

LIBRO DE RESÚMENES



ECBVB2022 VI ENCUENTRO CIENTÍFICO BIOLOGÍA VEGETAL Y BIOTECNOLOGÍA

3 - 5 de agosto 2022



ORGANIZA:



DBVB
Doctorado en Ciencias
Mención Biología Vegetal y Biotecnología

AUSPICIA:



COMITÉ ORGANIZADOR

DOCENTES

Frida Piper

Erwan Michard

Pedro Gundel

Claudio Ramírez

Carlos Figueroa

ESTUDIANTES

Paz Zúñiga

Aníbal Gómez

Claudia Rivera

Roberto Miño

Maybeling Junco

Frank Zarraga

Fabián Soto

Sayonara Plata

Macarena Zamorano

ÍNDICE

CONFERENCISTAS	6
SOFÍA VALENZUELA	
CARMEN FENOLL	
RAQUEL CHAN	
ROBERTO NESPOLO	
FRIDA PIPER	
FREDY MORA	
FERNANDO GUERRA	
INGO DREYER	
ERWAN MICHARD	
PEDRO GUNDEL	
BLAS LAVANDERO	
MESA REDONDA 1	13
RAQUEL CHAN	
MIGUEL SÁNCHEZ	
FRANCISCA CASTILLO	
JOSÉ ESTEVEZ	
MESA REDONDA 2	15
ANÍBAL PAUCHARD	
PATRICIA SÁEZ	
CRISTIÁN MONTALVA	
EUGENIO SANFUENTES	
RESÚMENES	16
SHORT-TALKS	17
PÓSTERS	31



TALCA
UNIVERSIDAD
CHILE

MUSEO NACIONAL DE LA
ESCULTURA
SALALILY GARAFULIC



CONFERENCISTAS

Sofía Valenzuela



La Dra. Sofía Valenzuela es Bioquímica de la Universidad de Chile y Doctora en Ciencias de la Technische Universität Braunschweig de Alemania. Fue docente de la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad de Concepción y sub-directora del Centro de Biotecnología de la misma casa de estudios. En cuanto a sus investigaciones, indagó sobre la genómica forestal y la bioseguridad. Hoy se desempeña como Seremi de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación de la Macrozona Centro Sur, que abarca desde las regiones de O'Higgins a la del Biobío. Con la visión y creencia de que es necesario descentralizar la ciencia en Chile, fortalecer el rol de las investigadoras y hacer a la ciencia participe en la toma de decisiones.

Carmen Fenoll



Licenciada en Biología de la Universidad Complutense de Madrid y Doctora de la Universidad Autónoma de Madrid. Fue postdoctorante Fulbright en la Universidad California San Diego, USA. En 1988 ganó una plaza de profesora titular en la Universidad Autónoma de Madrid. Desde el año 2000 es catedrática en la Universidad de Castilla – La Mancha (UCLM). Fue investigadora visitante en el Instituto Salk y Catedrática Tinker, Universidad Wisconsin-Madison, USA. Investiga sobre los mecanismos genético-moleculares que controlan el desarrollo de las plantas y sus repuestas a plagas. Ha publicado más de 90 artículos, dirigido 30 proyectos y supervisado 11 tesis. Dicta clases de Ingeniería Genética y Biotecnología y es miembro de la Comisión Académica del Doctorado en Ciencias Agrícolas y Ambientales de la UCLM. Fue coordinadora ERASMUS y Presidenta de la Sociedad Española de Fisiología Vegetal. También fue Vicerrectora de la UCLM y Directora General en el Ministerio de Ciencia y Universidades. Actualmente, es presidenta de la Asociación de Mujeres Investigadoras y Tecnólogas en España y vicepresidenta de la European Women Rectors Association.

Raquel Chan



La Dra. Raquel Chan realizó sus estudios de grado en la Universidad Hebrea de Jerusalén y su tesis doctoral en el CEFOTI (CONICET-UNR) bajo la dirección del Dr. Rubén Vallejos. Hizo una estadía post-doctoral en el Institute of Molecular Biology of Plants de la Universidad de Estrasburgo, Francia. Se incorporó a la actual Fundación IBR en 1993 como investigadora adjunta de CONICET. Es co-autora de 95 artículos internacionales, 10 capítulos de libros, decenas de artículos de divulgación y co-inventora de nueve patentes internacionales. Actualmente, es investigadora superior de CONICET, Profesora Titular de la UNL y Directora del Instituto de Agrobiotecnología del Litoral (IAL, CONICET-UNL). Realizó la dirección de 16 tesis doctorales y recibió varios reconocimientos y premios como el de la Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria al mejor proyecto en estrés abiótico en plantas. Fue seleccionada entre las diez mujeres que lideran la ciencia en América Latina por la BBC de Londres y nominada por Crop Life International en 2019, entre otros. Además, fue incorporada a la Academia de Ciencias Médicas de Santa Fe, a la Academia Nacional de Ciencias Exactas y Naturales como miembro de número en 2021 y a la Academia Latinoamericana de Ciencias en el mismo año. Su logro más relevante es haber llevado la ciencia fundamental a aplicaciones biotecnológicas relevantes en el campo de la Agrobiotecnología a través de consorcios público-privados exitosos.

Roberto Nespolo



Licenciado en Ciencias mención Biología de la Universidad de Chile (1996) y Doctor en Ciencias Biológicas con mención en Ecología de la Pontificia Universidad Católica de Chile (2002). En los últimos 20 años, se ha dedicado a estudiar la fisiología y ecología en poblaciones animales, y cómo estos mecanismos determinan patrones a nivel micro y macroevolutivo. Los resultados de estas investigaciones se resumen en más de 130 publicaciones científicas, que han sido financiadas con fondos públicos como Fondecyt, Milenio o Fondos Regionales. Es investigador asociado del Centro Basal CAPES, del Instituto Milenio iBio y actualmente lidera el Núcleo Milenio LiLi. Las líneas de investigación del Dr. Nespolo se enmarcan en biología experimental y funcional de la adaptación al frío e hibernación en poblaciones de organismos patagónicos, incluyendo genética, fisiología y adaptación al cambio climático en marsupiales y microorganismos.

Frida Piper



Doctora en Ciencias Biológicas de la Universidad de Concepción y académica del Instituto de Ciencias Biológicas de la Universidad de Talca. Su especialidad es la ecofisiología vegetal y su área de investigación es el rol de las reservas de carbono en las respuestas de la vegetación al cambio climático. Ha participado en diversos estudios sobre los mecanismos causales de la mortalidad de árboles en especies emblemáticas de Sudamérica, como *Araucaria araucana*. Actualmente, sus investigaciones buscan determinar si la asignación de carbono hacia la formación de reservas de carbono resulta ventajosa para resistir la sequía. La Dra. Frida es Directora Alternativa del Núcleo Milenio LILI, el cual estudia las restricciones ecofisiológicas y genéticas mediadas por temperatura en los bosques de alta montaña. Es autora de numerosos artículos científicos, editora asociada de *Tree Physiology* y *Journal of Ecology*, e investigadora principal del Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).







Freddy Mora

Dr. Freddy Mora Poblete, Profesor Asociado del Instituto de Ciencias Biológicas de la Universidad de Talca. Master en Ciencias Biológicas de la Universidad de La Serena. Doctorado en Genética y Mejoramiento de la Universidade Estadual de Maringá, Brasil. Con investigación postdoctoral en estadística aplicada al fitomejoramiento en la Universidad de Ciencias de Malasia. Su línea de investigación se centra en el área del mejoramiento vegetal, con énfasis en la evaluación genética de características complejas a través de técnicas genómicas y fenómicas.



Fernando Guerra

Ingeniero forestal y Doctor en Ciencias con mención Ingeniería Genética Vegetal de la Universidad de Talca. Postdoctorado en Genómica Aplicada en la University of California Davis, USA. Sus líneas de investigación incluyen el estudio de características productivas y de adaptación a estrés abiótico en especies forestales (álamos y quillay como especies modelo), a través del uso de la genómica funcional. El foco específico está basado en el análisis los mecanismos genéticos-moleculares asociados a la respuesta de las plantas frente factores como el déficit hídrico, variación de temperatura, y exposición a metales pesados, considerando su impacto en su ciclo de crecimiento, producción de biomasa y metabolismo. Actualmente, es profesor asociado de la Universidad de Talca y Director del Área de Biología Molecular y Biotecnología del Instituto de Ciencias Biológicas de la misma universidad.



Ingo Dreyer

Físico de la Universidad de Hannover, Alemania y Doctor en Biofísica y Fisiología Vegetal de la Universidad de Würzburg, Alemania. Como postdoc en Montpellier, Francia, obtuvo una formación adicional en biología molecular de plantas. Luego, se trasladó como profesor asistente al Departamento de Biología Molecular la Universidad de Potsdam, Alemania. Recibió su habilitación en Biofísica y Fisiología Vegetal Molecular y fue premiado con una Beca Heisenberg (Alemania). En 2010 la Fundación Alexander-von-Humboldt y CONICYT-Chile le otorgaron el premio de Excelencia Abate Juan Ignacio Molina, que le permitió pasar 4 meses como profesor invitado en la Universidad de Talca, Chile. Posteriormente, se trasladó como profesor al Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP) en Madrid, España. En 2015, asumió como profesor titular a la Universidad de Talca. Sus líneas de investigación se centran en los procesos de transporte a través de las membranas celulares, profundizando en la nutrición vegetal y la señalización eléctrica en plantas, animales y bacterias. Combina técnicas experimentales y teóricas para obtener una visión más completa de los fenómenos investigados. Las técnicas experimentales que utiliza, abarcan un amplio espectro en biología molecular, electrofisiología y bioquímica, mientras que las técnicas teóricas comprenden métodos de simulación y modelización computacional y matemática.



Erwan Michard

Estudió Biología Vegetal en la Universidad de Montpellier, Francia. Fue postdoc en la Universidad de Golm, Alemania y en Oeiras, Portugal. Se desempeñó como investigador independiente en Montpellier, Francia. Actualmente, es asistente de investigación de la Universidad de Maryland y Docente en la Universidad de Talca. Su línea de investigación se basa en el estudio de receptores de glutamato y señalización por calcio.



Pedro Gundel

Ingeniero Agrónomo de la Facultad de Agronomía de la Universidad de Buenos Aires, Argentina. En 2009, obtuvo el grado Doctor en Ciencias Agropecuarias en la Escuela para Graduados 'Alberto Soriano' de la misma institución. Desde el mismo año se desempeña como Investigador Independiente CONICET en el Instituto de Investigaciones Fisiológicas y Ecológicas Vinculadas a la Agricultura (IFEVA). Durante su carrera académica como Profesor en la Cátedra de Ecología, ha dictado clases de pregrado en el área para las carreras de Agronomía y Licenciatura en Ciencias Ambientales. Ha dirigido más 10 tesis de pregrado y 3 de postgrado. Desde el 2021, es profesor académico del Instituto de Ciencias Biológicas de la Universidad de Talca, Chile. A la fecha, registra 99 publicaciones y un índice H de 27 en Scopus. Su principal línea de investigación es la interacción planta-microorganismos simbióticos. Actualmente, coordina un proyecto FONDECYT orientado a entender el papel de los microorganismos simbióticos en la transmisión de efectos transgeneracionales en plantas.



Blas Lavandero

Ingeniero Agrónomo de la Universidad de Talca. Posee un Doctorado en Ecología de la Lincoln University. Su interés de investigación está relacionado con el movimiento de enemigos naturales, entre cultivos, entre hábitats asociados a cultivos y entornos naturales, a escala de población y paisaje. Su enfoque principal se centra en el uso de estos hábitats en relación con el control biológico, la comprensión del movimiento estacional de los enemigos naturales y la cuantificación del papel de 'sumideros' o 'fuentes' de depredadores y parasitoides en los agroecosistemas. Utilizando una combinación de análisis molecular (análisis de la dieta), genética de poblaciones (marcadores de microsatélites) y enfoques conductuales. Actualmente participa como investigador de un Proyecto Anillo titulado "Intensificación ecológica: Integrando el conocimiento de los servicios ecosistémicos para promover la agricultura sostenible en Chile".



MESA REDONDA

**“SEGURIDAD ALIMENTARIA Y
BIOTECNOLOGÍA VEGETAL”**





Miguel Sánchez

Doctor en Ciencias Biológicas con mención en Genética Molecular de la Pontificia Universidad Católica de Chile. Desde el año 2009 es el director de ChileBio, asociación sin fines de lucro dedicada a informar y educar sobre la Biotecnología Agrícola, usando información clara, transparente y respaldada por estudios científicos y/o fuentes fidedignas, contribuyendo a su comprensión y fomentando su desarrollo en nuestro país.

José Estevez



El Dr. José M. Estévez es profesor titular de la Universidad Andrés Bello e Investigador Principal del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Es egresado de la carrera de Licenciatura en Ciencias Biológicas con orientación en Botánica de la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad de La Plata, Argentina. En 2004 obtuvo el título de Doctor en Ciencias Biológicas de la Facultad de Ciencias Exactas en la Universidad de Buenos Aires. En el período de 2005 al 2008, se desarrolló como Becario Post-Doctoral en el Laboratorio del Dr. Chris Somerville en Carnegie Institution en Stanford University, USA y en UC Berkeley, USA. Desde 2009 hasta mayo 2015 dirigió el grupo de Bases Moleculares del Desarrollo Vegetal en el IFIBYNE (CONICET) y desde junio 2015 ha trasladado su grupo de investigación a la Fundación Instituto Leloir (FIL)-IBBA. Actualmente, lidera el proyecto “Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Super Adaptables”, iniciativa que busca responder a la amenaza del calentamiento global sobre los cultivos agrícolas.

Francisca Castillo



Doctora en Ciencias Agrarias de la Universidad Austral de Chile, ha dedicado su carrera como investigadora a profundizar aspectos de la genética y mejoramiento vegetal. Es una de las fundadoras de NeoCrop Technologies, empresa emergente basada en ciencia y tecnología, que trabaja para aportar a un nuevo sistema alimentario global, combinando las tecnologías más avanzadas de edición genética, speed breeding e inteligencia artificial para revolucionar y acelerar los programas de mejoramiento genético tradicional. Recientemente se adjudicó el proyecto “Plataforma tecnológica integrada de mejoramiento genético de precisión para generar trigos con alto contenido de fibra”, en el concurso Startup Ciencia 2021, de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID).

Raquel Chan

MESA REDONDA

**“INTEGRANDO DISCIPLINAS PARA ENTENDER
LOS EFECTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO EN
ARAUCARIA ARAUCANA”**



Aníbal Pauchard



Doctor en Ecología Forestal de la Universidad de Montana, Estados Unidos. Actualmente es profesor titular de la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad de Concepción director del Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB). Es fundador y director de la LIB, una iniciativa conjunta de la Universidad de Concepción y IEB. Sus áreas de investigación son la ecología de plantas, las invasiones biológicas y sus impactos en la biodiversidad y las funciones de los ecosistemas, y la conservación de áreas protegidas. Sus líneas de investigación incluyen los impactos de las invasiones de plantas en ecosistemas de Chile, la dinámica de las invasiones biológicas en ecosistemas de montaña, la bioseguridad asociada a organismos exóticos e invasores, y las sinergias del cambio global y sus efectos en la biodiversidad.

Patricia Sáez



Doctora en Ciencias Forestales, Fisiología y Biotecnología Vegetal de la Universidad de Concepción. Su especialidad es la ecofisiología vegetal con énfasis en asimilación de carbono y procesos asociados y estrés ambiental en plantas, especialmente en ambientes extremos. Sus líneas de investigación también incluyen la propagación de especies nativas y exóticas. Actualmente, la Dra. Sáez es investigadora asociada del IEB y directora alterna de un Proyecto Anillo de la Universidad de Concepción, el que busca determinar la vulnerabilidad al cambio climático en plantas de los Andes y de la Antártica.

Francisco Tello



Doctor en Ecosistemas Forestales y Recursos Naturales de la Universidad Austral de Chile, actualmente es integrante del Centro de Ciencia del Clima y Resiliencia y del Centro Transdisciplinario para las Investigaciones del Cuaternario (TAQUACH). Destaca en el tipo de investigaciones que contribuye a mejorar las prácticas y la toma de decisiones ejercidas por agencias privadas o públicas, como CONAF y el Ministerio del Medio Ambiente, con el fin de establecer medidas de mitigación del impacto de estos incendios severos. Es miembro del Centro del Fuego y Resiliencia de Socioecosistemas (FireSES). Su línea de investigación corresponde a la Respuesta de los coleópteros saproxílicos a incendios de alta severidad y corto intervalo de retorno en bosques de *Araucaria-Nothofagus*

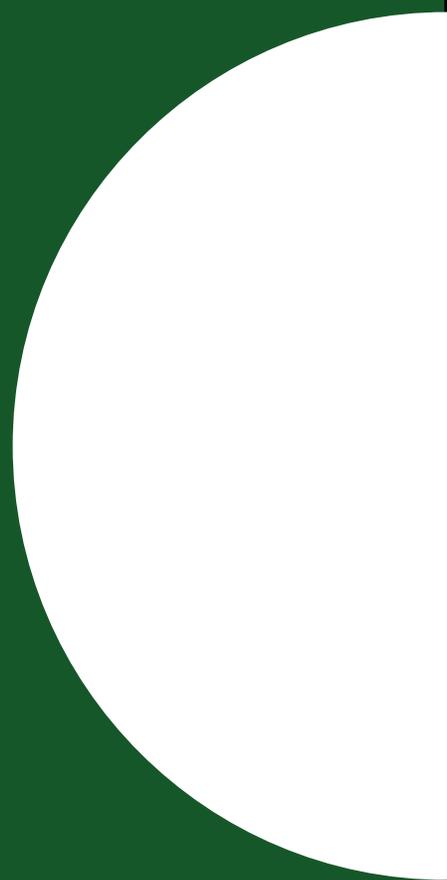
Eugenio Sanfuentes



Magíster y Doctor en Fitopatología de la Universidad Federal de Viçosa, Brasil. Es el director del Departamento de Silvicultura de la Facultad de Ciencias Forestales de la Universidad de Concepción. Sus áreas de investigación son la patología vegetal y el control biológico de enfermedades forestales. Sus líneas de investigación incluyen las enfermedades en plantaciones y bosque nativo, la mortalidad de bosques de *Araucaria araucana*, el manejo integrado de enfermedades en viveros forestales, el desarrollo de bioproductos para control de patógenos en viveros forestales, el control biológico de malezas en ambientes forestales (bioherbicidas), y el uso de bacterias para promoción de crecimiento y enraizamiento en especies forestales. Actualmente es responsable de un proyecto Fondecyt Regular que busca entender los posibles factores causales de mortalidad de *Araucaria araucana* en la cordillera de Nahuelbuta.

RESÚMENES

Short-Talks



“Rol de los factores de transcripción YABBY en la biosíntesis y acumulación de antocianinas frente a condiciones de estrés abiótico en frutilla y tomate”

Karla Jara¹, Carlos R. Figueroa¹ & Simón Ruiz¹

karla.jara@utalca.cl

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.

Actualmente, se ha observado una acumulación de antocianinas en condiciones de estrés abiótico en distintos órganos/ tejidos de las plantas, lo cual, está atribuido a que las antocianinas cumplen un rol protector y ayudan a la planta a tolerar las condiciones ambientales a las que se enfrentan. Si bien la regulación transcripcional de la síntesis de antocianinas ha sido ampliamente estudiada, donde se ha revelado el papel fundamental que cumple el complejo MBW, cada vez hay más evidencia que indica que hay nuevos actores moleculares participando del proceso de regulación transcripcional. Dentro de estos actores se encuentran los factores de transcripción YABBY. En *Arabidopsis* se ha visto que en plantas que sobreexpresan un gen que codifica para un factor de transcripción YABBY, hay mayor acumulación de antocianinas en sus hojas. Por lo tanto, este trabajo busca evaluar el rol de los factores de transcripción YABBY en la biosíntesis y acumulación de antocianinas en condiciones de estrés abiótico (sequía), pues también se ha visto que los factores de transcripción YABBY cumplen un rol en estas condiciones. Para ello se han identificado dos especies: frutilla (*Fragaria x ananassa*) y tomate (*Solanum lycopersicum* 'Indigo Rose') en las cuales se ha detectado acumulación de antocianinas en frutos y, en el caso de tomate, en otros tejidos también. Identificamos en el genoma de ambas especies genes que codifican para estos factores de transcripción, hallando 25 en el caso de frutilla y 9 en el caso de tomate. Evaluamos su expresión génica en distintos tejidos, y observamos que hay una expresión diferencial de estos genes según tejido, pero en ambas especies se conserva el patrón de una mayor expresión en hojas y flores, seguido de frutos en estadios tempranos, lo cual se corrobora con la información obtenida en transcriptomas de estas especies. Mediante herramientas de bioinformática, logramos identificar disposición de los genes, presencia de dominios y estructura tridimensional de las proteínas YABBY, lo cual se conserva al comparar YABBY de otras especies. Identificar el rol de nuevos factores de transcripción que participan en la biosíntesis y acumulación de antocianinas en condiciones de estrés abiótico ayudará a mejorar cultivos que sufren de estrés abiótico, como también a generar cultivos más atractivos para los consumidores.

Agradecimientos/ Financiamiento: Beca de doctorado Nacional ANID #21201418; Laboratorio de genómica Funcional y Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Universidad de Talca.

“Simulation of a biological community using allometric relationships”

William Campillay-Llanos^{1,2}

wcampillay@utalca.cl

(1) Instituto de Investigación Interdisciplinaria (I3), Universidad de Talca, Campus Talca, Avda. Lircay s/n, Talca, Chile.

(2) Research and Extension Center for Irrigation and Agroclimatology (CITRA), Faculty of Agricultural Sciences, Universidad de Talca, Chile.

Body size determines the basal metabolism, life history features such as the rate of reproduction and mortality among other characteristics of organisms. In this exploratory theoretical work, a computational simulation of a biological community is constructed, where each species is characterized through the body mass of organisms as proposed by the metabolic theory of ecology (MTE). Each species is structured in two age groups, reproductive and non-reproductive individuals, whose dynamics consist of the transit between two zones, one feeding zone and the other reproduction zone. The energy required by each species, during this transit, is calculated through the product between its density and the individual energy requirements. The model considers that the environment has finite energy and limited energy per season. Based on these energy conditions, the dynamic relationship between body size and the abundance of the population of the species in a community is studied. The results suggest that when considering the energy limited by season, the relationship between body size and population density is preserved from the beginning of the simulations.

Acknowledgments: to the postdoctoral program of the Interdisciplinary Institute of the University of Talca and the Center for Transfer and Research in Irrigation and Agroclimatology (CITRA) of the University of Talca.

“Herbivoría por insectos en especies del bosque templado lluvioso: rol de los rasgos foliares y del ambiente lumínico”

Pía Palma-Salas¹ & Frida Piper^{2,3,4}

pialps14@gmail.com

- (1) Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
- (2) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca.
- (3) Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).
- (4) Núcleo Milenio Límite de la Vida en Patagonia (LiLi)

La herbivoría por insectos es uno de los principales factores de estrés biótico en la regeneración del bosque templado chileno. La disponibilidad de luz puede afectar a la herbivoría insectil modificando la temperatura corporal de los insectos y la calidad del follaje. Se espera que, si las limitaciones térmicas son relativamente más importantes que las nutricionales, la herbivoría sea mayor en ambientes de sol que de sombra. Para evaluar la importancia relativa de los efectos de la luz sobre los insectos y el follaje, se midió la herbivoría en plántulas de seis especies de árboles luego de dos temporadas de crecimiento en dos condiciones de luz contrastantes: sol y sombra. Se consideraron cinco especies nativas del bosque templado lluvioso de Chile (*Drimys winteri*, *Nothofagus betuloides*, *Nothofagus nitida*, *Nothofagus pumilio*, y *Podocarpus nubigenus*), y la especie exótica *Acer pseudoplatanus*. Se cuantificó la pérdida de área foliar de cada especie analizando el área presente y el área faltante con el programa “ImageJ”. No se encontraron diferencias significativas en herbivoría entre condiciones lumínicas cuando se analizó el pool de especies, y ninguna especie presentó mayor herbivoría en sol que en sombra. Se encontró una tendencia en la preferencia de los herbívoros por la condición de sombra, siendo significativa en *N. betuloides* y *N. nitida*, sugiriendo que los efectos de la luz sobre la palatabilidad foliar ejercen una mayor influencia en la herbivoría que los efectos de la luz sobre la temperatura de los insectos.

Agradecimientos: Fondecyt 1190927, ANID PIA/Basal FB210006. ANID – Millennium Science Initiative Program – NCN2021-050.

“Selección de comunidades microbianas sintéticas para aumentar la tolerancia ambiental, calidad nutricional y la productividad en variedades de quinoa”

Roberto Miño Ortiz¹, Marco Molina-Montenegro¹

roberto.mino@utalca.cl

(1) Centro de Ecología Integrativa, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Campus Talca, Avda. Lircay s/n, Talca, 3460000, Chile

El cambio climático tiene un impacto negativo en la producción de los cultivos. Además, el aumento en la población humana representa un desafío global, que requiere mejorar la producción de los cultivos, ya que los cultivos deben aumentar su producción bajo escenarios ambientales adversos. La quinoa (*Chenopodium quinoa*) es un cultivo que exhibe tolerancia ambiental y destaca por ser una buena fuente de vitaminas, aceites, proteínas y minerales. En Chile, la quinoa es cultivada ampliamente desde Arica hasta Chiloé mostrando un marcado patrón diferencial entre tolerancia ambiental y productividad, ya que los ecotipos del norte presentan mayor tolerancia ambiental a la sequía y salinidad que los ecotipos del sur, mientras que los ecotipos del sur presentan mayor productividad que los del norte. Existe evidencia que sugiere que el genotipo influye en este patrón diferencial. Sin embargo, en los últimos años se ha reportado que los microorganismos asociados a raíces también influyen en la tolerancia ambiental que exhiben ciertos ecotipos del norte. En este estudio se plantea caracterizar las comunidades de microorganismos asociadas a raíces de diferentes ecotipos de *C. quinoa*, distribuidas en un gradiente latitudinal, y evaluar su contribución a la tolerancia ambiental, calidad nutricional y productividad. Además, se analizarán estas comunidades para determinar los microorganismos denominados claves y diseñar comunidades sintéticas (SynComs) que sean capaces de aumentar la tolerancia ambiental y la producción y calidad nutricional de este cultivo frente a las condiciones estresantes actuales, así como a las proyectadas bajo un escenario de cambio climático.

“Identificación de genes codificantes para Calmodulin-binding Transcription Activator (CAMTA) en la nueva versión del genoma de frutilla (*Fragaria x ananassa*)”

Claudia Rivera-Mora^{1,2}, Paz E. Zuñiga^{1,2}, Karla Jara^{1,2}, Carlos R. Figueroa^{1,2} & Lida Fuentes-Viveros³

claudiamarisolrivera@gmail.com

(1) Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(2) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Superadaptables (MN-SAP), Santiago, Chile.

(3) Centro Regional de Estudios en Alimentos Saludables (CREAS), CONICYT-Regional GORE Valparaíso Proyecto R17A10001, Valparaíso, Chile.

La frutilla comercial (*Fragaria ananassa*) es un híbrido octoploide producido por el cruzamiento entre *Fragaria chiloensis* y *Fragaria virginiana*. La familia de factores de transcripción ‘Calmodulin-binding Transcription Activator’ (CAMTA) está presente en organismos eucariontes multicelulares y su actividad transcripcional es regulada por calmodulinas. Los CAMTAs han sido identificados en diferentes especies vegetales y se han relacionado al crecimiento, desarrollo y tolerancia al estrés. Sin embargo, se desconoce su rol durante la maduración de frutos. Hasta el momento, los primeros antecedentes de los genes *CAMTAs* en frutilla, utilizando versiones previas del genoma de frutilla, han identificado cuatro genes *CAMTA*, cuya expresión fue evaluada solo en dos estadios de maduración del fruto. La publicación de una nueva versión del genoma de *F. ananassa* y de datos transcriptómicos de dos tejidos del fruto durante cuatro estadios de maduración, ofrece la posibilidad de obtener nueva información de estos genes en frutilla. En el presente trabajo, se identificaron 13 genes *FaCAMTAs* en la nueva versión del genoma *F. ananassa* ‘Camarosa’ v1.0.a2. El análisis de las secuencias de proteínas codificadas por estos genes indica que poseen los dominios y motivos característicos de las proteínas CAMTAs (CG-1, repeticiones de ankirinas, IPT/TIG y dominio IQ). El análisis de datos transcriptómicos publicados, indica que todos los genes *FaCAMTAs* se expresan en aquenios y receptáculo (tejidos del fruto) durante los cuatro estadios de maduración analizados, siendo los genes *FaCAMTA3-1* y *FaCAMTA5-3* los que más se expresan durante la maduración. El presente estudio entrega información útil para el futuro entendimiento del rol de los CAMTA en la regulación de la maduración de la frutilla.

Agradecimientos: Beca Doctorado Nacional 2019/21190862, 2020/21201520 y 2020/21201418; Proyectos Fondecyt Regular 1201662 y 1210941; CONICYT-Regional GORE Valparaíso R17A10001 y Programa Iniciativa Ciencia Milenio NCN2021_010.

“Rol de los microorganismos en la degradación de contaminantes orgánicos persistentes en ecosistemas polares”

Claudia Egas Egas¹, Cristobal Galbán-Malagón² & Marco A. Molina-Montenegro¹

claudia.egas@utalca.cl

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca. Campus Lircay, Talca, Chile.

(2) Centro de Genómica, Ecología y Medio Ambiente GEMA, Universidad Mayor. Campus Huechuraba, Santiago, Chile.

El Ártico y la Antártica corresponden a dos eco-regiones con condiciones climáticas extremas. Adicionalmente, estas regiones están expuestas a la presencia de contaminantes producto de la actividad humana (local y global), representando un desafío para las formas de vida de estos ambientes. La contaminación antropogénica por contaminantes orgánicos persistentes (COPs) en ecosistemas polares se ha documentado desde la década de 1960. Actualmente, diversos estudios han evidenciado la presencia de COPs y su bioacumulación y biomagnificación en las regiones polares con efectos negativos sobre la biodiversidad y el ecosistema. Si bien, la producción y el uso de estos compuestos se ha regulado, su permanencia sigue siendo un problema actual. El objetivo de este trabajo es abordar la estrategia de biorremediación por microorganismos nativos para mitigar la presencia de COPs en ambientes polares. Las comunidades microbianas en ambientes polares representan un reservorio amplio de biodiversidad adaptada a condiciones extremas, que se encuentran en ambientes terrestres y acuáticos de forma libre o en asociación con la vegetación. Los microorganismos adaptados a estos ambientes han mostrado tener el potencial para la biodegradación de COPs ya que se han identificado genes que codifican enzimas con capacidad de metabolizar estos contaminantes. Considerando que los COPs presentan una degradación lenta y capacidad de acumularse en los ecosistemas polares, se requiere una mirada integral a nivel molecular y ecológico para mitigar su presencia en estas regiones. Las implicancias de esta temática son relevantes para la preservación de estos ecosistemas que tienen un rol ecológico en nivel global.

Agradecimientos: Centro de Ecología Integrativa, Galbán Lab; Proyecto INACH DG_03_21; Beca Doctorado Nacional ANID 21191611; Proyecto Anillo Polarix ACT192057.

“Respuestas fisiológicas y perfiles transcripcionales de genes de acuaporina PIP1;2 y PIP1;4 revelan el comportamiento diferencial entre híbridos de *Populus trichocarpa* x *Populus deltoides* bajo déficit hídrico”

Gabriel Bravo¹, Boris Fumanal² & Fernando Guerra¹

gabrielbravoj@gmail.com

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, P.O. Box 747, 3460000, Chile.

(2) Université Clermont Auvergne, Institut National de la Recherche Agronomique, UMR PIAF, Clermont-Ferrand, France.

Se ha postulado que el mantenimiento de la productividad bajo condiciones de sequía varía considerablemente entre híbridos inter e intraespecíficos del género *Populus*, evidenciando una amplia variación en sus respuestas fisiológicas y genético-moleculares. Para probar esta hipótesis, plantas de 3 genotipos del taxón *Populus trichocarpa* x *Populus deltoides* (TxD), y 3 del taxón (*P. trichocarpa* x *P. deltoides*) x *P. deltoides* (TDxD) fueron ferti-irrigadas controladamente durante 6 días, incluyendo un tratamiento de estrés por déficit hídrico. Se evaluaron parámetros fisiológicos relacionados con la fisiología de la hoja y se evaluó la abundancia relativa de transcritos de genes codificantes de acuaporinas *PIP1*. También se analizó *in silico* la composición aminoacídica de dichas proteínas. Los resultados indicaron que al día 6 del inicio del tratamiento de estrés, las plantas del taxón TxD disminuyeron significativamente la fotosíntesis neta, conductancia estomática y evapotranspiración, y a su vez, incrementaron significativamente los transcritos de *PIP1;2* y *PIP1;4*. Por otra parte, no se observaron diferencias en la composición aminoacídica de las acuaporinas entre los taxones. En conclusión, la condición de estrés por déficit hídrico afectó fisiológica y transcripcionalmente a las plantas del taxón TxD. Esta diferencia en la tolerancia dependería de la presencia mayoritaria de *P. deltoides* en el taxón TDxD, que ha sido reportada como una especie formadora de híbridos con alta plasticidad fenotípica. Los resultados sustentan la importancia de las especies en la formación de híbridos y el rol de genes *PIP1* en la fisiología de las hojas de especies del género *Populus*.

“Coordinación metabólica entre *Nothofagus pumilio* (lenga) y *Dromiciops* sp (monito del monte)”

Carlos Mejías^{1,2}, Frida I. Piper^{2,3,4}, Roberto Nespolo^{1,2}

carlosignacio.mejias@gmail.com

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

(2) Millennium Nucleus of Patagonian Limit of Life (LiLi).

(3) Instituto de Ciencias Biológicas (ICB), Universidad de Talca.

(4) Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB)

Las especies arbóreas del género *Nothofagus* son dominantes en Sudamérica austral. La capacidad de este género para prosperar en climas estacionales está dada por su dormancia estacional y la acumulación de reservas energéticas que son utilizadas durante la dormancia y la reactivación del crecimiento. El ciclo metabólico estacional de *Nothofagus* es dependiente de la temperatura: a menores temperaturas, mayor es el período de dependencia de reservas energéticas, y menor es el período de crecimiento. Los efectos de aumentos de temperatura en el metabolismo de los árboles no están claros, y menos aún las consecuencias de dichos efectos en otros organismos del ecosistema que interactúan con *Nothofagus*. El monito del monte (*Dromiciops gliroides* y *D. bozinovici*) es el único marsupial hibernante que habita en la Cordillera de Los Andes. Las poblaciones andinas viven en bosques de Lengua (*Nothofagus pumilio*). Al igual que *N. pumilio*, *Dromiciops* acumula reservas energéticas para hacer frente a un largo período de condiciones desfavorables durante el invierno, pero se desconoce si variaciones de temperatura afectan similarmente el metabolismo de ambas especies. Estudiaremos la sincronía metabólica entre *Nothofagus* y *Dromiciops* mediante mediciones de reservas de carbono y respiración en un gradiente latitudinal y altitudinal a lo largo de un año. Esperamos que tanto *Nothofagus* como *Dromiciops* exhiban una mayor contracción energética en mayores altitudes y latitudes, y que la reactivación metabólica de *Dromiciops* suceda a la de *Nothofagus pumilio*.

Agradecimientos: Anid – Millennium Science Initiative Program – Center Code NCN2021-050; Anid PIA/BASAL center FB0002 and FB210006. Fondecyt Regular 1221073.

“Identificación y caracterización de la familia de genes de ascorbato peroxidasa (*APX*), en la frutilla comercial (*Fragaria × ananassa* Duch.)”

Paz E. Zúñiga¹, Vanessa Gonzalez^{1,2}, Claudia Rivera-Mora¹, Karla Jara-Cornejo¹, Eliana Bustos^{1,2} & Carlos R. Figueroa¹

paz.zuniga@utalca.cl

(1) Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(2) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Superadaptables (MN-SAP), Santiago, Chile.

(3) Centro Regional de Estudios en Alimentos Saludables (CREAS), CONICYT-Regional GORE Valparaíso Proyecto R17A10001, Valparaíso, Chile.

Las enzimas ascorbato peroxidases (APXs) son un grupo de enzimas antioxidantes claves para la detoxificación de H₂O₂, que forman parte del ciclo del glutatión-ascorbato. Su expresión puede variar en respuesta a estreses bióticos y abióticos, así como en los procesos normales de crecimiento y desarrollo de las plantas. Estos cambios en la expresión y actividad de estas enzimas son vitales durante la defensa contra el estrés oxidativo. La regulación de la mayoría de los procesos involucrados en estas respuestas, están estrechamente relacionados a la acción de fitohormonas, como los jasmonatos (JAs). Los JAs son moléculas de señalización que regulan muchos aspectos del crecimiento, desarrollo, biosíntesis de metabolitos secundarios y defensa de las plantas. Se ha comprobado que la aplicación exógena de metil jasmonato (MeJA) en la precosecha de la frutilla comercial (*Fragaria × ananassa*) aumenta la actividad APX durante postcosecha, lo que podría mejorar su tolerancia al estrés oxidativo. En este estudio, identificamos y caracterizamos la familia de genes *APX* en el genoma de la frutilla (*F. × ananassa* ‘Camarosa’). Analizamos su posición genómica, estructura génica, dominios característicos y filogenia. Se analizó también su perfil de expresión génica en frutos, a partir de datos de RNAseq publicados previamente. Además, se evaluaron las secuencias promotoras de estos genes en busca de sitios de unión a factores de transcripción relacionados con hormonas. Estas proteínas recientemente reportadas podrían ser utilizadas para futuros estudios moleculares, así como ayudar a desentrañar mecanismos de regulación en las respuestas enzimáticas antioxidantes durante el crecimiento, desarrollo, o el estrés oxidativo en frutilla.

Agradecimientos: Fondecyt Regular 1210941 y Programa Iniciativa Científica Milenio-NCN2021_010; Beca Doctorado Nacional 2019 – 21190862; Doctorado Nacional 2020 – 21201520 y 21201418.

“Aislamiento y caracterización de rizobacterias desde *Phaseolus vulgaris* L. y su papel en el crecimiento de las plantas”

Cynthia Meza^{1,2}, Francisca Valenzuela², Basilio Carrasco², Aparna Banerjee^{3,4}

cynthia.meza@alu.ucm.cl; abanerjee@ucm.cl

(1) Doctorado en Biotecnología traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

(2) Centro de Estudios en Alimentos Procesados (CEAP), Av. Lircay s/n, Talca, Chile.

(3) Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

(4) Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Vicerrectoría de Investigación y Posgrado, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es la leguminosa de grano más importante del mundo, representa el 87% de las leguminosas más consumidas. Los frijoles son autóctonos de México, América Central y América del Sur. Las pertenecientes al pool Andino se encuentran las variedades locales chilenas, sin embargo, se ha perdido la biodiversidad sustituyendo variedades antiguas por modernas más resistentes debido a múltiples factores, como la sequía, estrés hídrico y las elevadas temperaturas. Se determinó la influencia de la inoculación de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) sobre la germinación de semilla y el crecimiento del vástago de frijol común nativo chileno. Se aislaron dos cepas de bacterias y estos dos aislados aumentaron la tolerancia al estrés *in vitro* en respuesta al estrés de temperatura (70 °C), estrés salino al 5% p/v y al estrés por sequía (10%), mostrando sus características morfológicas en microscopía electrónica de barrido y microscopía confocal. Se caracterizaron ambas bacterias como promotoras de crecimiento en experimentos *in vitro* de solubilización de fosfato, producción de HCN, amonio y sideróforos, también actividad ACC desaminasa. Se evaluó el potencial de promoción de crecimiento en la germinación de semillas y crecimiento del vástago en condiciones de estrés salino y no salino, así como también la cuantificación de clorofila a, b y carotenoides. La bacterización aumentó la longitud de raíz y del vástago en comparación a los controles sin ningún tratamiento. En este estudio ha sido investigado por primera vez las interacciones planta – bacteria de frijol común chileno.

Agradecimientos: Proyecto Fortalecimiento al Desarrollo Científico de Centros Regionales- Anid, código R20F0001, y Fondecip – Anid EQM200122.

“Identificación y caracterización de la subfamilia de proteínas kinasas SnRK2 en el genoma de *Fragaria × ananassa*”

Celia Delgado¹ & Carlos Figueroa¹

celiadelgado5685@gmail.com

(1) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Súper Adaptables (MN-SAP), Santiago, Chile; & Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

Las SnRK2s son una subfamilia de proteínas kinasas específicas de plantas, cuya función en la vía de señalización de ABA y en la respuesta a estrés abiótico ha sido descrita en varias especies vegetales. En frutilla (*Fragaria × ananassa*), se aislaron y clonaron nueve miembros de esta subfamilia, sin embargo, la identificación y caracterización de los genes que codifican para las FaSnRK2s permanece sin dilucidar. En este trabajo, con el uso de herramientas bioinformáticas, se identificaron los ortólogos de las SnRK2s de Arabidopsis en el genoma de *Fragaria × ananassa* y su modelo génico fue similar al de otras especies vegetales. El dominio Ser/Thr kinasa y los dominios 1 y 2 característicos de las proteínas SnRK2s fueron identificados en las FaSnRK2s putativas. El alineamiento de las secuencias aminoacídicas con las SnRK2s de Arabidopsis, arroz, maíz, frutilla, papa y manzana mostró alta similitud de secuencia. El análisis filogenético agrupó a las FaSnRKs en tres grupos. Por otra parte, el análisis de promotores mostró que tenían motivos regulatorios involucrados en la expresión en meristemo, en la respuesta a bajas temperaturas y a metil jasmonato (MeJA), además de cajas reconocidas por factores transcripcionales de tipo WRKY. A partir de que la frutilla (*Fragaria × ananassa*) tiene importancia comercial, la caracterización de la subfamilia de proteínas SnRK2, cuya función se ha relacionado con la respuesta a estrés abiótico, serviría de base para futuros estudios en los mecanismos moleculares en los que participan las SnRK2s en esta especie.

Agradecimientos: Fondecyt Regular 1210941 y Programa Iniciativa Científica Milenio-NCN2021_010.
Beca Doctorado Nacional – 2019 Folio 2190806

“Inducción por estrés salino de genes MYB de *Arabidopsis thaliana*”

Sayonara Plata Arboleda¹, Simón Ruiz-Lara¹

sayonara.plata@utalca.cl

(1) Laboratorio de Genómica Funcional, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.

La salinidad de los suelos ocasiona estrés salino en las plantas, este puede limitar la absorción de agua y de nutrientes esenciales del suelo y causar toxicidad iónica. Se estima que tal salinidad puede reducir hasta en 20 % la productividad. Una vía para superar esta amenaza, es el mejoramiento de especies cultivadas, descifrando los determinantes genéticos de respuestas al estrés salino y luego seleccionar los que confieran un aumento significativo de la tolerancia a tal estrés. Una respuesta crucial es la compartimentalización de sodio en vacuola, que puede ocurrir por vía de tráfico vesicular endocítico. Actualmente, hay proteínas conocidas que participan en el direccionamiento del tráfico hacia la vacuola durante la respuesta al estrés salino, cuyos genes son inducidos por sal. Sin embargo, hasta la fecha no se conoce ningún regulador transcripcional de tal proceso. En este trabajo fueron analizadas las secuencias promotoras de siete genes relacionados con el tráfico vesicular endocítico y se hallaron en todas, entre otros, motivos de unión a la familia de factores de transcripción MYB. En *Arabidopsis thaliana*, existen 168 genes anotados como factores de transcripción de la familia MYB. Al consultar la base de datos eFP Browser (<http://bar.utoronto.ca>), fue interesante notar que de 127 genes *MYB* de *A. thaliana* evaluados frente a diferentes condiciones de estrés abiótico, incluyendo: frío, Sequía, UV-B, daño mecánico, calor y salinidad, solo 6 genes fueran inducidos exclusivamente por estrés salino y no por los otros estreses abióticos mencionados. Con estos resultados, pueden diseñarse futuras evaluaciones experimentales encaminadas a la búsqueda de reguladores transcripcionales del tráfico vesicular endocítico que se induce durante la respuesta al estrés salino en *A. thaliana*.

Agradecimientos: Laboratorio de Genómica Funcional (Utalca); Beca Universidad de Talca 041 de 2019; Beca Doctorado Nacional folio 21200875; Fondecyt Regular 1211180.

TALCA
UNIVERSIDAD
CHILE

BIO

DIVERSIDAD

INSTITUTO DE
CIENCIAS
BIOLOGICAS

<http://biologia.utalca.cl>

SIGUENOS: /icbutal @icbutalca

TALCA
UNIVERSIDAD
CHILE

BIO

TECNOLOGÍA

INSTITUTO DE
CIENCIAS
BIOLOGICAS

<http://biologia.utalca.cl>

SIGUENOS: /icbutal @icbutalca

TALCA
UNIVERSIDAD
CHILE

BIO

QUÍMICA

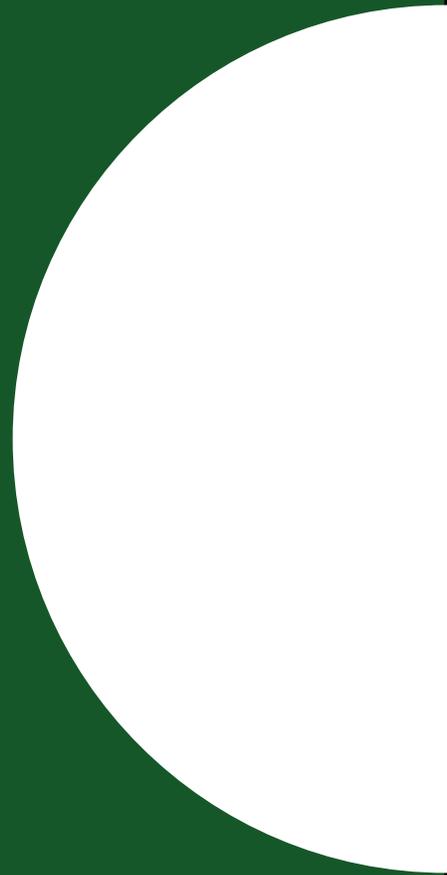
INSTITUTO DE
CIENCIAS
BIOLOGICAS

<http://biologia.utalca.cl>

SIGUENOS: /icbutal @icbutalca

RESÚMENES

Pósters



“*In vitro* propagation of *Annona deceptrix* (Westra) H. Rainer (Annonaceae) an Endemic and Endangered Species in Manabí, Ecuador”

José Pico-Mendoza¹, Juan Flor¹, Janner Álava¹, Gema Sancán¹, Luis Madrid², Carrasco Basilio³

newthon.pico@utm.edu.ec

(1) Facultad de Ingeniería Agronómica, Universidad Técnica de Manabí. Manabí, Ecuador.

(2) Universidad Laica “Eloy Alfaro” de Manabí. Pedernales, Ecuador.

(3) Centro de Estudios en Alimentos Procesados (CEAP), Talca, Chile.

Annona deceptrix (Westra) H. Rainer (Annonaceae) is an endemic tree of Ecuador, reported as threatened, due to anthropogenic activities. The objective of this study was to establish an *in vitro* establishment and multiplication protocol of *A. deceptrix*. Two phases were carried out in the trial: 1) establishment, the disinfection of the explant was tested with a double disinfection of 1 and 2% sodium hypochlorite with different immersion times of 40, 30, 20 minutes and 25 minutes in the supplemented MS medium with 0.5, 1.0, 2.0 mgL⁻¹ of 2ip; 2) multiplication, two culture media (WPM and MS) supplemented with growth regulators (Zeatin, 2ip and Indoleacetic acid) were tested. The percentage of contamination, number of shoots, shoot height, number of buds and number of leaves were determined. The results obtained in the establishment phase with a double disinfection of sodium hypochlorite at 1 and 2% and two immersion times of 30 and 25 minutes, supplementing the medium with 0.5 mgL⁻¹ of 2ip, did not present contamination. and shoot induction was 4.33 without the application of a growth regulator. In the multiplication phase with MS + 1.0 mgL⁻¹ of Zeatin, the highest number of shoots (2.75) was obtained, while the medium of WPM + 1.0 mgL⁻¹ of 2ip favored the height of the shoot (13.69 mm), only using the WPM salts without the application of a growth regulator (Zeatina, 2ip and AIB) the highest number of buds (3.25) and the highest number of leaves (4.38) were obtained.

Acknowledgements: Universidad Técnica de Manabí through the project “Estudio de diversidad genética de *Annona deceptrix* (Westra) H.Rainer (Annonaceae), especie amenazada en peligro de extinción” (PYT138-CONV2018-FIAG0025) and Centro de Estudios en Alimentos Procesados (CEAP) and Programa Regional R19A10001, Talca, Chile. The Programa de Conservación de Especies Amenazadas en Peligro de Extinción de la Facultad de Ingeniería Agronómica de la UTM.

“Aplicación del Modelo MaxEnt y Análisis HRM para Predecir los Impactos del Cambio Climático en la Distribución Potencial de *Gevuina Avellana* Mol. en la Región del Maule”

Mario Moya-Moraga¹

mr.moya@alumnos.upm.es

(1) Doctorado en Biotecnología y Recursos Genéticos de Plantas y Microorganismos Asociados (02E4).
Departamento de Biología Vegetal, E.T.S. Ingenieros Agrónomos, Universidad Politécnica de Madrid,
Ciudad Universitaria, 28040 Madrid, España.

Gevuina avellana Mol. (Avellano chileno) es una especie arbórea endémica de Chile y Argentina, de la familia *Proteaceae*. Posee importancia agroforestal a causa de sus frutos comestibles y calidad de su madera. El presente trabajo tiene por objetivo contribuir al desarrollo de estrategias de mitigación de los efectos del cambio climático y las actividades antrópicas en *G. avellana*. Corresponde al primer estudio donde se integran ambas herramientas, el modelo MaxEnt para predecir la distribución potencial actual y futura acoplado al análisis HRM para evaluar la diversidad genética y entender cómo respondería la especie a estos cambios. Se evaluaron dos modelos climáticos globales (GCM): CNRM-CM6-1 y MIROC-ES2L para cuatro rutas socioeconómicas compartidas (SSP): 126, 245, 370 y 585 (2021-2040; 2061-2080). La Temperatura Media Anual (24,3%) y la Elevación (21,6%) fueron los factores clave para la distribución actual de *G. avellana* [AUC = 0,953]. Mientras que el modelo de predicción futura indica que el rango de hábitat al año 2040 disminuye un 50%, siendo los factores determinantes la Elevación (62,6%) y la Precipitación (26,4%) [AUC = 0,9108]. Se investigó la estructura genética en siete poblaciones de *G. avellana* utilizando marcadores moleculares EST-SSR. El porcentaje de polimorfismo osciló entre 18.69 a 55.14%, con una moderada diferenciación genética ($F_{st} = 0.052$; $P < 0.01$). De acuerdo al análisis discriminante de componentes principales (DAPC) se identificaron 10 poblaciones genéticas. Se concluyó que las áreas prioritarias de protección corresponden a las poblaciones de Los Avellanos y Punta de Águila por su mayor diversidad genética y riqueza alélica.

Agradecimientos: Laboratorio de Biodiversidad y Conservación de Recursos Fitogenéticos, Departamento de Biología Vegetal, E.T.S. Ingenieros Agrónomos, Universidad Politécnica de Madrid.

“Efecto del déficit hídrico sobre el fitness de *Aphidius ervi* H. y su impacto como controlador biológico en el áfido del grano *Sitobion avenae* F.”

Aníbal Gómez¹, Cristián Figueroa¹, Daniela Sepúlveda¹

anibal.gomez@utalca.cl

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.

El pulgón de los cereales *Sitobion avenae* F. (Hemiptera: Aphididae) es una de las mayores plagas de los cereales a nivel mundial, reduciendo sustancialmente el rendimiento del trigo (*Triticum aestivum* L.). Para la prevención de brotes de esta peste se requiere la aplicación de una gran cantidad de insecticidas. Debido al impacto económico negativo sobre cultivos de trigo en Chile ocasionado por la invasión de *S. avenae*, han sido adoptadas varias estrategias de control biológico, incluyendo el uso de avispas parasitoides tales como *Aphidius ervi* H., para hacer frente al pulgón de los cereales, las cuales han tenido un éxito rotundo en la prevención de brotes. Sin embargo, la baja disponibilidad hídrica, ocasionada por el cambio climático ha puesto la relación áfido-parasitoide en una situación vulnerable, afectado los procesos *top-down* perjudicando el control biológico ejercido por *A. ervi*. Además, la presencia de endosimbiontes facultativos los cuales son capaces de otorgar una serie de beneficios/costos en el fitness del áfido dificultan la predicción de este sistema tri-trófico. Los antecedentes presentados anteriormente, sugieren que la baja disponibilidad hídrica reduce el parasitismo en *S. avenae*, especialmente cuando este posee endosimbiontes específicos, por lo que el objetivo de este trabajo es determinar el efecto del déficit hídrico sobre el fitness de la avispa parasitoide *Aphidius ervi*. Para lo anterior, se estudiará como es afectada la elección del hospedero por los efectos de la endogamia y, especialmente, cuando los áfidos portan endosimbiontes específicos.

Agradecimientos: FONDECYT/Regular 1210713: Pest aphids and drought: can bacterial symbionts enhance the fitness of *Sitobion avenae* under water-stress, and what are their implications for biological control?; ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21210609.

“Caracterización *in silico* de Kashmir bee virus (kbv) identificada en *Vasconcellea pubescens*”

Jorge Y. Faúndez-Acuña¹, Gloria Gonzalez¹ & Diego Verdugo¹

jorge.faundez@alu.ucm.cl ; jorge.yfac@gmail.com

(1) Universidad Católica del Maule, Talca, Chile.

La papaya es una fruta que tiene un valor comercial versátil ya que puede ser usada para hacer bebidas, mermeladas, helados y encurtidos. También tiene aplicaciones industriales, tanto del árbol como del fruto al contener ambos, carpaina y papaína. Por esto es importante mantener una prevención y control frente a patógenos. La papaya del monte o *Vasconcellea pubescens*, es de climas fríos y tiene frutos pequeños dentro de su género. Independiente de sus características, no está exenta de interacciones planta-patógeno. El objetivo fue caracterizar un virus patogénico a partir de *V. pubescens*. Se usaron herramientas bioinformáticas como Geneious Prime, Galaxy, Artemis y NCBI CDD. En la literatura existen diversos trabajos *in silico* con distintas especies de papaya y además se han caracterizado virus que las afectan a esta, como Papaya ringspot virus, Papaya leaf distortion mosaic virus, Papaya meleira virus, entre otros. Se encontró una gran cantidad de virus dentro de los transcriptomas de raíz, hoja y fruta. El más relevante entre estos es el Kashmir bee virus, del cual se logró obtener una nueva secuencia nucleotídica y cinco posibles marcos de lectura abierto. Este virus infecta a las abejas, puede afectar desde larva hasta el estado adulto, causando la muerte. Los virus encontrados atacan principalmente a invertebrados, propiedad que tienen al pertenecer a la familia Dicistroviridae. Como conclusión, es posible caracterizar virus patógenos dentro de los transcriptomas de raíces, hojas y frutos de *V. pubescens* con herramientas bioinformáticas.

Agradecimientos: Mención honorífica para la Dra. Gloria González y su asistente el Ing. Diego Verdugo/ Proyecto FIC “Cultivo de papaya en la región del Maule”, BIP: 40.001.007.

“Identification of annexins genes and protein expression during raspberry (*Rubus idaeus*) fruit development”

Fernanda Álvarez¹, Claudia Rivera-Mora^{2,3}, Monika Valdenegro⁴, Aníbal Ayala-Raso⁵, Mario Moya², Luis Mercado⁶, Carlos R. Figueroa^{2,3}, Lida Fuentes-Viveros¹

fema.alco@gmail.com

(1) Centro Regional de Estudios en Alimentos Saludables (CREAS), CONICYT-Regional GORE Valparaíso Proyecto R17A10001, Valparaíso, Chile.

(2) Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca.

(3) Millennium Nucleus for the Development of Super Adaptable Plants (MN-SAP), Santiago, Chile.

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

(5) Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

(6) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Facultas de Ciencias, Placilla, Chile.

Raspberry is an important fruit crop in Chile. However, the accelerated fruit softening outcomes in a very short shelf-life during postharvest. In raspberry, the foliar application of calcium solution delays the loss of fruit firmness, but the calcium signaling mechanism is not clear related to this phenomenon. In eukaryotic organisms, calcium ion acts as an intracellular second messenger and its binding to proteins such as annexins. Plant annexins (D family) are multi-functional membrane- and Ca⁽²⁺⁾-binding proteins that are involved in developmental and stress processes. However, the role of annexins during fruit ripening is unknown. In this study, ten potential copies of annexin genes were identified in the *Rubus idaeus* draft genome. The transcriptome data analysis showed a higher expression in the pink stage for two copies. Furthermore, the immunoblot analysis exhibited protein expression of annexins in the large green, and white stages and a higher in the pink stages. This first study of characterization of annexins protein during raspberry ripening provides valuable information for future investigations of protein related to calcium signaling in this and other berries.

Acknowledgments: Fondecyt Regular 1201662, Anid Becas/ Doctorado Nacional 21190862, Conicyt Regional GORE Valparaíso R17A10001 Project, Fondecyt Regular 1210941, and Anid Millenium Science Initiative Program-NCN2021_010.

“Sistemas de polinización y especificidad de polinizadores en cactáceas del continente americano”

Felipe Altamirano¹, Gisela Stotz² & Carmen Ossa^{1,3}

felipe.altamirano@alumnos.uv.cl

(1) Facultad de Ciencias Universidad de Valparaíso.

(2) Facultad de Ciencias de la vida, Universidad Andrés Bello.

(3) Centro de investigación y gestión de recursos naturales, Universidad de Valparaíso.

Los cactus son las plantas más conspicuas de los sistemas áridos y semiáridos de América, que se distribuyen desde Canadá a la Patagonia. Los polinizadores son muy diversos, destacando los murciélagos, aves y abejas. Las cactáceas tienen distintos grados de especificidad a polinizadores a lo largo y ancho de todo el continente americano, existiendo especies especializadas en un tipo de polinizador y otras generalistas que son visitadas por muchos tipos de polinizadores. Esta variación en especificidad responde a una combinación de distintos factores ambientales, fenológicos y evolutivos que dan forma a la morfología floral. Por su parte, los ensambles de polinizadores varían en las distintas localidades, ya que su distribución está dada por sus historias evolutivas y/o condiciones del medio ambientales en el que se encuentran. Bajo este contexto, los síndromes de polinización deberían reflejar esta variación latitudinal en el continente, esperando que se corrobore la especificidad de polinizadores en los trópicos y el generalismo lejos de los trópicos. En este proyecto se quieren determinar los patrones geográficos de la interacción polinizador-cactácea en el continente americano en cactus con distintos modos de crecimiento. Con este objetivo analizaremos la bibliografía existente desde donde recopilaremos datos, tales como, la especificidad de los visitantes florales, latitud de la en que se desarrolla la interacción, rasgos florales (tamaño, color, recompensas) y otros, para poner a prueba los distintos patrones morfológicos y sistemas de polinización de las cactáceas que se dan entre los trópicos y latitud medias.

Agradecimientos: Fondecyt Regular 11190305.

Propiedades antitumorales de las papas nativas de colores de la región de Los Ríos”

Nicole Uribe¹, Francisca Pavicic², Larissa Córdova², Anita Behn³, María José Avilés³, Hanile Bachmann³, Pamela Ehrenfeld^{2,4}, Angara Zambrano^{1,4}

uribe.escalona@gmail.com

(1) Instituto de Bioquímica y Microbiología, Laboratorio de Epigenética, Biología Celular y Productos Naturales, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

(2) Instituto de Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.

(3) Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Fitoquímica, Facultad de Ciencias Agrarias y Alimentarias, Universidad Austral de Chile.

(4) Center for Interdisciplinary Studies on Nervous System (CISNe).

El cáncer de mama es la neoplasia maligna que causa más muerte por cáncer en mujeres a nivel mundial. Esta enfermedad se produce debido a variaciones genéticas que modifican el comportamiento celular, aumentando la proliferación e impidiendo la muerte celular. Este cáncer presenta una tasa de respuesta promedio a los tratamientos convencionales de entre el 50% y 60% dado que a largo plazo pueden presentar resistencia natural o adquirida por el tumor. En respuesta a esto, se han comenzado a desarrollar tratamientos, utilizando metabolitos secundarios de plantas, principalmente aquellos con actividad antioxidante y/o antiinflamatoria. La papa es el tercer cultivo más importante del mundo, la UACH posee 297 accesiones con diferentes compuestos fenólicos, algunos con capacidades antioxidantes y/o antiinflamatorias. Este proyecto tiene por objetivo estudiar el efecto antitumoral de extractos de distintas variedades de papas chilenas sobre líneas celulares de cáncer de mama MCF-7 y MDA-MB-231, mediante ensayos de viabilidad. Nuestros resultados demuestran que las accesiones de papa más pigmentadas, con mayores niveles de polifenoles, muestran mayor índice de muerte celular (entre 40-80%) en ambas líneas celulares. Por el contrario, las variedades que presentan menor pigmentación y menores niveles de polifenoles no presentan efectos sobre la viabilidad de celular, indicando que no poseen actividad anticancerígena. A futuro esperamos complementar nuestros hallazgos con análisis de actividad antioxidante y de actividad antiinflamatoria de los extractos de papa, esperando con ello validar la utilidad de éstos como nutraceuticos o para la industria alimentaria, complementando los tratamientos actuales de pacientes con cáncer de mama.

Agradecimientos: Gobierno Regional y su consejo regional de la Región de Los Ríos-Proyecto FIC 20-39: P L U S: Papas de colores nutritivas y Saludables, Fondecyt Regular 1201635.

“Endosimbiontes secundarios modulan la reproducción de los áfidos en el trigo que difieren en el contenido de defensas de la planta”

Angélica Gonzalez-Gonzalez¹, Nuri Cabrera¹, María Eugenia Rubio-Meléndez², Daniela Sepulveda¹, Ricardo Ceballos³, Natali Fernandez³, Christian C. Figueroa¹ & Claudio C. Ramirez¹

angelica.gonzalez@utalca.cl

(1) Laboratorio de Interacciones Insecto-Planta, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Casilla 747, Talca, Chile.

(2) Centro de Bioinformática y Simulación Molecular, Facultad de Ingeniería, Universidad de Talca, 2 Norte 685, Talca, Maule, Chile.

(3) Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu, Av. Vicente Méndez 515, Chillán, Chile.

Las plantas y los insectos han evolucionado conjuntamente durante millones de años. Las plantas han desarrollado estrategias para disuadir a los atacantes y reducir el daño, mientras que los insectos han desarrollado mecanismos para vencer las defensas de las plantas. El DIMBOA, un ácido hidroxámico, constituye un factor de resistencia química en cereales contra varias especies de áfidos. Mecanismos tales como la inactivación de las defensas de las plantas a través de proteínas presentes en la saliva de los áfidos, o la capacidad de expresar enzimas detoxificadoras que aumenten la excretabilidad de estos compuestos, constituyen los principales sistemas de contradefensa en áfidos. Además, se ha reportado que ciertas bacterias simbióticas de áfidos pueden conferir nuevos rasgos ecológicos y mediar su interacción con la planta. Sin embargo, no sabemos el rol que estarían jugando estos endosimbiontes sobre el desempeño biológico de los áfidos portadores en relación con su planta hospedera. Un estudio desempeño (r_m) sobre pulgón *Sitobion avenae* con y sin el endosimbionte secundario *Regiella insecticola* alimentados en cultivares con tres niveles de DIMBOA, mostró que la presencia del endosimbionte mejoró el desempeño de los genotipos más frecuentes encontrados en campo a niveles medios de DIMBOA, pero disminuyó en niveles altos. Esta respuesta estaría dada por una interacción triple de endosimbionte-genotipo del áfido y el nivel de DIMBOA, dando cuenta de un efecto ambiente-dependiente. Los resultados permitirán identificar algunas etapas claves de la relación planta-insecto, las que potencialmente permitirían orientar el desarrollo de estrategias de control de plagas.

Agradecimientos: Beca doctorado nacional 21190271; Fondecyt Regular 1170943; Redes-Conicyt 170134

“Análisis melisopalínológico y estudio fisicoquímico de miel de abeja procedente de Pitril, comuna de Alto Biobío, Chile”

M. Iraira¹, I. I. Lamas¹, G. García¹, J. Matamala¹, M. Rondanelli-Reyes¹

miraira2019@udec.cl

(1) Laboratorio de Palinología y Ecología Vegetal. Departamento de Ciencia y Tecnología Vegetal. Escuela de Ciencias y Tecnologías, Universidad de Concepción, Campus Los Ángeles, Chile.

Se realizó un estudio melisopalínológico y fisicoquímico de miel de abeja procedente de la zona cordillerana de Alto Bío-Bío, Sector de Pitril, provincia del Biobío, Chile. El análisis fisicoquímico reveló que los parámetros analizados cumplen con los estándares de calidad señalados y exigidos por el Reglamento Sanitario de los Alimentos (RSA), de Chile. Además, el análisis melisopalínológico determinó el origen botánico de esta miel y permitió establecer la existencia de 12 tipos de granos de polen presentes con diferentes grados de dominancia. Las familias botánicas con mayor presencia en la miel fueron Cunoniaceae, representada por la especie *Eucryphia glutinosa* (Guindo Santo) que alcanzó el 58,05% y Rhamnaceae, representada por la especie *Colletia hystrix* (yaqui) que alcanzó el 35,45%. De esta manera, la miel analizada, según la Norma Oficial Chilena para determinar el origen botánico de la miel, cumplió con los requisitos para ser denominada Monofloral de Guindo Santo.

Agradecimientos: Fondef ID19i10233

“Miel multifloral endémica de la región de La Araucanía, Chile”

J. Matamala¹, I. I. Lamas¹, M. Iraira¹, G. García¹, M. Rondanelli-Reyes¹

jamatamala2018@udec.cl

(1) Laboratorio de Palinología y Ecología Vegetal. Departamento de Ciencia y Tecnología Vegetal. Escuela de Ciencias y Tecnologías, Universidad de Concepción, Campus Los Ángeles, Chile.

La miel es un alimento natural de alta calidad producida por la interacción entre la abeja (*Apis mellifera* L.) y la flora melífera de las cuales ésta liba el néctar. En este estudio se realizó un análisis melisopalinológico para determinar el origen botánico, se realizaron análisis fisicoquímicos utilizando la metodología establecida por el Instituto Nacional de Normalización (INN) de Chile, análisis realizados a una miel de procedencia precordillerana de la región de la Araucanía, Chile. Los resultados polínicos indican que la miel es multifloral y está compuesta principalmente de *Eucryphia cordifolia* (40,9%), *Colletia hystrix* (26,8 %), *Rhaphithamnus venustus* (19,6%). Los parámetros fisicoquímicos analizados cumplen con los rangos establecidos por el Reglamento Sanitario de los Alimentos (RSA), de Chile. La miel estudiada no alcanza la monofloralidad de la especie *Eucryphia cordifolia* (Ulmo) de acuerdo con la norma melisopalinológica vigente; sin embargo, los valores porcentuales de las especies dominantes, endémicas para el país, permiten denominarla miel multifloral endémica, otorgándole un valor agregado a este producto de la colmena.

Agradecimientos: Fondef ID19i10233.

“Caracterización *in silico* de la proteína FaYAB1.1 y del patrón de expresión relativa del gen *FaYAB1.1* en distintos tejidos de *Fragaria × ananassa*”

Eliana Bustos^{1,2}, Karla Jara-Cornejo², Paz E. Zúñiga² & Carlos R. Figueroa²

ebustos18@alumnos.otalca.cl

(1) Escuela de Bioquímica, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(2) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Súper Adaptables (MN-SAP), Santiago, Chile; & Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

Los genes *YABBY* corresponden a una familia de factores de transcripción ampliamente estudiada en diferentes organismos vegetales, y cumplen un rol importante en el crecimiento y desarrollo de hojas, flores y frutos. En este trabajo se identificó y caracterizó *in silico* el gen *FaYAB1.1* y sus diferentes copias presentes en el genoma octoploide de *Fragaria × ananassa*. Las secuencias fueron obtenidas mediante Blast desde la base de datos de genomas de rosáceas (GDR) y se determinó su tamaño, marco de lectura abierta, estructura génica, y ubicación cromosómica. Se analizaron sus regiones promotoras para identificar elementos de unión en cis de respuesta a fitohormonas (ácido abscísico, auxina, giberelina y jasmonato). Por otra parte, se realizó un alineamiento múltiple con el programa MEGA y el dominio YABBY fue identificado mediante PROSITE. Se modeló la estructura tridimensional de la proteína FaYAB1.1 y su dominio YABBY mediante Modeller. También se evaluó la expresión génica de *FaYAB1.1* en distintos tejidos de frutilla, *F. × ananassa* 'Albion'. Con base en lo realizado, se encontraron al menos seis copias para el gen *FaYAB1.1*, junto con presencia de elementos reguladores de ácido abscísico, auxinas y jasmonatos en su promotor. La proteína FaYAB1.1 presentó una estructura donde predominan las alfa hélices, bucle y hojas beta. Se observó también una mayor expresión de *FaYAB1-1* en flores y hojas comparado con los demás tejidos. En frutos, la expresión génica fue mayor en estadios inmaduros. En estudios futuros se espera analizar la regulación de la expresión de YAB1.1 mediante análisis funcional de su promotor.

Agradecimientos: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (Anid, Chile) Fondecyt Regular 1210941 y Programa Iniciativa Científica Milenio-NCN2021_010. Beca de Doctorado Nacional 2020 21201520, y 21201418.

“Respuestas transgeneracionales en plantas mediadas por microorganismos simbióticos de transmisión vertical”

Frank Zarraga¹ & Pedro E. Gundel¹

frank.zarraga@gmail.com

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca.

Los hongos endófitos *Epichloë* se transmiten verticalmente de plantas a semillas y son conocidos por aumentar la tolerancia de los hospederos a la herbivoría y a la sequía, a través de mecanismos asociados a la inducción y producción de metabolitos secundarios en la planta. En particular, se conoce el ajuste plástico mediado por los endófitos en las plantas frente a la sequía durante la ontogenia, pero poco se conocen las consecuencias transgeneracionales. Se ha propuesto que los microorganismos con transmisión vertical como los *Epichloë*, podrían transmitir y/o coordinar los efectos transgeneracionales en las plantas en respuesta al estrés. El objetivo de este proyecto es evaluar la contribución de los endófitos simbiotes de transmisión vertical a la capacidad de las plantas de transmitir respuestas intergeneracionales inducidas por la sequía que permitan una mayor tolerancia de la progenie a situaciones similares de estrés. Plantas del pasto anual *L. multiflorum* simbióticas (E+) y no simbióticas (E-) con el endófito *E. occultaans*, serán sometidas a distintos regímenes de sequía. Posteriormente, se evaluarán los requerimientos hídricos para la germinación de las semillas, así como la tolerancia a la sequía por parte de la progenie. Para entender los procesos fisiológicos involucrados, se medirán las fitohormonas (AJ y ABA), metabolitos secundarios (prolina y manitol) y expresión de respectivos genes de tolerancia a la sequía tanto en semillas como en plántulas progenie. En particular, se tratará de probar la existencia de regulaciones epigenéticas en los genes relacionados en estas respuestas como posible mecanismo de vínculo entre la historia materna y la progenie.

Agradecimientos: Fondecyt Regular 1210908

“Miel monofloral endémica de la región de Los Lagos, Chile”

G. García¹, I. I. Lamas¹, M. Iraira¹, J. Matamala¹, M. Rondanelli-Reyes¹

ggarcia2018@udec.cl

(1) Laboratorio de Palinología y Ecología Vegetal. Departamento de Ciencia y Tecnología Vegetal. Escuela de Ciencias y Tecnologías, Universidad de Concepción, Campus Los Ángeles, Chile.

El objetivo de la presente investigación fue realizar un análisis melisopalinológico y fisicoquímico de la miel obtenida en la precordillera de Osorno, de la región de Los Lagos. Esto permitió determinar las especies florales utilizadas por *Apis mellifera* para la elaboración de la miel, se clasificaron taxonómicamente siete familias botánicas, Cunoniaceae, Polygonaceae, Proteaceae, Fabaceae, Myrtaceae, Brassicaceae y Asteraceae. Del total de estas familias botánicas, las que tuvieron una mayor representación porcentual fueron Cunoniaceae, con la especie *Eucryphia cordifolia* que alcanzó un 75,68%, Polygonaceae, con la especie *Rumex acetosella*, con un porcentaje de 6,82 y Proteaceae, con la especie *Gevuina avellana*, con un 6,36%. Los resultados de los parámetros fisicoquímicos obtenidos cumplen con lo establecido por el reglamento sanitario de los alimentos de Chile (RSA). Se concluye que la miel procedente de la precordillera de Osorno es monofloral endémica de *Eucryphia cordifolia* (Ulmo) y cumple con todos los parámetros de calidad para su comercialización a nivel nacional e internacional.

Agradecimientos: Fondef ID19i10233.

“Rol de la metilación en la tolerancia a bajas temperaturas en la planta antártica *Colobanthus quitensis*”

Rasme Hereme¹, Marco Molina-Montenegro¹

rhereme@utalca.cl

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca.

Antártica es uno de los ecosistemas más severos; se caracteriza por sus bajas temperaturas. A pesar de las condiciones climáticas adversas, es posible encontrar la planta vascular *Colobanthus quitensis*. Los modelos climáticos predicen un aumento en la temperatura anual promedio en la Antártica, y si bien se considera que este aumento impactará positivamente en el crecimiento, distribución y reproducción de las plantas antárticas, también se ha observado que, bajo temperaturas más cálidas, aumenta la vulnerabilidad de las plantas a sufrir daños por eventos de bajas temperaturas. Esto probablemente se deba a un menor estrés ambiental con la consecuente pérdida de la memoria epigenética generada en respuesta al estrés. En esta investigación, analizamos los perfiles de expresión de genes relacionados con el frío *ICE1* y *DREB/CBF*, y los patrones de metilación de sus respectivas regiones promotoras mediante modificación con bisulfito de sodio, en clones de *C. quitensis* provenientes de la Base Polar Arctowski cultivados por 3 meses a temperatura antártica, temperatura proyectada de cambio climático y temperatura óptima. Los clones fueron sometidos a un evento simulado de baja temperatura por 12 horas. Se observó una expresión de genes diferencial en las tres condiciones, así como también patrones de metilación diferentes, en comparación a las plantas cultivadas en condición de temperatura antártica. Estos resultados nos permiten ampliar nuestra comprensión de la transducción y regulación de la señal subyacente a la aclimatación al frío y el efecto de las bajas temperaturas y cambio climático sobre la regulación epigenética en *Colobanthus quitensis*.

Agradecimientos: XIII Fondos de apoyo a tesis de postgrado en temas antárticos 2019 INACH DT_18_19; Beca de Doctorado Nacional ANID 21180714.

“Regulación de la síntesis de antocianinas por el factor de transcripción SIMYC2 en condiciones de estrés por deficiencia de fosfato en *Solanum lycopersicum* ‘Indigo Rose’”

Maybeling Junco¹ & Carlos Figueroa¹

maybeling.junco@utalca.cl

(1) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Súper Adaptables (MN-SAP), Santiago, Chile

(2) Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile

El tomate (*Solanum lycopersicum*), es el segundo cultivo hortofrutícola más importante a nivel mundial, además de ser el modelo de estudio para el desarrollo de frutos carnosos y climatéricos. La carencia de fósforo (P) es una de las principales limitaciones nutricionales del crecimiento de las plantas, que disminuye la productividad de los cultivos e induce cambios en la morfología y en procesos de señalización. A nivel transcripcional, la biosíntesis de antocianinas se encuentra principalmente regulada por complejos de tipo MBW, compuestos por factores de transcripción de tipo MYB, bHLH y WD, los que actúan a diferentes niveles de la síntesis de antocianinas. SIPHL1/SPHR1 es un factor de transcripción MYB-CC identificado en tomate y es un regulador clave para la respuesta transcripcional a la falta de Pi, que regula positivamente la respuesta a la deficiencia de Pi (PiS). La activación de estas respuestas es proporcionada por una compleja coordinación de varias vías de señalización, entre ellas, la mediada por jasmonato (JA), que es crucial en la inducción de genes relacionados con la tolerancia a estrés. Teniendo en cuenta lo anterior, se postula que el factor de transcripción SIMYC2 regula la síntesis de antocianinas en tomate bajo deficiencia de fosfato. Por lo anterior, se pretende analizar la respuesta molecular de plantas de tomate ante la deficiencia de Pi, comprobando la presencia de un nexo regulatorio en la síntesis de antocianinas mediado por el factor de transcripción SIMYC2 a través de SIPHR1/SIPHL1 bajo estrés por deficiencia de fosfato en *Solanum lycopersicum* ‘Indigo Rose’.

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt Regular 1210941 y Programa Iniciativa Científica Milenio-NCN2021_010; Beca de estudio doctoral de la Universidad de Talca 2021.

“Análisis in silico de genes relacionados con autofagia en tomate (*Solanum lycopersicum* L.) destacando su rol frente a estrés salino”

Fabián Soto¹, José Madrid-Espinoza¹ & Simón Ruiz-Lara¹

sotofab@gmail.com

(1) Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca, Chile.

El tomate (*Solanum lycopersicum*) es un cultivo de gran importancia en todo el mundo. Su consumo aumenta continuamente, sin embargo, su productividad se enfrenta actualmente a los desafíos del estrés biótico y el estrés abiótico, entre éstos, la salinidad del suelo, las altas temperaturas, el frío y el estrés por irradiación, que son las principales limitaciones para el potencial de rendimiento del tomate. Un proceso clave por el cual las células eucariotas responden y sobreviven a tales estreses es la autofagia vacuolar que corresponde a un proceso catabólico por el cual las células eucariotas degradan porciones de su propio citoplasma, incluyendo organelos y proteínas. Los genes relacionados con la autofagia, denominados principalmente *ATG*, codifican proteínas centrales de autofagia y se conservan en la mayoría de los organismos, incluidas las plantas. Mediante análisis de microscopía confocal se evidenció la inducción de la autofagia mediada por estrés salino en raíces de tomate. La estructura de genes y proteínas *ATG*, análisis filogenético y sintenia y la predicción de las interacciones proteína-proteína proporcionaron información relevante sobre el papel de las proteínas *ATG* en tomate. Análisis de expresión génica utilizando base de datos de microarrays de la familia de genes *ATG* en especies de tomate en respuesta al estrés salino permitió la identificación de genes candidatos, que podrían ser utilizados en programas de mejoramiento genético de especies de interés agronómico frente a este factor abiótico.

Agradecimientos: Fondecyt 1211180; Beca Doctoral Utalca.

“Evaluación de la actividad de *Pseudomonas* sp. J19 y de *Anaerobiospirillum* sp. TP22 como promotoras del crecimiento vegetal”

Yola Aguilar-Catacora^{1,2}, Antonio Quezada-Ortega¹, Steffany Cárdenas-Ninasivincha¹ & Patricio Muñoz-Torres¹

catacorayol35@gmail.com

(1) Laboratorio de Patología Vegetal y Bioproductos. Facultad de Ciencias Agronómicas. Universidad de Tarapacá, Av. General Velázquez 1775, Arica, Chile.

(2) Escuela Profesional de Biología – Microbiología. Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Ciudad Universitaria, Av. Miraflores S/N, Tacna, Perú.

Las bacterias aisladas de sitios extremos con un potencial agrícola tienen la capacidad de colonizar la planta para un mejor crecimiento y calidad de cultivos, además de reducir el estrés abiótico. Los valles de Lluta y Azapa se desatacan en la región de Arica y Parinacota, por su disponibilidad de agua durante todo el año y su producción agrícola. Sin embargo, la salinidad del agua y suelo de estos valles y las prácticas inadecuadas influyen negativamente en el desarrollo y rendimiento de cultivos. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar la actividad de *Pseudomonas* sp. J19 y *Anaerobiospirillum* sp. TP22 como promotoras del crecimiento vegetal en tomate “Poncho negro” (*Solanum lycopersicum* L.) y maíz “Lluteño” (*Zea mays* L. tipo amylacea). Las bacterias J19 y TP22 fueron aisladas de las termas Jurasi y Polloquere, respectivamente y fueron seleccionadas a partir de sus características PGP (plant growth promoting) y tolerancia a condiciones salino-bóricas. En ensayo in vitro las semillas embebidas con la cepa TP22 presentaron un alto porcentaje de germinación respecto al control. Sin embargo, la cepa J19 presentó un exiguo efecto en la germinación. En ensayo de invernadero, las plántulas de tomate inoculados con la cepa J19 mostraron un aumento de 1,29 veces en peso seco de la parte aérea, sin embargo, las plántulas de maíz inoculadas con la bacteria TP22 presentaron un aumento de 1,40 veces en peso seco de la parte aérea en comparación al control. Este estudio permite generar alternativas biológicas efectivas en la agricultura de zonas extremas.

Agradecimientos: Fondecyt de Iniciación N° 11200093.

“Evaluación de dos microorganismos endémicos del extremo norte de Chile, *Pseudomonas rhodesiae* A20 y *Bacillus thuringiensis* A3, como promotores del crecimiento vegetal (PGP)”

Antonio Quezada-Ortega¹, Yola Aguilar-Catacora^{1,2}, Steffany Cárdenas-Ninasivincha¹ & Patricio Muñoz-Torres¹

quezadaortega@gmail.com

(1) Laboratorio de Patología Vegetal y Bioproductos. Departamento de Recursos Ambientales. Facultad de Ciencias Agronómicas. Universidad de Tarapacá, Av. General Velázquez 1775, Arica, Chile.

(2) Escuela Profesional de Biología – Microbiología. Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Ciudad Universitaria, Av. Miraflores S/N, Tacna, Perú.

Nos encontramos frente a un panorama desfavorable de desertificación y cambio climático que exige la generación de nuevos conocimientos para el desarrollo de la agricultura en zonas limitadas por su clima árido y semiárido; tales zonas representan actualmente una proporción considerable de la superficie de la Tierra. En los valles de Lluta y Azapa de la región de Arica y Parinacota en el norte de Chile, la agricultura se lleva a cabo bajo condiciones extremas, donde la producción de los cultivos está limitada por varios factores ambientales, incluyendo aridez, y una alta concentración de sales, especialmente sodio y boro. Sin embargo, estos cultivos podrían estar asociados a microorganismos que mitigan el estrés biótico y abiótico, generando además una promoción del crecimiento vegetal (PGP). La siguiente investigación utilizó las cepas, A3 (miembro del género *Bacillus*) y A20 (miembro del género *Pseudomonas*) previamente aisladas de las lagunas de Amuyo. Estas bacterias logran desarrollarse en condiciones de estrés salino-bórico y generaron promoción del crecimiento vegetal en plantas de tomate Poncho negro (*Solanum lycopersicum* L.) y maíz “lluteño” (*Zea mays* L. tipo amylacea), aumentando la producción de materia seca por la planta respecto al control. Asimismo, la cepa A20 produce la enzima ACC desaminasa, destacable, ya que la actividad de esta enzima mejora la nutrición vegetal y la resistencia a factores de estrés. Los resultados obtenidos en este estudio nos abren al desarrollo potencial de un nuevo bioinoculante agrícola efectivo para zonas áridas y semiáridas en las cuales productos similares no han logrado efectividad.

Agradecimientos: Fondecyt de Iniciación N° 11200093.

“Distintas condiciones de luz inciden sobre el desarrollo de la raíz de reserva de zanahoria (*Daucus carota*)”

Fabiana Munizaga¹, Christian Gonzalez¹ & Claudia Stange¹

fabiana.munizaga@ug.uchile.cl

(1) Centro de Biología Molecular Vegetal, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La luz blanca, compuesta de luz roja (R), roja lejana (RL), azul (A) y verde (V), es un estímulo clave para el desarrollo y la síntesis de carotenoides en plantas. Los carotenoides son pigmentos antioxidantes fotosintéticos y precursores de fitohormonas. La zanahoria (*Daucus carota*) acumula grandes cantidades de carotenoides en su raíz de reserva que crece en oscuridad. Se ha demostrado que un cambio en la intensidad y calidad de luz afecta el crecimiento y la acumulación de carotenoides en algunas especies vegetales. Por ello, en tres condiciones lumínicas distintas, evaluamos el desarrollo fenotípico de la raíz de zanahoria, la expresión de genes carotenogénicos y el contenido de carotenoides. Las condiciones lumínicas estudiadas fueron C (control, enriquecida en luz V e intensidad de $54.5 \text{ mmol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), NS12 (enriquecida en R y V, de intensidad $86.6 \text{ mmol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), y AP67 (de elevado R y bajo RL, de intensidad $165.2 \text{ mmol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$). Se observó que a las 8 semanas de desarrollo, las luces NS12 y AP67 inducen un mayor crecimiento de raíces y la expresión génica de *DcPSY1* y *DcPSY2* (genes clave en la ruta carotenogénica) respecto al control. Sin embargo, no hubo diferencias en el contenido de carotenoides respecto a C. Proponemos que un mayor contenido de luz R y una mayor intensidad lumínica generaría una fotosíntesis más eficiente en hojas, lo que propiciaría un mayor flujo de sacarosa a la raíz, induciendo su desarrollo. Se concluye que la condición lumínica NS12 posee, en su conjunto, las componentes intensidad y calidad de luz que propician un mejor crecimiento de zanahoria.

Agradecimientos: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile (ANID) Fondecyt 1180747.

“Identificación genómica de la enzima APX1 en frutilla octoploide (*Fragaria × ananassa*)”

Vanessa Gonzalez^{1,2}, Paz E. Zuñiga^{2,3}, Karla Jara-Cornejo^{2,3}, Claudia Rivera-Mora^{2,3} & Carlos R. Figueroa^{2,3}.

vgonzalez18@alumnos.otalca.cl

(1) Escuela de Bioquímica, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(2) Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(3) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Super Adaptables (MN-SAP), Santiago, Chile.

El estrés oxidativo en plantas se evidencia por la acumulación de especies reactivas de oxígeno (ROS). En este evento, se cuenta con enzimas encargadas del control hacia su disminución progresiva, lo cual se logra con sucesiones de etapas como el ciclo ascorbato-glutación representativo del mecanismo antioxidante. El aumento en la actividad de la enzima ascorbato peroxidasa (APX), actividad relacionada al ciclo ascorbato-glutación responsable de la detoxificación de ROS, es indicador de estrés oxidativo en plantas. En la frutilla comercial (*Fragaria × ananassa*), un fruto altamente cotizado en el mercado por sus propiedades antioxidantes, esta enzima no ha sido estudiada en profundidad, limitando quizá posibles aproximaciones *in vitro* e *in vivo*. En esta investigación, identificamos y caracterizamos *in silico* el gen APX1 de *F. × ananassa* y su organización a nivel genómico. Para ello se analizó el genoma de *F. × ananassa* ‘Camarosa’ v1.a2 mediante herramienta Blast junto a estudios de filogenia empleando el software MEGA. Las regiones promotoras de cada copia génica de APX1 fueron analizadas utilizando las plataformas bioinformáticas PlantPAN y newPlace. Además, las proteínas fueron modeladas tridimensionalmente por homología utilizando MODELLER. Se identificaron 4 copias homólogas para APX1, nombradas como *FaAPX1-1*, *FaAPX1-2*, *FaAPX1-3* y *FaAPX1-4*, todas ellas ubicadas en el cromosoma III. El modelamiento tridimensional, presentó aproximadamente un 86% de identidad con nuestras secuencias en estudio y se caracterizó por la presencia de 10 alfa hélices, 1 hélice 3.10 y 2 láminas betas. Además, estructuralmente se distinguen surcos o hendiduras que pueden ser utilizados para la proteína como sitios de unión a ligando. Se proyecta este estudio al análisis funcional de la regulación de la expresión de APX1 caracterizando su región promotora.

Agradecimientos: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID, Chile) Fondecyt Regular 1210941 y Programa Iniciativa Científica Milenio-NCN2021_010; Becas Doctorado Nacional/2019 21190862; Doctorado Nacional/2020 – 21201520 y 21201418.

“Concentración de fenoles y flavonoides del extracto de cebolla (*Allium cepa*) y su actividad antioxidante y efecto inhibitorio sobre *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa*”

Griselda Velázquez¹, Anabel Bocanegra¹ & Rubén Santiago¹.

griselda.vgarcia26@gmail.com

(1) Unidad Académica Multidisciplinaria Reynosa-Aztlán México

El objetivo del estudio fue medir el contenido polifenólico, actividad antioxidante y actividad antimicrobiana de cuatro variedades distintas de *Allium cepa*. El contenido polifenólico y actividad antioxidante se analizó en el extracto acuoso y etanólico en cada variedad, mientras que la actividad antimicrobiana en el extracto etanólico. Los resultados en la cuantificación de fenoles totales en extractos acuosos por cada variedad expresados en mg equivalentes de ácido gálico (EAG)/g fue la siguiente: amarilla $75,6 \pm 1,0$; morada $63,9 \pm 0,6$; blanca $58,9 \pm 0,9$; y cebolleta $47,9 \pm 0,7$. En extractos etanólicos la variedad amarilla presentó $83,3 \pm 0,9$; morada $50,6$; blanca $55,0 \pm 1,4$; y cebolleta $54,2 \pm 0,6$. El contenido de flavonoides totales en extractos acuosos por cada variedad expresados en mg equivalente de quercitina (EQ)/g fue la siguiente: amarilla $42,0 \pm 0,9$; morada $54,7 \pm 1,6$; blanca $49,9 \pm 0,6$; y cebolleta $48,3 \pm 1,5$. Mientras que en extractos etanólicos el contenido de flavonoides totales (mg EQ/g) por variedad fue: $70,9 \pm 1,4$ (amarilla); $57,9 \pm 0,7$ (morada); $70,4 \pm 1,5$ (blanca), y $69,9 \pm 0,9$ (cebolleta). Respecto a la capacidad antioxidante, la blanca mostró los mejores resultados. Para la actividad antimicrobiana la variedad morada (concentración de 100%) presentó inhibición de crecimiento de *Staphylococcus aureus*, mientras que la blanca, seguida de morada y cebolleta (todas en concentración de 100%) presentaron inhibición de crecimiento de *Pseudomonas aeruginosa*. El estudio demuestra que la cebolla presenta capacidad antioxidante y favorece la inhibición de crecimiento de las bacterias *S. aureus* y *P. aeruginosa*.

Agradecimientos: Universidad Autónoma de Tamaulipas.

“Caracterización genómica y funcional de la cepa *Priesta sp.* Mod5IV aislada desde suelos contaminados con metales pesados, una rizobacteria promotora del crecimiento vegetal con potencial para la fitorremediación asistida por microorganismos”

Héctor Arce¹, Carolina Rojas¹, Andrés Marcoleta², Cristian Becerra¹ & Luis Pouchucq¹

lpouchucq@utem.cl

(1) Laboratorio de Biotecnología Vegetal y Ambiental, Departamento de Biotecnología, Universidad Tecnológica metropolitana.

(2) Grupo de Microbiología Integrativa, Laboratorio de Biología Estructural y Molecular BEM, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La cepa *Priesta sp.* Mod5IV fue aislada desde la rizosfera de una planta de *Caesalpinia spinosa* que crece sobre desechos mineros contaminados con metales pesados. Esta rizobacteria fue seleccionada en base a sus propiedades promotoras del crecimiento vegetal (PGPR). En el presente trabajo se muestra la caracterización funcional y genómica de la cepa. En cuanto a sus propiedades PGPR, la cepa Mod5IV mostró capacidad de solubilizar PO_4 y K, fijar nitrógeno, producir fitohormonas (AIA) y promover el crecimiento de *Arabidopsis thaliana* en condiciones *in vitro*. En cuanto a su capacidad de tolerar metales, la cepa mostró capacidad de tolerar altas concentraciones de cobre y arsénico, presentando una tolerancia baja al mercurio. El análisis genómico realizado simultáneamente por plataforma Illumina® y Nanopore® mostró que la cepa presenta un cromosoma de 5,254,635 bp y 9 plasmidios distintos conteniendo más de seis mil genes. Por otro lado, el análisis filogenético indicó que esta cepa pertenece a la especie *Priesta megaterium* (antiguamente *Bacillus*). La búsqueda de genes de interés mostró que la cepa presenta 16 genes relacionados a la tolerancia a metales pesados, incluyendo genes como *arsB/arsC* de tolerancia al arsénico y *copC/copD* de tolerancia al cobre. Del mismo modo presenta genes de tolerancia al cadmio, plomo, mercurio, zinc y cobalto. En cuanto a genes relacionados a las propiedades PGPR, se encontraron 21 de producción de sideróforos, 12 de solubilización de nutrientes, 10 de producción de AIA y 11 de fijación de nitrógeno. La cepa Mod5IV presenta propiedades interesantes para la fitorremediación asistida por microorganismos.

Agradecimientos: Proyecto de LPR21-05, Concurso interno de fomento a la I+D+I o creación, Universidad Tecnológica Metropolitana.

“Phytochrome A (*DcPHYA*) is required for carotenoid synthesis in the carrot taproot grown underground”

Rocío Quian-Ulloa¹, Fabiana Munizaga¹, Claudia Stange¹

rocio.quian.ulloa@gmail.com

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

Carotenoids provide yellow, orange and red colors to flowers and fruits, participate in photosynthesis, protect molecules against photo-oxidative damage, and are precursors of plant hormones. In vegetative tissue and fruits, light promotes carotenoid synthesis through light signaling molecules, such as photoreceptors (PHYs). PHYA is active and stable under Far-red (FR) light (shade condition) where it promotes photomorphogenesis (reducing hypocotyl length). Contrary, the orange carrot taproot (Nantes var.) synthesizes and accumulates high level of carotenoids growing underground, and light impairs both carotenoid synthesis and root development. To understand the genetic regulation, we performed a RNA-seq between root grown in light (R/L) and underground (R/D). Genes related to light signaling, such as *DcPHYA* are overexpressed in R/D. Here we show that *DcPHYA* has 73% amino acid identity with *AtPHYA* in their functional domains. Indeed, *Nicotiana tabacum* expressing *DcPHYA*, presents reduced hypocotyl length under FR, and altered expression of genes regulated by PHYA such as *NtGGPS* and *NtPEPCK*, suggesting that *DcPHYA* is functional. In carrot, *DcPHYA* is expressed preferably in R/D than in R/L during carrot taproot development. Carrot antisense lines with over 80% reduced relative expression of *DcPHYA* present between 65%-80% reduction in carotenoid content in the taproot as well as in the relative expression of *DcPSY1*, *DcPSY2* and *DcLCYB1* compared to wild-type plant. These results suggest that *DcPHYA* is functional and participates in carotenoid synthesis in the carrot taproot grown underground.

Funding: This research was funded by National Agency for Research and Development (ANID) Fondecyt 1180747 and 1221399 (CS) and the ANID PhD Scholarship 2018-21181369 (RQ-U); Jan Dijkman of Phillips donor of FR light and Delight donor of indoor tent.

“La plasticidad fenotípica que demuestra *Solanum peruvianum* en relación a *Solanum lycopersicum* frente al estrés hídrico es mediada por la activación temprana de genes asociados a senescencia”

Gerardo Tapia¹, Máximo Gonzalez², Jorge Burgos¹, María Verónica Vega¹, José Méndez¹ & Luis Inostroza¹

gtapia@inia.cl

(1) Unidad de Recursos Genéticos Vegetales, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA-Quilamapu, Avenida Vicente Mendez 515, Chillán, Chile;

(2) Laboratorio de Microbiología Aplicada, Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Raúl Bitrán 1305, La Serena, Chile.

El tomate cultivado (*Solanum lycopersicum*, *Slyc*) suele ser sensible al estrés hídrico mientras que la especie silvestre *Solanum peruvianum* (*Sper*), un arbusto perenne, puede crecer y tolerar la sequía extrema. La plasticidad de *Sper* considera modificaciones en la arquitectura de la planta, incluyendo una renovación foliar, entre otros cambios. Los eventos tempranos que gatillan la aclimatación y mejora de estos rasgos morfológicos no se conocen. En este estudio se ha realizado un análisis fisiológico y transcriptómico con el fin de entender los procesos que diferencian la respuesta de *Slyc* y *Sper* en el contexto de la aclimatación al estrés y sus posteriores consecuencias en la arquitectura de la planta. Con este objeto se establecieron condiciones óptimas (OW), estrés moderado (MD) y estrés severo (SD) utilizando el agente osmótico PEG. Los resultados mostraron una reducción en los valores de potencial osmótico e hídrico, lo cual es correlacionado con la sobreexpresión de genes relacionados con el metabolismo de azúcares y prolina en ambas especies. A su vez, genes relacionados con senescencia tales como la proteasa FTSH6 y asparagina sintetasa se indujeron en ambas especies. Sin embargo, categorías de GO tales como “protein ubiquitination” o “endopeptidase inhibitor activity” fueron enriquecidas diferencialmente en *Sper* y *Slyc*, respectivamente. Los genes relacionados con la biosíntesis de poliaminas fueron inducidos en *Sper* bajo el tratamiento de estrés, al igual que factores de transcripción pertenecientes a las familias ERF, WRKY y NAC. Aunque hay respuestas transcripcionales similares entre ambas especies, hay cambios importantes que son distinguidos y mediados por el estrés. Esto sugiere que las estrategias de respuesta al estrés hídrico en ambas especies dictan la activación diferencial y temprana de procesos que conllevan a cambios estructurales que se dejan en evidencia en etapas más tardías de la aclimatación.

Agradecimientos: Proyecto Subsecretaría de Agricultura: 501453-70.

“Evaluación del efecto de un consorcio bacteriano en el crecimiento en invernadero de plantas de tomate (*Solanum lycopersicum*) y lechuga (*Chicorium intybus*)”

Aura Araya^{1,3}, Luis Pouchucq^{1,2}, Sabina Arias^{1,4} & Cristian Becerra^{1,2}

aura.arayae@utem.cl

(1) Laboratorio Biotecnología Vegetal y Ambiental, Universidad Tecnológica Metropolitana.

(2) Facultad de Ciencias Naturales, Matemáticas y del Medio Ambiente, Departamento de Biotecnología, Universidad Tecnológica Metropolitana.

(3) Programa Magister en Ciencias de la Ingeniería, Mención química, Universidad de Chile.

(4) Programa Doctorado en Ciencia de Materiales e Ingeniería de Procesos, Universidad Tecnológica Metropolitana.

Alrededor del sistema radicular de las plantas hay un microbioma llamado rizósfera, que mediante diferentes moléculas pequeñas generan una interacción entre especies. Hay bacterias que facilitan el crecimiento de las plantas, denominadas bacterias promotoras del crecimiento vegetal (BPCV). Desde *Gevuina avellana* Mol., especie nativa del país, se aislaron microorganismos con características de BPCV, las bacterias fueron caracterizadas morfológica, bioquímica y molecularmente, obteniendo tres bacterias que individualmente son capaces de solubilizar fosfato y potasio, fijar nitrógeno y producir ácido indol-3-acético de los géneros *Microbacterium*, *Sphingomonas* y *Methylobacterium*. Además, se comprobó que estimulan el crecimiento vegetal a través de un cultivo *in vitro* de *Arabidopsis thaliana*. Con los microorganismos seleccionados se realizó un ensayo de compatibilidad indicando que ninguna bacteria inhibe el crecimiento de la otra, entonces fueron probadas como consorcio en un cultivo en invernadero de tomate (*Solanum lycopersicum*) y lechuga (*Chicorium intybus*). El consorcio produce un efecto positivo en los dos tipos de plantas, estimulando en cada una el crecimiento de la raíz, y una longitud mayor de tallo en el tomate y de la hoja en la lechuga. Igualmente, en el tomate hubo más cantidad de flores durante el cultivo y frutos al finalizar. Las características presentadas por las bacterias aisladas y sus efectos como un consorcio suponen un gran potencial para el desarrollo de un bioestimulante y biofertilizante, siendo parte de un modelo de agricultura sustentable.

Agradecimientos: Laboratorio de Biotecnología Vegetal y Ambiental (LBVA) de la Universidad Tecnológica Metropolitana; Proyecto “Transferencia caracterización tecnológica producción de avellano nativo”, Código BIP 30.388.076-0, del Fondo de Innovación para la Competitividad (FIC) del Gobierno Regional del Maule.

“Patrones de morfología floral de poblaciones de *Echinopsis chiloensis* en un gradiente climático”

Tamara B-Vilches¹, Carmen Osaa¹

tamara.bernal@alumnos.uv.cl

(1) Laboratorio de Ecología Evolutiva en Plantas Terrestres de la Universidad de Valparaíso.

La variación de forma de las flores, no sólo se asocian a la coevolución entre las plantas y sus polinizadores, sino también a las condiciones climáticas en que se desarrollan. El cactus columnar *Echinopsis chiloensis*, se distribuye en el mediterráneo chileno a lo largo de un gradiente climático, con un ensamble generalista en toda su distribución (31°-34°). En el presente trabajo se estudiaron distintos caracteres morfológicos de flores de *E. chiloensis*, asociado a diferencias en los regímenes de temperatura y precipitaciones, en distintos años dentro de un periodo de sequía creciente, y a lo largo del gradiente climático latitudinal. Nuestros resultados evidenciaron que, en el norte de la distribución, todos los caracteres estudiados redujeron su tamaño a excepción del ancho del nectario, mientras que al sur de la distribución se observó una disminución en el tamaño floral, pero algunos verticilos sexuales y el ancho del nectario aumentaron su tamaño en el año. Estas diferencias en la respuesta a la sequía, suman evidencia a la propuesta de dos subespecies una al norte de la distribución *E. chiloensis chiloensis* y otra al sur de la distribución *E. chiloensis australis*. A pesar de que pudiéramos estar frente a dos subespecies, los análisis en el gradiente latitudinal mostraron que en las poblaciones de ambientes más áridos las flores son más pequeñas, y sus caracteres sexuales más reducidos, sin embargo, los caracteres de atracción, como el largo de pétalo, aumentan su magnitud, independientemente de la subespecie, lo que podría incidir directamente en el éxito reproductivo de la planta.

“Efectos de las Biocrust sobre la flora vascular Antártica: Presente y futuro”

Andrea Barrera¹ & Marco Molina-Montenegro¹

abarrera@utalca.cl

(1) Laboratorio de Ecología Integrativa, Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Campus Talca, Avda. Lircay s/n, Talca, Chile.

La comunidad biótica conocida como Biological Soil Crusts (Biocrust) está compuesta en su mayoría por microorganismos y constituye un elemento ecológico clave en muchos ecosistemas del mundo como la Antártica. La presencia de Biocrust (BSC) podría ser clave en diferentes respuestas de la flora Antártica nativa e invasora, por ejemplo sobre aspectos nutricionales y ecofisiológicos. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de las BSC sobre el desempeño y desarrollo de *Colobanthus quitensis*, *Deschampsia antarctica* y *Poa annua* a través de diferentes proxies de aptitud: rendimiento fotosintético (Fv/Fm), contenido de nutrientes foliares, ganancia de biomasa (g), contenido de prolina y MDA. La influencia de las BSC sobre las respuestas de las tres especies de plantas vasculares en la Antártica se evaluó frente a un escenario ambiental actual (presente) y cambio climático (futuro: incremento de temperatura y disponibilidad de agua). Para determinar la dirección de la interacción entre BSC y plantas vasculares, se aplicó el índice de interacción relativa (RII) que nos permitió analizar si los efectos son positivos (1), negativos (-1) o neutrales (0) para las plantas vasculares. Nuestros resultados revelaron efectos positivos de la presencia de BSC sobre las plantas vasculares nativas e invasora, que fueron evidenciados mediante el RII que se mantuvo con mayor proporción en las condiciones analizadas con valores cercanos o mayores a 1. Concluimos que la presencia de BSC en la Antártica juega un rol positivo para la flora vascular los cuales se intensifican para algunas variables frente a un escenario de cambio climático.

Financiamiento: Proyecto INACH DT_20-18, Beca Doctoral CONICYT 21191647.

“Método molecular para la identificación temprana del Didymo: avances bioinformáticos y perspectivas futuras”

Alison Villaseca-Miranda¹, Diego Díaz-Muñoz¹, Karla Jara-Cornejo², Claudia Rivera-Mora² & Paz E. Zuñiga²

avillaseca20@alumnos.otalca.cl

(1) Bioquímica, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

(2) Núcleo Milenio para el Desarrollo de Plantas Súper Adaptables (MN-SAP), Santiago, Chile; & Laboratorio de Fisiología Molecular Vegetal, Instituto de Ciencias Biológicas, Campus Talca, Universidad de Talca, Talca, Chile.

El Didymo (*Didymosphenia geminata*) es una diatomea invasora en Chile que se ha expandido rápidamente en ríos y lagos, afectando la biodiversidad y economía del país. Los métodos utilizados actualmente para detectar el Didymo son altamente costosos y sobre todo demandan gran cantidad de tiempo, por lo que se requiere un método de detección más eficiente. El objetivo de este trabajo es identificar y caracterizar *in silico* una proteína candidata para ser utilizada como antígeno en la detección temprana del Didymo mediante inmunodetección. Para esto se analizaron 423 secuencias de proteínas cloroplastidiales disponibles en NCBI. La proteína seleccionada se caracterizó *in silico* y se modeló tridimensionalmente mediante el programa Modeller. Se determinaron los epítomos putativos mediante la herramienta Bcepred. Se seleccionó como proteína candidata a la subunidad beta de la fenilalanina-ARNt ligasa (syfB) con base en su expresión constitutiva y baja similitud dentro de las diatomeas. La proteína syfB de Didymo tiene 706 aminoácidos y se caracteriza por tener 16 alfa hélices, 4 helices3.10 y 29 láminas betas. Se identificaron 104 epítomos putativos y se seleccionaron 12 considerando su ubicación en la superficie de la proteína. Estos resultados son de vital importancia para el futuro diseño de un anticuerpo monoclonal para la detección del Didymo.

Agradecimientos: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID, Chile) Beca de Doctorado Nacional 2020 – 21201520, y 21201418; Doctorado Nacional/2019–21190862. Consorcio Sur-Subantártico Ci2030; Dirección de Innovación y Transferencia, Universidad de Talca.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Instituto de Ciencias
Biológicas (ICB)
de la Universidad de Talca, a los
auspiciadores
Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB),
Millenium Nucleus for the Development
of Super Adaptable Plants (MN-SAP),
Millenium Nucleus of Patagonian Limit-of-
Life (LiLi).

Además, agradecemos a la comisión
organizadora y estudiantes
del programa de Doctorado en Ciencias,
Mención Biología Vegetal y Biotecnología
por todas las gestiones realizadas
para este congreso.

y agradecemos especialmente a:
Paz E. Zúñiga, Claudia Rivera-Mora,
Macarena Zamorano y
Aníbal Gómez-Fuentes.



DBVB

Doctorado en Ciencias
Mención Biología Vegetal y Biotecnología

POSTULACIÓN

08 AGO AL 10 OCT DE 2022

PROGRAMA DE DOCTORADO

Su objetivo es formar capital humano avanzado capacitado para contribuir, en forma autónoma y en colaboración, a la investigación, desarrollo y aplicación de las diferentes disciplinas de la biología vegetal y biotecnología que propendan principalmente al mejoramiento de la producción silvoagrícola dentro de un contexto sustentable mediante la integración de conocimientos avanzados en disciplinas de la biología de organismos vegetales y de las interacciones de las plantas con su entorno abiótico y otros organismos asociados.

El Instituto de Ciencias Biológicas (ICB), donde radica el Doctorado, mantiene redes de colaboración científica con diversos centros de investigación internacional.

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Estrés biótico y abiótico
Recursos fitogenéticos cultivados y nativos
Ecología molecular y funcional

BENEFICIOS

Acceso a Becas de Doctorado (ANID)
Becas Universidad de Talca
Ayudas estancias de investigación internacional
Ayudas asistencia congresos nacionales e internacionales

**INICIO
ACTIVIDADES**
Marzo 2023