE POLIHIDROXIALCANOATOS POR LA BACTERIA MODELO PARABURKHOLDERIA XENOVORANS Y LA BACTERIA NATIVA JANTHINOBACTERIUM SP. BMR6B PARA PRODUCIR BIOPLÁSTICOS CON PROPIEDADES AJUSTABLES

Mario Sepúlveda Mardones^{1,2}, Viviana Urtuvia³, Natalia Álvarez-Santullano¹, Pamela Villegas⁴, Jeyson Hermosilla^{2,5}, Jacqueline Vásquez-Navarrete^{1,2}, Francisca Acevedo^{2,5}, Michael Seeger^{1,2}

(1) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental (Universidad Técnica Federico Santa María), Departamento de Química & Centro de Biotecnología Daniel Alkalay Lowitt, Avenida España 1680 – 2390123, Valparaíso, Chile.

(2) Millenium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Genomics (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso,



Chile.

(3) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultad de Ingeniería, Escuela de Ingeniería Bioquímica, Av. Brasil 2147 Casilla 4059, Valparaíso, Chile.

(4) Universidad Tecnológica Metropolitana, Facultad de Ingeniería, Programa Doctorado en Ciencias de Materiales e Ingeniería de Procesos, Santiago 8940000, Chile.

(5) Universidad de la Frontera, Facultad de Medicina, Departamento de Ciencias Básicas, Temuco, Chile.

Los polihidroxicanoatos (PHA) son poliésteres acumulados al interior de las células bacterianas, presentando diversas estructuras químicas según el metabolismo bacteriano y la fuente de carbono presente en el medio. Estos PHAs son biodegradables, renovables y de versátiles propiedades termomecánicas, que varían de acuerdo con su composición monomérica, asemejándose a distintos plásticos no biodegradables de origen fósil. El objetivo fue evaluar el metabolismo de las bacterias modelo *P. xenovorans* y nativa *Janthinobacterium* sp. BmR6b para la producción de poli(3-hidroxibutirato-co-3-hidroxivalerato) y la co-producción de poli(3-hidroxibutirato) con la molécula bioactiva violaceína, respectivamente, para obtener bioplásticos con propiedades ajustables. Se reconstruyó el metabolismo de carbohidratos para la producción de PHAs en ambas bacterias mediante métodos genómicos in silico. Se evaluó la producción de poli(3-hidroxibutirato-co-3-hidroxivalerato) y poli(3-hidroxibutirato) en la bacteria respectiva, usando diferentes fuentes de carbono. *P. xenovorans* presentó un versátil metabolismo de carbohidratos y ácido valérico para sintetizar el co-polímero de poli(3-hidroxibutirato-co-3-hidroxivalerato). *P. xenovorans* fue cultivada con carbohidratos diferentes adicionando un pulso de ácido valérico durante el cultivo, obteniendo el co-polímero de

poli(3-hidroxibutirato-co-3-hidroxivalerato). El tipo de carbohidrato seleccionado permitió ajustar la composición monomérica del copolímero. *Janthinobacterium* sp. BmR6b metabolizó distintos carbohidratos en poli(3-hidroxibutirato) y el compuesto activo violaceína. El cultivo de la cepa BmR6b con glicerol como única fuente de carbono permitió la co-producción de P(3HB) y violaceína. La integración de P(3HB) y violaceína resultó en un bioplástico con actividad antibacteriana y antioxidante. El metabolismo de *P. xenovorans* y *Janthinobacterium* sp. BmR6b presentan el potencial metabólico para el diseño de bioplásticos con propiedades termoplásticas ajustables y propiedades bioactivas adquiridas, respectivamente. La diversidad bacteriana es una fuente de herramientas biotecnológicas que permite ampliar el repertorio de bioplásticos para el reemplazo de los plásticos no biodegradables de origen fósil.

Keywords: Bioplásticos biodegradables, Polihidroxicanoatos, *Paraburkholderia xenovorans*, *Janthinobacterium* sp., Metabolismo

Financing: ANID-Nucleo Milenio-NCN2023_054, ANID-Fondecyt-1250809, ANID-Fondequip EQM-170194.

ADAPTACIÓN DEL MÉTODO DE DIFUSIÓN EN POZO DE AGAR PARA EVALUAR LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE BIOMASA VEGETAL LIOFILIZADA Y MICRONIZADA CONTRA STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE A METICILINA

Diego Verdugo¹, Gloria González¹, Sergio Espinoza¹, David Vergara¹

(1) Universidad Católica del Maule, Ciencias



Forestales, Ciencias Agrarias y Forestales,
Avenida San Miguel 3605, Talca, Chile

La creciente demanda de medicamentos naturales y menos procesados, ha impulsado la búsqueda de biocompuestos en biomasa vegetal. Sin embargo, los protocolos clásicos basados en extracciones con solventes aíslan fracciones purificadas de compuestos, perdiendo la sinergia intrínseca de la matriz vegetal. Por lo anterior se adaptó el método de difusión en pozo de agar para evaluar directamente la actividad antimicrobiana de biomasa vegetal entera liofilizada y micronizada contra *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM).

Se preparó un polvo fino a partir de la biomasa liofilizada y micronizada, el cual se depositó en pozos sobre agar Mueller-Hinton previamente inoculado con una suspensión de *S. aureus* SARM (0,5 McFarland). Tras hidratar la biomasa con agua destilada estéril, las placas se incubaron a 37 °C por 24 horas.

Los resultados preliminares muestran la formación de halos de inhibición claros y reproducibles alrededor de los pozos con la biomasa. Esta actividad fue contrastada con un control positivo (vancomicina) y la ausencia de inhibición en los controles negativos (agua y meticilina).

Lo que demuestra que este protocolo sencillo permite evaluar la actividad antimicrobiana de la biomasa intacta, preservando la sinergia de sus biocompuestos y ofreciendo una herramienta eficiente para la valoración de productos naturales menos procesados.

Keywords: Antimicrobianos, Biocompuestos, Resistencia antimicrobiana, Biomasa vegetal
Financing: Doctorado en Biotecnología Traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule.

Acknowledgments: Agradecimiento a mis tutores, Dr. Sergio Espinoza y Dra. Gloria González

DEL ESTRÉS AMBIENTAL AL LABORATORIO: MICROORGANISMOS EFICACES CONTRA RESIDUOS TEXTILES.

Elizabeth Yugsi^{1,2}, Alejandra Vergara^{2,3}, Bruno Lizama², Tomas Corrales⁴, Marcela Carvajal³

(1) Programa conjunto de Doctorado en Biotecnología, Universidad Técnica Federico Santa María – Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Técnica Federico Santa María, Laboratorio de Agrobiotecnología, Centro de Biotecnología Dr. Daniel Alkalay Lowitt, Valparaíso, Chile., Valparaíso, Chile

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

(4) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Física, Valparaíso, Chile.

La acumulación de residuos textiles, en particular los derivados de poliéster (polietileno tereftalato ,PET) ha saturado los sistemas de gestión y disposición final debido a su baja biodegradabilidad. Frente a este desafío, exploramos fuentes microbianas nativas con potencial de despolimerización enzimática, provenientes de ambientes sometidos a estrés selectivo, como suelos contaminados con metales pesados, suelos post-incendio y ecosistemas de alta salinidad y baja disponibilidad hídrica, además de matrices enriquecidas con residuos textiles y plásticos, compost y enmiendas orgánicas.

Se aislaron e identificaron 150 cepas de hongos y 60 cepas bacterias. Mediante ensayos microbiológicos se evaluó un panel enzimático de lacasas, esterasas, cutinasas y lipasas, dirigido a actividades hidrolíticas y oxidativas relevantes para PET; este análisis permitió priorizar alrededor de 9 cepas bacterianas y 26 fúngicas que exhibieron tres o más actividades enzimáticas.



Con base en su desempeño en el panel enzimático, los aislados priorizados se evaluaron mediante MicroResp™, adaptada a polvo de textil 100% PET (1g/L), para determinar su capacidad de utilizar el polímero como única fuente de carbono. La producción de CO₂ se empleó como indicador de respiración microbiana sobre PET. Cinco aislados 3 hongos y 2 bacterias mostraron incrementos consistentes de CO₂ frente a PET ($p < 0.05$).

Para vincular el fenotipo respiratorio con el potencial genético, los aislados se sometieron a identificación molecular y análisis genómicos dirigidos a identificar funciones candidatas implicadas en la interacción microbio-polímero. En conjunto, los datos respaldan un flujo experimental que permite priorizar candidatos biodegradadores de textiles PET y proporcionan una base metodológica para estudios cinéticos y ensayos in vitro.

Keywords: biodegradación, MicroResp™, poliéster, residuos textiles, microorganismos.
Financing: Agradecemos al Proyecto Interno de Desarrollo Tecnológico de la UTFSM -PI_DT_24_07.

Acknowledgments: Beca Doctorado Nacional ANID - 21240074FDRP GORE-V - ID_57: "Diseño de planta piloto para el tratamiento ecológico de residuos textiles"



COMUNICACIONES LIBRE III

VARIABILIDAD ESPACIO-TEMPORAL DE COMUNIDADES DE COCCINÉLIDOS AFIDÓFAGOS Y ÁFIDOS EN EL PAISAJE AGRÍCOLA DE CHILE CENTRAL

Audrey Alejandra Grez¹, Romina Oberti¹, Leonardo Almonacid¹, Javiera Orellana¹, Alejandro Costamagna²

(1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias veterinarias y Pecuarias, Santa Rosa 11735, Santiago, Chile

(2) University of Manitoba, Department of Entomology, Faculty of Agricultural and Food Sciences, Winnipeg, Canada

Los coccinélidos son uno de los principales depredadores de las plagas de áfidos. Colonizan cultivos desde otros hábitats, pero la mayor parte de la literatura ignora cómo estos enemigos naturales ocupan diferentes hábitats durante el año. Los paisajes agrícolas en Chile central son muy heterogéneos, incluyendo cultivos y hábitats naturales y seminaturales. En este trabajo, estudiamos la variabilidad espacio-temporal de las comunidades de coccinélidos y áfidos en el paisaje agrícola. Muestreamos coccinélidos y áfidos durante otoño, invierno, primavera y verano de 2023 y 2024, con trampas adhesivas amarillas y apaleos de follaje en coberturas que representan un gradiente de perturbación. Recolectamos 4098 coccinélidos de 28 especies (18 nativas y 10 exóticas). Ellos fueron más abundantes en alfalfa y maíz, mientras que los áfidos lo fueron en alfalfa y campos abandonados. Ambos taxones fueron menos abundantes en setos vivos y matorrales. La diversidad taxonómica de coccinélidos fue mayor en alfalfa y matorrales, aunque la

dispersión funcional fue menor en alfalfa y maíz. La composición de la comunidad varió entre los tipos de cobertura según un gradiente de perturbación, oponiéndose las comunidades de matorrales y setos vivos a las de alfalfa y maíz. Distintas especies se asociaron con uno o más tipos de cobertura, excepto durante el invierno. Pocas especies cambiaron entre los tipos de cobertura entre estaciones. Nuestros resultados muestran cómo las comunidades de coccinélidos en paisajes agrícolas varían en el espacio y el tiempo, información que es crucial para la conservación de especies y el control biológico de conservación.

Keywords: composición, diversidad taxonómica, diversidad funcional, enemigos naturales, hábitat

Financing: Fondecyt 1230073

UNA PERSPECTIVA GLOBAL SOBRE EL PLOMO EN PALOMAS URBANAS (COLUMBA LIVIA): PAISAJE, CLIMA Y DETERMINANTES BIOLÓGICOS.

Isaac Peña-Villalobos^{1,2}, Fallon Nacaratte³, Renata Novoa³, Verónica Palma², Pablo Sabat^{1,4,5}, Sylvia V Copaja³

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

(2) Laboratorio de Células troncales y Biología del Desarrollo, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(3) Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.



(4) Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago, Chile.

(5) Millenium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Chile.

Los metales traza representan un riesgo ambiental importante, con concentraciones elevadas frecuentemente detectadas en animales urbanos. Las palomas (*Columba livia*) han sido utilizadas como bioindicadores de contaminación para ciertos metales; sin embargo, no existen análisis que integren los niveles de contaminación con los factores ambientales y biológicos que los determinan. A partir de ello, este estudio analizó la acumulación de plomo, cobre y zinc en plumas de palomas urbanas y su relación con variables como coloración del plumaje, la temperatura ambiental, las precipitaciones, el porcentaje de superficies impermeables y el índice global de modificación humana de los sistemas terrestres. Además, se aplicó un enfoque dual: (1) análisis de palomas provenientes de Santiago, desde zonas con distintos niveles de urbanización; y (2) evaluación de patrones globales con datos de estudios de otros países (Corea del Sur, Irán, Francia, México y Brasil). Los resultados muestran menores concentraciones de plomo en aves que habitan áreas con mayor proporción de superficies impermeables, lo que contrasta con la tendencia generalmente observada de altos niveles en entornos urbanos. Asimismo, los valores más elevados se relacionaron con un mayor índice de modificación humana global. Proponemos que, en contextos donde la gasolina con plomo no es la fuente principal de Pb, las superficies impermeables y la mayor precipitación favorecen el lavado del suelo, reduciendo el polvo contaminado disponible para ser ingerido por las aves. Finalmente, se observó que la oscuridad del plumaje, asociada a melanina y patrones de coloración, tiene un efecto secundario frente a los factores ambientales.

Keywords: Contaminación, Aves urbanas, Plumas, Melanismo, Metales pesados

Financing: FONDECYT 1251362/FONDECYT 11221062

Acknowledgments: Agradecemos a Javiera Arcila, Catalina Muñoz-Pacheco, Felipe Sanhueza-Cisterna, Carolina Cárdenas, Tomás Jiménez y Andrés Sazo por su ayuda en el procesamiento de las muestras.

HIBERNACION EN AMBIENTES NATURALES GATILLADA POR LA MICROBIOTA.

Marcela Serey¹, Andrea Calixto¹

(1) Ceto Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Universidad de Valparaíso, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

Las interacciones microbianas dan forma a la estabilidad ecológica, sin embargo, la forma en que las bacterias, las amebas y los nematodos influyen en los comportamientos de los demás sigue siendo poco conocida. La formación de Dauer (etapa de hibernación) es una estrategia clave de supervivencia de los nematodos, pero sus desencadenantes naturales siguen siendo en gran parte desconocidos. En este estudio, desarrollamos un marco para examinar las interacciones a largo plazo entre microbios y animales en ambientes templados y extremos.

De muestras de suelo recolectadas en un clima templado y semiárido, aislamos *Comamonas*, *Stenotrophomonas*, *Chryseobacterium* y *Rhodococcus*, y la ameba *Tetramitus*. Este conjunto microbiano, alimentado a *C. elegans* durante más de 20 generaciones, indujo la Formación de Dauer en Conjuntos Derivados Naturalmente (DaFNE), un fenómeno en el que los nematodos entran en diapausa después de múltiples generaciones en un entorno



microbianamente estable, intensificándose con el tiempo y dependiendo de la biosíntesis de feromonas del nematodo y de las vías de interferencia de ARN (ARNi).

Después, exploramos los microbiomas del suelo del desierto de Atacama, descubrimos que las comunidades bacterianas enriquecidas con vitamina B12 se correlacionan con la presencia de nematodos. Descubrimos que las bacterias productoras de vitamina B12, así como la suplementación con B12 por sí sola, aumentaron significativamente la penetrancia de dauer a 27 °C. Esto sugiere que metabolitos bacterianos específicos actúan como señales ecológicas que influyen en la persistencia de los nematodos y la formación de dauer en ambientes hostiles.

Keywords: natural environments, microbiota, behavior, RNAi, interpecies communication

Financing: Proyecto Fondecyt Regular N° 1220650

TRISTERIX SP.: PLANTAS PARÁSITAS EPÍFITAS CLAVE EN EL APOORTE DE HIERRO A LA CADENA TRÓFICA EN CHILE CENTRAL Y CENTRO-SUR

Pía Urbina Castillo¹, Tomás Bernales Santolaya¹, Damaris Santibáñez Muñoz¹, Marlene Fuenzalida Cerda¹, Matías-Ignacio Baroni Norambuena¹, María Victoria Gangas Peña¹, Felipe Cancino Prado^{1,2}, Vera Martínez-Barradas^{1,3}, Pablo González Muñoz^{1,2}, Christian Dubos⁴, María Fernanda Pérez Trautmann¹, Marcia González Teuber¹, Hannetz Roschzttardtz¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile

(2) Instituto Milenio en Inmunología e

Inmunoterapia

(3) Universidad Autónoma de Chile, Instituto de Ciencias Aplicadas, Santiago, Chile

(4) University Montpellier, IPSiM, CNRS, INRAE, Institut Agro, Montpellier, Francia

Este estudio destaca la importancia ecológica y práctica de *Tristerix corymbosus* y *Tristerix aphyllus* en los ecosistemas chilenos. Las especies del género *Tristerix* cumplen un rol relevante en la cadena trófica y en el ciclo del hierro, al proporcionar este nutriente esencial a consumidores primarios, especialmente durante periodos de escasez de recursos como el invierno, beneficiando a especies como *Dromiciops gliroides* y diversas aves. Ambas especies almacenan hierro en complejos FERRITINA dentro de los embriones de sus frutos, lo que permite que este nutriente esté fácilmente disponible para los consumidores, una característica poco común en otras plantas, especialmente en invierno. Además, describimos que los embriones verdes de *Tristerix corymbosus* y *Tristerix aphyllus* podrían ser fotosintéticamente activos, favoreciendo el crecimiento temprano de las plántulas. Este rasgo particular podría deberse a una baja sensibilidad al ácido abscísico (ABA), lo que permitiría la retención de clorofila y la diferenciación de estructuras vasculares como el xilema. Nuestro estudio también resalta la capacidad de adaptación de estas epífitas para adquirir nutrientes, ya que dependen de sus hospedadores tanto para soporte como para sustento, demostrando estrategias especializadas de supervivencia en ambientes sin acceso al suelo. Finalmente, nuestros hallazgos son relevantes para comprender la nutrición ecosistémica y para mejorar la resiliencia vegetal frente al estrés ambiental. En conjunto, *Tristerix corymbosus* y *Tristerix aphyllus* cumplen funciones ecológicas clave, aportando a la comprensión del flujo de nutrientes en los ecosistemas y de las adaptaciones en las



estrategias de almacenamiento de hierro
en plantas epífitas y parasíticas.

Keywords: Hierro, Quintral, Tristerix, Plantas
epífitas, Cadena trófica

Financing: ANID FONDECYT #1231048; ANID
FONDECYT #1211765; ANID FONDECYT #1240971;
ANID Iniciativa Científica Milenio - Instituto
Milenio en Inmunología e Inmunoterapia
(ICN2021_045); beca VRI para TB; ANID Anillo
ATE230007

Acknowledgments: Agradecemos a Juan
Carlos Niculante por colección de frutos
y fotografías; a la Unidad de Microscopía
Avanzada PUC (UMA-UC); y al Centro de
Estudios Químicos UC (CEQUC)



COMUNICACIONES LIBRE IV

IDENTIFICACIÓN DE LAS VÍAS DE ENTRADA DE PISCIRICKETTSIA SALMONIS EN FAGOCITOS DE SALMÓN

Javiera Pérez Valenzuela^{1,2}, Francisca Vera-Tamargo^{1,2}, Andrea Talamilla-Espinoza^{1,2}, Ignacio Chavez-Baez^{1,2}, Daniela Ortiz^{1,2}, Roberto Bravo Sagua³, Rodrigo Pulgar Tejo^{1,2}

(1) Universidad de Chile, INTA, Laboratorio de Genómica y Genética de las Interacciones Biológicas (LG2IB), El Libano 5524, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile,, Campus Sur, Center for Research and Innovation in Aquaculture (CRIA), Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, INTA, Laboratorio de Obesidad y Metabolismo (OMEGA), El Libano 5524, Santiago, Chile

Piscirickettsia salmonis es el agente etiológico de la Septicemia Rickettsial del Salmón (SRS), la principal enfermedad infecciosa que afecta a la salmonicultura chilena. A pesar de su impacto económico y sanitario, los mecanismos específicos de entrada de *P. salmonis* en fagocitos de salmón permanecen poco caracterizados. En este estudio se combinó un enfoque proteómico global con análisis funcional mediante inhibidores farmacológicos para identificar y validar las rutas de internalización utilizadas por el patógeno en células SHK-1. El análisis proteómico reveló una clara separación entre células expuestas al patógeno y controles, con más de 1800 proteínas diferencialmente expresadas. El enriquecimiento funcional destacó rutas vinculadas a endocitosis y fagosomas. El análisis de ortólogos de *Salmo salar* permitió discriminar cuatro vías canónicas de internalización (fagocitosis, endocitosis mediada por clatrina, caveolinas

y macropinocitosis), de las cuales fagocitosis y clatrina mostraron mayor representación diferencial. Los ensayos de inhibición funcional confirmaron que el bloqueo de la fagocitosis redujo significativamente la internalización y carga intracelular de *P. salmonis*, mientras que la inhibición de clatrina, caveolinas o macropinocitosis no mostró efectos relevantes en la infección. Estos resultados indican que *P. salmonis* depende principalmente de la fagocitosis para invadir fagocitos de salmón. Este estudio aporta nuevas evidencias sobre la interacción huésped-patógeno, relevantes para el desarrollo de terapias dirigidas a disminuir la replicación intracelular y reducir la dependencia de antibióticos en la salmonicultura.

Keywords: *P. salmonis*, Salmonicultura, Interacción hospedero-patógeno

Financing: FONDECYT Regular: #1221848 Exploración: #13240202

DESCIFRANDO ESTRATEGIAS EVOLUTIVAS DE UN PATOGENO PERSISTENTE: ANÁLISIS DE GENOMAS COMPLETOS DE PISCIRICKETTSIA SALMONIS

Jaime Eugenio Figueroa Valverde², Karen Moreno Mendieta², Genaro Soto-Rauch², Denise Haussmann Bielefeld¹

(1) Universidad Santo Tomas, Ciencias Basicas, Ciencias, Picarte 1130/1160, Valdivia, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

Piscirickettsia salmonis es el agente causal



de la Piscirickettsiosis, principal responsable de las mortalidades y pérdidas económicas por causa infecciosa en la salmonicultura nacional. Mediante diversos proyectos Inter universidades se logró secuenciar y ensamblar cerca de 80 genomas completos de *P. salmonis*, que incluyó desde la cepa original (1989) hasta otras de 2021. Todos los genomas contienen un total de ~3500 genes, ~4 plásmidos por genoma, y se describe un pangenoma de cerca de 6504 genes y un coregenoma de 1767 genes. curiosamente los genomas contienen el mismo numero de genes de resistencia antibiótica y de virulencia, todos formando parte del coregenoma, por tanto, presentes en todos los aislados, pero con diferencias en susceptibilidad antibiótica y virulencia. Así, el proceso evolutivo de los genomas mantiene un tamaño de genoma estable pero con otras adaptaciones. Destacan mutaciones puntuales de un nucleótido (SNPs), rearrreglos génicos con transposición de genes, un alto número de transposasas y elementos móviles, y reorganización de genes en islas genómicas de diversos tipos, destacando las de virulencia y las metabólicas o fitness. Los hallazgos in silico revelaron conservación de barrios génicos para genes reguladores transcripcionales de metabolismo de metales, al igual que proteasas, cercanos a islas, y barrios variados con menos islas para genes asociados a proteínas de membrana.

Finalmente, en este estudio se ratificó la clasificación en los genogrupos, LF derivadas de la LF-89 aislada en 1989, y las EM derivadas de la cepa EM-90, y además se comparó con los genomas de cepas de Noruega y Nueva Zelanda que constituyen un genogrupo diferente a las anteriores, pero aparece cada vez más evidente que los genomas siguen divergiendo y al borde de constituir 2 especies diferentes, tanto por sus características génicas, como por sus estrategias evolutivas particulares.

Keywords: Patogeno bacteriano, Piscirickettsia salmonis, evolucion bacteriana, resistencia antibiotica

Financing: Centro FONDAP-INCAR 1523A0007

RECAMBIOS REGULATORIOS EN GENES CLAVE DE LA HIDROXIAPATITA Y EVOLUCIÓN DE LA MINERALIZACIÓN ÓSEA ENTRE XENOPUS LAEVIS Y XENOPUS TROPICALIS.

Marco Mundaca Escobar¹, Lefney Cumilaf¹, Héctor Castillo¹, Sergio Bustamante¹, Japhet Rojas¹, Fabiana Vivar¹, Roberto Amigo¹, Renato Saavedra², Sylvain Marcellini¹

(1) Departamento de Biología Celular, Escuela de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

(2) Departamento de Física, Escuela de Física y Matemática, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

Antecedentes: Cómo surgen las novedades regulatorias que controlan la expresión génica es un tema de interés en la biología evolutiva del desarrollo. Para ello, la comparación genética entre el anfibio alotetraploide *Xenopus laevis* (Xl) que presenta dos subgenomas y su pariente diploide *Xenopus tropicalis* (Xt) brinda la oportunidad de abordar este tipo de interrogantes. **Metodología:** La mineralización ósea se evaluó mediante tinciones histológicas, espectroscopía FTIR-PAS y SEM. Se realizaron análisis de RNA-Seq y ATAC-Seq en mesénquima osteogénico y osteoblastos de Xl y Xt. La expresión espacial de genes de interés se examinó mediante hibridación in situ HCR. **Resultados:** Encontramos que los genes osteoblásticos *phospho1* y *enpp1*, que codifican enzimas implicadas en la formación del mineral óseo hidroxapatita, se expresan a niveles



relativamente altos desde los subgenomas S y L de XI, respectivamente. Esto se correlaciona con la presencia de señal ATAC-Seq específica de osteoblastos en ambos loci. Análisis de secuencias indicaron que estas regiones evolucionaron en el linaje de XI y contienen sitios de unión para factores de transcripción osteogénicos. Además, los huesos craneales de XI presentan un mayor contenido mineral (P y Ca) que Xt. Finalmente, el gen phospho1.5 de XI se activa transcripcionalmente en el frente de mineralización y se mantiene expresado en osteoblastos. Conclusión: En conjunto, nuestros datos ilustran cómo la novedad reguladora puede afectar a la expresión génica y, a su vez, provocar una divergencia fenotípica en la biología ósea de XI y Xt.

Keywords: Evolución, Xenopus, Desarrollo craneal, Mineralización, Novedad regulatoria
Financing: Financiamiento: FONDECYT 1241095.

22A -HIDROXISTICTAN-3-ONA: UN NUEVO AGENTE BIOACTIVO CON EFECTO PRO-MIGRATORIO Y PROLIFERATIVO EN FIBROBLASTOS DÉRMICOS HUMANOS IN VITRO

Samuel Torrejón González¹, Natalia Quiñones sobarzo², Caroline Weinstein Oppenheimer², Ricardo Ceriani Fernández³, Jaime Maripillán³

(1) Magíster de Bioactividad de Productos Naturales y de Síntesis, Universidad de Valparaíso., Escuela de Farmacia, Facultad de Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093 Valparaíso 2340000, Valparaíso, Chile

(2) Centro de Investigación, Desarrollo e Innovación de Productos Bioactivos (CInBio), Universidad de Valparaíso, Escuela de de Farmacia, Facultad de Farmacia, Av. Gran Bretaña 1093 Valparaíso 2340000, Valparaíso,

Chile

(3) Centro para la Investigación Traslacional en Neurofarmacología (CITNE), Universidad de Valparaíso, Instituto de Neurociencia, Facultad de Ciencias, Av. Gran Bretaña 1091 Valparaíso 2340000., Valparaíso, Chile

Antecedentes: Centella asiática (L), ampliamente utilizada en la medicina tradicional china, ha demostrado efectos cicatrizantes atribuidos a sus terpenoides pentacíclicos. Los metabolitos secundarios terpénicos de líquenes del género Pseudocyphellaria comparten similitudes estructurales con los triterpenoides presentes en la Centella asiática, lo que sugiere un posible efecto regenerativo.

Objetivo: El objetivo principal de esta investigación fue evaluar in vitro el potencial regenerativo de la molécula 22-hidroxistictan-3-ona, obtenida desde un extracto hexánico de la especie líquénica Pseudocyphellaria berberina, sobre fibroblastos dérmicos humanos, en un modelo in vitro.

Métodos: Se evaluó la molécula 22-hidroxistictan-3-ona en ensayos de: viabilidad, proliferación y migración celular, además se realizó la cuantificación de la expresión de los transcritos de VEGF, fibronectina, colágeno tipo I y III.

Resultados: La molécula 22-hidroxistictan-3-ona demostró una viabilidad y proliferación celular comparables al control. El ensayo de cicatrización in vitro demostró que la molécula estimuló la migración en mayor medida que el control. Por otro lado, la cuantificación de la expresión génica reveló un aumento en la expresión de genes involucrados con procesos de producción de matriz extracelular y angiogénesis

Conclusiones: La molécula 22-hidroxistictan-



3-ona promueve la proliferación y migración de fibroblastos sin inducir citotoxicidad en el rango de concentración utilizado, demostrando un notable potencial regenerativo. Este estudio pionero identifica a esta molécula derivada de líquenes como candidata prometedora para la futura reparación de heridas.

Keywords: Pseudocyphellaria, Terpenos, Bioactivo, Líquenes, In vitro

Financing: fondecyt 11200922 y proyecto SIA 85220025

Acknowledgments: Gracias al Magíster en Bioactividad de Productos Naturales y de síntesis, al Laboratorio de Productos Naturales y al de Innovación Terapéutica y Diagnóstico Molecular por su apoyo y colaboración

LA PÉRDIDA DE FAT3 ALTERA EL BALANCE DE LA CODIFICACIÓN NEURONAL ON/OFF EN LA RETINA

Adrian Palacios¹, Daniela Ponce¹, David Neira¹, Leonel E. Medina⁴, Kevins Jara³, Nicolás Schiappacasse², Pablo Roncagliolo², Evelyn C. Avilés³

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Neurociencia, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Escuela de Ingeniería Civil Biomédica, Ingeniería, Gral. Cruz 222, Valparaíso, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Biomedicina, Facultad de Ciencias Biológicas, Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(4) Universidad de Santiago, Ingeniería Civil Biomédica, Facultad de Ingeniería, Av. Víctor Jara 3659, Santiago, Chile

Background: FAT3, an atypical cadherin, directs

amacrine dendrites to the inner plexiform layer to support ON/OFF segregation and temporal tuning. Its downstream impact on retinal ganglion cell (RGC) population coding and vision is unknown. Because bipolar circuits set ON/OFF balance and temporal bandwidth, we tested whether Fat3 deletion reconfigures RGC output.

Methods: We recorded retinal ganglion cell (RGC) populations from 2-month-old Fat3^{-/-} (n=3) and WT (n=3) mice on a 256-channel multielectrode array (MEA). Stimuli were full-field flashes, a chirp (temporal frequency/contrast sweeps), checkerboard white-noise for spike-triggered averaging (STA), and natural-movie clips. Group comparisons used two-tailed Mann-Whitney U tests. Planned assays: micro-ERG (μ ERG) with Refined Composite Multiscale Entropy (RCMSE) to quantify scale-dependent temporal complexity, and RT-qPCR to assess post-deletion RGC-relevant gene expression.

Results: Fat3 mutants exhibited a robust ON bias and reduced OFF/scotopic activity. ON-flash mean firing: 11.08 vs 6.30 sp/s (+76%); chirp: 7.74 vs 5.32 (+45%); photopic: 7.78 vs 4.18 (+86%); checkerboard: 10.17 vs 7.74 (+31%); natural images: 11.76 vs 7.01 (+68%). OFF-flash: 3.19 vs 4.55 sp/s (-30%; n=440 vs 834); scotopic: 0.66 vs 1.61 sp/s (-59%). Population polarity index shifted toward ON (0.67 vs 0.54). Responses were more transient (TI: ON 0.48 vs 0.54; OFF 0.44 vs 0.55). STA mapping increased the fraction of RF-valid units (56.4% vs 46.6%), doubled ON-center prevalence (40.8% vs 22.7%), and enlarged RF diameter (~+12%), indicating broader spatial pooling. Planned μ ERG-RCMSE will test for reduced fine-scale temporal complexity around d-wave epochs, while RT-qPCR will assay ON/OFF synaptic markers.

Conclusion: FAT3 loss biases RGC populations



toward ON-preferring, faster, and spatially broader codes. Data support a model in which reduced OFF bipolar synaptic gain/bandwidth (FAT3→PTPσ–GRIK1) yields ON-dominant population coding and predicts selective high-frequency coherence loss in OFF-dominant RGCs.

Keywords: Retinal ganglion cells (RGCs), FAT3 cadherin, OFF-cone bipolar synapses, ON/OFF pathway balance, Population coding

Financing: Fondecyt 11241253, Ben Barres Spotlight Award, eLife, IBRO Rising Stars (ECA). Fondecyt 1200880 (AGP) and 13220082 (LEM, AGP), 24-STIC-02 STIC Amsud (ECA, AGP).



COMUNICACIONES LIBRE V

MÁS ALLÁ DEL CLIMA: EL ROL MODULADOR DE FACTORES EDÁFICOS EN LA FISIONOMÍA FOLIAR DE *NOTHOFAGUS DOMBEYI*

Felipe Figueroa Ponce¹, Aurora Gaxiola^{2,3}, Luis Felipe Hinojosa¹

- (1) Universidad de Chile, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias
- (2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas
- (3) Instituto de Ecología y Biodiversidad

La fisionomía foliar se ha utilizado ampliamente como proxy paleoclimático bajo la premisa de una relación directa entre rasgos morfológicos y variables climáticas. Sin embargo, estos rasgos, por ejemplo, el área foliar o la complejidad del margen, implican también costos nutricionales para las plantas, lo que sugiere que la disponibilidad de nutrientes del suelo podría modular dicha relación.

Proponemos que factores edáficos, como la disponibilidad de nutrientes, actúan como un filtro limitante de la plasticidad foliar, atenuando o corregulando los patrones atribuidos exclusivamente al clima. Para evaluar esta hipótesis, colectamos hojas de 117 individuos de *Nothofagus dombeyi* en 40 sitios a lo largo de la distribución de la especie, medimos 21 rasgos fisionómicos foliares, LMA, LDMC, cuantificamos las concentraciones totales de Nitrógeno, Fósforo y Carbono y establecimos variables bioclimáticas (CHELSA). Los análisis de redundancia (RDA) y partición de la varianza revelaron que el contenido de nutrientes del suelo fue el predictor más relevante para entender los patrones de diferenciación foliar a lo largo del gradiente

de distribución, asociado positivamente con formas más circulares, compactas y con mayor LMA, mientras que negativamente con la complejidad foliar (número y área de dientes), atributos clásicamente relacionados con el clima. La partición de la varianza mostró que los nutrientes explican de forma exclusiva un 27,8 % de la variación morfológica, mientras que el clima explica solo un 7,2 %, con un 42,4 % de varianza compartida.

Estos resultados evidencian que los nutrientes del suelo modulan fuertemente la respuesta fisionómica foliar al clima, abriendo la posibilidad de incorporar variables edáficas en las calibraciones de proxies paleoclimáticos y así mejorar la precisión de las reconstrucciones ambientales.

Keywords: *Nothofagus dombeyi*, foliar traits, soil
Financing: Beca Magíster Nacional ANID 22251775; Fondecyt 1221214, IEB Basal/FB210006
Acknowledgments: Beca Magíster Nacional ANID 22251775; Fondecyt 1221214, IEB Basal/FB210006.

RELEVANCIA DE LA LEY EVOLUTIVA DE FUERZA CERO (ZFEL) EN LA EVOLUCIÓN DE LA COMPLEJIDAD DE LOS MAMÍFEROS TERRESTRES

Cristián E. Hernández¹, Nicolas Espinoza-Aravena^{1,2}, Oscar Inostroza-Michael³, Reinaldo Rivera², Joaquín Cárcamo^{1,2}, Enrique Rodríguez-Serrano²

- (1) Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastián, Chile.



(2) Facultad de Cs. Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile.

(3) Centro de Investigación en Recursos Naturales (Holon SpA.), Chile.

A pesar de sus formas y fisiologías dispares, la evolución de los animales siguió tendencias globales similares, lo que sugiere principios generales que rigen su evolución. Recientemente, se propuso un principio general que rige estas tendencias evolutivas, la Ley Evolutiva de Fuerza Cero (ZFEL); La cual sugiere que «en cualquier sistema evolutivo con variación y herencia, existe una tendencia al aumento de la diversidad y la complejidad, una tendencia que siempre está presente, pero que puede verse contrarrestada o aumentada por la selección natural, otras fuerzas o restricciones que actúan sobre la diversidad o la complejidad». Esto se debe a que tanto la diversidad como la complejidad son medidas de varianza, y las varianzas tienden a aumentar espontáneamente a medida que se acumulan eventos aleatorios. Esta idea de una tendencia siempre presente al aumento de la diversidad y la complejidad sin fuerzas (p. ej., la selección natural) ni restricciones predominantes supone que los entornos que rodean a los linajes son estables, productivos y benignos. Sin embargo, los entornos son heterogéneos, y podemos observar una relación continua entre estable-productivo-benigno e inestable-improductivo-severo. En este proceso continuo de fuerzas y restricciones, la selección natural y otras fuerzas y restricciones pueden oponerse o aumentar la diversidad y la complejidad, dependiendo del entorno. Si bien el ZFEL es un valioso Modelo Nulo y sirve como punto de partida para comprender el origen de la diversidad y la complejidad biológicas actuales, su importancia ha sido escasamente evaluada. Evaluamos la ZFEL como hipótesis, prediciendo que la ZFEL es un factor determinante de la biodiversidad

y la complejidad, lo cual es coherente con la Hipótesis de Estabilidad Climática para explicar el gradiente de diversidad de especies.

Keywords: Biodiversidad, Macroevolución, Métodos Comparativos Filogenéticos, Dinámica Eco-Evolutiva, Ecología Evolutiva

Financing: FONDECYT-1240219

Acknowledgments: Vicerrectoría de Investigación y Doctorados (VRID) de la Universidad San Sebastián (USS), y a la Facultad de Medicina Veterinaria USS

ESTUDIO DE ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO DE LA TOLERANCIA A LA HIPOXIA EN EL SALMÓN DEL ATLÁNTICO

Sergio Paolo Barahona Padilla¹, Paz Caballero¹, Nicol Delgado¹, Nicolás Salinas Parra¹, Álvaro Bastías², María Angélica Rueda Calderón¹, Alfonso Romero², Carlos Soto², José Gallardo-Matus¹

(1) Laboratorio de Genética y Genómica Aplicada, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Avenida Universidad 330, Valparaíso, postal code: 2373223, Chile.

(2) Salmones Camanchaca S.A., Diego Portales 2000, Puerto Montt, postal code: 5503642, Chile. Con el cambio climático incrementando la frecuencia e intensidad de los eventos de hipoxia, la tolerancia a este estresor se ha vuelto un rasgo imprescindible para la acuicultura. En este estudio se investigó la base genética de la tolerancia a la hipoxia en el salmón del Atlántico (*Salmo salar*). Se evaluaron 741 juveniles de la cepa Lochy (54,2 g), pertenecientes a 40 familias, de la empresa Salmones Camanchaca S.A. La tolerancia se midió mediante el enfoque LOE ("pérdida de equilibrio"), registrando el tiempo que cada pez resistió bajos niveles de



oxígeno disuelto (1.5 – 2 mg/L) hasta perder el equilibrio (TLOE). Los ensayos (trials) se realizaron durante cinco días. El genotipado de SNPs se efectuó con un microarreglo de 62K. Luego del control de calidad de SNPs, se realizó un GWAS con el modelo mixto MLMA-LOCO usando el software GCTA. Se observó un rango fenotípico amplio (TLOE: 0–209 min). Dada la variabilidad observada entre trials y tanques, se ajustó un modelo lineal incluyendo trial_tank como efecto fijo, y se utilizaron los residuales como fenotipo corregido. El GWAS identificó cuatro SNPs significativos: tres en el cromosoma 27 y uno en el cromosoma 17. Entre los genes cercanos destacan *stk16*, asociado a respuestas hipóxicas, y *brd2*, vinculado a la regulación metabólica. Finalmente, la heredabilidad genómica estimada por REML fue de 0.09 ± 0.04 . En conjunto, los resultados apoyan una arquitectura poligénica de la tolerancia a la hipoxia, lo que posiciona a la selección genómica como la estrategia más prometedora para su mejoramiento.

Keywords: Tolerancia a la hipoxia, GWAS, SNP, Acuicultura, Salmón del Atlántico
Financing: Beca ANID Doctorado Nacional Folio N° 21250925, Fondecyt postdoctorado N° 3240697, Fondecyt regular N° 1231206.

EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD DEL GÉNERO HISTIOTUS (CHIROPTERA, VESPERTILIONIDAE) EN CHILE Y PERÚ

Enrique Rodríguez-Serrano¹, Belén Veloso-Frías¹, Kateryn Pino¹, Fulgencio Lisón², Cristián E. Hernández³

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

(2) Universidad de Murcia, Departamento de Ecología e Hidrología, Facultad de Biología, Murcia, España

(3) Universidad San Sebastián, Facultad de Medicina Veterinaria, Lientur 1457, Concepción, Chile

The Vespertilionidae family is one of the most diverse among mammals, comprising approximately 400 species. Many genera of this family are widely distributed in the Neotropics. Despite the low diversity of Chiroptera in Chile, this family represents more than 50% of the species in this country and is an important part of the bats of Peru. Along this extensive latitudinal extension, species of the recently revalidated genus *Histiotus* stand out. Four species of this genus are distributed in Chile and southern Peru with slightly latitudinally organized and, in some cases, strongly overlapping geographic ranges: *H. laeophotis*, *H. macrotus*, *H. montanus*, and *H. magellanicus*. In this work, we evaluate for the first time the inter- and intraspecific diversity of a dense sampling of specimens correctly assigned to the species of the genus in Chile and Peru and throughout most of their known distribution range. We use morphological data, single nucleotide polymorphisms, and general tests for this evidence. Our results show the presence of only two species, *H. montanus*, and *H. magellanicus*, with a high morphological uniformity across a huge latitudinal gradient.

Keywords: Chiroptera, Systematics, Speciation
Financing: FONDECYT 1220998; 1240219



COMUNICACIONES LIBRE VI

DIVERGENCIA EN LA OSIFICACIÓN DEL CRÁNEO EN *XENOPUS LAEVIS* Y *XENOPUS TROPICALIS*. ¿UN COMPROMISO ENTRE EL DEPÓSITO DE HUESO Y DIFERENCIACIÓN DE OSTEOCITOS?

Lefney Ayvlen Cumilaf Saavedra¹, Marco Mundaca¹, Sergio Bustamante¹, Héctor Castillo¹, Sylvain Marcellini¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Biología Celular, Facultad Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

Introducción: Comprender las bases genéticas de la diversificación fenotípica es un reto persistente en biología del desarrollo. Para abordar esta cuestión, hemos comparado el desarrollo del cráneo y el transcriptoma entre dos especies de ranas hermanas, *Xenopus laevis* (Xl) y *Xenopus tropicalis* (Xt). **Métodos:** Se cuantificó la tasa de crecimiento y cierre craneal en larvas mediante la aplicación diferida de Alizarin Red y Calcein Green. Lagunas osteocíticas se caracterizaron mediante MEB. La expresión génica se examinó mediante RNA-Seq e hibridación in situ HCR en hueso craneal. **Resultados:** Ambas especies muestran tendencias opuestas en su tasa de osificación, ya que la deposición ósea se realentiza en Xt mientras que se acelera drásticamente en Xl. En Xt, el hueso contiene lagunas osteocíticas de menor tamaño pero más abundantes que Xl. Entre los genes con expresión diferencial en Xl, identificamos *col2a1* y *col18a1* (que codifican proteínas de colágeno que no son asociadas habitualmente a la matriz ósea) y *pcolce* (implicado en la maduración del colágeno). Por el contrario, la expresión de *hif1a*, *phospho1* y *enpp1* en Xt es consistente con una mayor tasa de

diferenciación de osteocitos en esta especie. **Conclusiones:** Proponemos que el cráneo en larvas de Xl, más grande y de expansión más rápida, requiere una mayor demanda en la deposición de matriz superficial que Xt. Por el contrario, el cráneo más pequeño de Xt favorece la diferenciación de osteocitos. Nuestro estudio contribuye a disminuir la brecha entre genotipo y fenotipo durante la esquelotogénesis.

Keywords: *Xenopus*, Desarrollo craneal, Hueso frontoparietal, Matriz colagenosa, Osteocitos
Financing: Financiamiento: FONDECY 1241095.

MODULACIÓN DE LA INFLAMACIÓN Y DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PERROS GERONTES MEDIANTE LA ADMINISTRACIÓN ORAL DE PROBIÓTICOS CANINOS ESPECIE-ESPECÍFICOS

Carolina Muñoz^{1,2}, Felipe Sandoval¹, Rafael Maura Pérez¹, Sandra Quilodrán Vega², Jorge R. Toledo Alonso¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Avenida Vicente Méndez s/n, Chillán, Chile

El inflammaging es una inflamación crónica de bajo grado asociada al envejecimiento y vinculada, entre otros mecanismos, a la disbiosis intestinal. En caninos, este eje envejecimiento-inflammaging-microbiota ha sido poco explorado pese a su relevancia en



enfermedades crónicas asociadas a la edad. En este estudio se evaluó el efecto de dos cepas probióticas aisladas de leche materna canina (*Lactiplantibacillus plantarum* TUCO-16 y *Lacticaseibacillus rhamnosus* TUCO-17), formuladas con prebióticos y administradas oralmente durante 30 días a perros gerontes. Los grupos de comparación incluyeron un probiótico comercial y un placebo con prebióticos. Se obtuvieron muestras de sangre -para ensayos de ELISA- y heces -para ensayos de metagenómica- los días 0 y 30, y se realizó seguimiento clínico hasta el día 40. Los resultados mostraron que la concentración sérica de IL-6 disminuyó significativamente ($p < 0.05$) en todos los grupos, alcanzando niveles indetectables al término del tratamiento. Los análisis metagenómicos mostraron que el grupo tratado con probióticos caninos presentó una reconfiguración selectiva de la microbiota, con aumento de Selenomonadaceae (por expansión de *Megamonas funiformis*) y reducción leve de Prevotellaceae y Fusobacteriaceae. Este patrón sugiere un desplazamiento funcional hacia comunidades productoras de ácidos grasos de cadena corta, coherente con un microbioma más eficiente y antiinflamatorio. La diversidad alfa se redujo moderadamente (Shannon 4.95→4.26), reflejando estabilización metabólica más que pérdida ecológica, mientras que la diversidad beta (Bray-Curtis) evidenció alta similitud estructural entre los días 0 y 30. Ninguna formulación causó efectos adversos y se reportó mejoría conductual. Estos resultados respaldan el uso de probióticos especie-específicos para modular la inflamación y optimizar la función intestinal durante el envejecimiento canino.

Keywords: Inflammaging, probióticos caninos, microbiota intestinal, envejecimiento, inmunomodulación

Financing: Fondecyt Postdoctorado N°3230216

Acknowledgments: Facultad de Ciencias

Biológicas y Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción.

EL DOMINIO C-TERMINAL DE LA PROTEÍNA SRE1 NO ES REQUERIDO PARA LA ACTIVACIÓN DE SRE1 EN LA VÍA SREBP DE PHAFFIA RHODOZYMA

Gabriela Apariz Villarroel¹, Nidia Leal Reyes¹, Jennifer Alcaíno Gorman¹, Marcelo Baeza Cancino¹

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

Las proteínas SREBPs (Sterol Regulatory Element-Binding Proteins) son factores de transcripción que participan en la homeostasis lipídica en eucariontes. La vía SREBP ha sido ampliamente caracterizada en mamíferos, donde el factor de transcripción SREBP se encuentra inicialmente en su forma precursora anclado en la membrana del retículo endoplasmático a través de dos regiones transmembrana quedando en el citoplasma tanto su dominio N- (unión a DNA) como su dominio C- terminal (regulador). Este último permite la interacción con SCAP, una proteína de membrana con un dominio de unión a esteroides que actúa como sensor y desencadena la activación de SREBP cuando los niveles de esteroides son bajos. En la levadura carotenogénica *Phaffia rhodozyma* se ha descrito el factor de transcripción Sre1, homólogo de SREBP, y se demostró que la proteasa Stp1 participa en su activación. Sin embargo, hasta la fecha no se ha encontrado un homólogo de SCAP en esta levadura y se desconoce si el dominio C-terminal de Sre1 cumple una función reguladora. En este trabajo se evaluaron los



cambios en la vía SREBP que pudiesen ocurrir al escindir el dominio C-terminal de SreI en dos cepas de *P. rhodozyma*, en las que el gen SREI silvestre se reemplazó por una versión trunca que no codifica dicho dominio. Los transformantes obtenidos fueron confirmados por PCR y analizados fenotípicamente. Además, mediante Western blot, se evaluó el estado de SreI. Los resultados obtenidos sugieren que en *P. rhodozyma*, el dominio C-terminal de SreI no tendría un rol regulador para su activación.

Keywords: SREBP, *Phaffia Rhodozyma*, SreI, C-terminal

Financing: FONDECYT 1220384

ACUAPÓNICA: UNA TECNOLOGÍA SOSTENIBLE PARA EL FUTURO

Kathleen Whitlock¹, A. E. Providelli¹, Ciencia Al Tiro¹

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

Llevamos más de una década trabajando en tecnologías sostenibles, incluyendo sistemas Solares Térmicos de Masa, sistemas Acuapónicos y el desarrollo de talleres educativos (<https://cienciaaltiro.cl/>). Chile atraviesa una doble crisis: la del Agua y la de la Educación. Nuestra región (Valparaíso) ha sufrido una megasequía que se ha extendido por más de una década, agravada por inviernos más secos debido al cambio climático. Esto ha provocado un enorme aumento en la extracción de agua subterránea en los últimos diez años, dejando a muchas poblaciones de la región de Valparaíso con escasez de agua (<https://cienciaaltiro.cl/proyectos/agua-la-raiz-de-la-vida/>).

Además, el 50% del profesorado chileno carece de un dominio adecuado de la materia que debe impartir (The Economist, 24 de mayo de 2014). Por lo tanto, Chile no solo enfrenta una creciente crisis hídrica a nivel nacional, sino que tampoco cuenta con el conocimiento tecnológico necesario para afrontarla. Para abordar los problemas del agua y la educación, hemos trabajado con Acuaponia (<https://cienciaaltiro.cl/proyectos/acuaponia/>), un método que es hasta un 80% más eficiente en el uso del agua que la agricultura tradicional, para desarrollar tecnología para pequeñas empresas y el sector educativo. Nuestro innovador diseño, adaptado a Chile y basado en nuestro sistema de Acuaponia actual ubicado en Valparaíso, nos permite conservar agua, enseñar a la población a cuidarla y fomentar la autosuficiencia en comunidades con escasez hídrica. A través de Ciencia Al Tiro, trabajando en nuestro centro de ciencias (Edificio Verde; <https://cienciaaltiro.cl/nosotros/>), hemos desarrollado métodos de enseñanza de tecnologías sostenibles necesarias para implementar los diseños de Acuaponia, contribuyendo así a la creación del capital humano necesario para afrontar las futuras crisis hídricas.



COMUNICACIONES LIBRE VII

IMPACTO DE LA SALINIDAD E HIDROCARBUROS EN EL CRECIMIENTO, MORFOLOGÍA Y ESTRÉS OXIDATIVO DE RHODOCOCCLUS ERYTHROPOLIS ICBD2 Y ACINETOBACTER RADIORESISTENS DD78 AISLADAS DE SUELOS SALINOS CONTAMINADOS DE LA REGIÓN DE VALPARAÍSO.

Ximena Báez-Matus^{1,2}, Fernanda Rodríguez-Rojas³, Fabrizio Beltrametti⁴, Michael Seeger Pfeifer^{1,2}

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

(2) Núcleo Milenio Bioproductos, Genómica y Microbiología Ambiental (BioGEM), Av España 1680, Valparaíso, Chile

(3) HUB Ambiental, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(4) BioC-CheM Solution Srl, Milano, Italy

La biorremediación de suelos contaminados con hidrocarburos cobra creciente importancia en Latinoamérica. La salinidad del suelo y la presencia de hidrocarburos afectan la viabilidad microbiana y la degradación de contaminantes. Este estudio analizó las cepas *Rhodococcus erythropolis* ICBD2 y *Acinetobacter radioresistens* DD78 mediante identificación de genes asociados a la degradación de hidrocarburos y tolerancia a salinidad. Se evaluó su crecimiento, morfología y respuesta a estrés oxidativo en medios salinos suplementados con hidrocarburos bajo cuatro condiciones: (a) acetato, (b) acetato + NaCl, (c) diésel y (d) diésel + NaCl. El genoma de ICBD2 presentó un mayor

repertorio genético, otorgándole flexibilidad para el balance osmótico y la respuesta a contaminantes; DD78 mostró un repertorio más restringido. En acetato, DD78 alcanzó su máximo crecimiento a las 20 h (OD_{600nm}: 1,8), independiente de NaCl, mientras que ICBD2 lo hizo a las 25 h. En diésel, DD78 mostró bajo crecimiento (OD_{600nm}: 0,9) a los 33 días y no creció con NaCl, en contraste con ICBD2, que alcanzó crecimiento (OD_{600nm}: 1,2) a los 8 días en ambas condiciones. El análisis morfológico por microscopía electrónica (FESEM) mostró que DD78 cultivada en acetato + NaCl redujo longitud y área celular, mientras que en diésel aumentó el ancho y el área. En ICBD2, el acetato + NaCl redujo el ancho celular, sin cambios relevantes en diésel. Las condiciones de salinidad e hidrocarburos indujeron especies reactivas de oxígeno (ROS). En DD78 este estrés se tradujo en mayor daño lipídico, mientras que ICBD2 controló el daño de manera más eficiente gracias a su repertorio genético y estructura celular. En conjunto, estos resultados evidencian respuestas adaptativas diferenciadas de ambas cepas frente a salinidad e hidrocarburos, pese a compartir hábitat en suelos salinos contaminados.

Keywords: Biorremediación, salinidad, Microbiología Ambiental, Hidrocarburo

Financing: Becas doctorales ANID, UTFSM y PUCV (XBM), beca PIIC UTFSM (XBM), UTFSM Ciencia+ (XBM). ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS, XBM), FONDECYT 1250809 (MS).

Acknowledgments: Agradecimientos: Becas doctorales ANID, UTFSM y PUCV (XBM), beca PIIC UTFSM (XBM), UTFSM Ciencia+ (XBM). ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS, XBM), FONDECYT 1250809 (MS).



FACTORES FISCOQUÍMICOS Y ESTACIONALIDAD COMO MODULADORES DE LA ESTRUCTURA MICROBIANA EN EL SALAR DEL HUASCO, UN HUMEDAL SALINO ALTOANDINO.

Yuliana Rafaela Antonia González Munizaga¹, Camila Escuti¹, Roberto Véliz¹, Mauricio Acosta Grinok¹, Cecilia Demergasso¹

(1) Universidad Católica del Norte, Centro de Biotecnología, Av. Angamos 0610, Antofagasta, Chile

Los humedales salinos del Altiplano, como el Salar del Huasco (3.778 msnm, Región de Tarapacá), son ecosistemas sujetos a fuertes gradientes fisicoquímicos y una marcada estacionalidad. El objetivo de este estudio fue caracterizar la variación estacional y por tipo de muestra (agua dulce, agua salada, sedimento) de las comunidades microbianas del humedal. Se buscó describir patrones de abundancia relativa, estructura comunitaria y sus vínculos con los gradientes ambientales, particularmente la composición iónica y la salinidad. Para ello, se realizaron muestreos en cuatro puntos durante tres campañas (invierno 2023, verano 2024, invierno 2024). Se integraron mediciones fisicoquímicas in situ y de laboratorio (pH, OD, TDS, salinidad, Cl⁻, SO₄²⁻, K⁺, Na⁺, Mg²⁺, Ca²⁺, Li⁺) con un levantamiento taxonómico basado en la secuenciación del gen ribosomal 16S. El procesamiento bioinformático incluyó el cálculo de diversidad alfa y beta, análisis de agrupamiento jerárquico, NMDS y pruebas PERMANOVA para contrastar las matrices de abundancia. La integración de estos datos nos permitió identificar taxones representativos y evaluar el impacto de los gradientes ambientales sobre la estructura microbiana, generando insumos para el monitoreo ecológico y la bioprospección de extremófilos.

Keywords: Comunidades microbianas, Gradientes fisicoquímicos, Estacionalidad, Salar del Huasco

Financing: FONDEF ID23I10439

Acknowledgments: Agradecemos a la Asociación Indígena Aymara Laguna del Huasco por permitirnos desarrollar esta investigación y su ayuda la ejecución de los muestreos.

DIVERSIDAD FÚNGICA Y POTENCIAL ENZIMÁTICO EN LEVADURAS DE SUELOS DEL ALTIPLANO CHILENO

Mario Fernandez Hurtado¹, Jennifer Alcaíno Gorman¹, Claudio Veloso Iriarte¹, Marcelo Baeza Cancino¹

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

El altiplano de los Andes, con una altitud promedio de 3800 m, presenta condiciones ambientales extremas tales como alta radiación solar, variaciones severas de temperatura diaria y aridez. Recientemente el interés por las comunidades microbianas de esta región ha aumentado ya que las adaptaciones de estos organismos les confieren un potencial aplicado. Las levaduras en particular representan un importante reservorio de metabolitos y macromoléculas con potenciales aplicaciones biotecnológicas. Se evaluó la presencia de levaduras en 57 muestras de suelo del Altiplano mediante siembra en medio agar YM suplementado con antibióticos y diversas fuentes de carbono. Las placas se incubaron a 10 y 22 °C y colonias tipo levadura fueron aisladas a medida se observaba su aparición, obteniendo más de 300 colonias. Se evaluó la actividad



xilanolítica, celulolítica, amilolítica y lacasa en 42 de estos aislados mediante crecimiento en medio agar SD suplementado con los sustratos adecuados. Un total de 12 aislados presentaron al menos un tipo de actividad enzimática. Todos ellos presentaron actividad xilanolítica, mientras que la actividad lacasa solo se observó en 3 aislados. Además, 4 aislados presentaron actividad diferida según la temperatura de incubación, con 1 de ellos presentando actividad celulolítica solo a 10 °C. Estos resultados demuestran el potencial biotecnológico que poseen las levaduras presentes en suelos del Altiplano, con potenciales aplicaciones en industrias como la textil, alimentaria, papelera y de biocombustibles.

Keywords: Levaduras, Potencial biotecnológico, Altiplano

Financing: Financiado por Fondecyt N° 1230427.

BAJO UNA COBERTURA VEGETAL UNIFORME, LA DIVERSIDAD DE COMUNIDADES MICROBIANAS EDÁFICAS DE MONTAÑA ESTÁ DETERMINADA POR LA ESTACIONALIDAD DE LAS PRECIPITACIONES Y SU ENSAMBLAJE POR LA ARIDEZ.

Bárbara Peña-Ahumada¹, Ramona Marasco², Daniele Daffonchio², Jean-Baptiste Ramond¹

(1) Extreme Ecosystem Microbiomics & Ecogenomics Lab, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

(2) Extreme System Microbiology Lab, King Abdullah University of Science and Technology, Arabia Saudita

Los ambientes de montaña imponen fuertes restricciones para la vida por sus gradientes climáticos y edáficos extremos. Las

comunidades microbianas son fundamentales para el desarrollo del suelo, los ciclos biogeoquímicos y el balance global de gases de efecto invernadero.

En este estudio caracterizamos cómo 51 variables espaciales, topoclimáticas y edáficas moldean comunidades procarióticas y microeucarióticas en 93 suelos abiertos de montaña a lo largo de 1100 km en los Andes, usando Pappostipa como modelo para reducir la variación en cobertura vegetal.

Las clasificaciones de aridez basadas solo en el AI (Aridity index) o en la relación MAT (Mean anual temperatura)/MAP (mean anual precipitation) no reflejaron la dinámica local de las precipitaciones. La estacionalidad de las precipitaciones, junto con el pH y la topografía, fueron los predictores más relevantes de la α -diversidad microbiana, mientras que la estacionalidad y el AI explicaron la β -diversidad. Una menor estacionalidad en las precipitaciones favoreció redes de co-ocurrencia multidominio más modulares y complejas. El ensamblaje comunitario varió de determinista (hiperárido) a estocástico (semiárido).

Detectamos un microbioma central compartido entre regiones (189 ASVs), dominado por taxones adaptados al frío y a la sequía, asociados a rasgos como formación de biofilm, melanización y crioprotección. Esto evidencia que los filtros ambientales de los ecosistemas de montaña áridos seleccionan microorganismos especializados para prosperar bajo condiciones extremas.

Nuestros hallazgos destacan la necesidad de integrar descriptores topoclimáticos que incluyan la estacionalidad, con el fin de comprender de manera más precisa la dinámica del microbioma edáfico en gradientes montañosos.



Keywords: Microbial Ecology, soil microbiome,
Mountain ecosystem

Financing: ANID, Scholarship 2119110Fondecyt
Project 1210912 and ECOS-ANID ECOS220015
assigned to J-B Ramond



COMUNICACIONES LIBRE VIII

VARIACIÓN DE LA MIMETIZACIÓN EN BOQUILA TRIFOLIOLATA

Poulette González Campos², Carmen Gloria Ossa^{1,4}, Mauricio Landaeta^{1,5}, Ignacio Nieto^{1,3}

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Licenciatura en Ciencias, mención Biología, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

(3) Universidad Finis Terrae, Escuela de Artes Visuales, Facultad de Artes, Av. Pedro de Valdivia 1646 Providencia, Santiago, Chile

(4) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales CIGREN, Valparaíso, Chile

(5) Universidad de Valparaíso, Centro de Observación Marino para Estudios de Riesgos del Ambiente Costero (COSTA-R), Valparaíso, Chile

El mimetismo se define como la capacidad de una especie para imitar rasgos morfológicos de otra especie, estableciendo una estrategia adaptativa que disminuye el riesgo de herbivoría o depredación, o aumenta el éxito reproductivo. En plantas, este fenómeno ha sido menos estudiado que en animales.

Boquilla trifoliolata, es una enredadera endémica de Chile, que es capaz de imitar el tamaño, forma y color de las hojas de diferentes hospedadores. En investigación se evaluó la variación de la morfología foliar de B. trifoliolata en relación a distintas especies hospederas. Para lo cual, se recolectaron hojas de B. trifoliolata en estado original, con mimesis y hojas de distintas especies hospederas (Luma apiculata, Ugni molinae,

Hedera helix y Embotrium coccineum) en la Región de Los Ríos. Las muestras fueron digitalizadas para análisis de morfometría geométrica en MorphoJ. Además, se realizaron mediciones de área, perímetro y largo de las hojas en ImageJ. Los resultados mostraron que la mimetización de Boquilla varía significativa con algunas formas de hojas, por ejemplo, cuando B. trifoliolata se mimetiza Hedera helix, las hojas miméticas no se diferencian de las hojas canónicas, indicando una menor similitud con el hospedero, en cambio en Luma apiculata, las hojas mimetizadas difieren significativamente de las hojas canónicas, asemejándose a la forma de las hojas del hospedero.

Keywords: mimetización, boquilla trifoliolata, mimesis, morfometría geométrica, hojas
Financing: Proyecto CICI 2024 (U. Finis Terra); FONDECYT 3150551

Acknowledgments: Proyecto CICI 2024 (U. Finis Terra); FONDECYT 3250551

EVALUACIÓN ESPACIO-TEMPORAL DE INCENDIOS FORESTALES DE BOSQUES NATIVOS EN LA REGIÓN DE ÑUBLE

Carmen Gloria Ossa^{1,2}, María Isabel Mujica⁶, Daira Velandia³, Paola Poch^{4,5}, Iván Riquelme³

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales (CIGREN), NA, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile



(3) Universidad de Valparaíso, Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de Chile, Departamento de Silvicultura y Conservación de la Naturaleza, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Av. Santa Rosa 11315, La Pintana, Santiago, Chile

(5) Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), NA, NA, NA, NA, Chile

(6) Universidad Austral, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas, Facultad de Ciencias, Campus Isla Teja, Emilio Pugín, 4° piso, Valdivia, Chile

El cambio climático y la actividad humana han reducido la cobertura de bosques nativos y aumentado la frecuencia e intensidad de incendios a nivel global. En Chile, estos incendios se concentran en la zona central, dentro del Hotspot de biodiversidad "Chilean Winter Rainfall-Valdivian Forests", y son mayormente causados por el ser humano. Desde 2010, una megasequía ha intensificado estos eventos, afectando la biodiversidad, la microbiota del suelo y el funcionamiento de los ecosistemas. Los bosques quemados pueden recuperarse naturalmente o mediante restauración, aunque también pueden ser reemplazados por agricultura, plantaciones o zonas urbanas. La Región de Ñuble, carece de registros históricos propios debido a su reciente creación administrativa. Para evaluar la recuperación de los bosques post-incendio se realizaron análisis geoespaciocotemporales utilizando información satelital, geoestadística y machine learning desde 1986 -2024. Los resultados indican que las comunas del norte de la región tienen mayor probabilidad de quemarse, los incendios suelen repetirse en los mismos sitios y son de alta severidad. Análisis preliminares muestran que la recuperación de los bosques depende en parte de interacción con humanos, los sitios usados para pastoreo, o en los que se ha echo remoción de tocones,

el bosque ha sido reemplazado por pastizales o formaciones vegetales de arboles introducidos. La integración de esta información en la plataforma PLANSAT, facilitara visualización de los incendios, lo que esperamos haga más fácil identificar zonas prioritarias para conservación haciendo más expedita la toma de decisiones sobre restauración y uso de bosques nativos.

Keywords: Incendios forestales, Ñuble, geoestadística, biodiversidad

Financing: Proyecto PINC 230010 (ANID-Incendios)

Acknowledgments: Agradecemos a Carlos Maldonado, Joaquín Mendizabal, Michael Maldonado y Sebastiana Cortés por su colaboración en el trabajo de campo.

ACTIVIDAD FUNGICIDA DE ESPECIES BACTERIANAS SILVESTRES CONTRA HONGOS PATÓGENOS DE PLANTAS DE INTERÉS AGRÍCOLA.

Claudio Pizarro Fernandez¹, Camila Moore¹, Sofia Conejeros¹, Rodrigo Herrera¹, Bernardo Latorre¹, Antonio Castillo¹

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

El manejo de enfermedades causadas por hongos fitopatógenos ha dependido tradicionalmente de fungicidas químicos, los cuales, aunque eficaces, presentan limitaciones ecológicas, como toxicidad para organismos no objetivo, baja biodegradabilidad y la aparición de cepas resistentes. En este contexto, el control biológico se presenta como



una alternativa sostenible, aprovechando microorganismos que interfieren con el ciclo de vida de los patógenos mediante mecanismos de antagonismo.

En este estudio se evaluó la actividad antifúngica de un consorcio bacteriano formulado como biofungicida tribacteriano, compuesto por especies de los géneros *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* y *Bacillus*. En este contexto, se ha descrito que especies bacterianas de estos géneros, poseen múltiples mecanismos de acción que incluyen la producción de metabolitos antifúngicos, la competencia por espacio y nutrientes y la inducción de respuestas de defensa en las plantas hospedadoras.

Se analizaron los efectos del biofungicida sobre distintas especies de hongos fitopatógenos de importancia agrícola, como *Geotrichum candidum*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Monilinia fructicola*, *Chondrostereum purpureum*, *Pestalotia vaccinii* y *Rhizoctonia solani*. Los ensayos incluyeron pruebas de antagonismo directo, así como inhibición de la germinación de esporas, utilizando tanto células bacterianas viables como sobrenadantes de cultivos bacterianos, ricos en compuestos bioactivos secretados.

Los resultados mostraron que el biofungicida tribacteriano inhibió eficazmente el crecimiento y la esporulación de la mayoría de los hongos, superando incluso la eficacia de un biofungicida comercial y un fungicida sintético. Estos hallazgos destacan el potencial de estos microorganismos como agentes de biocontrol en la agricultura sostenible.

Financing: Trabajo financiado por el proyecto FONDEF IT24I0065



LXVIII
Reunión Anual

**SOCIEDAD DE
BIOLOGÍA
DE CHILE**



**SOCIEDAD
DE BIOLOGÍA
DE CHILE**
desde 1928

SESIÓN DE PANELES



SESION DE PANELES I

DIVERGENCIA MORFOLÓGICA Y COMPARACIÓN FILOGENÉTICA DE ORESTIAS AGASSII (TELEOSTEI: CYPRINODONTIDAE) PARA CHILE Y BOLIVIA

Valentina Gallegos Cortés¹, Marco Antonio Méndez Torres¹

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

La divergencia del género *Orestias* en el Altiplano andino ha sido atribuida a eventos geo-climáticos históricos. *Orestias agassii* es la especie de mayor distribución, encontrándose en distintos tipos de sistemas hídricos y adaptándose a distintas condiciones ambientales, mostrando una gran variación morfológica, presentando un reto para la sistemática y zoogeografía de la especie. Se estudió las variaciones en la forma de la especie para Bolivia y Chile, usando técnicas de morfometría lineal y geométrica. Se comparó con análisis genéticos previos. El estudio incluyó ejemplares del Río Corocoro, Bolivia (topotipos) y la especie *Pseudorestias lirimensis* (antes *O. agassii*), provenientes de la localidad de Lirima.

Anteriormente análisis genéticos propusieron una diferenciación de las poblaciones peruanas de las bolivianas y chilenas, donde estas últimas corresponden a tres sublinajes asociados a las poblaciones bolivianas del sistema de cuencas de los Lagos Titicaca y Poopó, el Río Desaguadero, y los Salares Coipasa y Uyuni. Los análisis morfológicos mostraron una distinción de las poblaciones del Lago Titicaca, las que corresponderían a una morfo-especie distinta. El conjunto de individuos restantes

se presentó como una única agrupación en los espacios morfométricos, observándose para las poblaciones chilenas asociaciones similares a las propuestas por la filogenia. Se hipotetiza una influencia de la ubicación geográfica y conectividad histórica y actual de las cuencas hídricas sobre la variación morfológica de cada población, siendo las localidades en territorio chileno las más aisladas, con una mayor diferenciación. Esto explicaría procesos de diversificación para las poblaciones de *Orestias agassii* en Chile y su alto endemismo.

Keywords: Morfometría lineal, Morfometría geométrica, Altiplano andino, Diversificación
Financing: El financiamiento fue posible gracias a los proyectos FONDECYT 1221214, 1200419, y 1250559.

Acknowledgments: Agradezco a mi tutor, Dr. Marco Antonio Méndez. Agradezco también a los proyectos FONDECYT 1221214, 1200419 y 1250559 por su financiamiento.

ANÁLISIS DE LA DIFERENCIACIÓN GENÉTICA DE LAS POBLACIONES DEL COMPLEJO TELMATOBIUS MARMORATUS EN EL ALTIPLANO ANDINO

Shu-Chen Lin¹, Paola A. Sáez², Marco Méndez¹

(1) Universidad de Chile, Biología, Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Santiago, Chile

(2) Centro de Ecología Aplicada, Av. Príncipe de Gales 6465, Santiago, Chile

El género *Telmatobius* es el más diverso de



anuros endémicos de Los Andes Centrales. Sus especies han desarrollado características morfológicas convergentes para sobrevivir a las condiciones ambientales extremas de la región. Esto ha dificultado la delimitación taxonómica de estas especies. *Telmatobius marmoratus*, conocida comunmente como la rana marmoleada, es la especie más ampliamente distribuida dentro del género, lo cual puede considerarse incompatible con su baja capacidad de dispersión y que las demás especies pertenecientes al mismo género poseen distribuciones geográficas restringidas a una o pocas localidades. El estatus taxonómico de *T. marmoratus* ha sido debatido, adicionalmente, se ha asignado otros linajes ajenos a *T. marmoratus* por el parecido morfológico compartido, por lo que *T. marmoratus* es considerado como un complejo. Estudios genéticos recientes muestran una baja estructuración genética y débiles señales de conectividad histórica, pero aún se desconoce la variación genética a nivel poblacional, sugiriendo que podría haber una mayor diferenciación genética entre las poblaciones a la detectada previamente. Se analizaron secuencias de la región D-loop del mtDNA (432 pb) y se estimó el flujo genético mediante una aproximación bayesiana. Los resultados evidenciarían una marcada estructuración genética.

Keywords: Microsatélites, mtDNA, Estructura Genética, Filogenia, Taxonomía

Financing: El financiamiento será a través del proyecto FONDECYT 1250559.

Acknowledgments: Agradezco al mi tutor Dr. Marco Méndez y cotutora Paola A. Sáez. También al proyecto FONDECYT 1250559 por su financiamiento.

RELACIÓN ENTRE FENOTIPOS DE COLOR Y MÉTRICAS MORFOMÉTRICAS CON LA SUPERVIVENCIA DE JUVENILES DEL OSTIÓN *ARGOPECTEN PURPURATUS* AL PATÓGENO *VIBRIO BIVALVICIDA*.

Yurubi Borregales¹, Paulina Schmitt¹, Katherina Brokordt²

(1) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV), Grupo de Biomarcadores de Holobiontes Marinos Acuícolas (BIHOMA), Instituto de Biología, Avenida Universidad #330, Curauma, Valparaíso, Chile

(2) Universidad Católica del Norte (UCN), Laboratorio de Fisiología y Genética Marina (FIGEMA), Departamento de Acuicultura, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

El cultivo de *A. purpuratus* enfrenta mortalidades larvales asociadas a patógenos bacterianos. La variación de color y tamaño en bivalvos se ha relacionado con la tolerancia al estrés y la resistencia a patógenos. El objetivo es determinar si existe relación entre morfometría y color de concha de juveniles de ostión con la supervivencia frente a un patógeno. Para ello, 300 ostiones juveniles, fueron desafiados por inyección con *Vibrio bivalvicida* (VPAP30, LD50 = $2,5 \times 10^6$ /ind). Las mortalidades se registraron durante 8 días y, en todos los individuos, se registró el alto, largo, ancho, peso y el color de la concha (morado/naranja). La mortalidad promedio en grupos desafiados fue 66%, sin muertes en el control. Las medidas morfométricas promedios fueron de 34,1 mm (largo), 34,7 mm (ancho), 11,7 mm (alto) y 6,5 g (peso). La correlación de Pearson indicó una asociación negativa entre talla (largo x ancho x alto, $r = -0.12$; $p = 0.028$) y mortalidad, y Modelos de Cox mostró que a mayor alto se reduce el riesgo de mortalidad (HR = 0.89, $p = 0.01$). No hubo asociaciones significativas entre mortalidad y color. En el modelo logístico; cada milímetro extra de



talla reduce el riesgo en torno a un 0.005% ($p = 0.026$), mientras que color naranja mostró una tendencia no significativa. En el modelo de Cox, la talla se asoció levemente a un menor riesgo de mortalidad ($HR = 0.99$, $p = 0.002$). La supervivencia de juveniles de ostión frente a *V. bivalvicida* estuvo principalmente asociada al tamaño.

Keywords: *Argopecten purpuratus*, Fenotipo, Tamaño, Color, Resistencia a *V. bivalvicida*.
Acknowledgments: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) Programa de Doctorado en Biotecnología de la PUCV. Róxana Gonzales (UCN) Mauricio Peña (UCN) Germán Lira (Aquapacífico)

EFFECTO DE LA INFECCIÓN CON PISCIRICKETTSIA SALMONIS EN EL MICROBIOMA INTESTINAL DE LA TRUCHA ARCOÍRIS

Lucas Pino Quezada^{1,4}, Lorena Romero Ávila^{1,2,4},
Madelaine Mejias Caballero^{1,3,4}, Ignacio
Chávez Báez^{1,2,4}, Mario Caruffo Madrid^{1,4}, Dinka
Mandakovic Seyler³, Rodrigo Pulgar Tejos^{1,4}

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas, Instituto de Nutrición y tecnología de los alimentos, Av El Libano 5524, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Doctorado de Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Ciencias Agronomicas, Av El Libano 5524, Santiago, Chile

(3) Universidad Mayor, GEMA Center for Genomics, Ecology and Environment, Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Camino La Pirámide 5750, Huechuraba, Santiago, Chile

(4) Universidad de Chile, Center for Research and Innovation in Aquaculture (CRIA), Santiago, Chile

Piscirickettsia salmonis es el patógeno causante de la Piscirickettsiosis en salmónidos, generando graves pérdidas en la industria salmonera chilena. En trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*), esta enfermedad representa la principal causa de mortalidad infecciosa. Los tratamientos actuales (antibióticos) no sólo son ineficaces, sino que promueven resistencia bacteriana y alteran el microbioma intestinal, provocando infecciones secundarias. De ahí el interés por estudiar el efecto de *P. salmonis* sobre el microbioma intestinal de *O. mykiss*, dada la importancia, específicamente de las bacterias que habitan el intestino, en la nutrición, el desarrollo y la protección frente a patógenos. El objetivo de este estudio fue analizar mediante secuenciación y herramientas bioinformáticas, el microbioma intestinal de truchas libres de antibiótico, infectadas y no infectadas con *P. salmonis*. Los resultados mostraron que la infección disminuyó la diversidad bacteriana y aumentó la abundancia de patógenos oportunistas, pertenecientes al género *Aliivibrio*, *Photobacterium*, *Clostridium* y *Shewanella*. En cuanto a las funciones metabólicas del microbioma intestinal, la vía de los glicerolípidos estaba más enriquecida en la condición infectada y la vía metabólica de la tiamina disminuyó. Por último, las redes de interacción de las comunidades bacterianas mostraron que la infección tiende a aumentar las interacciones negativas entre las bacterias presentes, contribuyendo a una mayor competencia en el intestino. En conjunto, estos resultados permiten esclarecer el efecto de *P. salmonis* sobre el microbioma intestinal, sin el efecto perturbador asociado al uso de antibióticos.

Keywords: *Piscirickettsia salmonis*, Gut Microbiome, Rainbow trout, Infection
Financing: Fondecyt regular #1221848 Proyecto de exploración #13240202



EXPANDIENDO EL RANGO DE DISTRIBUCIÓN DE COCCINÉLIDOS EN CHILE A TRAVÉS DE LA CIENCIA CIUDADANA

Alexandra Estay¹, Daniela Reyes¹, Audrey Grez¹

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

Los coccinélidos (Coleoptera: Coccinellidae) son un grupo de insectos diversos y amenazados a nivel mundial. En Chile, existen 124 especies, 87% de ellas nativas, que se encuentran a lo largo de todo el país, incluyendo el territorio insular. Su distribución, sin embargo, es conocida solo parcialmente, siendo el trabajo de González (2024; www.coccinellidae.cl) la información más actualizada y completa. La ciencia ciudadana surge como una alternativa robusta para la recopilación de datos de distribución a gran escala, siendo iNaturalist (iNAT) una de las plataformas más exitosas. En este trabajo, se analizaron los registros de coccinélidos presentes en Chile en iNAT, desde el año 2006 hasta Julio de 2025, y se compararon con la distribución descrita en la literatura. Luego de la validación de cada registro, se generaron mapas de distribución para cada especie registrada en iNAT, identificando ocurrencias en lugares previamente no descritos. En total, se recopilieron 5.304 registros de coccinélidos en iNAT, representando a 51 de las 124 descritas para el país. Se documentaron nuevas localidades para 18 especies, incluyendo cinco especies exóticas. Destacan los primeros registros de *Eriopis chilensis* en las Islas San Ambrosio y Mocha, y la expansión de su distribución hacia Antofagasta. También *Psyllobora picta* extendió su rango de norte a sur, y *Eriopis eschscholtzii* hacia Chiloé. Estos hallazgos demuestran que la ciencia ciudadana, aunque

tiene limitaciones, proporciona información novedosa sobre distribución de especies que puede orientar futuras investigaciones y medidas de conservación.

Keywords: iNaturalist, Coccinellidae, Distribución
Financing: FONDECYT 1230073

ECORREGIONES DE AGUA DULCE BASADAS EN PARÁMETROS FISCOQUÍMICOS EN RÍOS DE CHILE

Kathrina Loyola Soto¹, Pablo Fierro¹

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

Este estudio evaluó la coherencia entre las ecorregiones dulceacuícolas en ríos de Chile, definidas previamente con base en la distribución de la fauna íctica y criterios físicos, y los patrones fisicoquímicos de los ríos. A partir de datos provenientes de 667 estaciones de monitoreo de calidad de agua de la Dirección General de Aguas (DGA), se analizaron parámetros clave como pH, conductividad y concentraciones de nutrientes (nitrógeno y fósforo). Los resultados del Análisis de Componentes Principales (PCA) y ANOVA mostraron diferencias significativas en conductividad, fósforo total y nitrógeno total entre ecorregiones, validando parcialmente las clasificaciones existentes de Dyer 2000 y Fuster et al. 2015. Sin embargo, la homogeneidad en el pH y la variabilidad en otros nutrientes sugieren que los criterios basados únicamente en peces no capturan completamente la diversidad abiótica de estos ecosistemas. Se identificaron patrones fisicoquímicos distintivos en las ecorregiones de Atacama, Lagos Valdivianos y Patagonia, asociados a



gradientes climáticos e influencias antrópicas. Los resultados destacan la necesidad de integrar variables hidrológicas, climáticas y geomorfológicas en la delimitación de ecorregiones, proponiendo un enfoque multidisciplinario que combine factores bióticos y abióticos para una conservación más efectiva de los ecosistemas acuáticos. Esta investigación aporta evidencia para ajustar las clasificaciones actuales y brinda bases para el manejo de los recursos hídricos en Chile.

Financing: Investigación financiada por el proyecto FONDECYT 1231089

Acknowledgments: Se agradece al Laboratorio Bentos del Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas de la UACH.

DIAGNÓSTICO DE FLORA LEÑOSA Y ESTRATEGIAS DE RESTAURACIÓN Y EDUCACIÓN AMBIENTAL EN EL PARQUE LA RESERVA VILLA ALEMANA (REGIÓN DE VALPARAÍSO, CHILE)

Carmen Gloria Ossa^{1,3}, Vicente Picó¹, Rodrigo Cordova¹, Sebastiana Córtes¹, Sergio Balbolín², Joaquín Mendizabal¹

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Vinculación con el Medio, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales (CIGREN), Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

El Parque La Reserva de Villa Alemana, un espacio urbano de 45 hectáreas administrado

por la Ilustre Municipalidad de Villa Alemana, muestra signos de degradación ecológica, producto de la tala de especies nativas y la introducción de flora exótica, principalmente Eucalyptus sp. En respuesta, la comunidad ha impulsado acciones de restauración de especies nativas. Para orientar adecuadamente estos esfuerzos, se realizó un catastro de la flora leñosa mediante transectas en quebradas del parque que no habían sido catastradas. La actividad fue desarrollada por un equipo interdisciplinario compuesto por biólogos, personal municipal y vecinos, bajo la coordinación de la Dirección Ambiental Municipal y la Facultad de Ciencias de la Universidad de Valparaíso. El estudio permitió detectar la presencia de bosque esclerófilo dominado por Lithrea caustica (Litre) y Peumus boldus* (Boldo), no descrito para la Región. Esta información ha sido clave para reorientar las acciones de restauración ecológica con especies más idóneas. Los resultados fueron presentados a vecinos y funcionarios municipales la ceremonia de cierre del proyecto, donde se entregó material educativo al para Educación Ambiental y un informe técnico a autoridades y actores sociales. Como resultado, se ha fortalecido la valoración de la flora nativa del parque por los vecinos. Actualmente, se realizan talleres con docentes de educación parvularia y básica para incorporar el parque como un espacio educativo y fomentando desde la infancia la conservación y protección del patrimonio vegetal local.

Keywords: Villa Alemana, Catstro plantas, restauración

Financing: Proyecto UVA 2195, UVA 2395

Acknowledgments: Unidad de Medio Ambiente de la Ilustre Municipalidad de Villa Alemana. Vecinos de Restauración Ecológica Villa Alemana (REVA)



COMPONENTES AMBIENTALES INFLUYENTES EN EL USO DE SITIO DE MAMÍFEROS CARNÍVOROS EN UN ÁREA PROTEGIDA DE CHILE CENTRAL.

Raiza Antonia Sánchez-Astorga¹, Francisca Zamora-Cornejo¹, Enrique Rodríguez-Serrano¹

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

Los mamíferos carnívoros que habitan paisajes dominados por actividades antropogénicas enfrentan amenazas como el riesgo de atropellos, caza furtiva y contacto con especies domésticas y sus patógenos. Por ello, en regiones altamente antropizadas, las áreas protegidas (AP) son elementos de conservación fundamentales para la conservación de especies dependientes del bosque nativo y sus recursos. Pocos estudios han evaluado los patrones espaciales de carnívoros en AP considerando variables antrópicas internas, como la actividad turística, senderos o edificaciones, además de factores ambientales y disponibilidad de presas. En este trabajo identificamos los factores bióticos, abióticos y antropogénicos que influyen en la probabilidad de ocupación (uso de sitio) de cinco carnívoros en un AP de alta afluencia turística en Chile central. Se dispusieron de 30 cámaras trampa ubicadas durante 424 días en tres sectores con distintas características ambientales (Bosque esclerófilo, matorral y plantación de pino). Para estimar la probabilidad de uso de sitio de cada especie, empleamos un modelo de ocupación single-species, single-season. En general, el uso de sitio se relacionó positivamente con la disponibilidad de pequeños mamíferos, aves passeriformes y la densidad vegetal, y variando con la elevación. Las variables antropogénicas

no evidenciaron efecto, sugiriendo que la perturbación humana en el AP no tiene mayor impacto. Los epredadores tendieron a utilizar sitios con mayor disponibilidad de presas, y con condiciones favorables para el refugio, movilidad y forrajeo, siendo factores relevantes para la conservación de estas especies en un AP altamente turístico.

Keywords: Carnívoros, Comunidades, Area Protegida, cámara trampa, occupancy model
Financing: VRID 220.113.100-INV; FONDECYT 1201506, 1220998

Acknowledgments: Agradecemos a FONDECYT 1201506, 1220998, y VRID 220.113.100-INV, por el financiamiento y la oportunidad para llevar a cabo este trabajo. Al equipo de CONAF Radal Siete Tazas y al Laboratorio de Mastozoología.

HIBRIDACIÓN NATURAL DE PUYA VENUSTA Y PUYA CHILENSIS (BROMELIACEAE) EN EL CENTRO DE CHILE

Carmen Gloria Ossa^{1,2}, Jorge Cancino Ramirez^{1,4}, Luna Osses Lobos³, Sebastiana Cortés³

(1) Universidad de Valparaíso, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales (CIGREN), NA, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Magister de Biodiversidad y Conservación, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de Valparaíso, Carrera de Ecología, Facultad de Ciencias, Gran Bretaña 1111, Playa Ancha, Valparaíso, Chile

La hibridación es un fenómeno común



entre taxones estrechamente relacionados y constituye una fuerza evolutiva clave en plantas, sus consecuencias dependen del genoma, el ambiente y las interacciones ecológicas. En el Neotrópico, la familia Bromeliaceae presenta numerosos casos de hibridación, destacando el género *Puya*, endémico de Sudamérica. En Chile central, *P. chilensis* y *P. venusta* son especies endémicas entre las cuales se han descrito individuos con rasgos intermedios en localidades costeras como Los Molles y Pichidanguí, lo que podría sugerir procesos de hibridación natural. En este estudio se evaluó la estructuración genética de poblaciones parentales e híbridos putativos en dos sitios (Los Molles y Zapallar), junto con el modelamiento del nicho climático actual, y paleoclimático, para identificar posibles zonas de contacto secundario. Los análisis morfológicos mostraron que los híbridos exhiben rasgos intermedios. Un análisis discriminante lineal (LDA) separó claramente a las especies parentales, ubicando a los híbridos en una posición intermedia. Genéticamente, el análisis STRUCTURE ($K = 2$) identificó dos grupos asociados a *P. chilensis* y *P. venusta*, con individuos probablemente híbridos mostrando composiciones intermedias y evidencia de introgresión. Los modelos paleoclimáticos revelaron ausencia de aislamiento de nicho durante el Último Máximo Glacial y el último interglacial, con menor solapamiento en el Plioceno, lo que sugiere que ambas especies han coexistido en simpatría desde al menos el Pleistoceno. Estos resultados refuerzan la hipótesis de hibridación ancestral en el género y aportan a la discusión taxonómica del mismo

Keywords: Hibridación, *Puya*, Estructuración genética, Paleoclima

Financing: Proyecto RED21992 R17

Acknowledgments: Guarda parques del Bioparque Puquén

EFFECTO DE LA VÍA ALTERNATIVA DE CORTISOL SOBRE LA REGULACIÓN TEMPRANA DE GENES EN BRANQUIAS Y MÚSCULO ESQUELÉTICO DE TRUCHA ARCOÍRIS (ONCORHYNCHUS MYKISS)

Jorge Aedo Abadie^{1,2}, Daniela Aravena-Canales^{3,4}, Luis Eduardo Pastenes Opazo^{1,2}, Juan Antonio Valdés^{3,4}, Alfredo Molina^{3,4}

(1) Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

(2) Laboratorio de Genética y Microevolución, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

(3) Laboratorio de Biotecnología Molecular, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile

(4) Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR), Universidad de Concepción, Chile

Cortisol representa la principal hormona reguladora del estrés en peces. La vía clásica de acción de cortisol involucra su interacción con receptores intracelulares de glucocorticoides (GR1 y GR2) y mineralocorticoides (MR) y posterior regulación de genes blanco. Se ha comenzado a caracterizar una segunda vía alternativa de cortisol mediada por GR y/o MR localizados en la superficie celular, sin embargo, su contribución sobre la respuesta transcripcional en branquias y músculo esquelético de peces no está completamente dilucidada.

Truchas arcoíris ($n = 6$ por tratamiento) fueron administradas con solución vehículo, cortisol o cortisol-BSA (inductor exclusivo de efectos iniciados en la superficie). Luego de una hora de tratamiento, se obtuvieron branquias y músculo esquelético de los ejemplares para medir en ambos tejidos la expresión de genes candidatos mediante qPCR. Los



genes candidatos incluyeron gr1, gr2 y mr, así como genes blanco de cortisol asociados a osmorregulación, inmunidad y metabolismo. Observamos que en ambos tejidos se incrementó específicamente la expresión de gr2 luego de la administración con cortisol y cortisol-BSA. Por el contrario, la expresión de gr1 y mr permaneció sin cambios en ambos tejidos. En branquias, ambas versiones de cortisol disminuyen la expresión de genes de inmunidad, mientras incrementan la expresión de genes relacionados a osmorregulación. Finalmente, ambas versiones de cortisol regulan en el músculo la expresión de genes asociados al metabolismo de carbohidratos. Sugerimos que la regulación temprana de genes asociados a procesos biológicos complejos en branquias y músculo esquelético es regulada por la vía alternativa de cortisol, mediante GR2.

Keywords: Cortisol, Expresión génica, Branquias, Músculo esquelético, Trucha arcoíris
Financing: Proyecto Interno UCM-IN-25213; Proyecto ANID-Postdoctorado N° 3210050

MODIFICACIONES EPIGENÉTICAS EN EL MÚSCULO ESQUELÉTICO DE TRUCHA ARCOÍRIS (ONCORHYNCHUS MYKISS) INDUCIDAS POR EL VIRUS DE LA NECROSIS PANCREÁTICA INFECCIOSA (IPNV)

Daniela Aravena-Canales^{1,2}, Luciano Ahumada-Langer¹, Jorge Aedo Abadie³, Alfredo Molina^{1,2}, Juan Antonio Valdés^{1,2}

(1) Universidad Andrés Bello, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

(2) Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR), Universidad de Concepción, Concepción, Chile

(3) Universidad Católica del Maule, Departamento de Biología y Química, Facultad de Ciencias Básicas, Talca, Chile

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) es un patógeno que causa altas mortalidades en salmónidos. Sin embargo, los efectos moleculares de IPNV en tejidos inmunes no clásicos, como el músculo esquelético, son limitados. Por otra parte, los cambios epigenéticos (como metilaciones del ADN) pueden ser inducidos por distintos patógenos en mamíferos. Sin embargo, no es claro si infecciones virales pueden inducir cambios epigenéticos en los peces.

Se realizó un ensayo in vivo de administración de IPNV, vía intraperitoneal, a truchas arcoíris juveniles. Luego de 15 y 30 días, se obtuvo músculo esquelético de cada individuo, se aisló ADN y se realizaron librerías por conversión de bisulfito para identificar regiones diferencialmente metiladas (DMR).

Se identificaron 3855 y 4964 DMR en el músculo esquelético luego de 15 y 30 días de infección con IPNV, respectivamente. Luego de 15 días, se observó un aumento en la metilación de genes asociados a procesos como regulación del sistema inmune; y una disminución en la metilación de genes asociados a organización del citoesqueleto y morfogénesis. Luego de 30 días, se observó una metilación de genes asociados a transducción de señales intracelulares y organización de la matriz extracelular; mientras que los genes relacionados a procesos de recombinación del ADN e integración del ADN, se encontraron con metilación reducida.

Sugerimos que IPNV regula la metilación de genes en el músculo esquelético de trucha arcoíris. Este estudio contribuye a la comprensión de la base molecular que subyace a la infección por IPNV en los salmónidos.



Keywords: trucha arcoíris, músculo esquelético, virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV), metilaciones del ADN, epigenética
Financing: INCAR FONDAP 1522A0004 (2023) y 1523A0007 (2024); FONDECYT 1230794; ANID Beca Doctorado N°21220218.

Acknowledgments: ANID Beca Doctorado N°21220218

NO ES FLOJERA, TENGO MALA CIRCULACIÓN CEREBRAL: LA HUELLA DE LA RESTRICCIÓN CALÓRICA PRENATAL EN LA VASCULATURA DEL ADULTO Y SU INFLUENCIA EN EL COMPORTAMIENTO HIPOACTIVO.

Hernán Garay González¹, Jorge Zúñiga Hernández¹, Bárbara Casas Atala¹, Isaac Peña Villalobos^{1,2}, Verónica Palma Alvarado¹

(1) Universidad de Chile, Biología, Ciencias, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile

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

La Teoría de los Orígenes del Desarrollo de la Salud y la Enfermedad (DOHaD) propone que un ambiente prenatal adverso puede moldear el fenotipo adulto, influyendo en la vulnerabilidad a enfermedades crónicas y trastornos conductuales. Bajo restricción calórica prenatal (RP), el organismo adopta ajustes destinados a garantizar la supervivencia fetal frente al estrés nutricional. No obstante, estas adaptaciones persisten de por vida y, en ausencia del estresor original, pueden volverse desventajosas.

Tradicionalmente, los desórdenes del comportamiento se han atribuidos a alteraciones del sistema nervioso central; sin embargo, la integridad de la vasculatura

cerebral ha emergido como un factor igualmente relevante. Durante RP, cambios en la vasculatura cerebral aseguran el suministro de nutrientes al cerebro, aunque ello compromete la estabilidad vascular a largo plazo. La asociación entre hambrunas prenatales y una mayor incidencia de enfermedades del neurodesarrollo sugiere que estas adaptaciones podrían contribuir a los fenotipos observados.

En nuestro laboratorio, ratones expuestos a RP y a una segunda restricción calórica en la adultez (RP-CR) desarrollaron un fenotipo hipoactivo. Para explorar sus bases moleculares, realizamos análisis transcriptómicos (RNA-seq) en cerebro completo, enfocándonos en genes asociados al desarrollo y estabilidad vascular. Encontramos que la expresión de múltiples componentes vasculares era alterada por los tratamientos de restricción, y que las correlaciones entre marcadores vasculares y conducta dependían del antecedente de RP. De manera destacada, los ratones RP-CR sobreexpresaron Cortistatina, un regulador dual de la conducta y de la integridad vascular, vinculando la hipoactividad observada con alteraciones vasculares inducidas por la historia nutricional temprana.

Keywords: Vasculatura, Comportamiento, Restricción calórica, Prenatal, Cortistatina

Financing: Fondecyt Regular N° 1221522.



SISTEMA DE LAS MELANOCORTINAS, ESTRÉS TÉRMICO Y MELANISMO EN PALOMAS URBANAS (COLUMBALIVIA): ASOCIACIONES CON LA HETEROGENEIDAD TÉRMICA ESTACIONAL Y ESPACIAL

Felipe Sanhueza-Cisterna¹, Isaac Peña Villalobos^{1,2}, Jorge Zúñiga Hernández¹, Javiera Arcila Flores², Carolina Cárdenas Aroca², Diego Landaeta², Pablo Sabat^{2,3,4}, Verónica Palma¹

(1) Laboratorio de Células troncales y Biología del Desarrollo, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(2) Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

(3) Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago, Chile.

(4) Millenium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi), Chile.

El ser humano ha transformado ecosistemas naturales en ambientes urbanos, alterando el hábitat de la fauna preexistente y favoreciendo el desarrollo de especies sinantrópicas como la paloma feral (*Columba livia*). En este contexto, la heterogeneidad térmica propia de las ciudades induce cambios fisiológicos en la fauna urbana, aún poco explorados. En aves, se sabe que el estrés térmico puede influir en el melanismo del plumaje, la expresión de proteínas de shock térmico (HSPs) y la actividad mitocondrial; sin embargo, la relación entre temperatura ambiental y coloración del plumaje sigue escasamente investigada. Este estudio evaluó el efecto de la heterogeneidad térmica, tanto entre sitios urbanos con temperaturas contrastantes como a nivel estacional, sobre la respuesta al estrés térmico en palomas feras. Además, se analizó la expresión de componentes del sistema de las melanocortinas, explorando su relación con la temperatura ambiental y

con la respuesta mediada por proteínas de shock térmico. Los resultados muestran que la exposición a ambientes con baja variabilidad térmica y temperaturas elevadas se asocia con una mayor expresión de HSPs y un incremento en el melanismo del plumaje. Asimismo, se encontró una correlación significativa entre la expresión de HSP60/70, la actividad de enzimas mitocondriales (citocromo c oxidasa) y elementos del sistema de las melanocortinas. Aunque no fue posible establecer direccionalidad ni causalidad entre estas variables, los hallazgos abren una vía para comprender la compleja interacción entre las condiciones térmicas urbanas y los mecanismos fisiológicos que regulan la adaptación térmica y la coloración en aves.

Keywords: Urbanización, *Columba livia*, Melanismo, Estrés térmico, Melanocortinas
Financing: FONDECYT Iniciación 11221062ANID
FONDECYT regular 1251362

CARACTERIZACIÓN DEL COMPORTAMIENTO ASOCIADO AL TRASTORNO DE ANSIEDAD EN UN MODELO DEL TRASTORNO DEL ESPECTRO AUTISTA EN DROSOPHILA MELANOGASTER

Luis Torres Gómez¹, Javiera Allup-González¹, Esteban G. Contreras¹

(1) Universidad de Concepción, Grupo de Procesos del Desarrollo (GDep), Departamento de Biología Celular, Concepción, Chile

El Trastorno del Espectro Autista (TEA) representa uno de los trastornos del neurodesarrollo con mayor impacto y prevalencia a nivel mundial, afectando dimensiones sociales, comunicativas y económicas. Este presenta una interacción multifactorial, como también una alta comorbilidad con los Trastornos



de Ansiedad. Sin embargo, la relación entre ambos aún no se encuentra completamente esclarecida.

En el presente estudio tuvo como objetivo caracterizar fenotipos asociados a Trastornos de Ansiedad utilizando un modelo de *D. melanogaster* con silenciamiento de *nrx-1*, gen ortólogo de la mosca a *NRXN1* humana que presenta una fuerte vinculación al TEA al presentar fenotipos comunes como trastornos del sueño o déficits en el aprendizaje. El gen *NRXN1* codifica múltiples isoformas de neurexinas cuya función se centra en la adhesión celular presináptica, clave en el proceso de la sinaptogénesis. Así, se utilizaron individuos con ARN de interferencia (ARNi) realizando una inhibición neuronal parcial de *Nrx-1* y se aplicaron metodologías conductuales para medir ansiedad, entre ellas: movimiento en bordes en arenas cerradas, evaluación de hiperactividad e inducción de ansiedad mediante estresores ambientales (choque térmico y radiación UV). De esta manera, la línea transgénica de *nrx-1* no difirió significativamente de los controles, evidenciando respuestas normales sin manifestaciones conductuales asociadas a Trastornos de Ansiedad, pero si aparentemente problemas locomotores. Los hallazgos sugieren que la relación entre TEA y Trastornos de Ansiedad no depende únicamente de *nrx-1*, sino que respondería a una compleja interacción multifactorial que modula la expresión de dichos fenotipos.

EVOLUCIÓN DEL HÁBITO DECIDUO Y SIEMPREVERDE EN NOTHOFAGACEAE

Felipe Figueroa Ponce¹, Luis Retamal¹, Nataly Glade-Vargas¹, Pierina Latorre^{1,2}, Luis Felipe Hinojosa¹

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

(2) Universidad Rey Juan Carlos, Escuela Superior de Ciencias Experimentales y Tecnología

El origen del hábito deciduo en angiospermas se postula en latitudes medias-altas durante el Cretácico tardío, como respuesta a climas mesotermiales con alta estacionalidad (temperatura, precipitación y luz), donde la pérdida de hojas permitiría la conservación de recursos en estaciones de crecimiento cortas, reducción de transpiración y respiración en condiciones adversas.

Nothofagaceae, una familia con origen Gondwánico hace más de 86 millones de años en Antártica, se distribuye disyuntamente entre Sudamérica y Oceanía con especies deciduas y siempreverdes. Su origen y amplio registro fósil respaldan la hipótesis de un ancestro deciduo.

A través del mapeo de los hábitos en el espacio y la filogenia, se miden las variables climáticas que actualmente predicen su ocurrencia, la señal filogenética y la reconstrucción del carácter ancestral con modelos MK y Biogeobears. Por otro lado, a través de rasgos funcionales y morfológicos (LMA, forma y fisionomía foliar), se asignan hábitos a los fósiles para modelar la reconstrucción del hábito sobre el árbol filogenético con especies extintas.

Los resultados mostraron una superposición del nicho climático del 71% entre los



hábitos y una alta señal filogenética. Los modelos determinaron que el ancestro de Nothofagaceae es deceduo, con el hábito siempreverde apareciendo de forma independiente en clados posteriores. Estos hallazgos validan la hipótesis y mejoran la comprensión de la historia evolutiva de Nothofagaceae y los bosques templados deceduos del hemisferio sur.

Keywords: Nothofagus, Evergreen and deciduous, ancestral reconstruction, traits evolution

Financing: Beca Magíster Nacional ANID 22251775; Fondecyt 1221214

Acknowledgments: Beca Magíster Nacional ANID 22251775; Fondecyt 1221214

EL ROL DE LAS FOSFORILACIONES DE RESIDUOS DE SERINA EN LA PERMEACIÓN DE ATP POR HEMICANALES DE PANEXINA 3

Nicolás Bravo-Acuña^{1,2}, Valeria Márquez-Miranda¹, Juan Carlos Sáez², Fernando Danilo González- Nilo^{1,2}

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

(2) Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso

Los túneles laterales de los hemicanales de PANX3 son posibles vías de permeación de iones monoatómicos y moléculas pequeñas. Estos túneles también se han encontrado en otros hemicanales como panexina 1, inexitina y VRAC. El objetivo de nuestro estudio es dilucidar el rol de los siete túneles de panexina 3 en la permeación de ATP y otras especies aniónicas. Nuestra hipótesis es que modificaciones postraduccionales de residuos

de serina provocan el ensanchamiento de los túneles, por lo que las moléculas aniónicas son capaces de atravesarlos para llegar al poro central desde donde son liberadas al espacio extracelular. Para investigar este mecanismo, realizaremos simulaciones de dinámica molecular en el colectivo estadístico isotérmico-isobárico usando el programa NAMD, con fosforilaciones (SP2) en los residuos Ser204 y S303. Los sistemas proteína-membrana-solvente han sido construidos con CHARMM-GUI, generando cajas hexaédricas de 153 Å × 153 Å × 174 Å, con al menos 30 Å de solvente a cada lado de la bicapa lipídica. Calcularemos los volúmenes y radios de túnel de cada sistema. Estas simulaciones podrían permitirnos identificar sitios clave cuyas fosforilaciones favorezcan el paso de aniones por los túneles hacia el poro central, demostrando un mecanismo de permeación de ATP.

Keywords: Hemicanales, Panexina 3, ATP, modificaciones postraduccionales

Financing: FONDECYT 1221498, FONDECYT 1231523.

Acknowledgments: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, Laboratorio Nacional de Computación de Alto Rendimiento.

QUIMERISMO COMO ESTRATEGIA PARA AUMENTAR LA RESILIENCIA DE BOSQUES DE MACROALGAS

María Fernanda Gómez¹, Esdras Yáñez-Lareñas¹, David Véliz¹, Úrsula Romero¹, Lorena Toledo², Macarena Bravo², Fadia Tala², Alejandra González¹

(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.

El cambio climático acelera el declive de los bosques de huiro a nivel global, amenazando su integridad ecológica y los servicios que proveen. Aumentar la diversidad genética es clave para mejorar la resiliencia poblacional ante el calentamiento y acidificación del océano, pero enfoques convencionales como la selección o la edición genética enfrentan limitaciones regulatorias y temporales. En este contexto, el quimerismo donde coexisten múltiples genotipos de una misma especie, surge como una estrategia rápida, basada en procesos naturales para reforzar la tolerancia a estrés en macroalgas. En este estudio evaluamos experimentalmente si esporofitos quiméricos de *Lessonia spicata* y *L. berteroa* presentan mejor crecimiento y resistencia bajo escenarios de calentamiento y acidificación. Se cultivaron formas quiméricas y unigenéticas tres regímenes térmicos: actual (10 °C), mediados de siglo (15 °C) y fin de siglo (21 °C). Así como dos regímenes de acidificación: actual (pH 8,0) y mediados de siglo (pH 7,5). Nuestros resultados muestran que los esporofitos quiméricos superaron consistentemente a unigenéticos en ambas especies en regímenes de incremento de temperatura y de acidificación. Aunque la tasa de crecimiento disminuyó a 21°C, las quimeras mantuvieron una ventaja relativa respecto a unigenéticas. Bajo acidificación, las quimeras no sólo exhibieron mayor crecimiento, si no también mejor capacidad fotosintética que unigenéticas. Estos resultados, apoyados por ensayos de repoblamiento en ambientes naturales con plántulas quiméricas y coproducción con comunidades costeras (AMERB), posicionan al quimerismo como una herramienta basada en la naturaleza, escalable

y efectiva para repoblación, restauración y gestión adaptativa para mejorar la resiliencia de bosques de macroalgas pardas

Keywords: Quimeras, resiliencia, cambio climático, adaptación, macroalgas

Financing: FONDEF ID20110167; Packard (2021-73304; 2024-76453)

GESTIÓN SOSTENIBLE Y RESILIENTE DE MACROALGAS PARDAS EN CHILE CENTRAL: EXPERIENCIAS Y DESAFÍOS EN CUATRO ÁREAS DE MANEJO DE RECURSOS BENTÓNICOS (AMERB)

Katalina Larrañaga Fuentealba¹, Rocio Ramírez¹, Kiara Castro¹, Milen Duarte², Fadia Tala³, Alejandra González¹

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

(2) Universidad Austral de Chile, Instituto de Conservación, Biodiversidad y Territorio, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Valdivia, Valdivia, Chile

(3) Universidad Católica del Norte, Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Angamos 0610, Antofagasta, Chile

En Chile, los bosques de macroalgas pardas (kelp) forman una franja natural de protección a lo largo de la costa, cumpliendo un papel crucial como especies fundadoras y proveedores de servicios ecosistémicos esenciales para comunidades humanas y marinas. Sin embargo, estos ecosistemas afrontan amenazas crecientes debido a la fragmentación asociada al uso intensivo del borde costero, la explotación comercial, la contaminación y el cambio climático. Frente



a este escenario, estrategias de conservación y uso sostenible de los recursos naturales que considera a los sistemas socioecológicos como una unidad interdependiente, son esenciales para equilibrar la satisfacción de las necesidades humanas presentes y futuras, y la preservación de la integridad del ecosistema a largo plazo. Bajo este enfoque, se realizó un análisis comparativo del manejo ecosistémico sustentado en el modelo de gobernanza policéntrica de Ostrom, en términos de la gestión de las macroalgas en cuatro Áreas de Manejo y Explotación de Recursos Bentónicos: Totalillo Norte, Chigualoco, Mineral de Talca y Punta Fródden del norte-centro de Chile. Los resultados muestran que esta perspectiva integral permite visibilizar las complejas interacciones entre reglas, actores y el sistema biológico a diferentes niveles, y resaltar la importancia de la co-gestión, los acuerdos colectivos, la integración de saberes tradicionales y científicos para fortalecer la resiliencia socio-ecológica de las comunidades locales, siendo una base que contribuya a la sostenibilidad y conservación a largo plazo de los bosques de macroalgas pardas.

Keywords: Sistemas socioecológicos, Algas pardas, Cogestión, Modelo Ostrom

Financing: FONDEF ID20110167, Packard (2021-73304) y (2024-76453)

SÚPER-ALGAS QUIMÉRICAS Y TRANSFERENCIA TECNOLÓGICA: UNA HERRAMIENTA PARA LA RESILIENCIA CLIMÁTICA.

Úrsula Romero¹, María Fernanda Gómez¹, Alessandra Pirazzoli¹, Fadia Tala², Macarena Bravo², Milén Duarte³, Peric Danisa⁴, Baeza Maximiliano⁴, Nicolás Lagos⁴, Natalio Godoy⁵, Armando Rosson⁶, Alejandra González¹

- (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 Conservación, Biodiversidad y Territorio, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
- (4) FABLAB, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas. Universidad de Chile
- (5) The Nature Conservancy (TNC) Chile
- (6) Bitecma Ltda.

La fragmentación costera, la cosecha y cambio climático están disminuyendo la diversidad genética y tamaño de poblaciones de macroalgas pardas, con pérdida de servicios ecosistémicos y de ingresos para miles de recolectoras/es artesanales. Frente a este escenario, surge una solución inspirada en la naturaleza: quimeras, que resultan de la coalescencia de plántulas genéticamente distintas de la misma especie que actúan como una sola entidad con rasgos combinados. En especies como *Lessonia spicata* y *L. berteroa* (huir negro), es posible generar quimeras en laboratorio mediante la selección de material parental local (perfiles genéticos y morfológicos) y protocolos controlados de fusión y aclimatación, produciendo plántulas con mayor tolerancia, tasas de crecimiento y capacidad de adaptación a condiciones adversas. No obstante, el conocimiento sólo tiene impacto si se implementa en el ambiente natural. Por ello, desarrollamos transferencia del paquete tecnológico: protocolos de traslado, instalación y monitoreo, permitiendo escalar el repoblamiento respetando la identidad genética local y minimizando riesgos de traslocación. Se diseñó mediante co-creación con comunidades, consultores, autoridades



y ONG, integrando saberes para seleccionar sitios, métodos de instalación y programas de seguimiento. El enfoque prioriza la tecnología de usuario: facilidad de uso, diseño intuitivo y bajo costo operativo, para transformar a las comunidades desde recolectoras/es en guardianas/es de los bosques de huiros. Transferir el enfoque requiere fortalecer capacidades locales, espacios de diálogo y procesos participativos de decisión. Esto permitirá generar estrategias de repoblamiento efectivas, eficientes, escalables y basada en la naturaleza para recuperar macroalgas, aumentar la resiliencia y proteger medios de vida costeros

Keywords: Quimeras, transferencia tecnológica, resiliencia, repoblamiento, macroalgas
Financing: FONDEF ID20110167, Packard (2021-73304) y (2024-76453)

EFFECTO DE LA APLICACIÓN EXÓGENA DE SEROTONINA SOBRE EL DESEMPEÑO FISIOLÓGICO DE ARISTOLOCHIA CHILENSIS

Arnaldo Villalobos¹, Alessandra Velásquez,¹ Jorge Campusano¹, Marcia González Teuber¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Portugal 49, Santiago, Chile

Aristolochia chilensis es una planta endémica de Chile, la cual se desarrolla principalmente en ambientes áridos de la zona Norte, con baja disponibilidad hídrica y alta radiación solar. Los metabolitos asociados al proceso de tolerancia a estrés hídrico son amplios, destacándose principalmente la inducción de fitohormonas. Dentro de esta categoría recae la serotonina, cuya función en las plantas aún es poco conocida. Con el fin de

evaluar el rol de la serotonina en parámetros fisiológicos, asociados a la tolerancia frente a estrés hídrico en *A. chilensis*, se desarrolló un experimento controlado en condiciones de laboratorio. Se generó dos grupos de plantas: 1) Con aplicación exógena de serotonina y 2) Sin aplicación exógena de serotonina (control). Luego, ambos grupos fueron sujetos ya sea a un déficit hídrico o a un riego óptimo durante 2 semanas. Durante todo el experimento se llevó registro de la eficiencia del PSII en parámetros de F_v/F_m y F_v/F_0 . Posteriormente, se cuantificó la concentración endógena de serotonina en hojas y raíces. Se midió también pigmentos fotosintéticos (clorofilas y carotenoides), azúcares totales solubles y actividades enzimáticas antioxidante (peroxidasa y catalasa). Se observó acumulación de serotonina únicamente a nivel radicular, siendo mayor en plantas tratadas con serotonina que en plantas control. Mientras que las plantas control fueron afectadas negativamente por la sequía en términos de pigmentos fotosintéticos y F_v/F_m , no se observó un efecto negativo de la sequía en las plantas tratadas con serotonina. Frente a déficit hídrico, la actividad de peroxidasa y catalasa solo aumentó significativamente en plantas control; no así en plantas tratadas con serotonina. Los resultados muestran que la serotonina cumpliría un rol importante, mitigando el efecto negativo del déficit hídrico en plantas de *A. chilensis*.

Keywords: Ecofisiología, Fisiología Vegetal, Serotonina

Financing: Proyecto Exploración 13250017

Acknowledgments: Laboratorio de Ecología Química y Neuro-genética de la Conducta



ANÁLISIS DE NEURONAS QUE EXPRESAN NPY EN LA AMÍGDALA DE RATÓN: CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y SINÁPTICA, Y RESPUESTA AISLAMIENTO SOCIAL

María Jesús Ulloa schneeberger¹, Paulina Yañez¹, Camila Ramirez¹, María de los Ángeles García¹, Antonia Recabal-Beyer¹

(1) Universidad de Concepción, Biología celular, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Edmundo Larenas 219, 4070409 Concepción, Bío Bío, Concepción, Chile

Chronic stress has emerged as a key factor contributing to the global rise in obesity. Numerous studies show that individuals exposed to high levels of stress have a 25% to 40% higher risk of developing obesity. In the central nervous system, the hypothalamus, particularly the arcuate nucleus (ARC), regulates food intake, activating neurons that secrete orexigenic peptides such as neuropeptide Y (NPY). NPY is also expressed in limbic regions like the amygdala, involved in stress responses and the hedonic regulation of appetite. Activation of NPY circuits in the central (CeA) and medial (MeA) amygdala has been linked to the prioritization of feeding over other adaptive behaviors, as well as responses to abstinence. Notably, increased NPY in the amygdala has an anxiolytic effect that appears sex-dependent under stress conditions, although structural and numerical differences in NPY-expressing neurons in the CeA and MeA remain unclear.

Social isolation, recognized as a form of chronic psychosocial stress, induces alterations in brain regions such as the amygdala, with sex-specific effects. While NPY plays a protective role against stress, its expression in the amygdala in response to social isolation is not fully understood. Using a transgenic

NPY-EGFP mouse model, this study examines sex differences in morphology, synaptic connectivity, and NPY expression in amygdala neurons under both baseline conditions and after social isolation.

This research seeks to deepen understanding of the neurobiological and sex-specific mechanisms linking stress to emotional regulation of appetite, highlighting NPY in the amygdala as a potential mediator between social isolation and vulnerability to obesity.

Financing: Funding: FONDECYT 11240516

HIBERNACION EN AMBIENTES NATURALES GATILLADA POR LA MICROBIOTA.

Marcela Serey¹, Andrea Calixto¹

(1) Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Universidad de Valparaíso, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

Las interacciones microbianas dan forma a la estabilidad ecológica, sin embargo, la forma en que las bacterias, las amebas y los nematodos influyen en los comportamientos de los demás sigue siendo poco conocida. La formación de Dauer (etapa de hibernación) es una estrategia clave de supervivencia de los nematodos, pero sus desencadenantes naturales siguen siendo en gran parte desconocidos. En este estudio, desarrollamos un marco para examinar las interacciones a largo plazo entre microbios y animales en ambientes templados y extremos.

De muestras de suelo recolectadas en un clima templado y semiárido, aislamos *Comamonas*, *Stenotrophomonas*, *Chryseobacterium* y *Rhodococcus*, y la ameba *Tetramitus*. Este



conjunto microbiano, alimentado a *C. elegans* durante más de 20 generaciones, indujo la Formación de Dauer en Conjuntos Derivados Naturalmente (DaFNE), un fenómeno en el que los nematodos entran en diapausa después de múltiples generaciones en un entorno microbianamente estable, intensificándose con el tiempo y dependiendo de la biosíntesis de feromonas del nematodo y de las vías de interferencia de ARN (ARNi).

Después, exploramos los microbiomas del suelo del desierto de Atacama, descubrimos que las comunidades bacterianas enriquecidas con vitamina B12 se correlacionan con la presencia de nematodos. Descubrimos que las bacterias productoras de vitamina B12, así como la suplementación con B12 por sí sola, aumentaron significativamente la penetrancia de dauer a 27 °C. Esto sugiere que metabolitos bacterianos específicos actúan como señales ecológicas que influyen en la persistencia de los nematodos y la formación de dauer en ambientes hostiles.

Keywords: natural environments, microbiota, behavior, RNAi, interpecies communication
Financing: Proyecto Fondecyt Regular N° 1220650



SESION DE PANELES II

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE LOS GENES DE LAS SUBUNIDADES DEL COMPLEJO PROTEICO SNF1 DE PHAFFIA RHODOZYMA, INVOLUCRADA EN REPRESIÓN CATABÓLICA

Alejandro Durán¹, Melissa Melissa Gómez¹,
Dionisia Sepúlveda¹, Salvador Barahona¹,
Marcelo Baeza¹, Jennifer Alcaíno¹

(1) Universidad de Chile, Ecología, Ciencias,
Las palmeras 3425, Ñuñoa, Chile

El complejo SNF1/AMPK (Sucrose Non-Fermenting 1) es un regulador de la homeostasis energética en eucariontes, conservado en mamíferos, plantas y levaduras. En *Saccharomyces cerevisiae* participa en la β -oxidación, la expresión de genes reprimidos por catabolitos y rutas metabólicas secundarias bajo limitación de carbono. *Phaffia rhodozyma* es una levadura productora del carotenoide astaxantina, de interés biotecnológico, cuya síntesis es reprimida por glucosa. Por ello, un homólogo de SNF1 podría regular la carotenogénesis y modular la adaptación a distintas fuentes de carbono. Aunque se han desarrollado estrategias para incrementar la producción de astaxantina en *P. rhodozyma*, aún existen vías no descritas que afectan la biosíntesis de isoprenoides y su supervivencia.

El objetivo de este estudio fue identificar y caracterizar componentes del complejo Snf1 en *P. rhodozyma*, clave para comprender su rol en la regulación de carotenoides y la respuesta a estrés metabólico. A partir de secuencias de referencia se realizaron búsquedas por homología en el genoma y transcriptoma mediante BLASTp, validando candidatos por arquitectura de dominios y

motivos conservados. Se identificaron las subunidades α (Snf1), β (Sip2) y γ (Snf4). El dominio quinasa de Snf1 mostró 72,3% de identidad y 89,1% de similitud con *S. cerevisiae*, y 65,4% de identidad y 90,7% de similitud con AMPK de *Homo sapiens*. Además, se detectó la treonina conservada (T172 en humanos, T210 en *S. cerevisiae*), esencial para su activación. Estos resultados confirman que *P. rhodozyma* posee un complejo Snf1 conservado y con expresión consistente, lo que respalda estudios funcionales orientados a manipular la carotenogénesis en esta levadura.

Keywords: bioinformática, regulación metabólica, búsqueda por homología, carotenoides, *Phaffia rhodozyma*

Financing: Fondecyt 1220384

ANÁLISIS IN SILICO DEL GEN ERG6 Y SU PAPEL EN LA BIOSÍNTESIS DE ERGOSTEROL Y CAROTENOIDES EN PHAFFIA RHODOZYMA

Nidia Leal Reyes¹, Gabriela Apariz¹, Marcelo Baeza¹, Jennifer Alcaíno¹

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

Phaffia rhodozyma es una levadura carotenogénica con potencial biotecnológico para la producción natural de astaxantina. En este organismo, la síntesis de astaxantina está regulada por la vía SREBP (Sterol Regulatory Element-Binding Protein), que además regula la biosíntesis de esteroides. Este estudio caracterizó bioinformáticamente el gen ERG6 que codificaría la enzima esterol C-24 metiltransferasa, responsable de



convertir zimosterol en fecosterol, paso clave en la biosíntesis de ergosterol. Mediante análisis *in silico* se determinó su estructura génica definiendo exones, intrones, regiones reguladoras en la zona promotora vinculadas con la vía SREBP y dominios funcionales en la proteína. Mediante modelamiento estructural se evaluó el impacto de dos SNPs previamente identificados en mutantes de ERG6 obtenidos por mutagénesis aleatoria de cepas sobreproductoras de carotenoides. Estos SNPs, asociados con un impacto en la vía SREBP por la pérdida del fenotipo sobreproductor de carotenoides y una menor resistencia a compuestos azólicos como el clotrimazol, corresponden a una mutación sin sentido y la otra de cambio de sentido que afectan al dominio C-terminal de la proteína, dominio esencial en la especificidad y función catalítica. Para validar experimentalmente la funcionalidad de ERG6, se diseñó y construyó un vector para su delección.

Los resultados sugieren que la integridad del dominio C-terminal de ERG6 es crucial para mantener el balance entre esteroides y carotenoides, a través de la regulación de la vía SREBP.

Financing: Financiado por el proyecto Fondecyt N° 1220384, titulado "Structural and Functional Studies of the SREBP pathway: finding missing pieces of this puzzle in the red yeast *Xanthophyllomyces dendrorhous*".

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE TRES PROTEÍNAS VINCULADAS EN LA ADAPTACIÓN TÉRMICA DEL SAPO ANDINO RHINELLA SPINULOSA

Luis Pastenes Opazo¹, Alejandro Piñeiro González^{1,2}, Fernando Hinostroza Balmaceda^{3,4}, Marcela Salazar Viedma⁵, Marta Fuentealba Cruz¹

(1) Universidad Católica del Maule, Laboratorio de Genética y Microevolución, Facultad de Ciencias Básicas, Av. San Miguel 3605, Talca, Chile

(2) Universidad Católica del Maule, Departamento de Ciencias Preclínicas, Facultad de Medicina, Av. San Miguel 3605, Talca, Chile

(3) Universidad Católica del Maule, Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Av. San Miguel 3605, Talca, Chile

(4) Universidad Católica del Maule, Centro de Investigación en Neuropsicología y Neurociencias Cognitivas, Av. San Miguel 3605, Talca, Chile

(5) Universidad Autónoma de Chile, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. San Miguel 3605, Talca, Chile

Los anfibios exhiben mecanismos ineficientes de termorregulación y sus ciclos de vida son influenciados por la temperatura ambiental. *Rhinella spinulosa* es un anuro que habita ambientes altoandinos térmicamente disímiles. Distintos estudios muestran diferencias en la expresión de sus rasgos fisiológicos, morfológicos y de historia de vida. No se ha profundizado en los mecanismos genéticos detrás de estas respuestas. Un estudio determinó las respuestas transcriptómicas en renacuajos de dos poblaciones de *R. spinulosa* expuestas a un tratamiento térmico contrastante, develando la expresión diferencial significativa de tres genes asociados a estrés



térmico. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar la estructura de los genes *hsp90ab1*, *hsp90ab1* y *trpv2* de *Rhinella spinulosa*. La metodología contempló (i) la búsqueda de las secuencias codificantes de los tres genes en el transcriptoma de *R. spinulosa*, (ii) la predicción del número de exones y de las secuencias aminoacídicas de estos genes, y (iii) la modelación estructural del canal termo-receptor TRPV2. Los resultados mostraron que *hsp90ab1* contiene 18 exones, con 3551 pb que codifican 853 aa; *hsp90ab1* contiene 10 exones, con 2622 pb que codifican 722 aa; y *trpv2* contiene 15 exones, con 4574 pb que codifican 779 aa. Además, para el canal termo-receptor TRPV2 se predijeron seis dominios transmembrana y dos modelos estructurales (2D y 3D). Nuestros resultados se discuten a la luz de la adaptación térmica y la baja plasticidad transcriptómica exhibida por los renacuajos de los arroyos geotérmicos de El Tatio, cuando son expuestos a una temperatura inferior a la de su hábitat natural.

Acknowledgments: Proyecto Sapere Aude 434226, VRIP-UCM.

MODIFICACIONES DE MEMBRANA, MORFOLOGÍA Y ADAPTACIONES DEL ESTILO DE VIDA EN BACTERIAS HIDROCARBONOCÁLSTICAS EXPUESTAS A HIDROCARBUROS DE PETRÓLEO

Teresa Esparza Correa^{1,2}, Valentina Méndez^{1,2}, Roberto E. Durán^{1,2}, Ximena Báez-Matus^{1,2}, Imen Nouiou³, Yvonne Mast³, Sergio Álvarez⁴, Michael Seeger^{1,2}

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

2390123 Valparaíso, Chile

(2) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123 Valparaíso, Chile.

(3) Leibniz Institute DSMZ–German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, 38124 Braunschweig, Germany.

(4) Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago 7800003, Chile.

La biorremediación de hidrocarburos (HC) del petróleo por bacterias hidrocarbonocálsticas se considera una tecnología eficiente y sostenible. Sin embargo, enfrenta limitaciones asociadas a la toxicidad de los HC, los cuales debido a su alta hidrofobicidad se alinean entre las cadenas de acilo de los fosfolípidos y alteran la permeabilidad, provocando la muerte celular. Algunas bacterias desarrollan mecanismos de adaptación que favorecen la degradación de HC y reducen su toxicidad. El objetivo de este estudio fue evaluar la adaptación celular de distintos géneros bacterianos frente a hidrocarburos del petróleo, con énfasis en *Rhodococcus* sp. Se incubó la cepa en medio mínimo Bushnell-Haas suplementado con 1,75 % (p/v) de NaCl, utilizando un alcano de cadena larga sólido como única fuente de carbono y energía, a 30 °C. La adaptación de su envoltura celular se determinó mediante análisis de hidrofobicidad, perfil de ácidos grasos y micólicos (GC-FID, GC-MS), y microscopía electrónica de barrido. *Rhodococcus* sp. incrementó su hidrofobicidad celular, así como la saturación y modificó la longitud de cadena de los ácidos grasos y micólicos en su envoltura, disminuyendo su tamaño celular. Al comparar con otros géneros bacterianos como *Pseudomonas* y *Paraburkholderia xenovorans*, se observa que a pesar de que algunos de los mecanismos reportados entre estos géneros difieren, las modificaciones son similares, llevando a



un aumento en la rigidez de la membrana y disminución del tamaño celular. Estos mecanismos adaptativos permiten mejorar la tolerancia bacteriana a hidrocarburos y potencian su capacidad de degradación, confirmando su relevancia para estrategias de biorremediación.

Keywords: biorremediación, Fisiología bacteriana, *Rhodococcus* sp., alcanos de cadena larga, ácidos grasos

Financing: Beca Magíster Nacional-ANID 2023 (TE, 2230193), becas de doctorado-ANID (XB, 21211723; RED, 21242707), ANID-Milenio-NCN2023_054 (MS,RED,XBM,TE), Fondecyt 1200756 y 1250809 (MS,TE,RED,XBM)

COMUNIDADES RIZOBACTERIANAS Y MECANISMOS PROMOTORES DEL CRECIMIENTO VEGETAL EN BACTERIAS CULTIVABLES DEL BOSQUE VALDIVIANO

Milko Jorquera¹, Nitza Inostroza¹, Nicole Huerta¹, Oscar Martínez², Belén Sandoval², Anael Videla², Benjamín Díaz², Jacqueline Acuña¹

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

(2) Instituto de Bioquímica y Microbiología, Universidad Austral de Chile, Las Encinas 220, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile

Actualmente, la búsqueda y aplicación de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) como bioestimulantes es una atractiva alternativa para mejorar los rendimientos de los cultivos agrícolas. En este contexto, se ha estimado que miles de especies bacterianas aún quedan por

descubrir en la naturaleza; y por lo tanto, el Bosque Valdiviano, un reconocido “hotspot” de biodiversidad global, aparece como una fuente inexplorada de nuevas PGPB. En este estudio, presentamos nuestros resultados preliminares sobre la caracterización de las comunidades rizobacterianas y el aislamiento de potenciales PGPB del Bosque Valdiviano. Muestras de suelo de la rizosfera fueron recolectadas de vegetación nativa de tres reservas ecológicas protegidas en la Región de Los Ríos. Por un lado, ADN fue extraído y usado para caracterizar las comunidades rizobacterianas mediante secuenciación del gen 16S ARNr. En paralelo, muestras fueron sembradas en medios de cultivos y mecanismos promotoras del crecimiento vegetal PGP fueron explorado en las cepas aisladas. En general, nuestros resultados mostraron una mayor abundancia relativa de las filas Proteobacteria (64-86%) seguido de Acidobacteria (2-15%) y Actinobacteria (1-20%) en las comunidades rizobacterianas. Los recuentos en placas también mostraron abundancias de 105 a 108 UFC g⁻¹. Una colección de sobre 1000 cepas fue construida y la presencia de cepas solubilizados de fosfato insoluble (75-85%), productoras de auxinas (30-89%; 12-87 µg mL⁻¹) y con actividad ACC desaminasa (9-37%) fue detectado.

Keywords: comunidades rizobacterianas, bioestimulantes, Bosque Valdiviano, PGPB

Financing: Proyectos FONDECYT no. 1221228 and 1240602.



UNA SALUD, RESILIENCIA MICROBIANA Y RECUPERACIÓN DE ECOSISTEMAS: UNA PERSPECTIVA BIOGEM

Constanza Macaya^{1,2}, Michael Seeger^{1,2}, Ariel Vilchez^{1,3}, Diyanira Castillo-Navales^{1,2,4}, Mario Sepúlveda-Mardones^{1,2}, Guillermo Bravo^{1,2}, Paulina Vega-Celedón^{1,2,4}, Roberto E. Duran^{1,2}, Francisca Acevedo^{1,3}, Rodrigo Navia^{1,5}, Beatriz Cámara^{1,2}, Iván Montenegro^{1,6}, Ximena Besoain^{1,4}

(1) Millennium Nucleus Bioproducts Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso, Chile

(2) Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología Ambiental, Centro de Biotecnología CBDAL, Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso, Chile

(3) Universidad de La Frontera, Scientific and Technological Bioresource Nucleus, BIOREN, Department of Basic Sciences, Faculty of Medicine, Casilla 54-D, Temuco, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Escuela de Agronomía, San Francisco s/n 2260000, Quillota, Chile

(5) Universidad San Sebastián, Bellavista Campus, Faculty of Engineering, Bellavista 7, Santiago, Chile

(6) Center of Interdisciplinary Biomedical and Engineering Research for Health (MEDING), Universidad de Valparaíso, Escuela de Obstetricia y Puericultura, Facultad de Medicina, Angamos 655, Resaca, Viña del Mar 2520000, Chile

The One Health concept proposes that human health and well-being are linked to the health of animals, plants, soils, and ecosystems. Climate change intensifies this interconnection by increasing extreme temperature, salinization, and drought, impacting soil functionality, agricultural productivity, and human health. In this context, microorganisms play a pivotal

role, as they bridge each of these components, driving nutrient cycling, the clean-up of polluted sites, and ecosystem resilience.

Chile harbors more than 3,300 contaminated sites with hydrocarbons, pesticides, and heavy metals, including more than 600 sites located in urban areas. Designing site-specific, cost-effective, and sustainable biotechnological treatments is therefore critical for ecosystem remediation. The evolution of the concept of health requires the integration of the government, organizations, and disciplines traditionally detached from public health, and universities that generate knowledge and human capital development through teaching, research, and outreach. In addition, local communities—particularly rural and indigenous populations living near natural ecosystems—are central to the One Health, as both beneficiaries and active participants in co-designing solutions. Within this framework, BioGEM has established a multidisciplinary agenda with specific objectives, including the genomic-based evaluation and characterization of native microorganisms from natural, agricultural, and disturbed ecosystems. Diverse environmental bacteria (*Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Rhodococcus*, and *Streptomyces*) have been isolated and studied using genomic-guided approach to reconstruct metabolic pathways, assess degradation routes, and identify bioactive compounds. These advances, grounded in principles of circular bioeconomy, aim to restore and enrich soil health while aligning with the holistic One Health paradigm, where ecosystem resilience underpins human well-being.

Keywords: Bioproducts, Genomics, Environmental Microbiology, One Health
Financing: ILS (CCM, MS, RED) and ANID-Milenio-NCN2023_054 (CCM, MS, AV, DC-N, MS-M, GB, PV-C, RED, FA, RN, BC, IM, XB) grants.



POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE CEPAS BACTERIANAS DE LA FAMILIA ACETOBACTERACEAE PARA LA PRODUCCIÓN DE FRUCTANOS

Valentina Saffirio Peña^{1,2}, Mario Sepúlveda^{1,2},
Roberto E. Durán^{1,2}, Miryam Valenzuela^{1,3},
Constanza Macaya^{1,2}, Imen Nouioui⁴, Yvonne
Mast⁴, Iván Montenegro^{1,2,5}, Michael Seeger^{1,2}

(1) Millenium Nucleus Bioproducts, Genomics
and Environmental Genomics (BioGEM),
Avenida España 1680, Valparaíso, Chile.

(2) Laboratorio de Microbiología Molecular
y Biotecnología Ambiental, Departamento
de Química & Centro de Biotecnología
Daniel Alkalay Lowitt, Universidad Técnica
Federico Santa María, Avenida España 1680,
2390123 Valparaíso, Chile.

(3) Centro de Estudios Avanzados en
Fruticultura (CEAF), Rengo, Chile

(4) Leibniz-Institute DSMZ–German Collection
of Microorganisms and Cell Cultures GmbH,
Braunschweig, Germany

(5) Centro de Investigaciones Biomédicas,
Escuela de Obstetricia, Universidad de
Valparaíso, Angamos 655, Reñaca, Chile

Los fructanos microbianos son un tipo
de exopolisacáridos (EPS), compuestos
principalmente por fructosa, de gran potencial
biotecnológico debido a sus efectos prebióticos,
biocompatibilidad y capacidad endulzante.
Bacterias pertenecientes a la familia
Acetobacteraceae representan una nueva
fuente para la obtención de fructanos. Los
objetivos de este estudio fueron los siguientes:
evaluar la producción de fructanos en nuevas
cepas de Acetobacteraceae e identificar
determinantes genéticos involucrados en
su biosíntesis. Se secuenciaron los genomas
de *Komagataeibacter* sp. KAVL, aislada
desde muestras de kombucha junto con
Gluconobacter sp. LSD1B y *Acetobacter* sp.
LSE2, aisladas de bulbos de cebolla, mediante

Ilumina (MicrobesNG, UK). Se identificaron
homólogos de levansacarinas en los genomas
de LSD1B y KAVL, pero no se identificaron
homólogos en la cepa LSE2. Se analizó
filogenia de levansacarinas implicadas en
la síntesis de fructanos mediante MrBayes
y maximum likelihood (IQTREE), desde 32
secuencias con evidencia experimental.
Análisis de levansacarinas reveló cuatro
clados principales, destacando una asociación
taxonómica entre las enzimas analizadas. La
producción de biomasa y exopolisacáridos
(EPS) se cuantificó por peso seco, incluyendo
a *Zymomonas mobilis* DSM 3580 como cepa
control. Se determinó el contenido de fructanos
en EPS totales por HPLC. LSD1B mostró mayor
producción de EPS y fructanos, seguido de
KAVL con un rendimiento moderado, mientras
que LSE2 exhibió una producción inferior entre
cepas analizadas. La familia Acetobacteraceae
destaca en la diversidad productiva, por lo
que estudios tanto a nivel funcional como
genómico son necesarios para potenciar el
uso de estas cepas como fabricas para la
obtención de polímeros de interés.

Keywords: Fructanos, producción,
exopolisacáridos, microbianos

Financing: Financiamiento: ANID–Milenio–
NCN2023_054, ANID–Subdirección de Capital
Humano/Doctorado Nacional/2022–21220894,
ANID–Vinculación Internacional–FOVI240071
Acknowledgments: Leibniz Institute DSMZ –
German Collection of Microorganisms and
Cell Cultures GmbH



CARACTERIZACIÓN DE AGUAS SUBTERRÁNEAS COSTERAS SUBSUPERFICIALES DE ALTA VARIABILIDAD SOMETIDAS A CONTAMINACIÓN CRÓNICA

Josefina Abarca-Hurtado^{1,2,4}, Alejandra Arancibia², Michael Seeger Pfeiffer^{3,4}, Cristian Giovine², Roberto Orellana^{2,4}

(1) Doctorado en Biotecnología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso/ Universidad Técnica Federico Santa María, Valparaíso, Chile

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

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

(4) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Av. España 1680, Valparaíso, Chile

Chile alberga una alta cantidad de acuíferos costeros. Estas áreas de interacción entre aguas dulces y saladas son ambientes que poseen una alta diversidad microbiana debido a gradientes de distintos factores fisicoquímicos. Una fracción de estos cuerpos de agua puede encontrarse contaminada por actividades industriales, proporcionando una nueva fuente de variabilidad e impacto. Un ejemplo de esto son las aguas subterráneas del Sitio de Las Salinas (Viña del Mar), zona costera crónicamente contaminada producto de la actividad petrolera por más de ocho décadas.

Existe un gran número de investigaciones de las consecuencias ecológicas negativas de los grandes derrames de petróleo en aguas oceánicas abiertas. Pero, hay menos esfuerzos en estudiar cómo estos

contaminantes perturban el funcionamiento de los ecosistemas costeros, donde la vida media de los hidrocarburos suele ser más larga que en aguas oceánicas abiertas. Consecuentemente, es necesario comprender el impacto de los hidrocarburos en el funcionamiento de los ecosistemas de las aguas subterráneas costeras poco profundas, así como su efecto en la disponibilidad de contaminantes.

Este estudio se centró en caracterizar los parámetros fisicoquímicos y microbiológicos de un acuífero costero poco profundo en el sitio de Las Salinas, revelando aspectos de cómo esta interacción ecológica remodela el funcionamiento del ecosistema en acuíferos costeros contaminados crónicamente. Este trabajo contribuirá a comprender mejor estos ecosistemas, proporcionando información sobre cómo las comunidades microbianas adaptadas a estos ambientes influyen en los ciclos biogeoquímicos de un entorno bastante dinámico. Lo anterior, ayudará a diseñar y aplicar enfoques de biorremediación específicos para cada caso.

Keywords: aguas subterráneas, contaminación crónica, acuíferos costeros

Financing: Agradecimientos al financiamiento de la Beca Doctorado Nacional ANID.

EVIDENCIA EXPERIMENTAL DEL ROL DEFENSIVO DE UN SISTEMA TOXINA-ANTITOXINA DE BRUCELLA ABORTUS FRENTE A LA INFECCIÓN POR FAGOS EN ESCHERICHIA COLI

Jose Aquiles Barrales Contreras¹, Loenardo Gomez Roa¹, Angel Oñate Contreras¹

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias



Biológicas, Concepción, Chile

Contexto: La interacción entre bacterias y bacteriófagos ha impulsado la evolución de diversos sistemas defensivos bacterianos. Este estudio evaluó un sistema toxina-antitoxina tipo II localizado en la Isla Genómica 3 de *Brucella abortus*, mediante un modelo de expresión heteróloga para resistencia fágica. El rol de este sistema, integrado por una metaloproteinasa dependiente de zinc y un regulador HTH-Xre, asociado a estrés oxidativo y virulencia, fue estudiado en la defensa antiviral. **Metodología:** El sistema TA fue clonado en un vector pET y transformado en *Escherichia coli* K-12. Las bacterias transformadas y los controles fueron desafiados con un fago lítico y evaluados mediante ensayos de doble capa de agar y curvas de crecimiento en medio líquido. **Resultados:** Las cepas portadoras del sistema TA presentaron un número significativamente menor de placas de lisis en comparación con los controles, indicando una reducción en la susceptibilidad a la infección fágica. En diluciones seriadas, la cepa transformada evidenció una disminución progresiva en la formación de placas. Asimismo, las curvas de crecimiento revelaron una caída inicial de la densidad óptica seguida de recuperación en las cepas transformadas, mientras que los controles permanecieron inhibidos. **Conclusiones y perspectivas:** Estos hallazgos constituyen la primera evidencia de que un sistema TA presente en la IG3 de *B. abortus* confiere resistencia fágica, sugiriendo un rol defensivo adicional a su función en la virulencia. Se plantea como perspectiva evaluar la IG3 como un clúster multifuncional, con implicancias en la interacción patógeno-hospedero y con potenciales aplicaciones biotecnológicas.

Keywords: *Brucella abortus*, Bacteriófagos, Isla genómica 3 (IG3), Defensa bacteriana, *Escherichia coli*

Financing: Fondecyt Iniciación N°11240107

Acknowledgments: Agradezco al Dr. Leonardo Gómez Roa por su guía, al Dr. Ángel Oñate por sus valiosos aportes, a mis compañeros del Laboratorio de Inmunología y a mi familia y novia por su apoyo constante.

ESTUDIO DE LEVADURAS PROVENIENTES DE MUESTRAS DE SUELO DE LA REGIÓN DE AYSÉN.

Maximiliano Coche-Miranda¹, Jennifer Alcaíno¹, Claudio Veloso¹, Marcelo Baeza¹

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

Las levaduras son microorganismos que han desarrollado diversas adaptaciones morfológicas y fisiológicas para resistir distintas condiciones extremas, como las bajas temperaturas. La región de Aysén se caracteriza por su clima frío en gran parte del año y la variedad de sus ecosistemas, convirtiéndolo en un territorio ideal para el estudio de la biodiversidad de microorganismos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la biodiversidad de levaduras provenientes de muestras de tierra de la región de Aysén, utilizando un enfoque metagenómico y molecular.

Se analizaron las muestras de suelo utilizando técnicas dependientes e independientes de cultivo. El aislamiento de levaduras se realizó al sembrar suspensiones acuosas de suelo en placas de agar YM (0,3 % de extracto de levadura, 0,3 % de extracto de malta, 0,5 % de peptona) suplementado con fructosa, galactosa, glucosa, maltosa, ribulosa, sacarosa y xilosa al 0,5% cada una, 100 ug/mL de ampicilina y 34 ug/mL de cloranfenicol.



Por otro lado, se extrajo ADN de las muestras de suelo utilizando el kit de aislamiento de ADN PowerSoil y se verificó la presencia de material genético fúngico al amplificar por PCR la región ITS 2.

Al sembrar las suspensiones acuosas de tierras se observaron incontables colonias tipo levadura en cada placa, identificándose 13 morfotipos distintos. Se logró extraer ADN de buena calidad de 43 muestras de suelo, y en 41 de ellas se amplificó por PCR la región ITS 2, para futuros estudio de diversidad mediante "amplicon metagenomics".

Keywords: Levaduras, Biodiversidad, Aysén

Financing: Fondecyt 1230427

Acknowledgments: Beca de Apoyo a la Excelencia de Postgrado de la Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

ESTANDARIZACIÓN DE UNA METODOLOGÍA PARA EXPOSICIÓN A CONDICIONES DE VACÍO ESPACIAL EN LA BACTERIA DEINOCOCCUS AQUATICUS UDEC PI

Bruno Contador Cruzat¹, Constanza Agüero González¹, Pablo Solano Palma², Francisco Fuentes-Villalobos¹

(1) Universidad de Concepción, Laboratorio de Inmunovirología, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Física, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Concepción, Chile

Abstract: El desarrollo en las últimas décadas de la microbiología espacial ha reabierto preguntas sobre el origen y los límites de la vida, dando nuevamente lugar a la

discusión sobre el transporte interplanetario de organismos dentro de cuerpos rocosos: la hipótesis de la litopanspermia. Para evaluar la tolerancia de bacterias conocidas frente a un entorno similar al espacio exterior, numerosas simulaciones se realizan en tierra replicando sus condiciones. En este contexto, el vacío del espacio es uno de los estresores más desafiantes para las estructuras orgánicas, y pocos estudios se han realizado evaluando directamente sus efectos. El proyecto ESCAPE (UDEC) ha puesto a disposición una cámara de alto vacío, diseñada para la exposición de microorganismos a presiones mínimas, de aproximadamente 1×10^{-7} mbar, similares a las de la órbita terrestre lejana (LEO). Nuestro trabajo ha estandarizado una metodología útil para estudiar la viabilidad celular y cambios morfológicos en diferentes bacterias extremotolerantes utilizadas como organismos modelo en astrobiología, exponiendo *Deinococcus aquaticus* UDEC PI a 24 horas de vacío. A través de técnicas para estimar el número de unidades formadoras de colonias (UFC/ml), curvas de crecimiento (OD600), junto a microscopía TEM y SEM, para muestras de control y tratadas, los resultados demuestran que las bacterias expuestas pueden resistir parcialmente el vacío durante cortos periodos, manteniéndose cultivables, aunque con una disminución en el número de células viables, mostrando signos de cambio en sus superficies. Además, se describió la producción de cuerpos de inclusión, aportando en conjunto, nueva evidencia sobre la tolerancia de microorganismos a condiciones espaciales, contribuyendo a la discusión sobre la panspermia y reforzando la necesidad de continuar investigando la tolerancia de organismos a condiciones espaciales.

Keywords: Astrobiología, Litopanspermia, Vacío espacial, Viabilidad bacteriana, *Deinococcus*



UNA ACTINOBACTERIA PORTEÑA AISLADA DE LA PLAYA TORPEDERAS EN VALPARAÍSO: INGENIERÍA RACIONAL DE PROMOTORES

Thomas Dacal^{1,2}, Andrés Cumsille^{1,2}, Fernanda P. Claverías^{1,2}, Agustina Undabarrena^{1,2}, Eduardo Sánchez-Carvajal^{1,2}, Nestor Serna-Cardona^{1,2}, Richard Covarrubias-López³, Jorge Olivares-Pacheco³, Beatriz Cámara^{1,2}

(1) ActinoLab USM, Center of Biotechnology “Daniel Alkalay Lowitt” & Department of Chemistry, Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, 2390136 Valparaíso, Chile.

(2) Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123 Valparaíso, Chile.

(3) Grupo de Resistencia Antimicrobiana en Bacterias Patógenas y Ambientales, GRABPA, Instituto de Biología, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

La aparición de bacterias resistentes a antimicrobianos ha sido una preocupación para la salud pública en la última década, llevando a la búsqueda de medidas urgentes de control y prevención. En este sentido, bacterias de la clase actinomycetes, en específico el género *Streptomyces*, ha sido reconocido como uno de los taxones más prolíficos para el descubrimiento de productos naturales bioactivos, sin embargo, el redescubrimiento de productos naturales ya existentes sigue siendo un desafío en la búsqueda de nuevos antimicrobianos.

Enfoques recientes señalan la búsqueda de actinomycetes en nuevos nichos no explorados en conjunto con enfoques ómicos para el descubrimiento de nuevas moléculas. Bajo el alero anterior nuestro laboratorio ha aislado *Streptomyces* sp. VS4-2, una actinobacteria aislada desde las zonas submareales cercanas a la playa Torpederas en Valparaíso. Ensayos

anteriores de inhibición han revelado actividad contra un panel de distintas gram positivas y gram negativas de relevancia clínica, una de ellas *Acinetobacter baumannii*, patógeno oportunista nosocomial reconocido por su alta adquisición de genes de resistencia.

Estudios preliminares in silico e in vitro apuntan a un grupo de genes biosintéticos presente en *Streptomyces* sp. VS4-2 como responsables de la síntesis de esta molécula antimicrobiana, producida de manera específica, de estrecha relación con la familia de las xantonas y activa contra cepas multirresistentes de *Acinetobacter baumannii* aisladas del metro de Valparaíso. Perspectivas futuras de este trabajo apuntan a relacionar los genes biosintéticos con el producto antimicrobiano como así aumentar su producción basado en la ingeniería de promotores.

Keywords: natural products, genome mining, BGC, resistance, biología molecular

Financing: ANID-Subdirección de Capital Humano/Doctorado Nacional/2024-21240677ANID-Fondecyt-Regular-1221264ANID-Milenio-NCN2023_054.

Acknowledgments: Centro de biotecnología Daniel Alkalay Lowitt

RESPUESTA DE LAS COMUNIDADES RIZOBACTERIANAS DE PLÁNTULAS Y PLANTAS EN FLORACIÓN DE LUPINO (*LUPINUS LUTEUS*) TRATADAS CON CHOQUES TÉRMICOS DE CORTA DURACIÓN

Pablo Pérez-Courbis^{1,3}, Tamara Valenzuela^{1,3}, Giovanni Larama², Haroldo Salvo², Jacqueline Acuña¹, Milko Jorquera¹

(1) Laboratorio de Ecología Microbiana Aplicada (EMALAB), Departamento de Ciencias



Químicas y Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, Ave. Francisco Salazar 01145, Temuco, Chile

(2) Centro de Genómica Nutricional Agroacuícola (CGNA), Las Heras 350, Temuco, Chile

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

Como resultado del Cambio Climático, olas de frío y calor afectando los cultivos agrícolas en diferentes regiones del globo son reportadas periódicamente. En este contexto, lupino es cultivado por su alto contenido proteico para consumo humano y animal, sin embargo, el efecto de olas de calor sobre las plantas y su microbiota no ha sido investigado hasta ahora. En este estudio, se exploró la respuesta de la comunidad rizobacteriana a choques térmicos de corta duración (39°C por 2h en 3 días consecutivos) en plántulas y plantas en floración de dos variedades de lupino amarillo (*Lupinus luteus*), comercial (core 195) y parental (core 78). Se observó que los choques térmicos significativamente disminuyeron la riqueza (OTUs observados) y la alfa diversidad (índice Shannon) bacteriana en ambas variedades, particularmente en plantas en floración. Sin embargo, diferencias en beta diversidad y estructura taxonómica, predominadas por las filas Pseudomonadota y Actinobacteria, de las comunidades rizobacterianas fueron principalmente atribuidas al estado fenológico de las plantas más que al tratamiento térmico. Funciones asociadas con quimioheterotrofia y ureolisis fueron principalmente predichas en las comunidades rizobacterianas, independiente de la variedad, estado fenológico y tratamiento térmico. Finalmente, el análisis de redes de co-ocurrencia reveló cambios en la conectividad y estabilidad en las comunidades bacterianas de plantas expuestas a choques térmicos respecto a los controles. Coincidentemente, la presencia en ambas variedades de "hubs"

atribuidos a Xanthobacteraceae en plantas tratadas con choques térmicos sugiere un papel clave de esta familia en la interacciones bacterianas durante condiciones de estrés térmico.

Keywords: comunidades bacterianas, *Lupinus luteus*, rizósfera, estrés térmico

Financing: Proyectos FONDECYT (Nos. 1221228 and 1240602) y Programa de Fortalecimiento al Desarrollo Científico de Centros Regionales (code R20F0003).

EXPLORACIÓN GENÓMICA Y OPTIMIZACIÓN DE MICROCULTIVOS PARA LA SELECCIÓN TEMPRANA DE STREPTOMYCES MARINAS CON ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA CONTRA EL PATÓGENO DE PECES EDWARDSIELLA ANGUILLARUM

Eduardo Martínez-Matus^{1,2,3,4}, Eduardo Sánchez-Carvajal^{1,2}, César Ortega-Santana⁵, Ruben Avendaño-Herrera^{3,4,6}, Beatriz Cámara^{1,2}

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Centro de Biotecnología "Daniel Alkalay Lowitt", Avenida España 1680, 2390136, Valparaíso, Chile

(2) 2Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso, Chile

(3) Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Laboratorio de Patología de Organismos Acuáticos y Biotecnología Acuicola, Viña del Mar, Chile

(4) Universidad Andrés Bello, Centro Interdisciplinario para la Investigación en Acuicultura (INCAR), Viña del Mar, Chile

(5) Universidad Autónoma del Estado de México, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, Toluca, México

(6) Universidad Andrés Bello, Centro de



Investigación Marina Quintay (CIMARQ),
Quintay, Chile

El uso de antibióticos en la acuicultura podría favorecer la selección de patógenos resistentes, reduciendo la eficacia del tratamiento y haciendo necesario desarrollar estrategias terapéuticas alternativas. En este contexto, las bacterias del género *Streptomyces* representan una valiosa fuente de metabolitos secundarios, en su mayoría aún no caracterizados. Sin embargo, los métodos convencionales de prospección presentan limitaciones en tiempo, volumen y redescubrimiento de compuestos conocidos. En este estudio, combinamos la exploración genómica con un sistema de microcultivos para la selección temprana de aislados de *Streptomyces* marinas con actividad antibacteriana contra *Edwardsiella anguillarum*, un patógeno emergente a nivel mundial que afecta a tilapia.

Primero, se analizó la diversidad biosintética de 30 genomas previamente aislados en las costas de Chile, construyendo una red de similitud de grupos de genes de biosíntesis (BGCs). Se identificaron seis aislados con BGCs homólogos (>40 % de similitud) a los asociados con la biosíntesis de tetraciclinas. Posteriormente, se optimizó un sistema de microcultivo en placas de 24 pocillos, evaluando ocho medios de cultivo y tres tiempos de incubación a 30 °C y 250 rpm. Los sobrenadantes fueron extraídos con acetato de etilo y la actividad antibacteriana se evaluó mediante microdilución en caldo Muller-Hinton. De los 192 extractos, seis presentaron actividad contra *E. anguillarum*. Destacando los extractos E41 (*Streptomyces* sp. IpFD-1.1, 53 % ± 2.12 de inhibición), F62 (*Streptomyces* sp. CHC16, 45 % ± 0.70), y C16 (*Streptomyces* sp. VB1, 43 % ± 7.31). Estos resultados validan la integración de herramientas genómicas y microcultivos como estrategia para identificar *Streptomyces* productoras de compuestos

antibacterianos con potencial aplicación en animales.

Keywords: Compuesto antimicrobiano, Productos naturales, Metabolitos secundarios, Acuicultura

Financing: Agradecemos el apoyo financiero de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Chile a través de los proyectos ANID-Fondecyt-Regular-1221264, ANID-Milenio-NCN2023_054, FONDAP-ANID 1523A0007 y ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21232432.

“POTENCIAL ANTIMICROBIANO DE UN INUSUAL SUPERCLÚSTER BIOSINTÉTICO EN *STREPTOMYCES* SP. VB1, DE LA BAHÍA DE VALPARAÍSO”

Karla Penton^{1,2}, Néstor J. Serna-Cardona^{1,2}, Mauricio Osorio¹, Melissa González-Sanabria³, Jonathan Parra^{3,4}, Beatriz P. Cámara^{1,2}

(1) ActinoLab USM, Centro de Biotecnología “Daniel Alkalay Lowitt” y Departamento de Química, Universidad Técnica Federico Santa María, Avenida España 1680, 2390136 Valparaíso, Chile.

(2) Núcleo Milenio de Bioproductos, Genómica y Microbiología Ambiental (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123 Valparaíso, Chile.

(3) Centro Nacional de Innovaciones Biotecnológicas (CENIBiot), Programa CeNAT, Consejo Nacional de Rectores (CONARE), San José 1174-1200, Costa Rica.

(4) Centro de Investigaciones en Productos Naturales (CIPRONA), Universidad de Costa Rica, San José 11501-2060, Costa Rica.

La creciente amenaza de la resistencia antimicrobiana impulsa la búsqueda de nuevas moléculas bioactivas, destacando



a las actinobacterias marinas, en particular del género *Streptomyces*, como prolíficas productoras de antibióticos clínicamente relevantes. Una vía prometedora para enfrentar este desafío es la exploración de combinaciones sinérgicas de antimicrobianos, que en bacterias pueden originarse a partir de arreglos genómicos que coagrupan clústeres de genes biosintéticos (BGCs), conocidos como superclústeres. Mediante un enfoque genómico-metabolómico para la priorización de BGCs en actinobacterias marinas, recientemente identificamos en *Streptomyces* sp. VBI un inusual superclúster [1], que integra los BGCs responsables de la biosíntesis de al menos cuatro metabolitos de distintas familias de antimicrobianos. Para evaluar su potencial biosintético, la bacteria se fermentó durante 10 días, monitoreando cada 24 h el crecimiento, la producción de metabolitos mediante dos métodos de extracción y la actividad antimicrobiana frente a 5 bacterias modelo en ensayos de inhibición en agar y microplacas. Desde las 48 h de fermentación se detectó la co-producción de arilomicina, globomicina y siamicina, mantenida en el tiempo, y con un máximo al día 5. Los análisis de desreplicación sugieren la presencia de análogos novedosos dentro de estas familias. Además, los extractos orgánicos mostraron inhibición marcada frente a bacterias Gram positivas, particularmente *M. smegmatis*, y actividad significativa contra *Escherichia coli* en los días 5–6, incluso con extractos crudos a 50 µg/mL. En conjunto, estos hallazgos sugieren de un potencial mecanismo de acción sinérgico entre ellos, resaltando el potencial biotecnológico de *Streptomyces* sp. VBI como fuente de combinaciones antimicrobianas de valor terapéutico.

Referencias:

[1] Serna-Cardona, N., Zamora-Leiva, L., Sánchez-Carvajal, E., Claverías, F. P., Cumsille, A., Pentón, K. A., Vivanco, B., Tietze, A., Tessini, C.,

Cámara, B. (2024). *Front. Microbiol.* 15:1463911.

Keywords: superclúster de genes biosintéticos, actividad antimicrobiana sinérgica, *Streptomyces* sp. VBI, actinobacterias marinas, resistencia antimicrobiana

Financing: Este trabajo fue financiado por los proyectos: ANID-Fondecyt Regular 1221264, ANID-Subdirección de Capital Humano/Doctorado Nacional/2023-Nº21232059 y ANID-Milenio-NCN2023_054.

Acknowledgments: Agradecemos el financiamiento de ANID-Fondecyt Regular N°1221264, ANID-Doctorado Nacional N°21232059 y ANID-Milenio-NCN2023_054 (BioGEM). Agradecemos al ActinoLab USM, CB-DAL y CENIBiot-CeNAT (Costa Rica) por su apoyo científico, técnico y colaborativo.

EFECTO DE LA INTRODUCCIÓN DE VARIOVORAX EN LA COMUNIDAD BACTERIANA ENDOFÍTICA DE LA PROGENIE DE SEMILLAS DE LUPINUS LUTEUS

Tamara Valenzuela^{1,3}, Pablo Pérez-Courbis^{1,3}, Jacquelinne Acuña¹, Haroldo Salvo², Milko Jorquera¹

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

(2) Centro de Genómica Nutricional Agroacuícola (CGNA), Las Heras 350, Temuco, Chile

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

Las semillas de lupino son una valiosa fuente de proteínas para alimentación humana y animal. En su cultivo, la germinación representa la



etapa crítica, donde el microbioma contenido en las semillas puede jugar un rol importante en el establecimiento y crecimiento de las plantas. Por otro lado, el uso de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) como bioestimulantes ofrece una estrategia sostenible para mejorar el rendimiento de los cultivos agrícolas. En este contexto, el género *Variovorax* ha mostrado un gran potencial como PGPB en diferentes cultivos. En este estudio, la cepa *Variovorax boronicumulans* 14.7, aislada de lupino (*Lupinus luteus*), se caracterizó genotípicamente en base a sus rasgos PGPB. Con esta información, se diseñaron cebadores para su detección y efecto sobre la comunidad endófito de la progenie de semillas. El diseño y uso de cebadores para el gen *cvpA* (proteína colicina V) permitió específicamente detectar *V. boronicumulans* 14.7 en la endosfera de semillas inoculadas mediante qPCR. Además, basado en la secuenciación masiva del gen 16S ARNr, la inoculación indujo cambios significativos en la comunidad bacteriana endófito, aumentando la riqueza y la diversidad bacteriana, confirmando su colonización y relevancia de *Variovorax* como modulador del microbioma de las semillas inoculadas. Nuestros hallazgos revelan la exitosa introducción, monitoreo y persistencia de *V. boronicumulans* 14.7 en semillas de *L. luteus*, ofreciendo una estrategia prometedora para el desarrollo futuro de semillas portadoras de cepas PGPB, como *Variovorax*.

Keywords: Bioestimulantes, Endosfera, Semillas, *Lupinus luteus*, *Variovorax*

Financing: Proyectos FONDECYT (Nos. 1221228 and 1240602) y Programa de Fortalecimiento al Desarrollo Científico de Centros Regionales (code R20F0003).

Acknowledgments: Agradecimientos a la Beca de Doctorado ANID nro. 603895, "CGNA, Centro de Genómica Nutricional Alimentaria Agroacuicola", proyecto FONDECYT no. 1240602 y 1221228, ICN2021_044

EJE VITAMINA B12-MRP-5 EN LA NEUROPROTECCIÓN INTER- Y TRANSGENERACIONAL DE *C. ELEGANS*

Gabriel Agustín Ibañez Velasquez^{1,2}, Marcela Serey^{1,2}, Uxue Ramirez^{1,2}, Andrea Calixto^{1,2}

(1) Universidad de Valparaíso, Biología, Facultad de Ciencias, Av. Gran Bretaña 1091, Valparaíso, Chile

(2) Centro Interdisciplinario de Neurociencias, Neurociencias, Facultad de Ciencias, Av. Gran Bretaña 1091, Valparaíso, Chile

La vitamina B12 (cobalamina), cofactor esencial en el ciclo de la metionina y en la degradación de propionato, participa en la salud neuronal y en procesos de metilación del ADN. En *Caenorhabditis elegans*, hemos observado que la suplementación dietaria con B12 protege de la neurodegeneración a los mutantes *mec-4d*, un modelo establecido para estudiar la degeneración de las neuronas mecanosensoriales (Touch Receptor Neurons, TRN), y que esta protección se mantiene durante al menos dos generaciones, disminuyendo en descendencias más lejanas, lo que sugiere un fenómeno de herencia inter- y transgeneracional. Planteamos que esta neuroprotección puede deberse a (i) su transporte directo a la progenie a través del transportador ABC MRP-5 o (ii) una programación epigenética establecida en respuesta a la vitamina.

Para abordar esta hipótesis, evaluaremos mutantes *mec-4d* combinados con deleciones o interferencia por RNAi de *mrp-5* para determinar la dependencia del transporte de B12, seguiremos la integridad de las TRN en líneas P0-F3 alimentadas o no con B12 mediante microscopía de fluorescencia para cuantificar el decaimiento de la protección, y realizaremos análisis epigenéticos exploratorios, midiendo la expresión de genes



de metilación y remodelamiento de cromatina, así como la participación de factores de herencia de ARN pequeños como hrde-1 y znfx-1. Este enfoque permitirá dilucidar si la vitamina B12 actúa únicamente como nutriente transportado o como desencadenante de una memoria epigenética que favorece la salud neuronal a lo largo de generaciones.
Keywords: Microbiota, Comunicación Interspecie, RNAi, Metabolitos, C. elegans
Financing: Proyecto Fondecyt Regular N°1220650

Acknowledgments: Agradezco al laboratorio Gusano de la facultad de Ciencias de la Universidad de Valparaíso, por abrirme las puertas y permitirme desarrollar este proyecto, cuya pregunta me tiene muy intrigado y emocionado.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD DE LOS HEMICANALES FORMADOS POR CONEXINA 30

Catalina Nova Guillen¹, Juan Carlos Sáez¹, Anibal García¹

(1) Universidad de Valparaíso, Ciencias, Av. Gran Bretaña 1111 Playa Ancha. Valparaíso, Chile, Valparaíso, Chile

La conexina 30 (Cx30) es una proteína transmembrana que participa en la comunicación intercelular mediante la formación de hemicanales (HCs) y canales de unión gap. Su función se ha descrito en tejidos como piel, riñón, oído interno y sistema nervioso central, aunque los mecanismos que regulan la apertura de los HCs siguen poco caracterizados. La mayoría de estudios se han realizado en oocitos de *Xenopus*, con menor evidencia en células en cultivo. En este trabajo se evaluó la actividad de hemicanales

formados por Cx30 bajo estimulación con concentraciones elevadas de K⁺ extracelular. Se utilizaron células HeLa Cx30 y HeLa Cx45 KO transfectadas transitoriamente con Cx30-mCherry, analizadas a las 40 horas post-transfección. La actividad de los HCs se midió mediante ensayos de captación de DAPI (+2) en microscopía de epifluorescencia. Como control positivo se usó una solución libre de cationes divalentes (DCFS). Posteriormente, las células fueron expuestas a una solución alta en K⁺ (50 mM) y se aplicó lantano (La³⁺) como bloqueador de referencia.

La exposición a DCFS o a K⁺ elevado incrementó la captación de DAPI, evidenciando apertura y funcionalidad de los HCs en células que expresan Cx30. La estimulación con K⁺ en condiciones de DCFS potenció la captación, mientras que La³⁺ redujo la señal. Estos hallazgos sugieren que la ausencia de cationes divalentes y la despolarización favorecen la apertura de hemicanales.

Los resultados muestran que los HCs de Cx30 son sensibles a DCFS y a estimulación con K⁺ elevado, lo cual podría ser relevante en procesos fisiológicos y patológicos.

Keywords: Conexina 30, Hemicanales
Acknowledgments: Agradecimientos: ANID 1231523, (J.C.S)

EXPRESIÓN Y REGULACIÓN DEL REPRESOR TRANSCRIPCIONAL TGIF1 DURANTE LA OSTEOGÉNESIS EN XENOPUS TROPICALIS.

Fabiana Vivar¹, Japhet Rojas¹, Héctor Castillo¹, Marco Mundaca¹, Lefney Cumilaf¹, Sylvain Marcellini¹

(1) Universidad de Concepción, Grupo de



Procesos del Desarrollo (GDeP), Departamento de Biología Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

Contexto: Tgifl (TG-interacting factor 1) es un represor transcripcional con Homeodominio recientemente relacionado con migración osteoblástica y remodelación ósea en modelos murinos. Sin embargo, a la fecha, su regulación transcripcional y dinámica de expresión spatiotemporal durante la osteogénesis no han sido caracterizadas. Metodología: Se trabajó con embriones (NF18–NF32) y larvas (NF54–NF60) del organismo modelo anfibio *Xenopus tropicalis*. A nivel temporal, la expresión y regulación de tgifl se examinaron mediante RNA-Seq y ATAC-Seq respectivamente. Para lograr una resolución espacial se empleó la técnica de hibridación in situ fluorescente (HCR). Resultados: Los ensayos de HCR detectaron expresión de tgifl a nivel del eje anteroposterior de los embriones en desarrollo, así como de la vesícula ótica y de las células endodermias. En cráneos larvales en proceso de cierre, observamos presencia de transcritos en osteoblastos maduros, pero no en mesénquima osteogénico, revelando una activación transcripcional durante la diferenciación. El RNA-Seq confirmó esta expresión ósea, mientras que el ATAC-Seq identificó dos enhancers hueso-específicos proximales conservados en ranas del género *Xenopus*. Conclusiones y perspectivas: El gen tgifl es pleiotrópico y presenta una expresión dinámica en múltiples tejidos durante el desarrollo. Este estudio es el primero en caracterizar la activación transcripcional de tgifl durante la diferenciación osteoblástica. La presencia de enhancers óseos proximales, combinados a las ventajas experimentales del modelo *Xenopus*, ofrecen una oportunidad única para estudiar funcionalmente la regulación osteogénica de tgifl mediante tecnología CRISPR-Cas9 y reporteros transgénicos.

Keywords: *Xenopus tropicalis*, Osteogénesis, Expresión génica, Regulación transcripcional, Tgifl

Financing: Financiamiento: FONDECYT 1241095.20

CARACTERIZACIÓN DEL FOSFOPROTEOMA DE FAGOCITOS DE SALMÓN INFECTADOS CON LA BACTERIA INTRACELULAR RENIBACTERIUM SALMONINARUM: UNA ESTRATEGIA PARA LA SELECCIÓN DE BLANCOS TERAPÉUTICOS DEL HOSPEDERO CONTRA BKD

Ignacio Chávez^{1,2}, Francisca Vera^{1,2}, Felipe Galdamez¹, Madelaine Mejías^{1,3,4}, Andrea Talamilla^{1,2}, Rodrigo Pulgar¹

- (1) Universidad de Chile, Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas, Instituto de Nutrición y tecnología de los alimentos, El Libano 5524, Santiago, Chile
- (2) Universidad de Chile, Doctorado de Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Ciencias Agrícolas, Santiago, Chile
- (3) Universidad Mayor, GEMA Center for Genomics, Ecology and Environment, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Santiago, Chile
- (4) Universidad Mayor, Programa de Doctorado en Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Santiago, Chile

Chile es uno de los principales productores de salmón a nivel mundial, sin embargo, se registran importantes pérdidas debido a mortalidades causadas por enfermedades infecciosas en la industria. La enfermedad bacteriana del riñón (BKD) es una de estas patologías, y es causada por la bacteria intracelular *Renibacterium salmoninarum*. Las actuales medidas para controlar BKD no



son eficientes ni sustentables, enfocándose en terapias antibióticas dirigida al patógeno (PDAD), las que promueven la emergencia de resistencia antimicrobiana (RAM). En respuesta a esto, han emergido las terapias dirigidas al hospedero (HDT), las que buscan intervenir vías del hospedero relevantes para que la bacteria logre desarrollar la infección. La dificultad de implementar estas estrategias radica en el desconocimiento de dichas vías, muchas de ellas particulares para cada infección. Afortunadamente, existe una amplia investigación en esta línea para la tuberculosis, una enfermedad producida por la bacteria *Mycobacterium tuberculosis*, filogenéticamente relacionada con *Renibacterium salmoninarum*, donde se han identificado vías y quinasas del hospedero que son modulados por el patógeno, a través de técnicas ómicas, como el fosfoproteoma. En este proyecto se realizó un análisis del fosfoproteoma de un hospedero fagocítico de salmón SHK-1 estimulados con *Renibacterium salmoninarum* y una versión de la bacteria inactivada. Se identificaron dos quinasas que se ven exclusivamente más fosforilados en presencia de la bacteria *Renibacterium salmoninarum* activa, las cuales son proteína quinasa C y la Serine/threonine proteína quinasa, La Ca²⁺/calmodulina proteína quinasa II, además de identificarse vías asociadas a la regulación de actina citoesquelética, donde quinasas como la tirosina quinasa no receptora src, la CSKII, MYLK, ROCK y MAPK, tienen un rol central. Esta aproximación es relevante para el entendimiento de la infección de *Renibacterium salmoninarum* y nos indican componentes del hospedero relevantes para el éxito de la infección del patógeno.

Keywords: *Renibacterium salmoninarum*, BKD, Infección intracelular, Quinasas, Fosfoproteoma
Financing: Fondecyt regular #1221848 Proyecto de exploración #13240202 Beca de Doctorado Nacional ANID Folio 21242326

BIOPROSPECCIÓN DE ACTIVIDADES ENZIMÁTICAS DE INTERÉS INDUSTRIAL EN LEVADURAS AISLADAS DEL ALTIPLANO CHILENO.

Maximiliano Coche-Miranda¹, Jennifer Alcaíno¹, Claudio Veloso¹, Marcelo Baeza¹

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

En la última década ha aumentado la búsqueda de enzimas microbianas que reduzcan la temperatura de procesos industriales y el consumo energético. Es por esto, que se ha puesto énfasis en el estudio de levaduras provenientes de ambientes fríos, que han adquirido adaptaciones claves, como la producción de enzimas activas en frío, que les han permitido colonizar estos ambientes. Estas enzimas tienen potencial aplicación biotecnológica en las industrias farmacéutica, alimentaria, papelería, entre otras. El Altiplano chileno es un ambiente extremo con variaciones térmicas diarias que pueden oscilar entre 30°C y -10°C, y que hemos bioprospectado como grupo de trabajo en busca de levaduras. El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis bioinformático de genomas de levaduras aisladas del Altiplano Chileno con el fin de identificar secuencias codificantes para enzimas celulasas, fitasas y xilanasas.

Mediante Augustus se predijeron los CDS, y las secuencias traducidas in silico fueron comparadas con la base de datos Swissprot mediante BLASTp. Las estructuras tridimensionales de secuencias seleccionadas fueron predichas utilizando Swiss-model. Parámetros asociados a flexibilidad de proteínas, tales como número de puentes de hidrógeno y superficie apolar expuesta a solvente fueron determinadas usando



ChimeraX.

Se encontraron secuencias asociadas a celulasas, fitasas y xilanasas en los genomas de levaduras provenientes del Altiplano Chileno. Se seleccionaron 3 secuencias candidatas para cada actividad enzimática por su mayor flexibilidad predicha, característica asociada a enzimas activas en frío, y fueron enviadas a sintetizar a para posterior expresión en *Saccharomyces cerevisiae*.

Keywords: Levaduras, Enzimas, Altiplano

Financing: Fondecyt 1230427

Acknowledgments: Beca de Apoyo a la Excelencia de Postgrado de la Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

CARACTERIZACIÓN DE LA INFECCIÓN DE PISCIRICKETTSIA SALMONIS EN FAGOCITOS DE SALMÓN DEL ATLÁNTICO MEDIANTE INTEGRACIÓN MULTIÓMICA.

Francisca Vera Tamargo¹, Andrea Talamilla¹, Christian Hodar², Rodrigo Pulgar¹

(1) Universidad de Chile, Laboratorio de Genómica y Genética de Interacciones Biológicas (LG2IB), Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), El Líbano 5524, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica (LBEG), Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), El Líbano 5524, Santiago, Chile

La septicemia rickettsial salmonídea (SRS), causada por la bacteria *Piscirickettsia salmonis*, es una amenaza para la salmonicultura en Chile. La limitada eficacia de los tratamientos actuales y la creciente resistencia a los antibióticos requieren del desarrollo de nuevas

estrategias, como las terapias dirigidas al hospedero (HDT), cuyo diseño depende de una comprensión profunda de la respuesta a la infección. Este estudio usa un enfoque multiómico para comprender la respuesta de fagocitos de salmón a la infección e identificar nuevos blancos terapéuticos. Este proyecto combinó datos de transcriptómica y proteómica cuantitativa de fagocitos de salmón, infectados con *P. salmonis* activa e inactivada, en etapas tempranas y tardías de la infección. Se utilizó un análisis MOFA (análisis de factores multiómicos) para integrar ambos conjuntos de datos. Este análisis reveló un factor principal que diferencia la respuesta a la bacteria activa de la del control. La infección activa provoca un cambio de estado celular que no vuelve a la normalidad con el tiempo, a diferencia de la respuesta a la bacteria inactivada. Se observó una supresión de vías de biosíntesis (como la síntesis de ARN y la maquinaria ribosomal) y una activación de procesos de defensa (como la vía del lisosoma y la inflamación). Además, se identificó una reprogramación del metabolismo energético, con cambios en el metabolismo de carbohidratos y la biosíntesis de terpenoides. Estos hallazgos sugieren que las rutas metabólicas afectadas son potenciales blancos terapéuticos de HDT. Esto podría ofrecer una alternativa a los antibióticos para combatir SRS.

Keywords: Infección intracelular, terapias dirigidas al hospedero, Integración multi-ómica, Septicemia Rickettsial Salmonídea (SRS)

Financing: Fondecyt regular #1221848 Proyecto de exploración #13240202 Beca doctorado nacional #21222070



INTEGRACIÓN MECANOSENSORIAL ENTRE PIEZO1 Y HEMICANALES EN LAS CÉLULAS DE SOPORTE DEL OÍDO INTERNO

Agustin Martinez¹, Cindel Figueroa Cares¹, Fanny Ahumada¹, Joel Novoa¹, Felipe Ramirez¹, Carolina Tolosa¹, Jaime Maripillán¹

(1) Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso, Instituto de Neurociencia, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Instituto de Neurociencia, Ciencias, Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

Connexin26 (Cx26) and Pannexin1 (Panx1) form hemichannels and gap junctions. These structures facilitate intercellular communication, which is essential for auditory physiology and for the organ of Corti (OC) where mechanotransduction occurs. Mutations in the gene encoding Cx26 are one of the main causes of hereditary deafness, underscoring the importance of these proteins. However, it remains unknown whether these channels are regulated by sound or mechanical stimuli in the OC. The Piezo1 (Pz1) channel transduces mechanical stimuli such as sound and is essential for hearing. Current research suggests that Pz1 is endogenously expressed in the OC, along with Cx26 and Panx1, but it is not known whether they interact functionally. The aim of this study is to analyze whether Pz1 interacts with Cx26 or Panx1 hemichannels to better understand the molecular mechanisms underlying hearing. Pz1 is a cation channel that, upon activation, allows the passage of ions such as Ca^{2+} ; therefore, its activation could regulate the activity of Connexin and Pannexin hemichannels, which are triggered by increases in intracellular Ca^{2+} . To explore these interactions, we will use techniques for detecting cytosolic Ca^{2+} signals with Fluo4-AM, ethidium uptake assays, and specific pharmacology for Pz1, Panx1, and Cx26.

Keywords: Connexin, Pannexin, Piezo, Organ of Corti, Hearing

Financing: FONDECYT N° 124-1048 Exploración N° 13240159

Acknowledgments: Magister en Neurociencia Universidad de Valparaíso Centro Interdisciplinario de Neurociencia de Valparaíso (www.cinv.cl)

QUIMERISMO COMO ESTRATEGIA EVOLUTIVA PARA LA RESILIENCIA BIOLÓGICA

Alejandra Gonzalez¹, Fadia Tala²

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

(2) Universidad Católica del Norte., Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Algas y otros Recursos Biológicos (CIDTA), Facultad de Ciencias del Mar, Instituto Milenio en Socioecología Costera (SECOS), Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

El paradigma dominante en resiliencia biológica postula individuos unigenéticos optimizados. Sin embargo, la coexistencia de linajes genéticos distintos dentro de un mismo organismo, una quimera, cuestiona si la selección natural actúa sobre organismos integrados o sobre módulos genéticamente diferenciados. Documentado en hongos, plantas, algas, invertebrados y vertebrados, el quimerismo parece ser una estrategia evolutiva conservada que aporta beneficios adaptativos: mayor sobrevivencia, crecimiento, fecundidad y resistencia al estrés. Cuyos costos en animales se asocian a conflictos inmunitarios e inestabilidad del desarrollo, mientras que en plantas y algas tiende a ser más estable y ventajoso. En los bosques de macroalgas pardas de Chile, el quimerismo



es frecuente (33–100%), generando un disco genéticamente heterogéneo y frondas unigenéticas. Esta diferencia espacial conjuga diversidad funcional en la base con uniformidad en el dosel, favoreciendo respuestas adaptativas ante fluctuaciones térmicas, acidificación y perturbaciones físicas, sosteniendo mayores servicios ecosistémicos. Reconocer el quimerismo como estrategia emergente representa un avance conceptual para ecología y evolución: desplaza la noción de individuo homogéneo hacia quimeras, cuyos genotipos contribuyen colectivamente a la resiliencia. Esto sugiere que la unidad de selección y éxito adaptativo pueden operar en múltiples niveles (desde linajes celulares hasta poblaciones), y que la persistencia frente al cambio global depende tanto de la diversidad entre individuos como de la diversidad dentro de ellos. Así integrar el quimerismo en marcos teóricos y aplicados permitirá mejorar modelos de adaptación, orientar restauración basada en diversidad funcional interna, y focalizar investigaciones sobre los mecanismos epigenéticos y fisiológicos que median la cooperación entre genotipos.

Keywords: Quimeras, evolución, resiliencia, adaptación, macroalgas

Financing: Financiamiento: FONDEF ID20110167, Packard (2021- 73304) y (2024-76453)



ÍNDICE

A

Abarca, K - 95
Abarca González, P - 201
Abril, D - 45
Acevedo Ahumada, P - 201
Acuña Reyes, E - 150
Aguayo León, N - 185
Ahumada Sánchez, M - 82
Ahumada Tapia, S - 52, 56
Aladro, A - 6, 197
Alarcón Riveros, M - 111
Alegre Valencia, Y - 173
Alejandra Ávalos Ramos, M - 85
Alejandra Inostroza Correa, M - 121
Alejandra Lara Escobar, M - 43
Alfaro Romero, D - 57
Alfaro Vergara, C - 125
Allende Vallejo, D - 69
Aluicio-Gonzalez, A - 109
Alvarado Utreras, M - 199
Alvarez Saavedra, E - 8
Alzugaray Ponce, C - 7
Anaya Garcia, A - 90
Andrea Crocco Valdivia, A - 72
Andrea Duran Fontecilla, M - 85
Andrea López Freire, P - 4
Angulo, R - 116
Antico, F - 149
Antonia Valenzuela Bacho, B - 71
Antonio Álvarez Sepúlveda, F - 118
Aparicio Molina, C - 33
Aracelly Bustamante Ruiz, H - 112
Arancibia, L - 173
Arancibia, M - 202
Arancibia, S - 95
Araneda Guirriman, C - 196
Aravena Poblete, M - 184
Araya, I - 148
Araya, L - 156
Araya, V - 91
Araya Caro, N - 125

Araya Piñones, A - 8, 78, 153, 192
Arenas Arenas Perez, X - 132
Armijo, B - 95
Armijo Reyes, A - 187
Arriagada, E - 146
Arriagada, R - 36
Arriagada Sickinger, C - 88
Arzola Montecinos, G - 199
Aurora Araneda Guirriman, C - 81

B

Báez, T - 36
Barahona Gamboa, H - 44
Barría Subiabre, D - 60
Barrientos Acevedo, D - 74
Barros Celume, S - 163
Bastidas Navarrete, C - 5
Belén Lucero, R - 50
Belmar, C - 22
Bernales, M - 113
Bernat Rubilar, S - 110
Bolívar, C - 199
Boll Henríquez, V - 12
Bórquez, P - 121
Bravo, L - 29
Bravo Viveros, S - 51
Briones Labarca, V - 78, 192
Brito Peña, A - 191
Bruna Larenas, T - 158
Bustos Meneses, X - 184

C

Cáceres, M - 84
Calderon-Orellana, M - 195
Cañas, J - 104
Cancino Carrasco, R - 150
Cárcel, L - 116
Cárdenas Marín, N - 9
Carillo Varela, I - 150
Carlos Rosillo-Villena, J - 174
Carolina Hurtado Rubio, M - 21
Carrasco Jeldres, K - 141
Carrasco Sepúlveda, N - 193



Carrera, K - 22
Carril, F - 143, 146
Carstens Riveros, C - 49, 70, 198
Carstens Vásquez, C - 138
Casado, A - 95
Castillo Espejo, C - 31
Castillo Haeger, C - 39, 181
Castillo Rubio, P - 129
Castro Silva, C - 82
Catalan Ramirez, D - 128
Catalina Castro González, A - 62
Cea Godoy, J - 7
Chamorro, M - 79
Chavez Toledo, A - 96
Chiappa, R - 189
Cid, J - 19
Cid Cid, E - 48
Cisternas, N - 76
Claros, S - 148
Comelin Fornes, A - 13
Concha Cisternas, Y - 102
Corrales Huenul, A - 86
Correa, C - 158
Correa Pérez, R - 33
Cortés, T - 202
Cortés, V - 120
Cortés Cortés, M - 48
Cortés Esquivel, A - 62
Cruzat Suárez, A - 106
Cuello, S - 62

D

Daniela Inzunza Ormeño, N - 118
de Armas Pedraza, T - 76
de los Angeles Miranda Bustamante, M - 169
de los Angeles Oyarzun Farias, M - 105
del Tránsito Sanhueza Lesperguer, E - 4
del Valle Mindiola Bracho, D - 131
Delgado-Vargas, K - 48
Delia Calderón López, A - 20
Denise Losinno, A - 112
Derrien, M - 156
Díaz, C - 35

Díaz, L - 157
Díaz Navarrete, P - 157
Díaz Ponce, G - 107
Dinamarca Gahona, P - 120
Donoso Carrasco, A - 93
Durán Fontecilla, M - 38
Duran-Aniotz, C - 104

E

Elena Gamboa Arancibia, M - 108
Eliana Villegas Cruces, P - 4
Elisa Vergara, M - 156
Enrique Gutiérrez Araujo, R - 71
Escobar, J - 36
Escudero Barichivich, V - 161, 162
Espinoza, T - 22
Espinoza Damiano, F - 7
Espinoza Tellez, T - 142
Espinoza-Vega, P - 200
Estay-Olea, D - 156
Esteban Bustos Salas, J - 4
Estrada, M - 22
Estrada Zapata, K - 57
Eugenia Soto Muñoz, M - 33
Eugenia Soto Quintana, M - 197
Eugenio Rubilar Medina, J - 28

F

Faret, F - 186, 189
Fauré Niñosles, J - 46
Fernández, P - 194
Fernández Olivares, P - 185
Ferrada Montecinos, P - 86
Fiedler Flores, S - 165
Figueroa, V - 194
Figueroa Ipinza, V - 185
Flores, B - 186, 189
Flores Meza, G - 41
Francica, C - 24
Freddy Gutiérrez Navarrete, C - 131



G

Gabriela Brantes Villegas, M - 130
Gabriela Morales Aguirre, K - 34
Gajardo, P - 146
Gallardo, M - 190
Gallardo González, M - 39, 181
Garai Morales, S - 68
Garcés Bustamante, J - 86
Garces Estrada, C - 13
García, A - 36
Garrido, N - 196
Garrido Rivera, A - 33, 66
Garrido-González, L - 41
Gentile, Y - 176, 177
Godoy, A - 64
Goic Borojevic, C - 98
Gómez Fernández, V - 11
Gomez-Uchida, D - 139
González, L - 156
González Aristegui, D - 70
Gonzalez Aristegui, D - 198
González Briones, X - 188, 201
Gonzalez Caut, D - 82
González Figueroa, D - 100, 122
González Rodríguez, R - 188
González Weil, C - 50
González-Véliz, C - 135
Grandon, D - 22
Guerra, D - 158
Guerraty Willrich, D - 145
Guevara Albornoz, M - 176, 177
Güilgüiruca Retamal, M - 84
Guzmán, D - 149

H

Henríquez, D - 157
Hermosilla, C - 149
Hernández Madrid, J - 110
Herrera, H - 78
Herrera Muñoz, N - 119
Herrera Soto, Y - 182
Hidalgo, C - 156
Huepe, D - 132

I

Idoiaga Mondragon, N - 58
Ignacia de Jesús Farías Araneda, F - 130
Ignacia Suazo Silva, L - 167
Igor Gaez, M - 182
Inostroza Bravo, V - 21
Inostroza González, C - 163
Isabel Campillay Caro, M - 124
Isla Canto, A - 168

J

Jaña Sepúlveda, A - 148
Jara Campos, R - 54
Jarur Muñoz, M - 200
Javier Núñez Romero, F - 43
Jiménez Ballon, D - 100, 122
José Cárcamo Schmeisser, M - 112
Juica Martínez, P - 138
Juyumaya, J - 80

K

Karmash Garcías, S - 68
Klingenberg, M - 35

L

Labraña Cancino, G - 45
Lagos Cerda, P - 51
Lagos Vasconcellos, E - 176, 177
Landaeta Sepúlveda, R - 168
Lara Alfaro, S - 88
Larrosa López, P - 202
Lazzaro-Salazar, M - 141
Leal, B - 29
Leal-Soto, F - 84
Legorburu, I - 58
Leiva, L - 28
Leiva Gomez, S - 13
López Molina, F - 27
Lourdes Campos, M - 78, 192
Luengo Montt, R - 188
Luis Prieto González, J - 71



M

Macarena Perez Medina, P - 85
Madrid Villegas, A - 112
Magaña, P - 60
Maldonado Catalán, M - 199
Mansilla, J - 90
Marcela Reyes Rivera, G - 142
Marcelo Yáñez Villouta, C - 131
María Calderón Jaramillo, A - 103
María Herrera Melin, A - 54
María Vielma Rivera, C - 66
Mariangel Carvajal, K - 133
Marín, N - 104
Marín Henríquez, V - 53
Marín Nanco, B - 39
Marín Nanco, B - 181
Marín-Quero, B - 133
Marisol Carrasco Dajer, C - 118, 130
Marroquín, V - 60
Martínez, C - 154
Martínez, S - 62
Martínez Galaz, C - 33, 46, 147
Martínez Oportus, X - 68
Martínez-Galaz, C - 77
Marysol Reyno Freundt, A - 85
Matamoras Figueroa, G - 192
Maturana Aguirre, Y - 38
Maturana Bravo, C - 100, 122
Matus, C - 155
Melo Letelier, G - 46
Mendoza, M - 186
Meneses-Meneses, E - 100, 122
Mery Quiroz, D - 125
Mieres Brevis, M - 5
Millar Barría, R - 167
Miranda, K - 22
Mireya Johnson Barella, D - 169
Monardes Versalovic, V - 73
Monsalves Bocaz, N - 64
Monserrat Villarroel Nuñez, V - 118
Montecinos Romero, I - 175
Montenegro, M - 77
Montenegro González, C - 25
Montenegro Venegas, I - 112

Montoya, C - 148
Montt, M - 188
Morales Delgado, P - 42
Morales Lillo, L - 110
Moyano Dávila, D - 29
Mujica, A - 59, 190
Mundaca, E - 141
Muñoz Hermosilla, Y - 184
Muñoz Pizarro, C - 32

N

Narváez Prosser, L - 86
Natalie Trefault Carrillo, N - 99
Navarro Tapia, S - 188
Niebles-Gutiérrez, A - 22
Niño Canales, N - 147
Norambuena Céspedes, M - 150
Novo Boza, C - 88
Novo-Boza, C - 171

O

Obreque, P - 172
Octavio Meirone Matus, N - 85
Oliva, C - 194
Oliva Gutierrez, C - 185
Olivares, D - 156
Orellana Roco, C - 131
Orrego-Améstica, B - 100, 122
Ortega, A - 194
Ortega Guzmán, A - 185
Ortiz, C - 61
Ortiz, F - 186
Osses Ritz, K - 161, 162
Otárola Benavides, F - 31
Otarola Benavides, F - 82

P

Pablo Amaya Placencia, J - 111
Paillacar, L - 194
Paillacar Silva, L - 185
Palacios Bezama, C - 52, 56
Palomera, P - 154



Palomera Rojas, P - 46, 77
Panesso, C - 36, 104
Parpaglione Schiappacasse, A - 82
Parra González, C - 60
Paz Martínez-Oportus, X - 90
Paz Rojas, M - 35
Paz Sandoval Guerrero, M - 199
Pedreros Peredo, J - 152
Peña Garrido, N - 82
Peñaloza, G - 196
Pereira Bustos, D - 150
Pereira Soto, M - 150
Pérez Cáceres, L - 182
Pérez Cortés, F - 36
Pérez González, V - 74
Perrot Tabilo, D - 126
Pinto, T - 75
Pinto-Wong, A - 58
Pizarro Tapia, C - 62
Ponce Santa Maria, E - 159
Porflitt, F - 36
Prieto Bravo, C - 98
Prieto Vásquez, C - 125

Q

Quijada Sánchez, D - 49, 70, 198
Quilodrán Durán, F - 55
Quintana Figueroa, C - 28
Quintana Figueroa, P - 28

R

Rabin, S - 84
Radovic, D - 136
Rafael Ramos Borges, O - 10
Ramon Urdaneta, J - 144
Ramond, Q - 61
Rebeca Matter Recabal, H - 179, 180
Reyes, V - 186
Reyes Muñoz, V - 189
Reyes Valenzuela, S - 150
Ríos Colmenarez, M - 69
Riquelme Navarro, C - 7
Riquelme Negrón, C - 89

Riquelme Pedreros, F - 152
Rivera, M - 155
Rivera Angulo, N - 110
Rivera-Rei, A - 132
Rodó Donoso, F - 15
Rodríguez, C - 22
Rodríguez González, L - 113
Rojas, A - 114
Rojas, C - 155
Rojas Campos, D - 106
Rojas Saperas, P - 145, 149
Rojas Zepeda, C - 152
Rojas-Rodríguez, B - 58
Rojo, G - 156
Romero, C - 108
Romero Zúñiga, N - 156
Ropert, T - 36
Rosario Pastenes Ponce, G - 81
Rosenkranz, A - 159
Rossana Vega Rojas, M - 131
Ruiz Díaz, J - 184
Ruiz Olivares, V - 31, 82

S

Salas Bravo, S - 153
Salazar Alvear, D - 38
Salazar Preisler, P - 112
Salgado Rojas, M - 44
San Martín, L - 6
San Martín Herrera, A - 129
Sánchez, C - 60
Sánchez Fierro, T - 183
Sánchez Hidalgo, D - 29
Sannazzaro, J - 143, 146
Santander, M - 149
Santander, P - 203
Sanzana Vallejos, G - 86
Sepúlveda, B - 95
Sepúlveda Sánchez, D - 186
Silva, M - 202
Silva Astorga, E - 107
Silva Ríos, A - 117
Snahueza Díaz, L - 187
Soledad Ascencio Cortés, M - 67, 182



Soledad Fernandez Murillo, M - 175
Soledad Vásquez Añazco, M - 164
Soler Santana, Y - 199
Solis Astorga, A - 199
Solsona Pairó, N - 46, 54
Soto Alvarado, S - 199
Soto Arriagada, A - 150
Soto Di Amesti, V - 132
Soto Hernández, V - 86
Sotomayor Castro, M - 111
Souza, J - 156
Stephan Manni Vega, F - 134
Stormezan Segovia, K - 79
Subero Pérez, K - 63

T

Teixeira Mendonca, R - 150
Tereucan, A - 97
Toro Ortiz, M - 17
Torres, P - 202
Torres Mesina, L - 166
Torrco Ávila, E - 14
Troncoso Ortega, L - 150
Troncoso Pantoja, C - 111

V

Valenzuela Nieto, G - 112
Vallejo, V - 36
Vargas Payera, S - 154
Vásquez Ortiz, C - 65
Vásquez-Doorman, C - 100, 122
Vecchio, G - 155
Vega Ramirez, L - 85
Vega Vega, P - 188
Venegas, B - 146
Verdugo Vergara, P - 98
Vergara, C - 144
Vergara Ramirez, T - 41
Vidal-Páez, P - 148
Vilches Ponce, K - 200
Villagra Acosta, V - 37
Villagrán Valenzuela, L - 7
Vio, O - 29

X

Xarys Rojas Vigueras, D - 197

Y

Yáñez Andrades, V - 163
Yáñez Valdés, C - 163

Z

Zúñiga Maldonado, D - 137





LXVIII

Reunión Anual

SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

AUSPICIA

