

XIV SIRGeAC

Simposio Internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe

Recursos Genéticos:
fuente de soluciones
para los desafíos
presentes y futuros.

Del 13 al 15 de
diciembre 2023.

Organizan:



LIBRO DE RESÚMENES



Simposio Internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe

EDITORES

Erika Salazar Suazo
Jean Franco Castro Figueroa
Pedro Montesano de Souza Campos
Rodrigo Díaz Cea
Andrea Romero Galaz
Anita Behn Gunther

Valdivia, Chile – 13 al 15 de diciembre de 2023

Edición técnica y diagramación
Pedro Montesano
Erika Salazar
Jean Franco Castro

Revisión general de contenidos
Erika Salazar
Jean Franco Castro
Pedro Montesano
Rodrigo Díaz
Anita Behn
Andrea Romero

Diseño
Andrés Ibáñez

Registro de propiedad intelectual
ISSN: 0717- 4810

Primera edición digital 2024

ACTA INIA N° 63

Citar este documento como:

Salazar, E., Castro, J.F., Montesano, P., Díaz, R., Romero, A., y Behn, A. (2024). Libro de Resúmenes Simposio Internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe. Recursos Genéticos: fuente de soluciones para los desafíos presentes y futuros. Instituto de Investigaciones Agropecuarias - 1° ed., Santiago, Chile. Serie Acta INIA N°63. 215 pp.

Todos los derechos de este libro están reservados y se permite la copia, reproducción, distribución, comunicación pública de la obra, parcial o total, con fines académicos, citando la fuente. No permite generar obra derivada ni utilizarla con fines comerciales.

Santiago, Chile



Comité Organizador

Coordinación General

Erika Salazar – INIA La Platina

Jean Franco Castro – INIA Quilamapu
Rodrigo Díaz – INIA Quilamapu
Andrea Romero – INIA Dirección Nacional
Anita Behn – U. Austral de Chile
Sylvana Bravo – U. Austral de Chile
Carolina Lizana – U. Austral de Chile
Paola Segovia – U. Austral de Chile

Comité Científico

Coordinación científica

Pedro Montesano – INIA Carillanca

Recursos Fitogenéticos

Erika Salazar - INIA La Platina
Gerardo Tapia - INIA Quilamapu
Manuel Muñoz - INIA Remehue
Patricio Hinrichsen - INIA La Platina
Anita Behn - U. Austral de Chile
Carolina Lizana - U. Austral de Chile
Iván Maureira - U. Austral de Chile
Oscar Thiers - U. Austral de Chile

Recursos Genéticos Microbianos

Jean Franco Castro – INIA Quilamapu
Lorena Barra – INIA Quilamapu
Marcelo Panichini – INIA Carillanca
Gudrun Kausel - U. Austral de Chile
Oscar Martínez - U. Austral de Chile

Recursos Zoogenéticos

Andrés Carvajal - INIA Remehue
Juan Pablo Smulder - U. Austral de Chile
Silvana Bravo - U. Austral de Chile
Karla Inostroza – U. Católica de Temuco

Nota de los Editores: el contenido de los resúmenes aquí compilados se publica como se recibió de sus autores y se aceptó por parte de los comités organizadores y/o científicos, excepto algunos casos cuyo formato fue ajustado para adaptarse a la diagramación.

TABLA DE CONTENIDOS

PREFACIO 20

CONFERENCIAS MAGISTRALES TRANSVERSALES 21

Conferencia Magistral Recursos Fitogenéticos

La conservación del pasado apuntando a las innovaciones de futuro. El papel de los bancos de germoplasma 22

Azevedo, V.

Conferencia Magistral Recursos Zoogenéticos

Genetic diversity, adaptation, and priority strategies for animal genetic resources conservation 23

Kantanen, J., Weldenegodguad, M., Ruvinskiy, D. and Pokharel, K.

Conferencia Magistral Recursos Microbianos

Biodiversidad microbiana, bancos de germoplasma y aplicaciones para la agricultura 24

Cotes Prado, A.M.

Conferencia Magistral Recursos Microbianos

A model for preserving the microbiome for Phytobiomes research 25

Ryan, M.

SECCIÓN 1: NUEVAS ESTRATEGIAS Y ACCIONES PARA FORTALECER LA CONSERVACIÓN *IN SITU* Y *EX SITU*, Y PROMOVER EL USO DE LOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETALES, ANIMALES Y MICROBIANOS 26

PONENCIAS ORALES 27

Recursos epi-genómicos para explotación sustentable y conservación de poblaciones locales del molusco nativo *Mythilus chilensis* 28

Yévenes, M., Gajardo, G., y Gallardo-Escárate, C.

Herramientas -ómicas en el estudio de recursos genéticos bacterianos de la Antártida 29

Núñez-Montero, K., Madariaga-Troncoso, D., Contreras Rivas, M.J., Leal Villegas, K., y Barrientos Díaz, L.

Colección de plantas vasculares antárticas: desafíos y avances 30

Cuba-Díaz, M., Navarrete, D., Ontivero, Y., Klagges, M., Alveal, S., Espinoza, C., y Arroyo, F.

Banco de Germoplasma de Papas de la UACH: fuente de nutrientes y de resistencias a factores bióticos relevantes para enfrentar los desafíos del futuro 31

Behn, A.

Rota dos Butiazais/Red Palmar: una red internacional para la conservación *in situ* de recursos fitogenéticos 32

Barbieri, R.L., Rivas, M., y Sosinski, E.

PONENCIAS EN FORMATO PÓSTER 33

Recursos Zoogenéticos 34

Caracterización genética y productiva de la ganadería ovina en el territorio Patagonia Verde, Chile 34
Carvajal, A.M., Martínez, M.E., y de la Barra, R.

Evaluación de la producción y composición de la leche en ovejas de raza Chilota bajo dos sistemas de alimentación en el Archipiélago de Chiloé, Chile 35
Martínez, M.E., y Palavecinos, P.

Características fenotípicas de gallinas Mapuche en comunidades rurales de la provincia de Diguillín, región de Ñuble 36
Rojas, C., Rodríguez, P., Vergara, R., Torres, L., Rivas, Y., Pinto, A., y Betancur, M.

Recursos Genéticos Microbianos 37

Biochemical and molecular characterization of aluminum-resistant bacteria with plant growth-promoting traits isolated from the rhizospheric soil of the cluster roots of *Gevuina avellana* 37
Arellano, V., Berríos, G., Delgado, M., and Sandoval, J.

Importance of bioresource conservation: Tapping into Antarctic Micrococcaceae family to detect biosynthetic gene clusters for the discovery of new bioactive metabolites 38
Barrientos, L., Bruna, P., Palma, M., Núñez-Montero, K., Leal Villegas, K., Contreras Rivas, M.J., and Zárate, A.M.

Diversity and structure of the bacterial communities associated to the rhizosphere of *Gevuina avellana* cluster roots growing in soils with high aluminum availability 39
Berríos, G., Delgado, M., Larama, G., Sandoval, J., and Reyes Díaz, M.

Criopreservación de *Saccharomyces eubayanus*: Efecto de glicerol y Velocidades de congelación 40
Caruso, A., Vilacoba, E., Libkind, D., y Santos, V.

Desafíos de las colecciones microbiológicas en Colombia: el caso de la Universidad de La Sabana, Colombia 41
Conde-Martínez, N. y González, A.A.

Caracterización bioquímica y metagenómica de bacterias provenientes de rizosfera de *Gomortega keule* Mol., con potencial capacidad promotora del crecimiento vegetal 42
Fredes Arévalo, E., Lecaros Suárez, B., Pouchucq Marinkovic, L., y Becerra Baeza, C.

Evaluación *in vitro* de la tolerancia al déficit hídrico de hongos endófitos y rizosféricos aislados de especies forestales nativas de la Región de Coquimbo 43
Martínez, M.P., Gacitúa, S., y Moraga, P.

Colección núcleo de *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (CNPss) de cerezo: impulsando nuevas estrategias de control del patógeno 44
Millas, P., Correa, F., Muñoz-Quiróz, V., Otárola, J., Fuentes, C., Moreno, J., y Sagredo, B.

Evaluación de genes de respuesta defensiva en plantas de *Solanum lycopersicum* tratadas con formulados biológicos basados en microorganismos **45**

Peñaloza, B., Urrutia, S., García, R., Chong, B., y Morán, R.

Incidencia de hongos patógenos en *Vasconcellea pubescens* cultivada en pequeños campos de la zona costera de la Región del Maule **46**

Parra Muñoz, P., Gonzalez, G., Verdugo, D., Pino, H., Espinoza, S., Carrasco, B., y Quiroz, K.

Explorando características promotoras del crecimiento vegetal en cepas de rizobios naturalizadas que nodulan soja en Uruguay **47**

Fornero, C., Beyhaut, E. y Rodríguez-Blanco, A.

Hongos endófitos de semillas de *Morella pavoronis* (C.DC.) Parra-Os y su posible rol en la dormancia de las semillas **48**

Uvidia, A., Contreras, S., León-Lobos, P., y Moraga, P.

Recursos Fitogenéticos 49

Procesos de conservación *in situ* e *in situ/on-farm* de camu camu [*Myrciaria dubia* (Kunth) McVaugh] por comunidades indígenas en la amazonia colombiana **49**

Aguirre-Neira, J.C., Cuervo, I., Raz, L., y Clement, C.

Impulsando la valoración y uso de los recursos genéticos de papa nativa de Chile **50**

Muñoz, M., Folch, C., Winkler, A., y Alva, S.

Establecimiento de un protocolo para la propagación acelerada de plantas de papa (*Solanum tuberosum* L.) bajo el sistema autotrófico hidropónico (SAH) **51**

Álvarez, A., Behn, A. y Carrasco, J.

Conservación *in vitro* en poblaciones de *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl. (Caryophyllaceae) **52**

Alveal, S., Burgos, R., y Cuba-Díaz, M.

Morphological characterization of landrace of *Arachis hypogaea* L. cultivated in northern Uruguay **53**

Bonfiglio, M., Tadich, I., Naya, I., Da Luz Graña, C., Castro, X., Garcia da Rosa, V., Rodriguez, E., Vidal, R., and Vaio, M.

Quality evaluation of cherimoya fruit (*Annona cherimola* Mill.) based on exocarp type in the South of Ecuador **54**

Capa-Morocho, M., Molina-Müller, M., Vásquez, S., Valverde, M., Romero, M., Vaca, A., Ochoa, E., and Granja, F.

Germinación *in vitro* a bajo costo para la introducción de *Deschampsia antarctica* a la colección de plantas antárticas **55**

Carrasco, M., Ontivero, Y., Navarrete-Campos, D., Cabrera-Barjas, G. y Cuba-Díaz, M.

State of art in maize cytogenetics: insights into races from Uruguay and Brazil **56**

Carvalho, R.F., Vaio, M., and Vidal, R.

Obtención de proteasas en *Puya alpestris* (Poepp.) Gay a través de métodos biotecnológicos 57

Castro Cabrera, I., Sotomayor Burgos, L., Obregón, D., Bruno, M., Vives Hernández, K., y Hernández de la Torre, M.

Compuestos bioactivos y actividad antioxidante en flores comestibles tradicionales de México, un recurso inexplorado 58

Marcos-Gómez, R., Vera-Guzmán, A.M., Pérez-Ochoa, M.L., Flores, P.D., y Chávez-Servia, J.L.

Compuestos funcionales y actividad antioxidante en una variedad tradicional de Chile (*Capsicum annuum* L.) del sur de México 59

García-Vásquez, R., Vera-Guzmán, A.M., Carrillo-Rodríguez, J.C., y Chávez-Servia, J.L.

Avances en la genotipificación de la colección mundial de variedades criollas de *Phaseolus vulgaris* L. de la Alianza Bioversity-CIAT 60

Correa Abondano, M., Ospina, J.A., Wenzl, P., y Carvajal-Yepes, M.

Diferenciación de nuevas variedades de olivo de la provincia de Catamarca-Argentina mediante descriptores y espectroscopia de infrarrojo cercano NIR 61

Delgado, I.D., Amorena, I., Montalvan, D., Nunez Rodriguez, J.A., Prenol, L.V., y Tosto, D.S.

Evaluación del comportamiento germinativo de flora nativa de Uruguay 62

Díaz, M., de Almeida, N., y Cortizas, S.

Sistema de documentación y acceso a los recursos genéticos de la red de bancos de germoplasma INIA-Chile 63

Díaz, R., Salazar, E., Tapia, G., Castro, J.F., Montesano de Souza Campos, P., Alva, S., y Pañitru, C.

La Subred de Recursos Fitogenéticos del INTA, Argentina 64

Atencio, H.M., Bernardi, C.N., Bubillo, R.E., Calvo, P.C., De Angelis, V., Defacio, R.A., Ferreyra, M.J., Formica, M.B., Malagrina, G.M., Martínez, E.S., Spoljaric, M., Togno, L.S., y Digilio, A.

Fenotipado y establecimiento de protocolo de microconservación para una colección chilena de ajo (*Allium sativum* L.) 65

Donoso Ñanculao, G., Tapia, G., Venegas, F., Méndez, J., y Cid Arias, N.

Patrimonio alimentario y biodiversidad y su relación con la valorización de los recursos genéticos en Brasil 66

Elesbão Alves, R., y Ramalho Ramos, S.

Complementariedad entre actividades de conservación *in situ* y *ex situ* en la Subred de Recursos Fitogenéticos de INTA, Argentina 67

Defacio, R.A., Digilio, A., Atencio, H.M., y Ferreyra, M.J.

Valor nutricional de tubérculos de una colección núcleo de parientes silvestres de la papa de Uruguay 68

Gaiero, P., Rodríguez, G., Bonjour, F., Martínez, C., Núñez, N., González-Arcos, M., Vilaró, F., González-Barrios, P., Speranza, P., e Ibáñez, F.

Uso de la diversidad genética y selección clonal de materiales de arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancr.) 69

Orozco-Orozco, L.F., Espitia-Negrete, L.B., López-Hoyos, J.H., Garnica-Montaña, J.P., y Grisales-Vásquez, N.Y.

Diversidad de especies de *Capsicum* presentes en la colección de Banco de Germoplasma de AGROSAVIA 70
Orozco-Orozco, L.F., Espitia-Negrete, L.B., Loaiza-Loaiza, O.A., Grisales-Vásquez, N.Y., López-Hoyos, J.H. y Medina-Cano, C.I.

Bioprospección y establecimiento de cultivos *in vitro* de plantas de la familia Amaryllidaceae de la Región del Maule 71

Hernández Castillo, R., Pino, N., Castillo, I., de Andrade, J., y Arencibia, A.D.

Descubrimiento y caracterización genética de nuevas cepas criollas y variedades europeas de vid no descritas en Chile 72

Hinrichsen, P., Meneses, M., y Castro, M.H.

Estructura genética del maqui (*Aristotelia chilensis* [Molina] Stuntz) y reducción norte-sur de su diversidad genética 73

Cona, M., Chávez, A., León-Lobos, P., Marín, J.C. y Hinrichsen, P.

Colección de referencia de semillas de vid para estudios arqueológicos 74

Kidder, F., Salazar, E., Belmar, C., Ucchesu, M., y Quezada, J.

Patrones de germinación de semillas de *Myrica pavonis* (Myricaceae), un árbol nativo del extremo norte de Chile 75

León-Lobos, P., Pañitrur, C., Navarro, J., e Ibáñez, S.

Ex situ conservation of the useful, native vascular flora of Chile. A preliminary analysis 76

Luebert, F., Scherson, R.A., Pañitrur, C., Villanueva, D., Espinoza, T., Cisternas, M., Salazar, E., and Magni, C.R.

Conservación de recursos fitogenéticos en la provincia de Arauco, Chile: una mirada desde el tukukawe y el banco de semillas del Museo mapuche de Cañete 77

Manosalva, H., Saavedra, M., Obreque, M., Carvajal, J., Leal, C., Torres, M., Painequeo, N., Nilo, S., y Carrero, M.

Estudio de la diversidad morfológica y metabolómica de variedades criollas de maní conservadas *in situ* en Uruguay 78

Martínez, G., Naya, I., Castro-Carli, X., Vidal, R., Vaio, M., de Almeida, N., López, A., y Rossini, C.

Active germplasm bank of Embrapa Pecuária Sul 79

Mazzonato, A.C., Ferreira, J.L., Barbosa Silva, G., da Silva Gularte, T., and Miranda de Pellegrin, B.

Provision of data from the CNPO herbarium of Embrapa Pecuária Sul 80

Mazzonato, A.C., Barbosa Silva, G., Torres Pérez, G., Reis, R.P., de Carvalho, H., Gularte, T., Beckmann, Z., and Oliveira N.

Identificación de los caracteres principales que contribuyen al incremento del rendimiento en variedades de trigo del último centenio en Chile 81

Méndez, J., Tapia, G., y Venegas, F.

En búsqueda del potencial enológico-sidrero de manzanos patrimoniales de la Región de los Lagos 82

Galaz Torres, C., Vergara, C., Zamora, O., y Morales, R.

Caracterización de parientes silvestres de la papa nativos de Uruguay por su resistencia a marchitez bacteriana **83**

Núñez, N., Rodríguez, G., Tourne, F., Monteverde, E., González-Barrios, P., Ferreira, V., Siri, M.I., Galván, G., Speranza, P., Vilaró, F., y Gaiero, P.

Germinación *in vitro*: Una herramienta para la conservación *ex situ* de la planta antártica *Colobanthus quitensis* **84**

Ontivero, Y., Salgado, C., Cabrera-Barjas, G., y Cuba-Díaz, M.

Estudio de asociación genómica en germoplasma de Sur América para resistencia a un Ipomovirus de importancia económica **85**

Ospina, J.A., Lopez, D.C., Wenzl, P., y Carvajal-Yepes, M.

Flora costera de la Región de Antofagasta: Avanzando hacia su conservación, valoración y restauración **86**

Pañitru, C., Ibáñez, S., Sandoval, A., y Bolados, G.

Análisis espacial de la diversidad ecogeográfica de *Melothria pendula* L. para su conservación *in situ* y *ex situ* en México **87**

González-Santos, R., Parra-Quijano, M., Hernández-Sandoval, L., y Guerrero-Torres, P.

Determinación de zonas espaciotemporales de transferencia de semillas de leguminosas forrajeras en Argentina frente al cambio climático **88**

Silvestri, M.C., Acuña, C.A., Lavía, G., y Parra-Quijano, M.

Determinación de diversidad genética de chaura (*Gaultheria pumila* L.f.) mediante marcadores Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) **89**

Parra Muñoz, P., Peñaloza, B., Espinoza, S., García, R., y Quiroz, K.

Efecto del estrés hídrico en la cinética de desarrollo de la semilla en variedades tradicionales de poroto chileno **90**

Pérez, M., Tapia, G., Méndez, J., Lozano, C., y Venegas, F.

Validación de secuencias de Defensinas en ADN genómico de especies diploides y tetraploides de *Paspalum* (Gramineae) **91**

Rodríguez-Decuadro, S., Ramos, S., y Vaio, M.

Efecto del déficit hídrico en la germinación y crecimiento de especies nativas **92**

Rodríguez, Y., Moreno, C., Suárez, C., Gillman, L., y Fernández, G.

Evaluation of the physiological quality of the seed library collection of Universidad Tecnológica del Uruguay **93**

Russi, F., Martínez, V., y de Almeida, N.

Propagation of *Phaseolus albicarminus* Debouck & N. Chaves, by layering, cuttings, and grafting **94**

Sabogal Carvajal, R.A., Escobar Guzmán, H., Gereda, J.M., Santaella, M., and Debouck, D.G.

Evaluation of rootstocks for the multiplication of *Phaseolus albicarminus* Debouck & N. Chavesa **95**

Sabogal Carvajal, R.A., Gereda, J.M., Escobar Guzmán, H., Santaella, M., and Debouck, D.

Agricultura familiar campesina y conservación de las semillas tradicionales: el caso del maíz en San Carlos, Ñuble, Chile **96**

Salazar, E., Chiron, C., Salfate, V., Tiara, F., y Vaillant, M.

Diversidad y estructura genética de la colección chilena de maíz mediante marcadores SNPs en alta densidad basados en DArTseq **97**

Salazar, E., Salfate, V., González, M., Sansaloni, C., y Petroli, C.

Modelamiento y caracterización de las zonas de cultivo del maíz en Chile basado en variables climáticas **98**

Salazar, E., Salfate, V., Fuentes, M., y Alfaro, A.

Colección de porotos de la Universidad Tecnológica del Uruguay **99**

Sosa, C., Luján, M.P., Vidal, R., y de Almeida, N.

El pastoreo aumenta el rendimiento cuántico de gramíneas en pastizales naturales de Uruguay **100**

Suárez, C., Rodríguez, Y., Claramunt, M., y Fernández, G.

Caracterización de la colección *ex situ* de *Phaseolus lunatus* y *P. vulgaris* de Uruguay **101**

Tadich Delascio, I., Andrade, F., Bonfiglio, M., Naya, I., Vaio, M., Vidal, R., y de Almeida, N.

Modelado de la distribución actual y futura de *Solanum chilense* frente al cambio climático: recomendaciones para su conservación **102**

Lorca, F., Gangas, J., y Tapia, G.

Colección Chilena de porotos: Consideraciones en el estudio y caracterización de su diversidad para la seguridad alimentaria futura **103**

Tapia, G., Mendez, J., y Venegas, F.

Genomic analysis of two medicinal plants from Colombia: *Lippia alba* and *Petiveria alliacea* **104**

Tarazona-Pulido, L., Rugeles-Silva, P.A., Cardona Tobar, K.M., Díaz-Ariza, L.A., Muñoz Florez, J.E., and López-Álvarez, D.

Marcadores microsatélites de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) utilizados en la caracterización molecular de accesiones de cañahua (*C. pallidicaule* Aellen) del Banco de Germoplasma de granos altoandinos del INIAF **105**

Veramendi, S., Huanca, N., e Hinojosa, L.

Conservation of plant genetic resources at Embrapa Tabuleiros Costeiros **106**

Cruz da Silva, A.V., Neves Muniz, E., da Silva Ledo, A., da Silva Júnior, J.F., Albuquerque Rangel, J.H., Marques de Carvalho, L., Nassau Costa, E.F., and Lopes de Souza, J.

Ex situ conservation and application of descriptors in the characterization of Genipap genebank **107**

Cruz da Silva, A.V., Alves Santos, C., Silva Santana, J.G., da Silva, Ledo, A., Neves Muniz, E., and Lopes de Souza, J.

Evaluación de la respuesta a tizón tardío (*Phytophthora infestans*) en una colección núcleo de parientes silvestres de la papa del Uruguay **108**

Vique, B., Hernández-Lista, N., Núñez, N., Rodríguez, G., González-Arcos, M., Valle, D., Moreira, V., Galván, G., Vilaró, F., González-Barrios, P., y Gaiero, P.

SECCIÓN 2: INNOVACIONES DESARROLLADAS A PARTIR DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS PARA HACER FRENTE A LOS EFECTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO 109

CONFERENCIA MAGISTRAL 110

Recursos genéticos de tomate, sus microorganismos y cambio climático: un prospecto de investigación para los desafíos futuros **111**

González, M., Salazar, E., Donoso, A., Alfaro, A., Pasten, P., Muñoz, A., Salfate, V., Rodríguez, R., Cortés, C., Stoll, A.

PONENCIAS ORALES 112

Manejo de la vegetación nativa para la conservación *in situ* de los palmares de butiá en tiempos de cambio climático **113**

Sosinski, E., Raguse-Quadros, M., y Urruth, L.

Estrategias para poner a los recursos fitogenéticos al servicio de una agricultura resiliente al cambio climático **114**

Bustos-Korts, D.

Parientes silvestres de alfalfa provenientes de ambientes afectados por severas sequías, para la adaptación al cambio climático de la ganadería de Chile Mediterráneo **115**

Ovalle, C., Inostroza, L., del Pozo, A., Barahona, V., y Espinoza, S.

Water crisis in Uruguay and the conservation of landraces **116**

Vidal, R., Vaio, M., and de Almeida, N.

Genetic pathways from extremophile plants: new approach for crops genetic engineering to abiotic stress tolerance **117**

Gómez-Espinoza, O., Carrer, H., Abanto, M., Reyes Díaz, M., Gajardo, H., Villena, K., and Bravo, L.A.

PONENCIAS EN FORMATO PÓSTER 118

Recursos genéticos microbianos 119

Metodología para el desarrollo comercial de bioinsumos en base a microorganismos: modelo hongos endófitos Endomix® **119**

Barra-Bucarei, L., Parra Andrades, K., Ortiz-Campos, J., y Parra Henríquez, P.

Isolation and microbiological characterization of lactic acid bacteria from organic fruits and vegetables from Maule region **120**

Barros Díaz, V., Mamani Challapa, M., and Valdés Vergara, C.

Isolation and characterization of epiphytic bacterial strains from roots of *Lampranthus* spp. **121**

Carvajal, P., Pérez, J., Rojo, J., Lobera, F., and Mercado-Seguel, A.

Banco de Nemátodos INIA: complejo nemátodo entomopatógeno-bacteria simbiote para el control de plagas de importancia económica en la agricultura **122**

Monje, A.J., Jara, P.M., y Navarro, P.D.

Caracterización de una Superóxido Dismutasa proveniente microorganismo termófilo *Geobacillus wiegeli* (GWE1) aislado a partir de una estufa de esterilización **123**

Leiva, G., Monsalves, M., y Blamey, J.

Herramientas-ómicas en el estudio de recursos genéticos bacterianos de la Antártida **124**

Núñez-Montero, K., Madariaga-Troncoso, D., Contreras Rivas, M.J., Leal Villegas, K., y Barrientos Díaz, L.

Biological synthesis of ferromagnetic nanoparticles mediated by extremophilic microorganisms **125**

Antúñez, V., Sánchez-San Martín, J., and Blamey, J.

Identification and Characterization of the Biotechnological Potential of Microorganisms Isolated from Water Samples of Falcon Fiord, Southern Patagonian Ice Field **126**

Sánchez-San Martín, J., Jessen, G., and Blamey, J.

Biosíntesis de nanopartículas de cobre mediante bacterias aisladas de muestras antárticas **127**

Torres-Ponce, N., Blamey, J., y Cuadros-Orellana, S.

Valorization of agroindustrial waste for the generation of bioplastics **128**

Valdés Vergara, C., Mamani Challapa, M., Guzmán, V., Prieto, J., Barros Díaz, V., Valdés, T., and Martínez, V.

Benthic environment as reservoirs of antimicrobial resistance sentinels – toward genetic surveillance for coastal ecosystems **129**

Zárate, A., Buschmann, A., Pérez-Santos, I., Alarcón, J., Leyton, B., Bruna, P., and Barrientos, Díaz, L.

Recursos Fitogenéticos 130

Supervivencia y crecimiento inicial de híbridos Roble-Raulí (Ro-Ra) en un sitio de la Depresión Intermedia, región de Los Ríos, Chile **130**

Fernández-Villegas, C., Droppelmann, F., y Thiers, O.

Modelos predictivos basados en reflectancia-NIR para la estimación de la eficiencia en el uso del agua de poblaciones de alfalfa **131**

Inostroza, L., Garriga, M., Sandoval, F., Khaled, A., y Pino, M.T.

Valor agronómico de líneas genéticas de alfalfa tolerantes a sequía evaluado en cinco ambientes del secano Mediterráneo de Chile **132**

Inostroza, L., Barahona, V., Etcheverría, P., del Pozo, A., Ovalle, C., Espinoza, S.

Mejoramiento genético de manzano: En busca de nuevas variedades chilenas resistentes a *Venturia* y ambiente con temperatura subóptima **133**

Salvadores, Y., y Hahn, C.

SECCIÓN 3: INNOVACIONES DESARROLLADAS A PARTIR DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS PARA GARANTIZAR LA SEGURIDAD ALIMENTARIA Y NUTRICIONAL 134

CONFERENCIA MAGISTRAL 135

Uso de los recursos genéticos del maíz en los programas públicos de mejoramiento genético en Latinoamérica: Retos y oportunidades **136**
Chassaigne, A.

PONENCIAS ORALES 137

Recursos fitogenéticos y Conocimientos locales en la “Quebrada de los Cuervos y Sierras del Yermal” en Uruguay **138**
Puppo, M., Gianotti, C., Calvete, A., Leal, A., y Rivas, M.

Identidad y sostenibilidad de casas comunitarias de semillas criollas y nativas **139**
Forero Roncancio, L.G., Rodriguez Ramos, E.H., y Parra-Quijano, M.

Diversidad genética de accesiones élite de mandioca para calidad comercial en Paraguay **140**
Mendoza González, A., y Toledo, W.

Evaluación de 63 accesiones de fique (*Furcraea* spp. L) y selección de accesiones promisorias en la colección de trabajo de Agrosavia **141**
Espitia-Negrete, L.B., Orozco-Orozco, L.F., Cotes-Torres, J.M., Medina-Cano, C.I., y Grisales-Vásquez, N.Y.

PONENCIAS EN FORMATO PÓSTER 142

Recursos Zoogenéticos 142

Edad al primer parto de vacas F1 Costeño con Cuernos por Holstein rojo y Jersey en el Caribe Seco Colombiano **143**
Paternina Diaz, E., Montiel Vargas, A.G., Hernandez Martinez, C.C., y Cañas Alvarez, J.J.

Recursos Genéticos Microbianos 144

Comportamiento de búsqueda de nemátodos entomopatógenos nativos e introducidos en el control de larvas de *Aegorhinus* **144**
Navarro, P.D., Monje, A.J., Gallegos, V., Berrios, G., Álvarez, I., y Herrera, C.

Análisis predictivo, comparativo y experimental de los factores insecticidas producidos por el hongo entomopatógeno *Beauveria pseudobassiana* RGM 2184 **145**
Altimira, F., Arias-Aravena, M., Jian, L., Real, N., Correa, P., González, C., Godoy, S., Castro, J.F., Zamora, O., Vergara, C., Vitta, N., y Tapia, E.

Caracterización microbiológica de los lodos del tratamiento de aguas residuales de la industria vitivinícola **146**
Echeverría Veja, A., Espinoza Mondaca, A.I., Arqueros Sanhueza, E., Mellado Quintanilla, D., Roa Roco, R., y Morales Vera, R.

Cepas de levaduras vínicas como plataforma para mejoras genéticas de caracteres de fermentación y emisión de gasotransmisores (H₂S) para aplicaciones agrobiotecnológicas **147**

Molinett, S., Kessi-Pérez, E.I., y Martínez, C.

Hongos endófitos del género *Trichoderma* spp. para la promoción de crecimiento en el cultivo de ají **148**

Ortiz-Campos, J., Barra-Bucarei, L., Parra Andrades, K., y Parra Henríquez, P.

Recursos Fitogenéticos 149

Evaluación del potencial de adaptabilidad de *Camelina sativa* en la macrozona Sur Austral de Chile **149**

Chandía, M.J., Teuber, O., Ordoñez, I., Alcalde, J.M., Luengo-Escobar, A., y Osorio, C.E.

The potential of Chilean winter squash (*Cucurbita maxima* Duch.) populations with high nutritional quality towards food safety **150**

Donoso, A., Vergara, C., and Salazar, E.

Biodiversidad en características morfológicas y fisicoquímicas de genotipos de *Rubus* de una colección de trabajo en Colombia **151**

García-Arias, F.L., Sanchez-Betancourt, E., Mayorga, F., Franco, V., y Núñez, V.

Patrones de usos tradicionales y modernos de las plantas nativas comestibles de Chile **152**

León-Lobos, P., Díaz-Forestier, J., Díaz, R., Celis-Diez, J.L., Diazgranados, M., y Ulian, T.

Desempeño fisiológico de genotipos del tubérculo andino *Tropaeolum tuberosum* Ruiz & Pavón en condiciones de bajo fósforo **153**

Lesmes Lara, Y., Ñustez López, C.E., Magniyskiy, S., y Moreno Fonseca, L.P.

Nuevas variedades de papas derivadas de recursos genéticos nativos para enfrentar el cambio climático **154**

Lizana, C., Behn, A., Quezada, D., Águila, A., y Miquel, L.

Desempeño de variedades dulces de *Lupinus albus* en dos localidades del sur de Chile **155**

López, G., Alcalde, J.M., Luengo-Escobar, A., y Osorio, C.E.

Diversidad genética y fenotípica de un germoplasma de avena de diverso origen en relación con el mejoramiento genético **156**

Mathias-Ramwell, M., Pavez, V., Meneses, M., Fernández, F., Valdés, A., Lobos, I., Silva, M., Saldaña, R., y Hinrichsen, P.

Prospección de tolerancia a enfermedades en un germoplasma de avena de diverso origen en el sur de Chile **157**

Mathias-Ramwell, M., y Fernández, F.

Caracterización de la altura de planta y la tolerancia a tendedura de un germoplasma de avena de diverso origen en el sur de Chile **158**

Mathias-Ramwell, M., y Fernández, F.

Diversidad genética de accesiones elite de mandioca para calidad comercial en Paraguay **159**

Mendoza González, A., y Toledo, W.

Evaluación de los rasgos radicales y estrategias de adquisición de fósforo en germoplasma de quinoa de tierras bajas chilenas: perspectivas para la agricultura sostenible **160**

Montesano de Souza Campos, P., Meier, S., Morales, A., y Seguel, A.

Variabilidad fenológica en genotipos de trigo de invierno y primavera en respuesta a la disponibilidad de fósforo y agua **161**

Meier, S., Montesano de Souza Campos, P., Palma, R., Cea, P., y Seguel, A.

Caracterización de la diversidad fenotípica del Sauco (*Sambucus* sp.) en el sur de Chile: Hacia la domesticación y producción sostenible **162**

Montesano de Souza Campos, P., González, A., Morales, A., Romero, I., Galdames, R., Matamala, L., Crouchett, R., Emden, N., Tardón, G., López, M., Cheuque, F., Valenzuela, M.S., Díaz, N., y de La Vega, M.

Mini tubérculos de papa: el inicio del escalamiento productivo de semilla certificada en el sur de Chile **163**

Moreno Peña, M.C., y Alva, S.

Potencial de rendimiento y sus componentes en variedades tradicionales nativas de papa en comparación con cultivares desarrollados por programa de mejoramiento genético **164**

Muñoz, M., Uribe, M., Folch, C., Méndez, A.M., y Martínez, I.

Variabilidad del rendimiento y calidad para un panel diverso de líneas experimentales de papa ensayadas en tres condiciones de cultivo **165**

Muñoz, M., Uribe, M., Folch, C., Méndez, A.M., y Martínez, I.

Transcriptómica *de novo* como oportunidad para la búsqueda de proteínas con potencial antimicrobiano en especies nativas **166**

Rodríguez-Decuadro, S.

Uva tintorera, fuente de antioxidantes para la salud **167**

Salazar, C., Vergara, C., Miranda, M., y Zamora, O.

Potencial de harinas no convencionales de origen local como alternativas de proteína vegetal para la industria de alimentos **168**

Sandoval, A., Vergara, C., Vera, L., Fulle, R., Sanhueza, F., Zamora, O., Zúñiga, J., Mathias-Ramwell, M., Cordero-Lara, K., Osorio, C.E., Alfaro, C., y Alcalde, J.M.

Plasticidad y resiliencia de *Lupinus albus* bajo un escenario de cambio climático **169**

López-Olivari, R., Soto, S., Luengo-Escobar, A., Alcalde, J.M., y Osorio, C.E.

Betarraga amarilla: potencial fuente colorantes amarillos naturales **170**

Vergara, C., Pino, M.T., Zamora, O., McLeod, C., Sandoval, A., y Álvarez, F.

Contenido de polifenoles y antocianinas en híbridos de maqui (*Aristotelia chilensis*) **171**

González, B., Osorio, E., Doll, U., y Vogel, H.

SECCIÓN 4: INNOVACIONES DESARROLLADAS A PARTIR DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS Y MICROBIANOS PARA HACER FRENTE A LOS EFECTOS DEL CAMBIO CLIMÁTICO, GARANTIZAR LA SEGURIDAD ALIMENTARIA Y NUTRICIONAL 172

PONENCIAS ORALES 173

Análisis de la estructura poblacional y cuello de botella genético de poblaciones de gallina Mapuche presentes en el sur de Chile mediante el uso de microsatélites 174

Díaz-Matus de la Parra, M., Inostroza, K., Alcalde, J.A., Larama, G., y Bravo, S.

Mejoramiento de la calidad genética de la ganadería ovina en el territorio Patagonia Verde, Chile 175

Carvajal, A.M., Martínez, M.E., y de la Barra, R.

Colección de microorganismos INTA-Mendoza (CoMIM): conservación y valoración de microorganismos asociados a vid y vino 176

Chimeno, S.V., Lerena, M.C., Combina, M., y Mercado, L.

Complejo nativo nemátodo entomopatógeno-bacteria simbiote: Innovación y proyecciones para control de plagas 177

Navarro, P.D., Ceballos, R., Palma-Millanao, R., y Monje, A.J.

INIA's Microbial Bank: the importance of thematic microbial collections in addressing the effects of climate change on agriculture 178

Castro, J.F., Guerra, M., Carrasco, J., Barra-Bucarei, L., and Millas, P.

Interaction of plant growth-promoting bacteria on induced drought stress in Chilean landrace of *Phaseolus vulgaris* L. 179

Olivares, D., Valenzuela, F., Meza, C., Carrasco, B., and Banerjee, A.

Aplicación de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) en frijol común nativo chileno (*Phaseolus vulgaris* L.) para un crecimiento mejorado en respuesta al estrés térmico 180

Meza, C., Valenzuela, F., Carrasco, B., y Banerjee, A.

Cambio de temperatura durante el día en aguas naturales versus las de acuicultura de pirarucú (*Arapaima* spp.) 181

Martínez González, D.

SECCIÓN 5: UNA MIRADA CRÍTICA A LOS TRATADOS INTERNACIONALES: AVANCES DESDE SU IMPLEMENTACIÓN A NIVEL NACIONAL E INTERNACIONAL, IMPACTOS Y DESAFÍOS FUTUROS 182

CONFERENCIAS MAGISTRALES 183

Implementación del TIRFAA en América y el Caribe: Situación Actual, Experiencias en su ejecución y desafíos futuros 184

Toledo, A.

New alliances, incentives, policies, and practices for the conservation and sustainable use of plant genetic resources in Latin America and the Caribbean **185**

Vernooy, R., Drucker, A., Ramirez, M., and Thomas, E.

Challenges and limitations in the distribution and utilization of microbial genetic resources in the context of Access and Benefit Sharing framework: The Brazilian case **186**

Glienke, C.

Acceso a recursos genéticos en Colombia y su contribución a la bioeconomía **187**

Ospina, C.

PONENCIAS ORALES 188

Estableciendo una Comunidad de Práctica de bancos de germoplasma de América Latina y el Caribe **189**

Carvajal-Yepes, M., Sansaloni, C., Petroli, C., Hearne, S., y Wenzl, P.

Proceso de ratificación e inicio de implementación del TIRFAA en Colombia **190**

Parra-Quijano, M., Navarrete Frías, C., y González Almario, C.

SECCIÓN MISCELÁNEA 191

PONENCIAS ORALES 192

Análisis de vacíos en la colecta de dos especies de *Passiflora* L. en Colombia **193**

Díaz López, M.V.

Estrategias para la conservación, uso y selección de variedades tradicionales de zapallo por agricultores familiares de la región Noreste de Brasil **194**

Ramallo Ramos, S.R., Borges, R.M., da Silveira, L.M., de M. Rocha, M., de Aragão, F., de S. Nunes, G.H., y Cardoso, B.T.

Variedades locales de papa andina Grupo Andigenum de la provincia de Catamarca, Argentina. Prospección, colecta y conservación *ex situ* **195**

Atencio, H.M., Contrera, G.E., Pastrana, K.V., Alemanno, G., y Digilio, A.

Búsqueda de regiones genómicas y genes asociados a caracteres productivos en vid de mesa (*Vitis vinifera* L.) usando una colección diversa de la especie **196**

Hinrichsen, P., Muñoz-Espinoza, C., Meneses, M., Fuentes, R., Reyes, S., Castro, M.H., Araya, C., Iribarra, J., Meneses, C., y Salazar, E.

Confronting climate risks: a novel climate smart rice production system based on SRI and new varieties in Chile **197**

Cordero-Lara, K., Santibáñez, M.P., Uribe, H., Rodríguez, G., Saavedra, F., Retamal, R., Ramírez, C., Witkowski, K., and Barrera, F.

Diversidad genética de *Arachis villosa* Benth. (Fabaceae) de Uruguay **198**

Da Luz-Graña, C., Vaio, M., y Vidal, R.

El maní invisible: estudio de la diversidad genética y estado de conservación de *Arachis hypogaea* en Uruguay
199

Naya, I., Vidal, R., Castro-Carli, X., Martínez, G., De Almeida, N., Bertoli, D., Berná, L. y Vaio, M.

Asociación entre porotos de Uruguay y rizobios **200**

Luján, P., Sosa, C., Platero, R., y de Almeida, N.

ÍNDICE DE AUTORES 201

Prefacio



PREFACIO

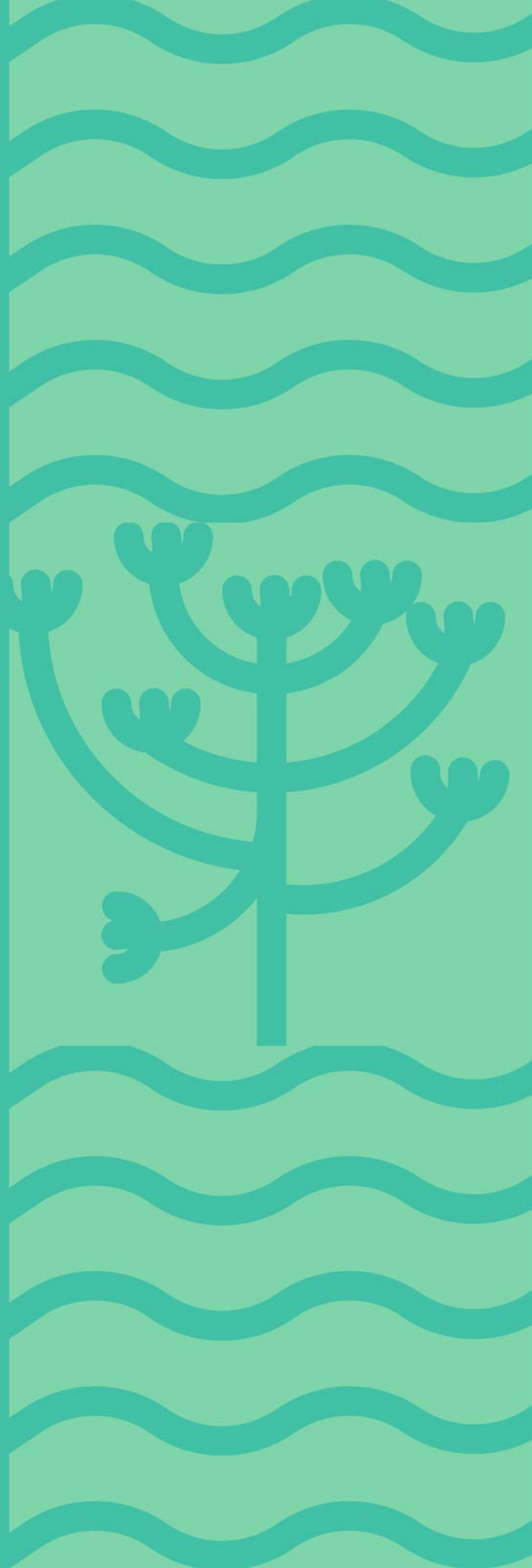
La biodiversidad contribuye a la productividad, sostenibilidad y estabilidad de los ecosistemas, independiente del grado de complejidad de éstos. Específicamente, América y el Caribe destacan por su enorme diversidad cultural y biológica, en comparación con otros continentes. Actualmente, nuestra región enfrenta dilemas y desafíos importantes respecto de cómo gestionar y llevar adelante la gobernanza de sus recursos biológicos, incluidos los recursos genéticos, para promover el desarrollo inclusivo y sostenible de sus sociedades, en un contexto económico, social y ambiental cambiante. Ello implica recolectar, conservar y conocer los atributos de las especies y taxones relacionados de plantas, animales y microorganismos de valor actual que componen los ecosistemas del continente, al igual que entidades biológicas con potencial de desarrollo, lo cual cobra importancia dada la pérdida acelerada de especies/variedades y hábitats naturales como consecuencia de cambios en el clima, en el uso del suelo y de su cobertura, y la contaminación.

En este contexto, la décimo cuarta versión del Simposio Internacional de Recursos Genéticos para las Américas y el Caribe (SIRGeAC), que se desarrolló entre el 13 y el 15 de diciembre de 2023, en la ciudad de Valdivia, Chile, y que fue organizada por el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) y la Universidad Austral de Chile (UACH), gracias al apoyo de CropTrust, Fomento Los Ríos, la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), AUSTRAL-Omics, Escuela de Graduados de la Facultad de Ciencias de la UACH y Kunstmann, y patrocinado por el Ministerio de Agricultura, tuvo como principal enfoque visibilizar el rol que juegan los recursos genéticos hoy en día, en la búsqueda de soluciones y estrategias para fortalecer la conservación integrada, hacer frente al cambio climático y promover la seguridad alimentaria y nutricional en el continente.

Bajo el lema “Recursos Genéticos: fuente de soluciones para los desafíos presentes y futuros”, el evento congregó a más de 140 especialistas para exponer los avances en materia de conservación, valoración, uso y aspectos regulatorios de los recursos genéticos vegetales, animales y microbianos. Estas exposiciones abordaron la necesidad de implementar nuevas tecnologías y estrategias complementarias de conservación *ex situ* e *in situ*, dando prioridad a la variabilidad genética y considerar factores no sólo económicos sino también sociales, valorando el rol de las comunidades en el proceso, así como las limitantes actuales para acceder a la diversidad internacional y la importancia de implementar mecanismos de acceso justos y equitativos que permitan el desarrollo de los pueblos. Se resaltó la importancia de los recursos genéticos como materia prima de mejoradores y crianceros para el desarrollo de nuevas variedades y razas, las cuales son indispensables para satisfacer las demandas de una población creciente y sortear las limitaciones a la producción derivadas de la presión de las plagas, enfermedades y condiciones ambientales cambiantes. En el caso de los recursos genéticos microbianos se destacó el trabajo realizado en nuestra región, en cuanto a la conformación de colecciones de cultivo temáticas, para hacer frente a los desafíos que impone el cambio climático, además de mostrar los desarrollos y usos de insumos agrícolas de base biológica, tales como controladores de enfermedades en cultivos de importancia y promotores de crecimiento vegetal como alternativa a los fertilizantes convencionales, debido a la vulnerabilidad que deriva de la alta dependencia de su importación y de la concentración de la oferta, sumado a la preocupación por los impactos del uso excesivo de insumos agrícolas químicos para el control de plagas y enfermedades y que impactan directamente en los ecosistemas y la salud humana.

En este sentido, el XIV SIRGeAC evidenció el enorme esfuerzo que están llevando a cabo los países americanos y caribeños en estas temáticas, destacándose como desafío futuro trabajar de manera conjunta y colaborativa, con el fin de acelerar el desarrollo de soluciones que la región requiere con urgencia.

Conferencias magistrales transversales



La conservación del pasado apuntando a las innovaciones de futuro – El papel de los bancos de germoplasma

Azevedo, V.^{1*}

¹Centro Internacional de la Papa – CIP, Lima, Perú

*Autor de correspondencia: v.azevedo@cgiar.org

Resumen: Hace cien años, Vavilov estaba poniendo en marcha el primer banco de germoplasma nacional de Rusia con un propósito claro: salvar a Rusia de la hambruna debida a una intensa sequía que había diezmando la producción de alimentos en un momento muy crítico de la historia, durante la posguerra civil. Vavilov no sólo salvó a Rusia, sino que sentó un modelo para el mundo entero. Desde entonces, la conservación de los recursos genéticos se ha convertido en una misión de casi todos los países. Lo que no sabía era que sus acciones iban a cambiar la agricultura en todo el mundo y habían asegurado el desarrollo de la agricultura moderna y la conservación de una preciosa diversidad de cultivos alimentarios que podrían haber desaparecido si no se hubieran conservado en los bancos de germoplasma. Más que garantizar la conservación a largo plazo de la diversidad de cultivos alimentarios para las generaciones futuras, los bancos de germoplasma han demostrado su importancia y razón de existir ya en la actualidad. Varios estudios de impacto de los bancos de germoplasma muestran cómo diversas variedades desarrolladas a partir de muestras de esos bancos han cambiado los sistemas alimentarios en diferentes países. Maíz, maní, patatas, arroz. Sólo los bancos de germoplasma del CGIAR distribuyen miles de muestras a investigadores agrícolas de todo el mundo cada año. Una sola variedad de papa ha cambiado la economía de Uganda, generando millones de dólares y ayudando a combatir el hambre en ese país. Y ese es sólo un ejemplo entre muchos. Lo que comenzó con Vavilov, como semillas deshidratadas en cámaras frías, se ha convertido en estructuras complejas, con una diversidad de cientos o miles de cultivos que se conservan no sólo de esta forma tradicional sino también in vitro, criogénicamente, como semillas sintéticas, durante unos años, décadas y quizás cientos de años. Cada día se aplica cada vez más una caracterización compleja, desde el fenotipado de alto rendimiento hasta la secuenciación del genoma completo. Las tecnologías modernas, como el uso de imágenes para la caracterización, la automatización y la inteligencia artificial, están llevando los bancos de germoplasma a un nuevo nivel. Una mejor gestión de los datos, la mejora en la calidad de la información, una mayor accesibilidad junto con el avance de la biotecnología ha permitido hoy incluso editar genes a partir de la información generada a partir de las muestras de un banco de germoplasma. El avance de las tecnologías nos ha permitido avanzar cada día de manera más rápida y eficiente en la conservación y en el uso del germoplasma. Y junto con los avances en el desarrollo de variedades, se continúa avanzando en los usos diferenciados de estos recursos genéticos, que por su naturaleza han llevado al desarrollo de una industria y una agricultura más sostenibles.

Genetic diversity, adaptation, and priority strategies for animal genetic resources conservation

Kantanen, J.^{1*}, Weldenegodguad, M.², Ruvinskiy, D.¹, and Pokharel, K.¹

¹Natural Resources Institute Finland (Luke), Tietotie 4, FI-31600 Jokioinen, Finland; ²Natural Resources Institute Finland (Luke), Latokartanonkaari 9, FI-00790 Helsinki, Finland

*Corresponding author: juha.kantanen@luke.fi

Abstract: Natural and human-made selection enables animals to adapt, survive, be productive, and reproduce in challenging environments. Moreover, genetic diversity of the domestic animal species has been shaped by effects of genetic drift, inbreeding, mutations, and in some cases, backcrossing with their ancestral species. During the domestication process, thousands of breeds, i.e. a sub-specific group of the domestic animal species, have been developed for various agricultural and societal needs. The Food and Agricultural Organization (FAO) of UN keep records of global animal breed diversity. The FAO statistics clearly indicate that the genetic diversity among breeds within the species is threatened through the extinction of local breeds or the risk of breed loss in future. About 30% of the extant breeds have low census sizes and are at risk of extinction. However, future sustainability and robustness of animal production systems and food security require accessibility to a wide genetic diversity of the domestic animal species. This recalls the importance of genetic diversity and the ability of a population to yield different phenotypes (phenotypic plasticity), promoting adaptation to changing environments and circumstances caused, for example, by climate change. From the animal genomics point of view, adaptations to extreme environments or diets are typically associated with structural and functional genomic variations. ‘Adaptation traits’ are complex and often polygenic by nature but positive selection footprints can be studied through Next-Generation-Sequencing (NGS) applications, such as whole genome and RNA sequencing, and analysis of gene expression regulatory (e.g. miRNAs) elements. FAO recommends the characterization of domestic animal genetic diversity and genetic resources using this modern omics-technology. The results obtained in these investigations can be applied for conservation of genetic variation and for future breeding schemes to improve production and enhance adaptation. Examples of the applications of the modern genomic technology will be presented to identify genes and genomic regions under selection in cattle, sheep, and reindeer. In addition, the role of such markers in providing critical knowledge of adaptation potentiality to changing northern Eurasian environments will be discussed at species, breeds, and population levels.

Keywords: Adaptation, cattle, genetic resources, genomics, transcriptomics, reindeer, selection, sheep.

Biodiversidad microbiana, bancos de germoplasma y aplicaciones para la agricultura

Cotes Prado, A.M.^{1*}

¹Dirección de Investigación y Desarrollo, AGROSAVIA, Bogotá, Colombia

*Autor de correspondencia: amcotes@agrosavia.co

Resumen: Los microorganismos son el grupo más diverso y abundante de organismos, el suelo contiene $4-5 \times 10^{30}$ células microbianas (excluidos los virus), esto equivale a 10 veces más que en el mar y a más estrellas que en el universo (10^{22}). Sin embargo, menos del 1% de los microorganismos se pueden cultivar en condiciones de laboratorio y la mayoría de los restantes no han sido descubiertos. Muchos países de la región son ricos en biodiversidad que ha sido poco explorada. Bajo la superficie del suelo se encuentra alrededor del 25% de la biodiversidad total del planeta y el número de especies es varias veces mayor que las observadas en su superficie. Un gramo de suelo contiene 10^9 células bacterianas, más de 10^7 células de arqueas y 2×10^8 hifas fúngicas. Desafortunadamente, debido a diversas prácticas agrícolas, urbanísticas e industriales se está ocasionando una reducción de la abundancia microbiana, afectando muchas funciones del ecosistema. La mayoría de microorganismos con interés agrícola viven en el suelo, en la rizosfera y en asociación con los tejidos de la planta. Muchos de estos modifican la estructura del suelo por formación de agregados, tienen influencia directa en la eficiencia de los ciclos biogeoquímicos, descomponen y sintetizan materia orgánica en el suelo, modifican las propiedades fisicoquímicas del suelo y su régimen acuoso, participan en la adquisición, movilización, solubilización y fijación de nutrientes, así como en el control biológico de plagas, en la promoción de crecimiento vegetal, en la resistencia sistémica inducida contra diferentes plagas, le confieren a las plantas tolerancia a factores abióticos e inactivan y descomponen xenobióticos. Teniendo en cuenta la importancia de los microorganismos y la necesidad de conservarlos, en 1997 AGROSAVIA (antes Corpoica) constituyó el Banco de germoplasma de microorganismos de la nación, el cual incluye colecciones con interés en control biológico, biofertilización y nutrición y salud animal. A partir de estas colecciones se han desarrollado diversos bioproductos formulados como bioplaguicidas microbianos, biofertilizantes y probióticos para alimentación animal. Los avances biotecnológicos que se avizoran permiten recomendar la conservación futura de mayor diversidad de microorganismos cultivables y de microbiomas provenientes de suelo y tejidos.

Palabras claves: Conservación, desarrollo tecnológico, bioproductos, ecosistema, sostenibilidad.

Agradecimientos: A AGROSAVIA y al Ministerio de Agricultura por su apoyo irrestricto a la conservación y uso de los microorganismos con interés en agricultura.

A model for preserving the microbiome for Phytobiomes research

Ryan, M.^{1*}

¹CABI, Bakeham Lane, Egham, Surrey, TW20 9TY, United Kingdom

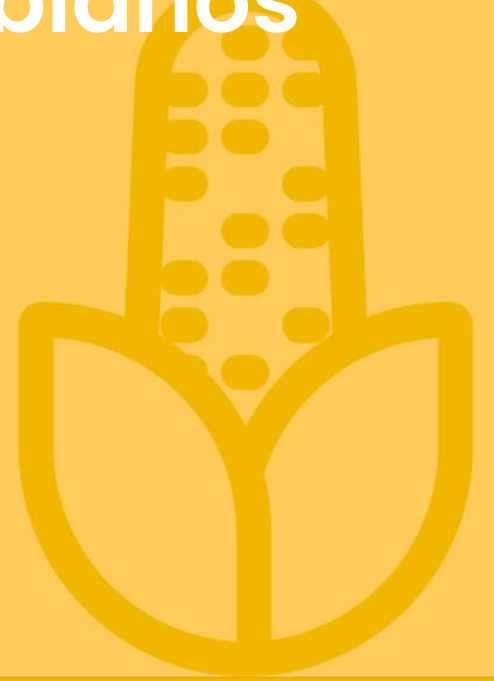
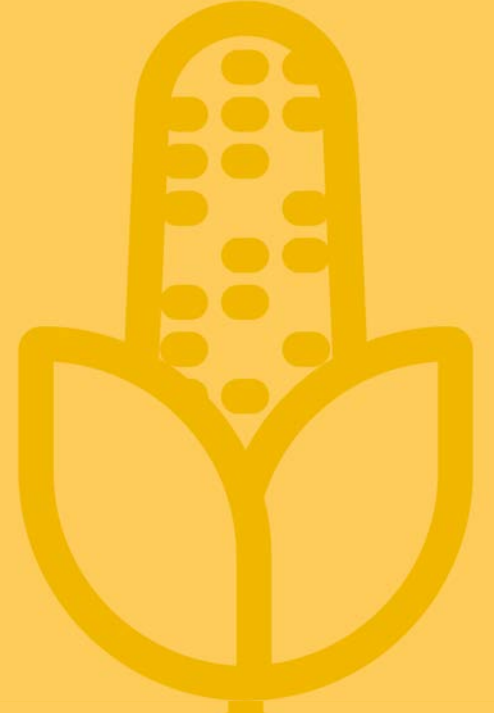
*Corresponding author: m.ryan@cabi.org

Abstract: Culture Collections have a long history of supporting microbiological research, primarily through the preservation and supply of axenically-cultured microbes. In nature, however, microbes do not exist on their own; they interact with millions of other microbes, many of which are either difficult to culture or cannot be cultured at all. With developments in technology, microbiome research is changing the way culture collections and biobanks need to support their user communities. Phytobiomes consist of plants, their environment, and their associated communities of organisms and there is a fundamental need to underpin phytobiomes research through the provision of a supporting infrastructure. In Europe, the EU Microbiome Support CSA has proposed key requirements, including the development of standards, and has emphasised the need to deposit material and supply cultures, samples, and associated data for future research. Additionally, this will provide a mechanism to protect intellectual property, and help researchers adhere to legislative and regulatory requirements, including the Nagoya Protocol of the CBD. Integral to the above is the need to preserve soil and plant samples and their microbiota. Historically, culture collections have applied cryopreservation at ultra-low temperature and freeze-drying protocols to preserve microbes. The microbiome, however, presents a greater challenge – how do we translate the methodology to complex samples that may contain many thousands of different species? The answer lies in our understanding of how microbial cells respond to the stresses encountered during freezing, thawing and recovery and how methods can be optimised to retain physiological and genomic integrity for different taxa and cell types. Using this approach, we can start to predict the components of the microbiome that may retain viability and, importantly, retain their functional potential. In this talk, an overview will be provided of how ‘state-of-the-art’ technologies are being developed, adapted, and applied to complex microbial samples and synthetic consortia through two ongoing projects: the EU Microbiome Biobanking (RI) Enabler and the UK Crop Microbiome Cryobank. The projects provide a blueprint for how biobanking, culture collection, and data networks can come together to support the needs of the academic and industrial research communities. Importantly, we believe that this model for biobanking of crop microbiomes can be translated to different systems across the world.

Keywords: Microbiome, Crop-health, Cryopreservation, Genetic Resources.

Sección 1

Nuevas estrategias y acciones para fortalecer la conservación *in situ* y *ex situ*, y promover el uso de los recursos genéticos vegetales, animales y microbianos



Ponencias orales

Recursos epi-genómicos para explotación sustentable y conservación de poblaciones locales del molusco nativo *Mytilus chilensis*

Yévenes, M.^{1*}, Gajardo, G.¹, y Gallardo-Escárate, C.²

¹Laboratorio de Genética, Acuicultura y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Universidad de Los Lagos, Osorno, Chile; ²Laboratorio de Biotecnología & Genómica Acuícola, Centro Interdisciplinario para Investigación en Acuicultura, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

*Autor de correspondencia: marco.yevenes@ulagos.cl

Resumen: *Mytilus chilensis* (chorito chileno) es la segunda especie acuícola de importancia económica en Chile, país líder exportador mundial de este recurso. La miticultura se concentra en Chiloé y depende de semillas colectadas en pocos bancos naturales, trasplantadas a sitios ecológicamente heterogéneos. Los trasplantes, el cambio climático y otras perturbaciones afectan el crecimiento, la sobrevida y la diversidad genética de los bancos naturales debido a presiones ambientales locales específicas. Este estudio analizó marcadores genómicos y epigenómicos (lncRNAs ≥ 200 nucleótidos), en transcriptomas de choritos sometidos a un experimento de trasplante recíproco (91 días), entre dos bancos naturales ecológicamente contrastantes: Cochamó (41°S) y Yaldad (43°S). Con RNAs totales extraídos de branquias de individuos controles y trasplantados, se construyeron 12 librerías de cDNA con cantidades equimolares de RNA de 5 individuos en cada una, las que se secuenciaron RNA-Seq. Estos transcriptomas se mapearon sobre 43011 secuencias seleccionadas, sin ORFs ni potencial de codificación, resultantes de filtros bioinformáticos (p.ej., CPAT). Se detectaron 3291 lncRNAs diferencialmente expresados (DE-lncRNAs) en las comparaciones, los que se mapearon sobre su genoma completo para identificar sus genes vecinos codificantes ubicados 10 Kb río arriba y abajo. Las expresiones diferenciales estimadas por valores de transcritos por millón (TMP) para muchos de estos factores genéticos fueron validadas por qRT-PCR. Los resultados permitieron inferir que: i) individuos controles y trasplantados presentaron perfiles diferentes de expresión de lncRNAs, ii) las respuestas en expresión de individuos trasplantados fueron más similares a sus controles que a otros grupos y iii) las anotaciones GO de genes vecinos vinculan los DE-lncRNAs al metabolismo, respuesta inmunológica y procesamiento de información genética y ambiental, reflejando el impacto de las condiciones ecológicas locales sobre el genoma *M. chilensis* y su funcionamiento adaptativo. Estos resultados ofrecen la primera identificación de factores epigenéticos vinculados con respuestas genómicas adaptativas de estos individuos. Además de contribuir al estudio de la adaptación local, este estudio demuestra que *M. chilensis* posee mecanismos epigenéticos para adaptarse a cambios ambientales, necesarios a ser considerados para su conservación y manejo.

Palabras clave: *Mytilus chilensis*; Marcadores genómicos; Marcadores epigenómicos; Expresiones génicas diferenciales; Adaptaciones locales; Conservación y manejo.

Agradecimientos: Proyectos FIC- BIP30423060 y FONDAP- 15110027.

Herramientas -ómicas en el estudio de recursos genéticos bacterianos de la Antártida

Núñez-Montero, K.^{1*}, Madariaga-Troncoso, D.¹, Contreras Rivas, M.J.², Leal Villegas, K.², y Barrientos Díaz, L.¹

¹Facultad de Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile; ²Facultad de Ingeniería, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile

*Autor de correspondencia kattia.nunez@uautonoma.cl

Resumen: La Antártida es un continente inhóspito y con condiciones extremas. Las bacterias que allí habitan han desarrollado adaptaciones únicas para sobrevivir dichas condiciones. Resultado de ello, pueden ser una fuente valiosa de recursos genéticos con potenciales aplicaciones, en especial en la búsqueda de nuevos productos naturales para uso biomédico y agrícola. Por su parte, los avances recientes en adquisición y análisis de datos -ómicos han sido fundamentales en la explotación de estos recursos, permitiendo profundizar en el conocimiento sobre la genética y metabolismo de los microorganismos. Nuestro grupo de investigación ha indagado en la diversidad de bacterias antárticas, obteniendo una colección con más de 200 cepas, de las cuales se cuenta con el 15% de los genomas completos secuenciados. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue estudiar recursos genéticos microbianos con posibles aplicaciones clínicas y agrícolas de sus moléculas bioactivas a través de la caracterización del genoma y metaboloma de bacterias antárticas. Para esto, se realizaron ensayos de bioactividad contra microorganismos patógenos humanos y fitopatógenos. Además, se estudió el metaboloma de las cepas en distintas condiciones de cultivo mediante extracción orgánica, detección con UHPLC-QTOF-MS/MS y análisis de redes de interacción molecular. Seguidamente se secuenció el genoma de cepas con resultados de bioactividad positivos, utilizando un enfoque híbrido de ensamblaje con las tecnologías Illumina y Oxford Nanopore Technologies. Como resultado se destacó la capacidad de producción de compuestos antimicrobianos en las cepas *Streptomyces fildesensis* So13.3, *Massilia* sp. Dwa41.01b, *Pseudomonas* sp. So3.2b y *Sphingomonas* sp. So64.6b, siendo estas últimas posibles nuevas especies según la comparación de genoma completo con los miembros de sus respectivos géneros; las cuales además presentan elementos genéticos indicativos de adaptación al continente antártico. Debido a que los recursos genéticos de las bacterias antárticas ofrecen un potencial significativo en diversas áreas, actualmente se trabaja en la caracterización por secuenciación de meta-amplicones ARNr 16S de trasplantes microbianos. Se pretende la conservación y aplicación de trasplantes que contengan la diversidad actual de microorganismos de ambientes con bajo impacto antropogénico y con potencial biotecnológico futuro.

Palabras clave: ambiente extremo, microbiología ambiental, extremófilo, herramientas -ómicas, Antártida.

Agradecimientos: FONDECYT-Iniciación 11230475 y FONDECYT-Regular 1210563.

Colección de plantas vasculares antárticas: desafíos y avances

Cuba-Díaz, M.^{1,2*}, Navarrete, D.¹, Ontivero, Y.^{1,3}, Klagges, M.¹, Alveal, S.¹, Espinoza, C.¹, y Arroyo, F.¹

¹Universidad de Concepción, Laboratorio de Biotecnología y Estudios Ambientales, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Escuela de Ciencias y Tecnologías, Campus Los Ángeles, Chile;

²Programa de Ciencia Antártica y Subantártica, Universidad de Concepción, Chile; ³Universidad de Concepción, Programa de Doctorado en Ciencias de la Agronomía, Facultad de Agronomía, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: mcuba@udec.cl

Resumen: La Antártica, considerada un sistema prístino, está en el primer plano de interés cuando hablamos de la crisis climática. Sólo dos plantas vasculares, *Deschampsia antarctica* (Poaceae) y *Colobanthus quitensis* (Caryophyllaceae), son nativas en este ecosistema, aunque se ha informado la introducción de otras especies no nativas. El uso de estas especies "modelo" para comprender los mecanismos de adaptación y resiliencia, pero también como fuente de aplicaciones biotecnológicas y de conservación, es cada vez más relevante. Como parte de los acuerdos de protección ambiental y el Tratado Antártico Internacional, se han desarrollado Áreas Especialmente Protegidas y otras salvaguardias de conservación y protección *in situ* para el patrimonio genético en la Antártica. Sin embargo, se pueden realizar varias investigaciones a partir de material conservado y protegido *ex situ*. En nuestro laboratorio contamos con una Colección de Plantas Vasculares Antárticas, que desde hace 13 años se ha enriquecido con material de diferentes procedencias, facilitando diversas investigaciones, colaboraciones científicas y la formación de capital humano. La colección se mantiene a partir de semillas obtenidas *ex situ*, o mediante propagación vegetativa *in vitro* o en jardín común. Actualmente contamos con 15 accesiones y se ha avanzado en: protocolos de propagación y conservación, dilucidar mecanismos de tolerancia a condiciones abióticas en diferentes poblaciones, analizar interacciones entre especies nativas y no-nativas ante el cambio climático; comprender la filogeografía de *C. quitensis* y su historia evolutiva, y en aplicaciones biotecnológicas tales como: desarrollo de mutantes, inducción de callogénesis y suspensiones celulares, transformación genética, prospección de metabolitos secundarios y elicitación abiótica de compuestos de interés biológico.

Palabras clave: *Colobanthus quitensis*, *Deschampsia antarctica*, *Juncus bufonius*, conservación *ex situ*.

Agradecimientos: A las diversas fuentes que han financiado proyectos en el laboratorio, a colaboradores nacionales e internacionales y estudiantes de la carrera de Ingeniería en Biotecnología Vegetal del Campus Los Ángeles de la Universidad de Concepción.

Banco de Germoplasma de Papas de la UACh: fuente de nutrientes y de resistencias a factores bióticos relevantes para enfrentar los desafíos del futuro

Behn, A.^{1*}

¹Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Laboratorio de cultivo tejido vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias y Alimentarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

*Autor de correspondencia: anita.behn@uach.cl

Resumen: *Solanum tuberosum ssp. tuberosum* o grupo *Chilotanum* es originaria de Chiloé insular y continental, y ancestro común de gran parte de las variedades de papas que se cultivan en el mundo. El Banco de Germoplasma de Papas de la Universidad Austral de Chile (BGP) alberga más de 300 accesiones nativas chilenas, además de una serie de líneas mejoradas y variedades comerciales. A nivel nutricional, se han realizado investigaciones para determinar contenidos de antocianinas y polifenoles totales, enfocados en agregar valor principalmente a las accesiones de pulpas moradas y rosadas. Además, se determinaron tablas nutricionales para 8 genotipos de distintas coloraciones de pulpas, incluyendo minerales y almidones resistentes. Las accesiones nativas sobresalen en cuanto al contenido de proteínas, de fibra, de los minerales estudiados, comparado con la variedad control (Desirée). Adicionalmente se han generado información sobre su uso culinario y características sensoriales. En cuanto a la investigación de las resistencias a enfermedades del cultivo, se describieron 7 genotipos de papas resistentes y medianamente resistentes al tizón tardío (*Phytophthora infestans*) y se determinaron 5 genotipos sin síntomas en postcosecha (0-2%) de sarna plateada (*Helminthosporium solani*) incluyendo 2 genotipos que no presentaron presencia de conidias. A nivel molecular, se determinaron genotipos resistentes mediante marcadores moleculares con resistencias al nemátodo dorado (*Globodera rostochiensis*) con Gro1, nemátodo *Globodera pallida* (HC), y al PVY (H1 y YES3-3AyB), entre otros. Estos resultados indican genes o genotipos que permitirían una producción más sustentable de este cultivo.

El enfoque principal del banco es la conservación de los genotipos, y la investigación está dirigida a agregarle valor mediante la generación de conocimiento que resalte sus propiedades beneficiosas en los distintos ámbitos, aportando así mediante la repatriación a su conservación *in situ* y con ello la conservación de la biodiversidad nacional de papas. Por otro lado, la investigación se enfoca en genes relevantes para el desarrollo de nuevas variedades que, al ser compatibles para su cruzamiento con variedades comerciales, permitan aportar a la seguridad alimentaria y la producción más sustentable de papas a nivel mundial.

Palabras clave: *Solanum tuberosum ssp. tuberosum*, resistencia, nutrición, genes.

Rota dos Butiazais/Red Palmar: una red internacional para la conservación *in situ* de recursos fitogenéticos

Barbieri, R.L.^{1*}, Rivas, M.², y Sosinski, E.¹

¹Embrapa Clima Temperado, Rodovia BR-392, Km 78, Caixa Postal 403, CEP 96010-971 - Pelotas, RS, Brasil; ²Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Ruta nacional N°9 intersección con ruta N°15, Rocha, Uruguay

*Autor de correspondencia: lia.barbieri@embrapa.br

Resumen: Los palmares de butiá son poblaciones de palmeras del género *Butia* que forman ecosistemas de importancia socioambiental en el Cono Sur de América del Sur. Amenazados por la conversión de áreas para la agricultura, el sobrepastoreo ganadero y la expansión urbana, el desafío es conciliar la conservación de los palmares con el desarrollo y generación de ingresos (en producción de carne, cocina, artesanía, paisajismo y turismo rural sostenible). Este trabajo tiene como objetivo presentar la Rota dos Butiazais/Red Palmar, una estrategia internacional para promover la conservación *in situ* de los recursos fitogenéticos y su uso sostenible. La Rota dos Butiazais/Red Palmar es una red que conecta instituciones y personas de Brasil, Uruguay y Argentina. Desde 2015, ha producido avances en el conocimiento científico, formando agentes locales, fortaleciendo la identidad regional y la inclusión social donde existe una conexión cultural con la palma butiá. De forma dinámica y participativa, cuenta con la colaboración de varias instituciones de los tres países involucrados para llevar a cabo actividades de investigación y acciones para la conservación, promoviendo la generación de ingresos, fortaleciendo la identidad regional y favoreciendo la inclusión social y desarrollo territorial. En su inicio, la red contaba con la participación de 6 municipios. Hoy, está integrada por 69 municipios: 59 en Brasil, 6 en Uruguay y 4 en Argentina. En cada una de estas localidades existe al menos un líder local que representa la diversidad de actores que conforman la red. Estos líderes son artesanos, extractivistas, agricultores familiares, ganaderos, gestores públicos, extensionistas rurales, investigadores, profesores, coordinadores de ONG, guías turísticos, ambientalistas, guardaparques y empresarios. Las alianzas establecidas han permitido avances técnico- científicos, generando tecnologías, apoyo para políticas públicas, y capacitación de personas para los usos de butiá. Al construir una red de actores involucrados en el tema, la Rota dos Butiazais/Red Palmar ha logrado promover un cambio en la forma en que la gente ve la biodiversidad, lo que ha resultado en una mayor conciencia sobre la conservación de los palmares, con un mayor aprecio por las palmas butiá cultivadas en jardines y patios de las casas. Videos, publicaciones y más información se pueden encontrar en el sitio web de la Rota dos Butiazais/Red Palmar, disponible en <https://www.rotadosbutiazais.com.br>.

Palabras clave: Arecaceae, Butiá, Uso sostenible, Multipropósito.

Agradecimientos: CNPq, Funbio/GEF Terrestre, MMA, CPFL/RGE, CSIC/UdelaR, ANII.

**Ponencias
en formato póster**

Caracterización genética y productiva de la ganadería ovina en el territorio Patagonia Verde, Chile

Carvajal, A.M.^{1*}, Martínez, M.E.¹, y de la Barra, R.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Remehue, Osorno, Chile

*Autor de correspondencia: andres.carvajal@inia.cl

Resumen: El territorio Patagonia Verde (PV) comprende la provincia de Palena y la comuna de Cochamó en la región de Los Lagos, y se caracteriza por su aislamiento, geografía y clima agreste. En él se encuentran productores ovinos pertenecientes a la Agricultura Familiar Campesina (AFC), los cuales manejan pequeños rebaños en los que se desconoce su diversidad genética, estándar racial y parentesco. Esto puede afectar el nivel productivo y la calidad de producto. Así, se planteó el objetivo de generar una línea base para caracterizar la ganadería ovina de PV desde la perspectiva genética y productiva de sus plantales con el fin de establecer un plan para su mejoramiento. Para esto, se realizó una encuesta individual acerca de las prácticas prediales y tecnológicas a 79 productores mediante visitas prediales, además de evaluar la pertenencia racial de rebaños representativos del territorio.

El análisis de los datos de la encuesta luego de su transformación a variables binomiales no indicó significancia respecto a componentes principales. Desde un punto de vista productivo, la ganadería se basa principalmente en el pastoreo de praderas naturales y/o naturalizadas (54%) y otras mejoradas (38%). Es común el uso de fertilizantes (85%) pero no cerco eléctrico (23%). La carga animal (5,2 e.o/ha) es elevada para la producción de materia seca de los predios (2.500 kg/ha/año). Se observó falta de infraestructura básica como comederos y bebederos. Sólo el 20% de los productores lleva algún registro productivo o genealógico, sólo el 11% identifica sus animales, y en su mayoría no programan el encaste. Por otro lado, estos ganaderos sólo pudieron reconocer fenotípicamente ovinos de la raza Suffolk Down (83%), y medianamente Texel (50%), mientras que otras razas como Chilota, Merino y Dorset fueron muy poco reconocidas (<30%). El estudio de 377 rebaños totalizó 6.952 animales y arrojó una media de 22,1±18,82 cabezas por rebaño, corroborando una ganadería de pequeña escala. Los fenotipos identificados correspondieron al ovino Criollo y Suffolk Down con un 12%, y en menor medida Romney Marsh (5,5%). No obstante, la mayoría de los animales (65%) son híbridos, no pudiendo asignarse a una raza. En conjunto, estos resultados denotan el bajo grado tecnológico de los productores de PV, así como el cruzamiento indiscriminado de los animales. Por tanto, se requiere la capacitación de los agricultores en gestión de recursos forrajeros, genética y manejos tecnológicos, así como de la depuración de los rebaños de forma de mejorar la calidad genética de los plantales y la producción ovina de Patagonia Verde.

Palabras clave: Genotipos ovinos, Patagonia verde.

Agradecimientos: Al GORE Los Lagos por el financiamiento del programa BIP 30341175-0.

Evaluación de la producción y composición de la leche en ovejas de raza Chilota bajo dos sistemas de alimentación en el Archipiélago de Chiloé, Chile

Martínez, M.E.^{1*}, y Palavecinos, P.²

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Remehue, Osorno, Chile; ²Bioclaro SpA, Molina, Maule, Chile

*Autor de correspondencia: maria.martinez@inia.cl

Resumen: El ovino Chilote es un recurso zoogenético propio del Archipiélago de Chiloé. Es descendiente del tronco ibérico churro y utilizado en la actualidad en la Península Ibérica para doble propósito (carne-leche). La raza Chilota, sin embargo, no ha sufrido proceso de selección en este sentido y se sabe muy poco acerca de su potencial para producir leche. Dada la importancia de la raza ovina Chilota para la agricultura familiar campesina en Chiloé, se planteó una evaluación exploratoria de producción de leche bajo dos condiciones de manejo. Con el fin de estudiar el efecto de la suplementación en la producción y composición de leche de ovejas de raza Chilota, se realizó un ensayo con 40 ovejas de esta raza. Las ovejas fueron asignadas al azar a los 60 días postparto a dos tratamientos: Un grupo CONTROL (n=20), con pastoreo en praderas de ballica-trébol, y un grupo SUPL (n=20) que consumió una ración individual diaria consistente en 150g (MS) de granos enteros de maíz y 150g (MS) de suplemento proteico comercial, adicionales al pastoreo. Los animales fueron ordeñados una vez al día en un sistema de ordeña manual con tarima y cepo implementado *ad hoc* durante un periodo de 30 días. Se midió la producción diaria de leche y se analizaron la grasa, proteína, extracto quesero, lactosa, sólidos totales, sólidos no grasos y urea a los 70, 80, 90, y 100 días postparto. La producción de leche al finalizar los 30 días del ensayo no fue estadísticamente diferente ($P \geq 0,05$) entre el grupo CONTROL (12,88 L) y el grupo SUPL (11,3 L) No existió tampoco diferencia ($P \geq 0,05$) entre grupos en los parámetros de composición estudiados. Este trabajo muestra resultados preliminares acerca de la producción y composición de la leche de oveja de raza Chilota, aportando información necesaria para el desarrollo del potencial lechero de la raza Chilota en la agricultura familiar campesina de Chiloé para diversificar la producción.

Palabras clave: Leche ovina, ovinos, Chiloé, raza Chilota.

Agradecimientos: Al equipo de Marmau Ltda. y Cabaña Santa Claudia.

Características fenotípicas de gallinas Mapuche en comunidades rurales de la provincia de Diguillín, región de Ñuble

Rojas, C.^{1*}, Rodríguez, P.¹, Vergara, R.¹, Torres, L.¹, Rivas, Y.¹, Pinto, A.¹ y Betancur, M.¹

¹Carrera Agronomía, Universidad Adventista de Chile, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: cristianrojas@unach.cl

Resumen: La gallina Mapuche es autóctona de Chile y se caracteriza por producir huevos de color azul. Además, es apreciada por su alta diversidad en atributos morfológicos como el color del plumaje y tipo de cresta. Su distribución abarca el centro-sur de Chile y sur de Argentina. Estudios indican que existe una alta pertenencia cultural por la gallina Mapuche en comunidades campesina e indígena de regiones como Ñuble, Biobío y la Araucanía. No obstante, su caracterización a nivel de población para el resguardo de la especie aún es un tema pendiente en Ñuble. El objetivo de este estudio fue catastrar a nivel de comuna, el número de gallinas Mapuches existente en la provincia de Diguillín, Ñuble, describiendo y comparando sus características fenotípicas. Se seleccionaron 16 productores de agricultura familiar campesina (AFC) para evaluar las que correspondieran con las características fenotípicas de la gallina Mapuche, incluyendo machos y hembras. La observación visual definió tres tipos correspondientes a *Kollonka con Aretes*, *Kollonka* y *Ketro*, basadas en características fenotípicas definidas por la Asociación de Criadores de Gallina Indígena Chilena (ASOGICH). El diseño cuantitativo descriptivo fue un análisis de variables fenotípicas entre las que se encontró el tipo de cresta, color del tarso, la tonalidad de huevos y el peso por gallina, con aplicaciones de ANOVA y DMS-Fischer para las comparaciones de medias entre variedades, utilizando el software SPSS y Excel. El registro de tamaño, color de plumaje y peso de cada individuo, se realizó mediante calificación visual, y a través de una cámara fotográfica y balanza. Los resultados indicaron que entre las variedades de aves Mapuches hubo mayor presencia de la variedad *Kollonka* cercana a un 60%, seguida de *Kollonka con Aretes* y *Ketro*, ambos con valores cercanos al 8%. Las comunas de Chillán, Chillán Viejo y Pinto fueron las que tuvieron mayor presencia de este tipo gallinas Mapuche. Las características fenotípicas predominantes entre las aves mapuche fueron el color de plumaje “otros” y crestas tipo arveja y simple. El estudio contribuye a la comprensión fenotípica de cada tipo de aves Mapuche en las comunas de la provincia de Diguillín para su resguardo.

Palabras clave: Huevos, Plumaje, Indígena, *Ketro*, *Kollonka*, *Kollonka de Aretes*.

Agradecimientos: Se agradece la participación en este estudio al alumno de Agronomía Luis Torres, quien diligentemente efectuó el estudio en nuestra provincia, a todos los pequeños productores de Gallinas de la provincia de Diguillín y al apoyo entregado de parte de la Universidad Adventista de Chile.

Biochemical and molecular characterization of aluminum-resistant bacteria with plant growth-promoting traits isolated from the rhizospheric soil of the cluster roots of *Gevuina avellana*

Arellano, V.⁴, Berríos, G.^{1,3*}, Delgado, M.^{2,3}, y Sandoval, J.³

¹Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, UFRO, Temuco, Chile; ²BIOREN, UFRO, Temuco, Chile; ³Laboratorio de Suelos, Instituto de Agroindustria, UFRO, Temuco, Chile; ⁴Carrera de Biotecnología, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, UFRO, Temuco, Chile

* Corresponding author: graciela.berrios@ufrontera.cl

Resumen: Altas concentraciones de aluminio (Al) y baja disponibilidad de nutrientes son los principales factores que limitan el crecimiento de las plantas en los suelos ácidos a lo largo del mundo, incluyendo los suelos de origen volcánicos presentes en el sur de Chile. Actualmente para contrarrestar estos problemas, se aplican al suelo cal (para aumentar el pH) y fertilizantes químicos. Sin embargo, estas prácticas suelen tener un impacto medioambiental y socioeconómico negativo. En consecuencia, existe un interés creciente en la búsqueda de alternativas al manejo tradicional, como los biofertilizantes basados en microorganismos. En este contexto, el estudio de especies nativas que desarrollan raíces proteoideas (RP), como *Gevuina avellana* (planta hiperacumuladora de Al), y sus interacciones con los microorganismos de su rizósfera, es una excelente oportunidad para entender cómo las bacterias nativas podrían estar involucradas en las adaptaciones de esta especie para prosperar en suelos ácidos. Hipotetizamos que en el suelo rizosférico de RP de *G. avellana* se encuentran bacterias tolerantes al Al con rasgos promotores del crecimiento vegetal (PGPB), que le permiten a esta planta nativa adaptarse a suelos ácidos con alta saturación de Al y potencialmente para ser utilizados como biofertilizantes. Para responder a esta hipótesis se planteó el siguiente objetivo general: Caracterizar bioquímica y molecularmente, bacterias tolerantes al Al con rasgos PGPB desde suelo rizosférico de RP de plantas de *G. avellana* que crecen en suelos con alta disponibilidad de Al. Para ello, se aislarán bacterias que crecen con altas concentraciones de Al (0; 1,9; 3,7; 5,6; 7,4; 9,3; 11 mM de $\text{Al}(\text{NO}_3)_3 \cdot 9 \text{H}_2\text{O}$) y se evaluará la solubilización de fosfato (5 g/L), producción de sideróforos, producción de ACC deaminasa y producción de compuestos indólicos. Además, se identificarán molecularmente amplificando el gen 16s aquellas con rasgos PGPB. Esperamos generar información relevante para la formulación de un biofertilizante.

Palabras clave: Bacterias, Aluminio, Raíces Proteoideas, *Gevuina avellana*.

Agradecimientos: Proyecto FONDECYT de Iniciación N° 11220462.

Importance of bioresource conservation: Tapping into Antarctic Micrococcaceae family to detect biosynthetic gene clusters for the discovery of new bioactive metabolites

Barrientos, L.^{1*}, Bruna, P.², Palma, M.³, Núñez-Montero, K.¹, Leal Villegas, K.⁴, Contreras Rivas M.J.⁴, and Zárata. A.M.¹

¹Universidad Autónoma de Chile. Facultad de Ciencias de la Salud. Instituto de Ciencias Biomédicas. Avenida Alemania 1090, 4810101 Temuco, Chile; ²Universidad de La Frontera. Programa de Doctorado en Ciencias, mención Biología Celular y Molecular Aplicada. Avenida Francisco Salazar 1145. Temuco, Chile; ³Universidad de La Frontera. Carrera de Bioquímica. Avenida Francisco Salazar 1145. Temuco, Chile; ⁴Universidad Autónoma de Chile. Facultad de Ingeniería. Instituto de Ciencias Aplicadas. Avenida Alemania 1090, 4810101 Temuco, Chile

*Corresponding author: leticia.barrientos@uautonoma.cl

Abstract: Actinobacteria have been widely described as a valuable source for obtaining secondary metabolites. Most of these microbial metabolites are produced through metabolic pathways encoded by biosynthetic gene clusters (BGCs). Although many secondary metabolites are not essential for the survival of bacteria, they play an important role in their adaptation and interaction in microbial communities. BGCs are expressed under specific environmental conditions, therefore, genomic mining of bacteria isolated from extreme environments such as Antarctica could allow the discovery of new BGCs with biotechnological potential. The aim of this study was to identify BGCs in nine Actinobacteria isolates from Antarctic soils and sediments. To this end, the strains were sequenced using Illumina and Oxford Nanopore Technologies platforms. The assemblies were annotated and subjected to phylogenetic analysis. Finally, the BGCs present in each genome were identified using the antiSMASH tool and the biosynthetic diversity of the Micrococcaceae family was evaluated. Taxonomic annotation revealed that seven strains were new and two were previously reported in the NCBI database. Additionally, BGCs encoding type III polyketide synthases (T3PKS), betalactones, siderophores, and non-ribosomal peptide synthetases (NRPS) have been identified, among others. In addition, the sequence similarity network showed a predominant type of BGCs in the family Micrococcaceae, and some genera were distinctly grouped. Furthermore, the BGCs identified in the isolated strains could be associated with applications such as antimicrobials, anticancer agents, plant growth promoters, among others, positioning them as excellent candidates for future biotechnological applications and innovations.

Keywords: Actinobacteria, Micrococcaceae, Antarctic, Biosynthetic Gene Clusters, Bioactive Metabolites.

Acknowledgments: This work was funded by Fondecyt Regular N° 1210563 from the Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile (ANID).

Diversity and structure of the bacterial communities associated to the rhizosphere of *Gevuina avellana* cluster roots growing in soils with high aluminum availability

Berrios, G.^{1,4*}, Delgado, M.^{2,4}, Larama, G.³, Sandoval, J.⁴, and Reyes Díaz, M.^{1,2}

¹Departamento de Ciencias Químicas y Recursos Naturales, UFRO, Temuco, Chile; ²BIOREN, UFRO, Temuco, Chile; ³Biocontrol Research Laboratory, UFRO, Temuco, Chile; ⁴Laboratorio de Suelos, Instituto de Agroindustria, UFRO, Temuco, Chile

* Corresponding author: graciela.berrios@ufrontera.cl

Abstract: *Gevuina avellana* is an endemic tree species from southern Chile and Argentina. This species has developed mechanisms to thrive in acid soils with high aluminum (Al) saturation. *G. avellana* is an Al-hyperaccumulator species and, as most of the members of Proteaceae family, produce cluster roots (CR). The CR exude organic compounds, modifying the chemical conditions of the rhizosphere and, therefore, changing the microorganisms associated with it. This study aimed to characterize the rhizosphere bacterial community associated with CR of *G. avellana* growing in soils with high Al availability. We determined the diversity and structure of bacterial communities from bulk soil (BS) and rhizosphere soil from CR and non-cluster roots (non-CR) of *G. avellana* growing in two natural sites with contrasting percentage of Al saturation: 75% (+Al site) and 0.5% (-Al site). We used QIIME2 to analyze 16S rRNA metabarcoding approach, the preferential taxa (LEfSE) and predicted functions (FAPROTAX) were also estimated. The results showed that bacterial communities were similar among the type of soil, being the site the main factor explaining most of the variation among bacterial communities. In both sites, the most abundant bacterial phyla were Proteobacteria, Acidobacteriota, and Planctomycetota. At family level, a higher relative abundance of bacterial taxa belonging to the Ktedenobacteraceae and Koribacteraceae were observed in the +Al site than in -Al site. In contrast, bacteria of Chthoniobacteraceae were more abundant in -Al site than in +Al site. The main bacteria functional groups in all soil types and sites were chemoheterotrophy and aerobic chemoheterotrophy. In the +Al site, a higher percentage of bacteria with functions in cellulolysis, phototrophy, photoheterotrophy, and fermentation was observed, while in the -Al site, bacteria functional group related to nitrate reduction, N, and nitrate respiration were more abundant. Overall, we concluded that the composition and diversity of bacterial communities associated with the rhizosphere of CR of *G. avellana* depend more on the soil chemical properties (e.g. Al⁺³ bioavailability) than the root type.

Keywords: native species, acid soils, microorganisms.

Acknowledgements: FONDECYT Initiation Project N° 11220462 and FONDECYT Regular Project N° 1210684.

Criopreservación de *Saccharomyces eubayanus*: Efecto de glicerol y Velocidades de congelación

Caruso, A.¹, Vilacoba, E.¹, Libkind, D.¹, y Santos, V.^{1*}

¹Centro de Referencia de Levaduras y Tecnología Cervecera, IPATEC-CONICET-UNCo, Bariloche, Argentina

*Autor de correspondencia: mvsantos@comahue-conicet.gob.ar o macaruso@comahue-conicet.gob.ar

Resumen: La criopreservación en Ultrafreezer (UF) -80°C es un método de conservación *ex situ* donde los factores velocidad de congelación y tipo de crioprotectante afectan la viabilidad de levaduras de interés biotecnológico. El glicerol es un crioprotectante ampliamente usado, sin embargo, se desconoce su efecto sobre *Saccharomyces eubayanus*. Por otro lado, es usual la aplicación de CoolCell® para un mejor control de la velocidad del proceso durante la criopreservación. Los objetivos de este trabajo fueron: a) evaluar la respuesta de *S. eubayanus*, una levadura psicrotolerante de la Patagonia Argentina, ante distintas concentraciones y tiempos de exposición del glicerol, y b) determinar el efecto de i) dos protocolos de criopreservación y ii) el uso de glicerol o agua destilada en la viabilidad de *S. eubayanus*. *S. eubayanus* 1568^T se incubó en medio YM hasta la fase estacionaria. Alícuotas se centrifugaron resuspendiendo en a) glicerol 10% p/p y b) glicerol 20% p/p. Los tiempos de exposición fueron de 0, 15, 30, 45 y 60 minutos para el glicerol 10% p/p y de 0,15 y 30 minutos para el glicerol 20% p/p. Para la criopreservación se utilizaron células resuspendidas en a) glicerol 10% p/p (40 min) y en b) agua destilada, sometiénolas a los siguientes protocolos: Protocolo U: directo a UF -80°C, Protocolo C+U: congelación en CoolCell® en UF. En cada protocolo se calculó la velocidad de congelación en el centro del criovial utilizando termocuplas tipo T acopladas a un adquisidor TESTO (Alemania). En todos los experimentos, la viabilidad se midió mediante recuento en placa (UFC/mL) con tres réplicas y dos pseudoréplicas. A los 15 minutos de exposición al glicerol se observó una disminución de la viabilidad ($p < 0,05$); para 10% y 20% los valores fueron 26,22% y 60,9%, respectivamente, manteniéndose sin cambios en los demás tiempos medidos. Las velocidades de congelación fueron 6,75°C/min para el protocolo U y 2,05°C/min para el protocolo C+U. La viabilidad para ambos protocolos fue mayor cuando se utilizó agua destilada ($p < 0,05$), C+U= 63,73%, U=60,45%, mientras que para glicerol C+U= 29,72%, U=30,56%. Se podría concluir que, en estas condiciones, el glicerol afectó negativamente la viabilidad de *S. eubayanus* a mayor concentración. A su vez, el uso del CoolCell® no generó un aumento en la viabilidad post-protocolo, por lo que a los efectos de agilizar técnicas de criopreservación de cepas de *S. eubayanus* se podría implementar la congelación directa de criovial a UF.

Palabras clave: Criopreservación, Levaduras, Glicerol, Velocidades de congelación.

Agradecimientos: CONICET-UNCo y ANPCyT.

Desafíos de las Colecciones Microbiológicas en Colombia: el Caso de la Universidad de La Sabana, Colombia

Conde-Martínez, N.¹ y González, A.A.^{1*}

¹Grupo de Investigación en Bioprospección, Universidad de La Sabana, Chía, Colombia

*Autor de correspondencia: alejandro.acosta1@unisabana.edu.co

Resumen: La creación de una colección biológica implica un gran trabajo de estructuración, logística, definición de protocolos y políticas de la colección, y lo más fundamental, asegurar la consecución de recursos económicos para su mantenimiento y correcto funcionamiento. La Colección de Microorganismo USAB-BIO de la Universidad de La Sabana, fue creada en 2016 debido a la necesidad de registrar los microorganismos aislados en diferentes proyectos del Grupo de Investigación en Bioprospección (GIBP) como requisito del Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible en el Permiso de Acceso a Recurso Genético que actualmente exige el Gobierno Colombiano para la obtención y utilización de recursos genéticos, de sus productos derivados o de ser el caso, de sus componentes intangibles, que puedan ser susceptibles de un aprovechamiento comercial. Durante estos 7 años de creación de la Colección USAB-BIO hemos encontrado una serie de retos y aprendizajes que nos han permitido entender mejor las implicaciones de mantener una colección de microorganismos: ¿Cómo asegurar los recursos económicos que requiere la colección? ¿Cuál es la capacidad de la Colección? ¿Cómo debemos preservar el material? ¿Quién puede estudiar los microorganismos? ¿Con qué mecanismo? ¿Cuál debe ser el modelo de funcionamiento de la colección? Con estas preguntas nos hemos dado cuenta de la importancia de vincular actores administrativos de la Universidad, que facilitan la gestión y administración de las compras y la logística y, sobre todo, que nos sacan de nuestra zona de confort y nos ponen a pensar en estrategias para divulgar y dar a conocer qué hacemos y quienes somos. Estas reflexiones han permitido la exploración inicial de nuevas estrategias de conservación dentro de la Colección USAB-BIO y el planteamiento preliminar de proyectos de investigación con algunos de los especímenes depositados en la Colección, considerando que las restricciones y los permisos legales requeridos para estas investigaciones hacen que el avance sea más pausado. Sin embargo, también ha permitido evidenciar la relevancia y la gran responsabilidad que tienen las Colecciones Biológicas en los procesos de curaduría y custodia de estos recursos con gran potencial bioprospectivo para el país.

Palabras clave: Colección de microorganismos, conservación, Acceso a recurso genético.

Agradecimientos: Los autores agradecen a la Facultad de Ingeniería y la Dirección General de Investigación por la financiación de la Colección de Microorganismos de la Universidad de La Sabana.

Caracterización bioquímica y metagenómica de bacterias provenientes de rizosfera de *Gomortega keule* Mol., con potencial capacidad promotora del crecimiento vegetal

Fredes Arévalo, E.^{1*}, Lecaros Suárez, B.¹, Pouchucq Marinkovic, L.¹, y Becerra Baeza, C.¹

¹Laboratorio de Biotecnología vegetal y ambiental, Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Naturales, Matemática y del Medio Ambiente, Universidad Tecnológica Metropolitana

*Autor de correspondencia: efredes026@gmail.com

Resumen: “Queule” (*Gomortega keule*) es un árbol endémico siempreverde, único representante de la familia monotípica *Gomortegaceae*. Diversos factores (incendios forestales, talas indiscriminadas, etc.) han llevado a esta especie a catalogarla en peligro de extinción. Hoy está declarada como monumento natural. El objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar bacterias provenientes de la rizosfera del Queule con potencial capacidad promotora del crecimiento vegetal (del inglés PGPR), mediante análisis bioquímico y metagenómico. Se recolectaron tres muestras de la rizosfera de árboles adultos de Queule desde el “Bosque Maulino con Queules y Pitaos de Ralbún-Copiulemu” de Forestal Arauco S.A. (Cauquenes, Región del Maule) y se inició el proceso de aislamiento de bacterias realizando diluciones seriadas, utilizando diferentes medios de cultivos. Un total de 39 colonias diferentes fueron: caracterizadas morfológicamente, clasificadas según tinción Gram (positiva/negativa) y analizadas bioquímicamente para conocer su capacidad solubilizadora de fosfato (P) y potasio (K) utilizando medios PKV y, producción ácido indolacético (AIA), destacando finalmente 17 colonias del total. Se identificaron 2 aislados con alta capacidad de producción de AIA (>21 µg/mL) y solubilización de P y K. Complementariamente, se realizó un análisis metagenómico a la rizosfera de *Gomortega keule*, extrayendo ADN del suelo. Las secuencias obtenidas se analizaron con programas bioinformáticos y se elaboraron árboles filogenéticos para conocer la cercanía taxonómica de cada especie bacteriana. Se identificaron principalmente 10 filo, 52 géneros y 55 especies en la primera caracterización taxonómica de rizosfera de Queule. Se concluyó que 6 de los géneros descritos corresponden a bacterias PGPR. Las técnicas de aislamiento y caracterización bioquímica junto con el análisis metagenómico permiten la identificación de aislados y especies bacterianas, lo que puede contribuir a objetivos de conservación *ex situ* o restauración *in situ* del Queule.

Palabras clave: *Gomortega keule*, caracterización microbiológica, bioquímica, metagenómica, PGPR.

Agradecimientos: Laboratorio de Biotecnología Vegetal y Ambiental - UTEM por el apoyo y a Forestal Arauco S.A por facilitar las muestras de suelo.

Evaluación *in vitro* de la tolerancia al déficit hídrico de hongos endófitos y rizosféricos aislados de especies forestales nativas de la Región de Coquimbo

Martínez, M.P.¹, Gacitúa, S.², y Moraga, P.^{1,3*}

¹Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; ²Instituto Forestal (INFOR), Chile; ³Centro Nacional de Excelencia para la Industria de la Madera (CENAMAD), Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: priscila.moraga@uc.cl

Resumen: Las zonas áridas y semiáridas de Chile albergan ecosistemas singulares capaces de prosperar en condiciones climáticas adversas, incluyendo una baja disponibilidad de agua y una alta radiación. Sin embargo, el conocimiento acerca de la biodiversidad de su microbiota, y su potencial impacto en la capacidad de las plantas para afrontar estas condiciones de déficit hídrico extremo, es escaso. El objetivo de este trabajo fue evaluar la tolerancia al estrés hídrico *in vitro* de hongos endófitos y rizosféricos aislados desde especies forestales nativas procedentes de la Región de Coquimbo. Para ello, se aislaron hongos desde individuos de *Vachellia caven*, *Cordia decandra*, *Lithraea caustica*, *Porlieria chilensis*, *Prosopis chilensis*, *Quillaja saponaria*, *Schinus latifolius* y *Senna candolleana* ubicados en tres reforestaciones experimentales de la Región. Los diferentes aislados se sometieron a ensayo de déficit hídrico *in vitro*, ajustando el potencial hídrico del medio de cultivo Agar Papa Dextrosa (APD) con el agente polietilenglicol (PEG). Esto permitió evaluar el área de crecimiento micelial en condiciones de estrés hídrico moderado ($\approx -0,7$ Mpa) y comparar con el tratamiento control. Se seleccionaron aquellos aislados que poseían un crecimiento similar en área bajo ambas condiciones. Los aislados seleccionados se identificaron molecularmente mediante la secuenciación de su región ITS. En total, se obtuvieron 101 aislados. De estos, el 33% toleró las condiciones de estrés hídrico. Los resultados de la secuenciación indican la presencia de microorganismos patógenos con resistencia a condiciones de estrés hídrico, lo cual puede implicar una problemática futura para las plantas sometidas a estrés en la zona norte, pero además revelan especies con un potencial uso biotecnológico en la mitigación del cambio climático en plantas, a través del desarrollo de bioproductos que puedan mediar una mayor tolerancia a la sequía.

Palabras clave: Polietilenglicol, sequía, microbiota del suelo.

Agradecimientos: Se agradece a la Dra. Sandra Gacitúa del Instituto Forestal (INFOR) por proporcionar las muestras de suelo y raíces. También se agradece al proyecto de Inserción Académica de la Dra. Priscila Moraga (interno UC) y al Centro Nacional de Excelencia para la Industria de la Madera (CENAMAD), ANID BASAL 210015.

Colección núcleo de *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (CNPss) de cerezo: impulsando nuevas estrategias de control del patógeno

Millas, P.^{1*}, Correa, F.², Muñoz-Quiróz, V.², Otárola, J.², Fuentes, C.¹, Moreno, J.², y Sagredo, B.²

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu, Chillán, Chile; ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Rayentué, Rengo, Chile

*Autor de correspondencia: pmillas@inia.cl

Resumen: El cáncer bacteriano es la principal enfermedad del cerezo, identificándose a *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (Pss) como el principal agente causal. La capacidad de este patógeno para infectar diversos hospederos, sobrevivir a distintas condiciones ambientales y desarrollar resistencia de manera diferencial a los bactericidas cúpricos aplicados en los sistemas agrícolas, dan cuenta de diversidad de este patógeno en Chile. Para determinar la diversidad genética de la población de Pss presente en Chile se obtuvo una colección de cepas aisladas desde cerezos con síntomas de cáncer bacteriano en las principales zonas productivas de Chile entre las regiones de O'Higgins y Los Lagos. Los genomas de 35 cepas de Pss fueron secuenciados, ensamblados y anotados, los cuales están disponibles en GenBank (BioProyecto no. PRJNA750090). La identidad de los aislados fue confirmada mediante análisis MLSA (Multilocus sequence analysis). El análisis de los determinantes genéticos de la resistencia a Cu (cluster copABCDns) permitió establecer que el 50% de las cepas resistentes contienen todos los genes de resistencia en el cromosoma, y el resto requiere complementación con genes plasmidiales. Todas las cepas presentaron los genes para la síntesis de las toxinas sirinogomicina y la siringopectina. Respecto al repertorio de genes efectores del sistema de secreción tipo III (T3SS), los cuales participan en la interacción patógeno-planta, se identificó un total de 28 genes efectores (T3SE) diferentes, pero con 16 a 20 T3SE por cepa. La presencia o ausencia de T3SE y su disposición organizacional en sus respectivos genomas permitió agruparlos en 9 genotipos diferentes. El nivel de virulencia de cada cepa se determinó a través de un ensayo de inoculación de discos de hojas de cerezos, que resultó variable según el aislamiento. Basados en estas diferencias de características de procedencia, resistencia a cobre, patrón de genes T3SE y nivel de virulencia, se logró establecer una 'colección núcleo de Pss' (CNPss). Actualmente esta colección es parte de proyectos que ejecutan diferentes instituciones de investigación para: evaluación de bactericidas comerciales químicos y biológicos; para el desarrollo de productos comerciales en base a fagos y para la investigación en bacterias que inhiben la nucleación de hielo. Esta CNPss que se encuentra depositada en la Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianas (CChRGM) del INIA (Chillán, Chile), y representa una herramienta con potencial tanto para el estudio del patógeno como la interacción con su huésped.

Palabras clave: Cáncer bacteriano, Sistema de secreción tipo III, efectores, virulencia.

Agradecimientos: Fondef IdeA ID22I10318; Fondecyt 1231208.

Evaluación de genes de respuesta defensiva en plantas de *Solanum lycopersicum* tratadas con formulados biológicos basados en microorganismos

Peñaloza, B.^{1*}, Urrutia, S.¹, García, R.¹, Chong, B.¹, y Morán, R.¹

¹Laboratorio de Investigación y Desarrollo, SynergiaBio, Chile

*Autor de correspondencia: barbara.penaloza@synergiabio.com

Resumen: El cambio climático está teniendo un impacto significativo en la agricultura. Los factores ambientales generan estrés abiótico y biótico representados por la proliferación de plagas y enfermedades en diferentes cultivos. El estudio de los mecanismos de defensa e interacciones patógeno-planta son importantes para comprender a lo que se ven enfrentadas las plantas, entendiendo cómo ellas reaccionan a estímulos nocivos. En plantas, la respuesta frente a estados de estrés está dado por la actividad transcripcional de activación o represión de determinados genes. Es por esto que el objetivo del presente estudio consiste en demostrar, mediante qPCR, que la aplicación al sustrato de un formulado Microbiana basado en la cepa BT001 (colonias de *Bacillus proteolyticus*) es capaz de inducir la modulación de la respuesta de defensa en plantas de tomate cultivar Cal-Ace de manera similar a lo que se genera con la aplicación del producto comercial Serenade® (*Bacillus subtilis* cepa QST 713), el cual ha demostrado inducir respuestas sistémicas de resistencia en plantas tratadas. En este estudio se analizó la expresión relativa, mediante la fórmula $2^{-\Delta\Delta CT}$, de los genes que codifican para cuatro enzimas, Fenilalanina Amonio Liasa (PAL), Quitinasa (QUIT), Osmotina (OSM) y Óxido aleno sintasa (AOS), las cuales son desencadenadas por la planta cuando existe interacción planta-patógeno y son parte del mecanismo de resistencia inducida (ISR) y resistencia sistémica adquirida (SAR). De los resultados, se puede desprender que, tanto el microorganismo benéfico estudiado (BT001) y el producto comercial Serenade®, son capaces de activar la síntesis de diferentes enzimas de defensa en las plantas, expresando mayormente la enzima AOS en la parte foliar de la planta y QUI en la raíz, que alcanzan su máximo nivel de expresión relativa al día diez posterior a la aplicación de los dos formulados. En conclusión, se puede inferir que las plantas de *Solanum lycopersicum* activan mecanismos de respuesta sistémica inducida (ISR) en hojas y respuesta sistémica adquirida (SAR) en la raíz con la aplicación de esos dos formulados (BT001 y Serenade®), y que el formulado de la cepa BT001 induce la modulación de la respuesta de defensa con niveles de expresión similares a los producidos por Serenade®.

Palabras-clave: qPCR, SAR, ISR, Expresión relativa de genes, Bioinsumos.

Incidencia de hongos patógenos en *Vasconcellea pubescens* cultivada en pequeños campos de la zona costera de la Región del Maule

Parra Muñoz, P.¹, Gonzalez, G.¹, Verdugo, D.¹, Pino, H.¹, Espinoza, S.², Carrasco, B.³, y Quiroz, K.^{1*}

¹Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Departamento de Ciencias Forestales. Universidad Católica del Maule, Talca, Chile. ³Centro de Alimentos Procesados, Universidad de Talca. Talca, Chile

*Autor de correspondencia: kquiroz@ucm.cl

Resumen: Las enfermedades fúngicas que afectan a *Vasconcellea pubescens* (papayo) y que comprometen su producción frutícola, han sido poco exploradas en las pequeñas explotaciones agrícolas chilenas. Describimos taxones de hongos que infectan plantas adultas cultivadas en 21 huertos y se evaluó la asociación entre la aparición de hongos con las ubicaciones geográficas de los huertos y el órgano de la planta desde donde se aisló el patógeno. Los hongos fueron identificados mediante examen macroscópico y microscópico de morfología y estructuras reproductivas y comparadas con la literatura. Una vez categorizados por género, se procedió a realizar una caracterización molecular mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con partidores específicos para algunas especies. Se identificaron 15 especies de hongos, tales como: *Alternaria alternata*, *Fusarium* spp., *Penicillium* spp., *Rhizopus* spp., *Mucor* spp., *Aspergillus* spp., *Phytophthora* spp., *Verticillium* spp., *Colletotrichum gloeosporioides*, *Fusarium circinatum*, *Lasiodiplodia theobromae*, oídio, *Chaetomium* spp. y *Botrytis* spp., asociadas con frutos, hojas, raíces y corteza de *V. pubescens*, pero *Fusarium* spp., *Penicillium* spp. y *Mucor* spp. exhibieron la mayor ocurrencia en todos los huertos bajo estudio. Este es el primer informe de taxones de hongos en *V. pubescens* cultivados en las zonas costeras de la Región del Maule y exige más investigaciones como es la secuenciación de los hongos identificados para determinar especie y la propagación de esos patógenos, sus efectos sobre el rendimiento de frutos y medidas de control adecuadas.

Palabras clave: Papaya de montaña, incidencia de hongos, antracnosis de papaya, pudrición del fruto.

Explorando características promotoras del crecimiento vegetal en cepas de rizobios naturalizadas que nodulan soja en Uruguay

Fornero, C.¹, Beyhaut, E.², y Rodríguez-Blanco, A.^{1*}

¹Microbiología, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay; ²Microbiología de suelos, INIA Las Brujas, Uruguay

*Autor de correspondencia: andrearb@fagro.edu.uy

Resumen: La soja (*Glycine max.* L. Merr) es el cultivo de verano con mayor área de siembra en Uruguay. La práctica de inoculación de este cultivo con cepas de rizobios eficientes en Fijación Biológica de N₂ (FBN) está ampliamente extendida en Uruguay donde los inoculantes se formulan hace varias décadas con dos cepas de *Bradyrhizobium elkanii* (U1301 y U1302). En trabajos anteriores se aislaron e identificaron 5 cepas naturalizadas de la especie *B. elkanii*, 4 de *B. japonicum* y 1 de *Bradyrhizobium* sp. que mostraron eficiencia simbiótica en soja en condiciones controladas. Los rizobios, además de realizar FBN, pueden promover el crecimiento vegetal mediante otros mecanismos. El estudio de cepas naturalizadas resulta relevante debido a que es posible que existan cepas adaptadas a las condiciones locales y con mayor capacidad de promover el crecimiento vegetal que permita el desarrollo de mejores inoculantes. En este trabajo se caracterizaron 10 cepas de rizobios naturalizadas y 4 cepas comerciales utilizadas en los inoculantes de Uruguay y la región. Se evaluaron características promotoras del crecimiento (producción de ácido indol acético [AIA] y actividad ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico desaminasa [ACC-desaminasa]) y relacionadas a la colonización (movilidad y producción de biofilm). Las cepas U1301, U1302, las 5 naturalizadas de *B. elkanii* y la cepa CA2 *Bradyrhizobium* sp. produjeron AIA. La mayoría de las cepas naturalizadas (exceptuando la cepa CL3 de *B. japonicum*) fueron capaces de crecer con ACC como única fuente de N. Se destacó la cepa SO2 de *B. japonicum* por su movilidad en agar 0,3% y la cepa CL1 de *B. elkanii* que fue capaz de formar biofilm en las condiciones evaluadas. Estos resultados son una primera aproximación para conocer algunas características promotoras del crecimiento vegetal de estos recursos genéticos adaptados a los ambientes locales que se continuarán evaluando en ensayos de inoculación con el fin de conocer su valor agronómico y su potencial uso como inoculantes.

Palabras clave: inoculantes, ACC desaminasa, ácido indol acético, biofilm, movilidad.

Hongos endófitos de semillas de *Morella pavonis* (C.DC.) Parra-Os y su posible rol en la dormancia de las semillas

Uvidia, A.¹, Contreras, S.^{1*}, León-Lobos, P.², y Moraga, P.^{3,4}

¹Laboratorio de Semillas, Departamento de Ciencias Vegetales, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Centro Regional de Investigación, La Platina, Santiago, Chile; ³Laboratorio Sanidad Forestal, Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; ⁴Centro Nacional de Excelencia para la Industria de la Madera (CENAMAD), Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: scontree@uc.cl

Resumen: *Morella pavonis* es una especie nativa del norte de Chile catalogada en estado vulnerable. Sin embargo, la falta de estudios sobre la germinación de sus semillas dificulta la ejecución de actividades para su conservación. Los objetivos de este estudio fueron: i) caracterizar los requerimientos para la germinación de *M. pavonis*, ii) determinar la presencia y diversidad de hongos endófitos de sus semillas, y iii) explorar la correlación entre dormancia y microbiota endófito fúngica en sus semillas. Se comparó la capacidad germinativa de dos procedencias: Arica y Tamarugal, con y sin aplicación de ácido giberélico (GA3, 500 ppm.), contrastando los resultados entre semillas frescas y semillas previamente desecadas. Paralelamente, se aislaron hongos endófitos de las semillas y fueron descritas las características macro y microscópicas de los hongos emergentes. Se calculó la abundancia relativa comparativa entre los diversos morfotipos identificados, y se determinó la diversidad alfa de morfotipos en ambas procedencias. El uso de GA3 resultó efectivo para incrementar la germinación en semillas de Tamarugal desde 2 hasta 78%, mientras que, en semillas de Arica, ésta aumentó desde 43 hasta 73%. La desecación de semillas previo a la siembra mejoró la germinación solamente en semillas provenientes de Arica, hasta un 87%. Estos resultados son consistentes con la presencia de dormancia fisiológica en semillas de *M. pavonis*. Específicamente, semillas procedentes de Arica exhiben menor dormancia que semillas de Tarapacá. En cuanto a los hongos endófitos, semillas de Arica presentan un mayor número de morfotipos y mayor diversidad endófito fúngica, lo cual permite hipotetizar una posible correlación negativa entre la diversidad fúngica y la dormancia de las semillas, en la cual semillas menos dormantes exhiben una mayor diversidad y número de morfotipos. Estos hallazgos destacan la influencia del protocolo de germinación adoptado para superar la dormancia y sugieren un papel significativo de la microbiota endófito fúngica en la germinación. Sin embargo, se requiere mayor investigación para confirmar la hipótesis propuesta.

Palabras clave: Germinación, ácido giberélico, dormancia fisiológica.

Agradecimientos: Se agradece al INIA, al Departamento de Ciencias Vegetales (PUC) y al Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente (PUC) por facilitar los recursos necesarios para la realización de este estudio.

Procesos de conservación *in situ* e *in situ/on-farm* de camu camu [*Myrciaria dubia* (Kunth) McVaugh] por comunidades indígenas en la amazonia colombiana

Aguirre-Neira, J.C.^{1*}, Cuervo, I.², Raz, L.³, y Clement, C.⁴

¹Ingeniería Agroambiental, Corporación Universitaria Comfacaucá – Unicomfacaucá, Popayán, Colombia; ²Universidad Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Brasil; ³Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia; ⁴Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA, Manaus, Brasil

*Autor de correspondencia: jneira@unicomfacaucá.edu.co

Resumen: El camu camu [*Myrciaria dubia* (Kunth) McVaugh], es un fruto importante para las comunidades amazónicas, gracias a sus propiedades útiles para las industrias de alimentos, farmacéuticas y cosméticas. Perú es el primer comercializador mundial de esta fruta y obtiene el 60% de su producción de áreas espontáneas. Colombia también posee dichas áreas comerciales, que se concentran exclusivamente en Tarapacá, departamento de Amazonas. Dada esta importancia y oportunidad única para el país, se estudiaron los procesos de manejo y conservación *in situ* e *in situ/on-farm* de la especie por parte de indígenas de Tarapacá. Se realizó observación participante y entrevistas a 61 habitantes locales (hombres y mujeres de diferentes etnias indígenas) vinculados al uso y comercialización del camu camu. El trabajo de campo fue realizado en los meses 01-03/2018, 10-11/2021 y 06-07/2022. Se encontró que los niveles de conocimiento local asociado a la especie fueron superiores a los reportados por la literatura y que existe un efecto positivo de la comercialización de la fruta sobre el uso. Se concluye que esta revalorización del uso y mayor interés por la especie ha motivado a la conservación *in situ* en las áreas espontáneas en ríos y lagos, así como la conservación *in situ/on-farm*, con la selección de semillas y plantas de áreas espontáneas para sembrar en áreas próximas a las casas. Sin embargo, cuestiones sociales y culturales no han permitido que el proceso de aprovechamiento comercial continúe.

Agradecimientos: A los habitantes y autoridades tradicionales de Tarapacá, por su hospitalidad y soporte logístico. A los programas de Recursos Genéticos Vegetales e Interdisciplinar en Ciencias Humanas de la Universidad Federal de Santa Catarina y al Instituto de Ciencias Naturales de la Universidad Nacional de Colombia por su cobertura institucional. A la CAPES- Brasil por el apoyo financiero al primer autor con el “Programa Estudantes-Convênio de Pós-Graduação – PEC-PG”.

Palabras clave: Tarapacá – Colombia, Domesticación, Conocimiento local asociado, Recursos genéticos vegetales.

Impulsando la valoración y uso de los recursos genéticos de papa nativa de Chile

Muñoz, M.¹, Folch, C.¹, Winkler, A.¹, y Alva, S.^{2*}

¹Laboratorio de Biotecnología, INIA Remehue, Osorno, Chile; ²Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetal, INIA La Pampa, Purranque, Chile

*Autor de correspondencia: sandra.alva@inia.cl

Resumen: Chile es considerado un subcentro de origen de la papa a nivel mundial. Las papas nativas del sur de Chile pertenecen a la especie *Solanum tuberosum* grupo Chilotanum, cuyo origen es el archipiélago de Chiloé y las islas adyacentes, y se caracterizan por su adaptación a formar tubérculos en condiciones de día largo. El banco de germoplasma activo de papa ubicado en INIA Remehue, es parte de la Red Nacional de Bancos de Germoplasma de INIA y actualmente conserva 482 accesiones de papas nativas. Como parte del protocolo de ingreso de material al banco, se realiza la introducción al cultivo *in vitro* y el saneamiento mediante la aplicación de técnicas combinadas de termoterapia/quimioterapia para un posterior chequeo del estado sanitario empleando DAS ELISA para los virus PVY, PVX, PVS, PLRV, PVA y PVM. Un grupo de accesiones priorizadas es trasplantado a campo y caracterizado. Aquellas accesiones que se destinan a la distribución son chequeadas además por PCR para virus y bacterias de los géneros *Pectobacterium* y *Dickeya*, para asegurar el cumplimiento de las normas de distribución de material de reproducción de papa vigente en Chile. A la fecha se ha logrado sanear un 72% de las accesiones conservadas, de éstas seis (6) variedades tradicionales (VT) se han caracterizado en los aspectos genéticos, morfológicos, agronómicos y alimenticios, las cuales son Cabra, Cabrita, Murta ojuda, Michuñe negra ojuda, Bruja y Biscocha. En 2020, bajo convenio INIA – INDAP se entregó semilla certificada de cinco (5) VT, con un total de 5.195 minitubérculos distribuidos entre 15 agricultores de las comunas de Puqueldón y Queilen. Actualmente, bajo un convenio con el Ministerio de Ciencias que busca fortalecer las actividades realizadas por los bancos de germoplasma y contribuir con la soberanía alimentaria del país, se trabaja en conjunto con PRODESAL y PDTI para identificar agricultores que deseen ser parte de una red de semilleristas de papas nativas en las comunas de Castro, Curaco de Vélez y Puqueldón.

Palabras clave: *Solanum tuberosum*, papas nativas, variedad tradicional, banco de germoplasma.

Agradecimiento: Ministerio de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación, proyecto Cultivos tradicionales de Chile: Fuente de alimentos nutritivos para la Seguridad y Soberanía Alimentaria del país, 503598-71.

Establecimiento de un protocolo para la propagación acelerada de plantas de papa (*Solanum tuberosum* L.) bajo el sistema autotrófico hidropónico (SAH)

Álvarez, A.¹, Behn, A.^{1*}, y Carrasco, J.¹

¹Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Laboratorio de cultivo tejido vegetal, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

*Autor de correspondencia: anita.behn@uach.cl

Resumen: La papa (*Solanum tuberosum* L.) pertenece a la familia de las solanáceas siendo uno de los principales cultivos y alimentos de importancia para el mundo. Chiloé en Chile destaca por ser el subcentro de origen de la papa (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* o grupo *Chilotanum*), de la cual provienen gran parte de las variedades que se cultivan en el mundo. El Banco de Germoplasma de Papas de la Universidad Austral de Chile (BGP) conserva más de 300 accesiones nativas chilenas, variedades comerciales y líneas mejoradas. Entre las labores está conservar, sanear y distribuir material vegetal sano, por lo que el objetivo principal de esta investigación fue generar un protocolo que permita hacer una propagación acelerada de plantas de papa bajo el sistema SAH, permitiendo así la obtención de plantas sanas, vigorosas y aclimatadas para la conservación y repatriación a su centro de origen. Para establecer el protocolo, se utilizó el material proveniente del área *in vitro* del BGP, evaluando tres genotipos, Bruja (nativa), Desireé (comercial) y 9M (mejorada), en tres sustratos: turba, aserrín y tierra de hoja, con el suministro de una solución nutritiva. Para el primer repique se aclimataron las plantas por 21 días midiendo sobrevivencia y crecimiento, los esquejes obtenidos se plantaron en los distintos sustratos donde se midió la sobrevivencia, n° de entrenudos (EN), vigor y desarrollo de yemas, todo el ensayo se realizó bajo condiciones de cámaras de crecimiento. Los resultados indican que para el establecimiento inicial del sistema SAH la utilización de plantas *in vitro* enteras presentan un mayor % de sobrevivencia y un repique más temprano (4,14 entre nudos) que la aclimatación de EN, la cual se repicó con 2 EN. Con relación al n° de EN obtenidos desde SAH a SAH, destaca la turba con 3,11 EN por planta, mientras que aserrín y tierra de hoja, tuvieron un menor n° de EN con 2,29 y 1,90 respectivamente, donde los genotipos también presentaron diferencias con respecto al número de EN producidos, siendo mayor Desireé y 9M (2,73 y 2,69 EN), mientras que Bruja obtuvo un menor valor (1,89 EN). En cuanto a la interacción genotipo*tratamiento, estos también presentaron diferencias siendo 9M estadísticamente diferente con 3,69 EN en turba a diferencia de Bruja con 2,49 EN respectivamente. Concluimos que en la realización del SAH es recomendable utilizar turba, y con relación a la utilización de los genotipos, se debe considerar que hay una respuesta diferencial en la tasa de multiplicación obtenida, el cual dependerá del genotipo.

Palabras clave: SAH, Multiplicación acelerada, *Solanum tuberosum* ssp *tuberosum*.

Conservación *in vitro* en poblaciones de *Colobanthus quitensis* (Kunth) Bartl. (Caryophyllaceae)

Alveal, S.¹, Burgos, R.¹, y Cuba-Díaz, M.^{1,2*}

¹Universidad de Concepción, Laboratorio de Biotecnología y Estudios Ambientales, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Escuela de Ciencias y Tecnología, Campus Los Ángeles, Chile;

²Programa de Ciencia Antártica y Subantártica, Universidad de Concepción

*Autor de correspondencia: mcuba@udec.cl

Resumen: La conservación *in vitro* constituye una herramienta esencial para la mantención e intercambio de recursos fitogenéticos a nivel mundial, ofreciendo una serie de ventajas como condiciones asépticas, disminución de costos por subcultivos y material genético rápidamente disponible. Una alternativa de conservación *in vitro* es el método de crecimiento mínimo, donde se busca disminuir la actividad fisiológica y metabólica de los tejidos vegetales, modificando factores ambientales y la composición del medio de cultivo extendiendo los períodos entre subcultivos de corto a mediano plazo. *Colobanthus quitensis*, planta nativa de la Antártica, es considerada una especie modelo por su capacidad de adaptarse a condiciones abióticas extremas, desplegando mecanismos de tolerancia especializados que resultan interesantes para la ciencia. El objetivo de investigación fue generar un protocolo para la conservación *in vitro* de la especie, manipulando varios factores ambientales y del medio de cultivo como: número de explantes, reducciones minerales, concentraciones del gelificante y adición de compuestos, para extender los periodos de subcultivo y obtener plantas en buen estado fisiológico para la Colección Activa de Plantas Vasculares Antárticas del Laboratorio. Se utilizaron explantes *in vitro* de dos poblaciones de *C. quitensis*, y se trabajó en etapas considerando los mejores resultados para la siguiente evaluando variables morfo-fisiológicas. La reducción de sales minerales al 50%, 12 explantes por frasco, film como tipo de sellado, la adición de manitol al 4% como osmorregulador, ABA 0,5 mgL⁻¹ como inhibidor de crecimiento, STS 10μM como inhibidor de etileno y una concentración del agente gelificante de 0,7%, lograron una extensión del tiempo de subcultivo de 30 a 90 días facilitando la conservación de *C. quitensis* con una óptima eficiencia fotosintética. Estos resultados constituyen una herramienta para la conservación de especies *in vitro* y futuros estudios genéticos y fisiológicos en respuesta a condiciones adversas y de aplicaciones biotecnológicas en esta y otras especies.

Palabras clave: *Colobanthus quitensis*, mínimo crecimiento vegetal, banco de germoplasma, plantas antárticas.

Agradecimientos: Vicerrectoría de Investigación y Desarrollo Universidad de Concepción Proyecto VRID-Asociativo 217.418.009-1.0. y VRID 220.418.012-INV.

Morphological characterization of landrace of *Arachis hypogaea* L. cultivated in northern Uruguay

Bonfiglio, M.^{1*}, Tadich, I.¹, Naya, I.¹, Da Luz-Graña, C.¹, Castro, X.¹, Garcia da Rosa, V.¹, Rodriguez, E.¹, Vidal, R.¹, and Vaio, M.²

¹Lab de Fitotecnia y Recursos Genéticos, Dep. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay; ²Lab de Evolución y domesticación de plantas, Dep. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Uruguay

*Corresponding author: maru.bonfi@gmail.com

Abstract: *Arachis hypogaea* L. (peanut), is a legume cultivated for its edible seeds. The northern region of Uruguay is one of the main centers of peanut production and is carried out by peasants who use only landraces. The aim of this work was to understand the diversity of the landraces currently used in the north of the country. For the morphological characterization, a field trial with 15 peanut landraces was established at the Facultad de Agronomía- Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. Ten plants per plot, sown at 12.5 cm, were characterized. The morphological descriptors selected for characterization were 4, one was evaluated pre-harvest and 3 post-harvest. The descriptive statistical parameters and the Shannon index were used to evaluate the diversity. The descriptor evaluated pre-harvest was stem surface, and differences were observed among plots only, showing some very pubescent plants and others that were just pubescent. For the post-harvest descriptors: pod constriction, pod beak, and pod reticulation, a great diversity was observed, among plots and within plots. The Shannon index for pod constriction ranged between 0,56 and 1,38, for pod beak between 0,58 and 1,37, and for pod reticulation between 0 and 1,23. Our results show that even in a small number of landraces, peasants conserve a great diversity of peanuts.

Keywords: Diversity, *in situ*, conservation, peanuts Diversity, *in situ*, conservation, peanuts.

Acknowledgements: ANII (FCE) for the financial support and the, families that donated their seeds.

Quality evaluation of cherimoya fruit (*Annona cherimola* Mill.) based on exocarp type in the South of Ecuador

Capa-Morocho, M.^{1*}, Molina-Müller, M.¹, Vásquez, S.¹, Valverde, M.², Romero, M.¹, Vaca, A.¹, Ochoa, E.¹, and Granja, F.¹

¹Grupo de Investigación en Eco fisiología y Producción Agraria, Universidad Nacional de Loja, Loja, Ecuador; ²Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos, Estación Experimental del Austro, Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Gualaceo, Ecuador

*Corresponding author: mirian.capa@unl.edu.ec

Abstract: The cherimoya is an arboreal fruit native to the inter-Andean valleys of Ecuador and Peru. Several studies have reported the province of Loja as a possible center of origin due to the precedents that indicate the great diversity of morphotypes in natural forests, with nutritional and organoleptic characteristics for consumers. Therefore, this study aims to identify different cherimoyas from natural populations in the southern region of Ecuador based on their exocarp type to evaluate their physical and chemical characteristics to determine the potential quality of the fruit, contributing to conservation and sustainable production. The quality attributes (fruit weight, seed weight, seed pulp ratio, firmness, soluble solids, titratable acidity, soluble solids, and titratable acidity ratio, exocarp color, pulp texture, fiber content, oxidation, and flavor) of 287 cherimoyas with different exocarp types harvested in different population in the Southern Region of Ecuador were systematically investigated and analyzed. The Cherimoya descriptor from Biodiversity International and CHERLA (2008) defined exocarp type. Five botanical forms were observed in the collected native cherimoyas based on the fruit shape and marking on the exocarp. The highest percentage corresponds to finger-printed (with smooth depressions) and smooth-skinned, with 52% and 27 %, respectively. In contrast, the lowest percentage was for tuberculate (1,4%). Regarding quality attributes, significant differences among different exocarp types were found. In particular, the seed number and weight per fruit of tuberculate was higher (66,93 seeds and 51,6 g, respectively) than other exocarps. However, finger-printed presents the highest pulp/seed ratio (11,2), high soluble solid (22,3 °Brix), a creamy pulp texture, low oxidation, and good flavor, suggesting its potential for fresh consumption and food processing. The multivariate analysis shows a negative trend of titratable acidity in mammilate and umbonate exocarp. In contrast, a positive trend of fruit and seed weight, firmness, and soluble solids is observed in tuberculate exocarp. Several cherimoyas could be used as potential genotypes for propagation and fruit production due to their agronomic and organoleptic quality attributes. This work is relevant since it involves conserving native plant genetic resources and their use at an agronomic and nutritional level, promoting sustainable and efficient agriculture.

Keywords: Organoleptic traits, quality attributes, exocarp type, Annonaceae, cherimoya.

Acknowledgments: This study was funded by FIASA project FIASA-CA-2023-011 and the National University of Loja project 02-DI-FARNR-2023-E.

Germinación *in vitro* a bajo costo para la introducción de *Deschampsia antarctica* a la colección de plantas antárticas

Carrasco, M.¹, Ontivero, Y.^{1,2}, Navarrete-Campos, D.¹, Cabrera-Barjas, G.³, y Cuba-Díaz, M.^{1,3*}

¹Universidad de Concepción, Laboratorio de Biotecnología y Estudios Ambientales, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Escuela de Ciencias y Tecnologías, Campus Los Ángeles, Chile;

²Programa de Ciencia Antártica y Subantártica, Universidad de Concepción, Chile; ³Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias del Cuidado de la Salud, Campus Las Tres Pascualas, Concepción, Chile; ⁴Universidad de Concepción, Programa de Doctorado en Ciencias de la Agronomía, Facultad de Agronomía, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: mcuba@udec.cl

Resumen: La biota vegetal antártica, representada por solo dos plantas vasculares, *Colobanthus quitensis* y *Deschampsia antarctica*, está limitada a espacios muy reducidos y condiciones ambientales extremas. Ambas especies se han constituido en interesantes “modelos” para estudios de respuesta a ambientes extremos y como fuentes de metabolitos de interés biológico. Las restricciones de acceso y por medidas de protección para el desarrollo de investigación con estas dos especies se supera con colecciones *ex situ*. Ambas especies se encuentran representadas en la Colección de Plantas Vasculares Antárticas de la Universidad de Concepción, donde constantemente se mejoran los protocolos para su propagación y conservación *in vitro* o en jardín común. Varias investigaciones han informado protocolos de cultivo *in vitro* para *D. antarctica*, pero sólo un trabajo reciente ha expuesto éxitos en la germinación en condiciones controladas en esta especie, con tiempos extensos y medios de cultivos de alto costo. En este trabajo se evaluaron dos métodos de desinfección: H₂O₂ al 15% (D1) o Etanol al 70% por 30s, posteriormente hipoclorito de Na al 15% + Tween 20 al 0,05% por 10 min (D2), el uso de tratamiento osmótico (KCl al 5%) previo a la germinación o no, así como dos medios basales: agar/sacarosa 3% o Murashige and Skoog (MS) a la mitad de la concentración, y el uso de nanofibras de quitina (0,01%) o no en el medio de germinación. Con el método D1 se obtuvo una contaminación de 18,5%, mientras con el D2 la contaminación fue del 87,5%. La combinación de KCl+ MS+ nanofibras de quitina mostró los mayores porcentajes de germinación a los 15, 30 y 60 días con 6, 10 y 42,2%, respectivamente. Se sugiere que el uso de nanofibras de quitina estimuló la germinación, no obstante, otras variables como la necesidad de escarificación y la calidad de la semilla al ser colectadas deben ser evaluados.

Palabras clave: tratamiento osmótico, quitina, H₂O₂, *Deschampsia antarctica*.

Agradecimientos: Proyecto INACH DT_05_22. Vicerrectoría de Investigación y Desarrollo Universidad de Concepción Proyecto VRID N° 220.418.012-INV. ANID Fondecyt Regular 1221609.

State of art in maize cytogenetics: insights into races from Uruguay and Brazil

Carvalho, R.F.^{1*}, Vaio, M.¹, and Vidal, R.²

¹Laboratorio de Evolución y Domesticación de las Plantas, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía – Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Laboratorio de Fitotecnia y Recursos Genéticos Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía – Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

*Corresponding author: rcarvalho@fagro.edu.uy

Abstract: Maize has been classified into races and landraces due to its wide genetic variation. Understanding the genetic history behind all this variability contributes to the creation of public policies for conservation purposes, but also to the appreciation of traditional farmers, indigenous communities, and seed guardians who are the people who at the same time conserve and generate genetic diversity in maize. Therefore, this work aimed to characterize the intragenomic variability of heterochromatic knobs between maize races from Uruguay and Brazil distributed in the Pampa-Atlantic Forest ecotone and estimate their genome size (GS). For the cytogenetic characterization, four races of each country were analyzed based on the criteria of being sequenced and representative of the four types of grains, totalizing 30 individuals. To identify heterochromatic knobs, fluorescent *in situ* hybridization with Cy3-labeled 180-bp knob probe was used. The GS was estimated by flow cytometry and all data were subjected to the Kruskal-Wallis nonparametric test. Intragenomic analysis revealed differences in the number of heterochromatic knobs between and within maize races ranging between 13 to 40 knobs. It was observed also variability in the sizes and positions of knobs on the chromosomes. Besides, it was found the presence of B chromosome only in the Pisingallo race from Uruguay. The GS varied between $2C = 4.88$ pg and $2C = 5.52$ pg. However, statistical analyses showed no significant differences. It was the first time that these races were characterized cytogenetically and yet it was possible to perceive the great variability in each race. These results provide information that can be useful to establishing hypotheses about the origin and adaptive value of heterochromatic sequences in the maize genome. Hence, it is only the first step to understanding the karyotypic diversity of maize from the Lowlands of South America.

Keywords: Landraces, Lowlands of South America, Cytogenomics, Heterochromatin.

Acknowledgments: Universidad de la República, Agencia Nacional de Investigación y Innovación (ANII), Comisión Sectorial de Investigación Científica (CSIC).

Obtención de proteasas en *Puya alpestris* (Poepp.) Gay a través de métodos biotecnológicos

Castro Cabrera, I.^{1*}, Sotomayor Burgos, L.¹, Obregón, D.², Bruno, M.², Vives Hernández, K.¹, y Hernández de la Torre, M.¹

¹Laboratorio Cultivo de Tejidos Vegetales, Facultad de Ciencias Forestales y Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; ²Centro de Investigación de Proteínas Vegetales (CIProVe), Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.

*Autor de correspondencia: inelvis90@gmail.com

Resumen: La familia Bromeliaceae está representada en Chile por 23 especies, de las cuales 20 son endémicas; siendo *P. alpestris* una de las más representativas dentro del género *Puya*. Las bromelias son reconocidas por su valor ornamental y medicinal. Se caracterizan por tener contenidos de endopeptidasas superiores a los que se consideran fisiológicamente necesarios, por lo que han sido objeto de estudio para el aislamiento y caracterización de proteasas. La micropropagación como herramienta biotecnológica permite multiplicar plantas masivamente en un tiempo relativamente corto, garantizando la conservación de especies endémicas o en peligro de extinción. El cultivo *in vitro* de *P. alpestris* garantiza su propagación y conservación y permite obtener moléculas bioactivas, como las proteasas, sin causar daños a los ecosistemas. El objetivo de este trabajo es determinar la influencia del sistema de cultivo *in vitro* en el contenido de proteasas de plantas de *P. alpestris*. Se obtuvieron plantas de *P. alpestris* a partir de semillas germinadas *in vitro* y se establecieron en: medio semisólido, medio líquido y biorreactores de inmersión temporal (BIT). A los 30 y 45 días se cuantificó el contenido de proteínas (CP), actividad proteolítica (AP) y actividad proteolítica específica (APE) de extractos obtenidos a partir de biomasa y del medio de cultivo. Se evaluó el perfil electroforético de los extractos y el efecto de inhibidores específicos en la actividad enzimática. El cultivo en medio líquido favoreció el desarrollo morfológico de las plantas. El mayor valor de APE de biomasa vegetal se obtuvo para extractos procedentes de medio semisólido con 45 días de cultivo. Se detectó AP en los medios líquidos, siendo la fracción con masas molares >30 kDa la más activa. El perfil electroforético mostró bandas con patrón similar a la bromelina de tallo (26 kDa). Se observó una inhibición mayor del 80% con inhibidores de cisteíno proteasas. El sistema de cultivo y los días influyen en el crecimiento y desarrollo de las plantas de *P. alpestris*. El cultivo en medio líquido favorece la toma y asimilación de nutrientes, así como, la expresión y excreción al medio de enzimas proteolíticas. Los extractos proteolíticos obtenidos de *P. alpestris* contienen mayoritariamente cisteíno proteasas.

Palabras clave: *Puya alpestris*, cultivo *in vitro*, proteasas.

Agradecimientos: A la ANID, al Laboratorio de cultivo de tejidos vegetales, al CIProVe y al programa UNU-BIOLAC.

Compuestos bioactivos y actividad antioxidante en flores comestibles tradicionales de México, un recurso inexplorado

Marcos-Gómez, R.¹, Vera-Guzmán, A.M.¹, Pérez-Ochoa, M.L.¹, Flores, P.D.¹ y Chávez-Servia, J.L.^{1*}

¹CIIDIR-Oaxaca, Instituto Politécnico Nacional, Oaxaca, México

*Autor de correspondencia: jchavez@ipn.mx

Resumen. En décadas recientes hay especial interés en conocer la contribución de flores comestibles a las dietas, nutrición y su potencial en la salud familiar. En México existe una tradición de consumo de flores desde tiempos precolombinos llamados localmente como ‘quelites’ y persiste hasta nuestros días, pero regularmente desconocida fuera de las regiones donde se utiliza en la gastronomía local. En este trabajo se planteó el objetivo de evaluar la variación del contenido de polifenoles, flavonoides y actividad antioxidante en inflorescencias de *Yucca filifera* (izote), *Agave salmiana* (maguey pulquero), *Diphysa americana* (cuachepil o guachepil) y *Chamedorea tepejilote* (tepejilote o pacaya), a partir de muestras colectadas en diferentes comunidades y regiones de Oaxaca, México y con base en la recolecta de 10 a 11 muestras de inflorescencias por especie en 26 comunidades, se evaluó el contenido de polifenoles, flavonoides y actividad antioxidante mediante espectrofotometría UV-visible y estándares de referencia. En primera instancia, entre muestras se determinaron diferencias significativas ($p \leq 0,05$, $0,01$) entre y dentro de muestras en función del origen geográfico como parte del efecto ambiental y de sitio sobre la composición de la muestra en cada especie. Esto es, la localidad de origen afecta significativamente la composición. A través de todas las especies, se determinaron correlaciones significativas y positivas del contenido de polifenoles y flavonoides con la actividad antioxidante evaluada por los métodos DPPH y FRAP, e indica que parte del potencial bioactivo del consumo de estas especies se encuentra en los compuestos fenólicos. La alta variabilidad en compuestos fenólicos y actividad antioxidante dentro de cada especie muestra que tiene un potencial nutricional y nutraceutico relevante para complementar las dietas familiares.

Palabras clave: Inflorescencias comestibles, compuestos funcionales, quelites, cultura alimentaria.

Agradecimientos: Los autores agradecen el financiamiento otorgado por el Instituto Politécnico Nacional de México para realizar esta investigación, a través de los proyectos SIP-20230580 and SIP-20231194.

Compuestos funcionales y actividad antioxidante en una variedad tradicional de chile (*Capsicum annuum* L.) del sur de México

García-Vásquez, R.^{1,2}, Vera-Guzmán, A.M.², Carrillo-Rodríguez, J.C.¹, y Chávez-Servia, J.L.^{2*}

¹Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca, Oaxaca, México; ²CIIDIR-Oaxaca, Instituto Politécnico Nacional, Oaxaca, México

*Autor de correspondencia: jchavez@ipn.mx

Resumen. El cultivo y consumo de chile (*Capsicum annuum* L.) en México tiene orígenes precolombinos y su biocultura prevalecen hasta hoy, esencialmente comunidades originarias e indígenas. En este trabajo se planteó evaluar el efecto del ciclo de cultivo en el contenido de flavonoides, fenoles, vitamina C, β -caroteno, capsaicinoides y actividad antioxidante, en una colección de chile 'Huacle', recolectada en Oaxaca, México. En una colección de 14 poblaciones de chile Huacle y un testigo (tipo Ancho), cultivada durante dos ciclos en invernadero rústicos, se evaluó el contenido de flavonoides, fenoles, vitamina C, β -caroteno, capsaicinoides y actividad antioxidante mediante espectrofotometría y cromatografía de líquidos de alta resolución (HPLC), en frutos maduros. Los resultados mostraron que, las condiciones agroecológicas de ciclos influyeron significativamente en el contenido de fenoles, flavonoides, vitamina C, β -caroteno, capsaicina, relación capsaicina/dihidrocapsaicina y actividad antioxidante, no así en dihidrocapsaicina y capsaicinoides totales. Entre poblaciones se presentaron diferencias significativas en todas las variables, excepto en vitamina C, y también se registraron interacción significativa entre ciclos de evaluación y poblaciones para todos los caracteres con excepción de flavonoides. Complementariamente se estimó que, la varianza atribuible a ciclos de cultivo fue mayor que la varianza debida a poblaciones (genotipo) y que de la interacción ciclos $\times$ poblaciones e indica que, los ambientes influyen significativamente en el contenido de compuestos funcionales y actividad antioxidante en los frutos de chile Huacle, excepto en capsaicinoides. Esto último indica que el efecto genético atribuido a la selección que hacen cada año los agricultores determina el nivel de pungencia o picor. En relación con el testigo Ancho, las poblaciones de Hucle difieren significativamente en fenoles, flavonoides y β -caroteno, y ayudaran a diferenciar al tipo Huacle de los otros tipos de chile utilizados para las preparaciones de diversos platillos de la gastronomía mexicana.

Palabras clave: Compuestos fenólicos, capsaicinoides, espectrofotometría, conservación en fincas, variedades autóctonas.

Agradecimientos: Los autores agradecen el financiamiento otorgado por el Instituto Politécnico Nacional de México para concluir esta investigación, a través de los proyectos SIP-20230580 y SIP-20231194.

Avances en la genotipificación de la colección mundial de variedades criollas de *Phaseolus vulgaris* L. de la Alianza Bioversity-CIAT

Correa Abondano, M.^{1*}, Ospina, J.A.¹, Wenzl, P.¹, y Carvajal-Yepes, M.¹

¹Programa de Recursos Genéticos, Alianza Bioversity-CIAT, 763537, Cali, Colombia

*Autor de correspondencia: m.correa@cgiar.org

Resumen: El banco de semillas de frijol de la Alianza Bioversity Internacional & el Centro de Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) es un repositorio de la diversidad genética del género *Phaseolus* e incluye no solamente las formas cultivadas como las variedades criollas y aquellas obtenidas a través del fitomejoramiento, sino también las formas silvestres, incluyendo parientes silvestres que hacen parte de los acervos genéticos secundarios. Dada la complejidad inherente a la colección, su caracterización es un reto necesario para facilitar el acceso a las colecciones y fomentar su uso. Por eso, el uso de marcadores moleculares puede apoyar y suplementar estas labores. En este trabajo se presentan los resultados de la evaluación de múltiples formas de muestro de accesiones de frijol común (*P. vulgaris*) para genotipificación: un individuo por accesión, 25 individuos por accesión, o un pool de ADN. Adicionalmente se presentan los primeros resultados de la genotipificación de 1275 variedades criollas por medio de la genotipificación con DArTseq usando pools de ADN para representar accesiones. Se encontró que genotipar 25 individuos por separado permite descubrir más alelos raros dentro de las accesiones que secuenciar pools de ADN. Sin embargo, esta diferencia no tuvo efectos grandes sobre la interpretación de la matriz de distancias modificadas de Rogers, del análisis de coordenadas principales o de la estimación de coeficientes de mezcla ('admixture') en relación con la estructura de la especie en términos de los acervos Andino y Mesoamericano. La genotipificación de 1,275 accesiones de frijol común permitió identificar posibles accesiones con señales de mezcla entre los dos acervos, validar las clasificaciones basadas en caracteres morfológicos, agronómicos y de proteínas de semilla, así como brindar indicios sobre la diversidad intra-accesional en variedades criollas. Los datos obtenidos hasta ahora son promisorios para visualizar las relaciones entre variedades de frijol y utilizar información de origen para la identificación de materiales promisorios para estudios más detallados.

Palabras clave: *Phaseolus vulgaris*, diversidad genética, estructura poblacional, germoplasma.

Agradecimientos: Los autores agradecen a la GIZ y al CIM por el financiamiento parcial para la posición de MAC. Adicionalmente, se agradece a la plataforma de bancos de genes del CGIAR y a la FFAR por financiar este proyecto.

Diferenciación de nuevas variedades de olivo de la provincia de Catamarca–Argentina mediante descriptores y espectroscopia de infrarrojo cercano NIR

Delgado, I.D.^{1*}, Amorena, I.¹, Montalvan, D.¹, Nunez Rodriguez, J.A.², Prenol, L.V.¹, y Tosto, D.S.³

¹EEA Catamarca, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)- Sumalao Valle Viejo, Catamarca, Argentina; ²Departamento de Biología- Universidade Federal de Lavras, Lavras-Minas Gerais, Brasil; ³Instituto de Biotecnología IABIMO UEDD-INTA CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

*Autor de correspondencia: delgado.ivan@inta.gob.ar

Resumen: El cultivo de olivo en Argentina constituye una actividad agrícola relevante en las regiones de Cuyo y NOA. La provincia de Catamarca se destaca por sus características agroclimáticas favorables para esta especie. El olivo es un árbol perennifolio cuya fenología varía en función de las características distintivas varietales, desde época de floración y maduración como en características del fruto y semilla, siendo estos dos últimos las mejores discriminantes varietales por su menor influencia ambiental. En este trabajo se analizaron 14 nuevos ejemplares de olivo de procedencia natural generados por polinización libre considerados para un programa de mejoramiento varietal del INTA por sus características productivas e industriales. El objetivo de este trabajo es determinar cuál de los descriptores de frutos y semillas propuestos por el Instituto Nacional de Semillas (INASE) para olivo son más adecuados para diferenciar las nuevas variedades de olivo en estudio, verificando a su vez si existe alguna correlación entre los datos fenotípicos obtenidos con los descriptores y los resultados obtenidos en pasta de aceituna con la técnica indirecta de Espectrofotometría del Infrarrojo cercano (NIR) en función de diferentes mediciones.. A partir de los resultados obtenidos mediante la distancia de Gower y GGPlot se puede inferir que los descriptores de fruto los que discriminan mejor las variedades fueron: “peso de 50 frutos” y peso de 1 fruto; en semilla (carozo) destacándose también “surcos fibrovasculares”, continuando con presencia de mucrón, forma en la posición “A”, simetría en “A”. Mientras que en los resultados obtenidos a partir de NIR se pudo observar que la materia grasa seca (MGS) en pasta de aceituna sería útil para discriminar las distintas variedades. Del presente estudio se concluye que a nivel fenotípico el “peso de 50 carozos”, el “peso de 1 carozo”, y las mediciones de MGS a partir de la técnica NIR constituyen una herramienta valiosa para disminuir el tiempo en cuanto a la discriminación y diferenciación de las nuevas variedades.

Palabras clave: olivo, descriptores fenotípicos, NIR.

Agradecimiento: el presente trabajo fue financiado con los proyectos: PE114 INTA, PD087 INTA.

Evaluación del comportamiento germinativo de flora nativa de Uruguay

Díaz, M.^{1*}, de Almeida, N.¹, y Cortizas, S.¹

¹Laboratorio de Agroecología, Grupo de Agroecología, Sustentabilidad Medio Ambiente (GASMA), Universidad Tecnológica, Durazno Uruguay

*Autor de correspondencia: fabiana.diaz@estudiantes.utec.edu.uy

Resumen: El bosque ribereño del río Yí, ubicado en el Departamento de Durazno, Uruguay, fue catalogado como zona de máxima prioridad para la conservación por su riqueza de especies y ecosistemas amenazados. Las principales amenazas que se han detectado son la tala indiscriminada y cambios en el uso del suelo. Esta situación dificulta la conservación ya que altera la dinámica natural del bosque e imposibilita su regeneración, provocando impactos ecológicos, sociales y económicos. Una de las formas de conservación y restauración es a través de semillas. En este sentido este estudio tuvo como objetivo evaluar la capacidad germinativa de especies de flora nativa del bosque ribereño del río Yí comparando distintos métodos de superación de la dormición. Las especies evaluadas fueron *Erythrina crista-galli*, *Senna corymbosa*, *Ruprechtia salicifolia* y *Vachellia caven*, cuyas semillas fueron colectadas en dos zonas de la ciudad de Durazno, en el periodo 2021-2023. El diseño experimental fue completamente al azar, con cuatro tratamientos y tres repeticiones con cinco semillas cada uno: control, inmersión en agua por 24 h, inmersión en agua a 100°C, escarificación física y química en ácido sulfúrico a 95%. Para el estudio de los resultados se llevó a cabo un análisis descriptivo y se realizó el conteo de número de semillas germinadas cada dos días por un período de quince días. Se calculó el porcentaje de germinación y el Índice de Velocidad de Germinación (IVG). En general, los porcentajes promedios de germinación variaron de 0 a 100%. El 75% de las especies presentaron una germinación promedio inferior a 50%. Para *E. crista-galli*, el porcentaje de germinación varió de 67 a 100, siendo que el mejor tratamiento fue escarificación física. Para *Senna corymbosa*, los valores variaron de 7 a 100%, siendo la escarificación química el mejor tratamiento, lo que sugiere que cuenta con un alto grado de dormición. Para *Ruprechtia salicifolia* el mejor tratamiento fue la inmersión en agua por 24 h (80%). Para *Vachellia caven* los valores variaron de 0 a 93% (escarificación física). En relación al IVG, la especie que presentó mejor desempeño fue *Erythrina crista-galli* con un promedio de 1,5, mientras que el menor valor lo presentó la especie *Vachellia caven* con un promedio de 0,7. El presente estudio generó un antecedente para ampliar la investigación y generar nueva información sobre la capacidad germinativa de semillas de la flora nativa, lo que se considera un insumo relevante para la elaboración de planes de restauración de bosque ribereño en Uruguay.

Palabras clave: dormición, germinación, IVG, vigor.

Sistema de documentación y acceso a los recursos genéticos de la red de bancos de germoplasma INIA-Chile

Díaz, R.^{1*}, Salazar, E.¹, Tapia, G.¹, Castro, J.F.¹, Montesano de Souza Campos, P.¹, Alva, S.¹ y Pañitrur, C.¹

¹Red de Bancos de Germoplasma, Programa de Recursos Genéticos, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chile

*Autor de correspondencia: rodrigo.diaz@inia.cl

Resumen: Los bancos de germoplasma, como unidades a cargo de la conservación de recursos fitogenéticos y Microbianas, requieren de un sistema informático que permita almacenar, sistematizar y poner a disposición la información de las colecciones de germoplasma, a los potenciales usuarios. A mediados de 2013 se implementó en INIA Chile la plataforma Grin-global, un sistema de documentación integrado que incluye bases de datos y herramientas de manejo de información, lo que permite una salida por un solo portal de los diferentes bancos de la red. Este sistema de documentación, de libre acceso, está estructurado a partir de bases de datos locales en cada banco, las que convergen en un servidor global accesible en línea. Son 26 países que ya han implementado el sistema y otros 16 están en proceso de evaluación, con esto se homologa la información y cualquier usuario tendrá acceso a la información de las colecciones de los diferentes bancos desde un computador con internet. Grin-Global es una herramienta adaptable a los requerimientos institucionales lo que ha permitido el manejo y organización flexible de las bases de datos los catálogos de germoplasma de Chile, ayudando a ordenar y sistematizar colecciones. También, permite realizar filtros personalizados acerca de los materiales, con esto posibilita el acceso informado y normado a los recursos genéticos conservados. Además, facilita la conectividad y el manejo desde cualquier lugar con acceso remoto permitiendo a los curadores hacer una gestión más eficiente de los bancos de germoplasma. Para el acceso se ha desarrollado e implementado un sistema de solicitudes con varios pasos y procedimientos que el usuario no ve, esto permite que se dé respuesta oportuna a los materiales solicitados, quedando registro cada vez que ingresa una solicitud. Actualmente, INIA tiene ordenada las colecciones clasificadas en nueve categorías: Cereales (17.098), Forrajeras (1.125), Frutales (763), Hortalizas (845), Leguminosas (8.315), Nativas (3.023), Oleaginosas (151), Pseudocereales (440) y Tubérculos (689), del total de accesos se han ingresado información de 22.298 accesiones correspondientes a cultivos como maíz, poroto, lenteja, arveja, quínoa, zapallo, trigo, especies nativas entre otros. Los materiales solicitados por el sistema han sido utilizados en investigación, recuperación de variedades antiguas, y agricultura familiar campesina. Para ingresar a las plataformas de acceso a los recursos genéticos INIA, tanto Microbiana como fitogenéticos debe visitar nuestra web www.recursosgeneticos.com

Palabras clave: Recursos Genéticos, Acceso, sistema de documentación.

Agradecimientos: Red de Bancos de Germoplasma, INIA-Chile.

La Subred de Recursos Fitogenéticos del INTA, Argentina

Atencio, H.M.¹, Bernardi, C.N.², Bubillo, R.E.³, Calvo, P.C.⁴, De Angelis, V.⁴, Defacio, R.A.⁵, Ferreyra, M.J.⁶, Formica, M.B.², Malagrina, G.M.⁷, Martínez, E.S.⁵, Spoljaric, M.⁸, Togno, L.S.⁹, y Digilio, A.^{1*}

¹Banco Activo de Germoplasma (BAG) de la EEA Balcarce, Buenos Aires (Bs.As.), Argentina (Arg.);

²BAG de la EEA Marcos Juárez. Córdoba, Arg. ³BAG de la EEA Cerro Azul. Misiones, Arg; ⁴BAG de la EEA Alto Valle. Río Negro, Arg; ⁵BAG de la EEA Pergamino. Bs.As., Arg. ⁶BAG de la EEA Salta. Salta, Arg; ⁷Banco Base de Germoplasma (BBG) del Instituto de Recursos Biológicos. Bs. As., Arg;

⁸BAG de la EEA Sáenz Peña. Chaco, Arg; ⁹BAG de la EEA La Consulta. Mendoza, Arg

*Autor de correspondencia: digilio.ariana@inta.gob.ar

Resumen: Los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura constituyen la base fundamental sobre la cual se sustenta la seguridad alimentaria, ya que en ellos convergen la diversidad genética actual y potencial para el mejoramiento de los cultivos. Bajo esta premisa, reconociendo problemas de erosión génica y pérdida de variabilidad genética en los principales cultivos agrícolas, en la década del '50 se inicia un trabajo conjunto entre investigadores, taxónomos, fitomejoradores y expertos en recursos genéticos que resulta, en 1988, en la creación de la Red de Bancos y Colecciones de Germoplasma del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), formalmente reconocida en el 2014 por Res. N°1081/14 del INTA. Habiendo transcurrido más de 30 años desde sus inicios, actualmente es parte de la Red de Recursos Genéticos (REDGEN) del INTA, estructura que incluye cuatro subredes: Recursos Fitogenéticos (subred-RRFF), Zoogenéticos, Microbianas y Forestales. El objetivo de este trabajo es presentar la conformación y actividades actuales que se realizan para el resguardo de 46.000 accesiones de germoplasma de cereales y oleaginosas, leguminosas, frutales, hortalizas y forrajeras, a través de sus 20 BAG y su BBG. La prospección, recolección, conservación a corto y mediano plazo son abordadas por los BAG mientras que la conservación a largo plazo es realizada por el BBG. También se trabaja en la caracterización, evaluación y documentación, implementando Grin Global Community Edition como herramienta curatorial para el manejo de las colecciones.

Palabras clave: conservación *ex situ*, recursos genéticos, bancos de germoplasma, REDGEN.

Agradecimientos: A cada integrante de la subred-RRFF, retirado/a y actualmente en funciones.

Fenotipado y establecimiento de protocolo de microconservación para una colección chilena de ajo (*Allium sativum* L.)

Donoso Ñanculao, G.^{1*}, Tapia, G.¹, Venegas, F.¹, Méndez, J.¹, y Cid Arias, N.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Quilamapu

*Autor de correspondencia: gabriel.donoso@inia.cl

Resumen: El ajo (*Allium sativum* L.) es una especie hortícola cuya importancia económica radica en que el bulbo es muy valorado como condimento y además posee una gran variedad de propiedades medicinales. El Instituto de Investigaciones Agropecuarias posee una colección de cerca de 100 genotipos de ajo en su banco de germoplasma, cuya caracterización fenotípica y posterior conservación es una prioridad para nuestro país. Por ello, el objetivo de este trabajo fue caracterizar fenotípicamente la colección de ajo y establecer un protocolo de crioconservación. Para ello, se realizó una caracterización de 110 genotipos de ajo utilizando un fluorímetro Photosynq que evalúa parámetros fotosintéticos como PhiII, PhiNO y PhiNPQ. También determina espesor de la hoja y clorofila. Además, se evaluó la criopreservación mediante el método crioplaca de aluminio fijando con alginato de sodio y también utilizando procedimiento de vitrificación. Las mediciones realizadas mostraron que el promedio de PhiII, PhiNO y el PhiNPQ fueron de 0,38, 0,51 y 0,11, respectivamente. Por otro lado, el valor SPAD fue de 60. Respecto a la evaluación de la criopreservación, se observó un porcentaje de regeneración entre un 30 a un 60%. En conclusión, se espera que la metodología de criopreservación permita conservar la gran mayoría de los genotipos del banco de germoplasma y que estos mantengan sus características fisiológicas posterior a la regeneración.

Palabras clave: Criopreservación, Fluorescencia, Fenotipado.

Patrimonio alimentario y biodiversidad y su relación con la valorización de los recursos genéticos en Brasil

Elesbão Alves, R.^{1*} y Ramalho Ramos, S.¹

¹Embrapa Alimentos y Territorios, Maceió-AL, Brasil

*Autor de correspondencia: ricardo.alves@embrapa.br; semiramis.ramos@embrapa.br

Resumen: La obtención de alimentos a partir de la biodiversidad contribuyó para el desarrollo de las culturas humanas y el uso de estos sigue fuertemente presente en los hábitos alimentarios hasta el día de hoy. Entre todos los países megadiversos, Brasil es el más rico en plantas, animales y microorganismos y tiene la mayoría de los bosques intactos del planeta. En el país, la yuca, el açaí, entre muchos otros, son prueba de ello. Sin embargo, uno de los principales desafíos científicos y tecnológicos es la prospección de la biodiversidad para el desarrollo de productos diferenciados y de alto valor agregado para explorar nuevos segmentos de mercado. Investigaciones en el campo de la agrobiodiversidad asociada al patrimonio cultural y gastronómico, incluyendo estudios sobre el potencial de los alimentos tradicionales son por lo tanto cruciales. Con la asociación de turismo y gastronomía, las posibilidades son aún más variadas. Los ingredientes y productos agroalimentarios de los distintos biomas llevan consigo identidades propias basadas en la autenticidad de los productores artesanales, las prácticas y hábitos tradicionales, además de ser capaces de provocar experiencias sensoriales incomparables. El reciente movimiento para valorar y utilizar la biodiversidad en la gastronomía se ve en varios países del mundo, como España, Francia, Perú, México etc. El potencial de Brasil es aún mayor, dado su mestizaje, que se refleja en la multiplicidad de músicas, religiones, folclore y festividades populares. Además, la gastronomía se ha utilizado cada vez más como herramienta turística y añadir, por ejemplo, las posibilidades de asociar el turismo rural en el contexto de la agricultura significan seguir una tendencia ya consolidada en varios países, donde el desarrollo territorial se basa en la valorización de los productos de la agrobiodiversidad y del patrimonio cultural y alimentario como protagonistas de experiencias turísticas dinámicas y únicas. En estos ambientes se destaca el gran potencial de obtención de ingredientes con identidad propia, procedentes de la biodiversidad, con potencial interés para el mundo gastronómico. Las nuevas experiencias que integran la gastronomía, los espacios rurales y sus tradiciones, la sostenibilidad y las actividades productivas tienen un gran potencial para la diversificación de ingresos y la valoración del paisaje rural. Existen, por lo tanto, varias oportunidades y brechas para la investigación, el desarrollo y la innovación en este eje temático que, entre otras cosas, han estimulado iniciativas como la creación de Embrapa Alimentos y Territorios, en 2018, y el reciente Acuerdo de Cooperación Técnica entre el Ministerio de Agricultura, Ganadería y Abastecimiento (Mapa) y el Ministerio de Turismo (MTur), en 2020. La investigación en este campo debe basarse en el supuesto de que la alimentación es un elemento indispensable de la cultura y que las identidades culturales también se construyeron a través de la comida y la gastronomía.

Palabras clave: desarrollo territorial, gastronomía, turismo, agrobiodiversidad, patrimonio cultural.

Complementariedad entre actividades de conservación *in situ* y *ex situ* en la Subred de Recursos Fitogenéticos de INTA, Argentina

Defacio, R.A.², Digilio, A.¹, Atencio, H.M.¹, y Ferreyra, M.J.^{3*}

¹Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce - INTA. Buenos Aires, Argentina (Arg.) digilio.ariana@inta.gob.ar; ²EEA Pergamino – INTA. Buenos Aires, Arg; ³EEA Cerrillos – INTA. Salta, Arg

*Autor de correspondencia: ferreyra.mariana@inta.gob.ar

Resumen: En Argentina se observan dos modelos de sistemas productivos, el utilizado en la región central, con gran aporte de insumos externos al sistema y que, en forma creciente, va extendiéndose a otras áreas del país; y el de la agricultura familiar, con mayor diversidad, menos dependiente de insumos externos, más amigable con el ambiente y en el que confluye la conservación con el uso sostenible de los recursos naturales. En este último sistema, el impacto de los cambios en el uso de la tierra y el reemplazo de variedades locales por otras especies o variedades mejoradas, han provocado la pérdida de la variabilidad genética y los conocimientos asociados a la misma. Por ello es indispensable abordar la conservación de esta diversidad, complementando las estrategias de conservación *ex situ*, realizada por los Bancos de Germoplasma (BG), y la conservación *in situ*, junto con los agricultores. El Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) cuenta con una Red de BG que conserva variedades locales de cultivos de interés para la Alimentación y la Agricultura. Además, desde hace más de dos décadas, desde el INTA se promueven y ejecutan actividades junto con pequeños agricultores para contribuir a la conservación en los territorios. En el marco de distintos proyectos se ha apoyado la conservación en casas de semillas, así como a guardianes de semillas en distintas regiones del territorio nacional. A partir de los relevamientos realizados se pudo conocer la diversidad local presente como también reinsertar variedades locales conservadas en los BG a partir de las demandas de los productores. Por otro lado, se colaboró con la organización de ferias de intercambio de semillas, contribuyendo además al intercambio de saberes y a la diversificación de los sistemas locales. Se trabajó en talleres que permitieron reforzar los conceptos de producción y uso sustentable de estos recursos y enfatizar en la importancia de la conservación de los mismos. Tener acceso a los territorios permitió a los investigadores realizar evaluaciones de las poblaciones conservadas *ex situ* en diversas condiciones agro-edafo-climáticas determinando que poblaciones están más adaptadas a cada sitio y cuales son más susceptibles de ser perdidas ante cambios que pudieran producirse en el contexto de cambio climático. A partir de estas acciones se avanzó en el conocimiento y la valorización del patrimonio fitogenético conservado en los BG y en el territorio nacional.

Palabras clave: *in situ*, *ex situ*, recursos fitogenéticos, INTA.

Valor nutricional de tubérculos de una colección núcleo de parientes silvestres de la papa de Uruguay

Gaiero, P.^{1*}, Rodríguez, G.², Bonjour, F.², Martínez, C.², Núñez, N.¹, González-Arcos, M.², Vilaró, F.¹, González-Barrios, P.¹, Speranza, P.¹, e Ibáñez, F.²

¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República; ²Estación Experimental Las Brujas, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria

*Autor de correspondencia: pgaiero@fagro.edu.uy

Resumen: La papa es fuente de carbohidratos, vitaminas y otros micronutrientes, pero es susceptible a enfermedades. En la búsqueda de caracteres de resistencia en parientes silvestres, no se selecciona por composición química y valor nutricional. Esto se deja para más adelante en el proceso, en las retrocruzas con papa cultivada. Sin embargo, puede existir gran variabilidad y se puede adelantar camino en el premejoramiento partiendo de accesiones con valores nutricionales favorables. Por eso caracterizamos la composición química y valor nutricional de una colección núcleo de parientes silvestres de la papa de Uruguay, *Solanum commersonii* (cmm), *S. malmeanum* (mlm) y *S. chacoense* (chc). Las accesiones se multiplicaron por esquejes apicales. Se pasaron a macetas en invernadero, en tres bloques completos al azar hasta completar el ciclo. Se cosecharon los tubérculos de cada accesión y bloque por separado. De cada bolsa se procesaron 100 g en fresco para determinaciones de composición químico-nutricional. Una submuestra se procesó con N₂ líquido y se congeló a -80°C, para evaluación de antioxidantes y potencial nutraceutico. Se determinaron Vitamina C y Polifenoles Totales (PT), capacidad antioxidante y carotenoides. También se determinó el contenido de glicoalcaloides totales (GAT). Los análisis multivariados muestran amplia variabilidad. La Dimensión 1 (variables químico-nutricionales, Vit C, PT, capacidad antioxidante y materia seca (MS), etc) explica el 38% de la variabilidad y la dimensión 2 (peso de tubérculos, carotenoides y GAT) el 12%. Los controles de papa cultivada se ubican agrupados por su mayor peso y contenido de carotenoides y menor número de tubérculos y GAT. Hubo gran diversidad para el contenido de GAT, dentro de cada accesión y entre accesiones. Se separaron estadísticamente dos grupos: grupo 1 (chc), de mayores GAT y grupo 2 con accesiones de *Solanum* mml y cmm, con tendencia a menores GAT en mml del litoral. En MS, hay accesiones con valores muy altos (+ de 30%), útiles para la industria. Se concluye que se encuentran algunas accesiones silvestres que combinan GAT comparables a papa cultivada y valores nutricionales y MS interesantes para premejoramiento.

Palabras clave: Composición química, glicoalcaloides, antioxidantes, *Solanum*.

Agradecimientos: Comisión Sectorial de Investigación Científica, Udelar – CSIC I+D_2020_462.

Uso de la diversidad genética y selección clonal de materiales de arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancr.)

Orozco-Orozco, L.F.^{1*}, Espitia-Negrete, L.B.¹, López-Hoyos, J.H.¹, Garnica-Montaña, J.P.², y Grisales-Vásquez, N.Y.¹

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, Centro de Investigación La Selva, Km 7 Vía Rionegro-Las Palmas, Rionegro, Antioquia, Colombia; ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, Centro de Investigación Nataima, Km 9, Chicoral - Espinal, Tolima, Colombia

*Autor de correspondencia: lforozcoo@gmail.com o lorozco@agrosavia.co

Resumen: La arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancr.) es una planta herbácea originaria de los Andes americanos, distribuida desde Venezuela hasta Bolivia, en un rango altitudinal de los 1500 a 3000 m.s.n.m. Los mayores productores a nivel mundial son Brasil y Colombia. La parte aérea de la planta se usa en alimentación animal; mientras que, la raíz es usada en alimentación humana por sabor y fácil digestibilidad. Entre los limitantes del sistema productivo se destaca la baja disponibilidad de variedades con altos rendimientos, bajo rajado de los nabos, precocidad y resistencia a problemas fitosanitarios. Agrosavia administra el Banco de Germoplasma Vegetal de la Nación Colombiana, conformado por 71 accesiones de esta especie, a partir de la cual se han venido desarrollando investigaciones que suplan las necesidades del sistema productivo. A partir de progenies provenientes de semilla sexual, parentales y dos variedades testigo, se conformó una colección de trabajo con el objetivo de obtener clones promisorios, mediante selección masal visual estratificada en población de medios hermanos maternos. Se partió de una población conformada por 582 medios hermanos maternos los cuales han sido sometidos a 3, 4 o 5 ciclos de evaluación (la diferencia en ciclos estuvo asociada con la disponibilidad de semilla). Las variables utilizadas para seleccionar los clones en la cosecha fueron: días a cosecha, largo y peso de la cepa, color, número y peso de los nabos (totales, primera y musago), defectos de calidad del nabo (afectación por nematodos, rajados y podridos). Estas variables permitieron identificar clones con características sobresalientes. Actualmente, la colección cuenta con 77 clones avanzados establecidos en micro parcelas de rendimiento, las que permitirá identificar clones promisorios candidatos a variedades.

Palabras clave: Accesiones, colección de trabajo, fitomejoramiento, polinización abierta, selección masal.

Agradecimientos: Los autores expresan sus agradecimientos a la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia y al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (MADR) por la financiación del proyecto. A los investigadores Jorge Villamil y Julio Humberto García Gil, por sus aportes técnicos en el desarrollo de la investigación.

Diversidad de especies de *Capsicum* presentes en la colección de Banco de Germoplasma de AGROSAVIA

Orozco- Orozco, L.F.^{1*}, Espitia- Negrete, L.B.¹, Loaiza-Loaiza, O.A.¹, Grisales-Vásquez, N.Y.¹, López-Hoyos, J.H.¹, y Medina-Cano, C.I.¹

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, Centro de Investigación La Selva, Km 7 Vía Rionegro-Las Palmas, Rionegro, Antioquia, Colombia

*Autor de correspondencia: lorozco@gmail.com

Resumen: La Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, custodia del banco de germoplasma para la alimentación y la agricultura de la nación colombiana, en el Centro de Investigación La Selva conserva el banco de *Capsicum* spp, conformado por 338 accesiones. Con el propósito de conocer la diversidad de este, se realizó la identificación taxonómica de 266 accesiones, siguiendo la guía propuesta por Embrapa y la caracterización morfológica usando el descriptor para *Capsicum* del Instituto Internacional de Recursos Fitogenético. Se realizó un análisis descriptivo y se identificaron las variables que discriminan entre especies, mediante análisis de componentes principales y análisis de correspondencia múltiple. Las accesiones estudiadas pertenecen a ocho especies. El análisis de componentes principales mostró que el 70% de la varianza total está explicada por los primeros 5 componentes, en el PC1 las variables que contribuyeron de manera positiva a la variabilidad de los grupos fueron: ancho del fruto, peso fruto, longitud del filamento, longitud de la hoja cotiledonal, longitud del fruto y espesor de la pared del fruto; de manera negativa fueron: número de flores por axila, días a floración, días a emergencia. En el PC2 las variables que explican la conformación de los grupos fueron: ancho de la hoja madura, días a floración, longitud de las hoja madura y número de lóculos; mientras que, de manera negativa, fue longitud de la hoja cotiledónea. El análisis de correspondencia múltiple indicó que existe una alta variabilidad, las dos primeras dimensiones solo explican el 15.3% y se requieren 120 dimensiones para explicar el 100% de la variabilidad total. Este estudio representa un acercamiento a la comprensión de la variabilidad fenotípica la colección de *Capsicum* spp. y proporciona un conocimiento acerca de los grupos conformados que permitirán identificar características de interés para el mercado.

Palabras clave: Recursos fitogenéticos, Premejoramiento, Agrobiodiversidad.

Agradecimientos: Extendemos nuestro agradecimiento a la Universidad ICESI a la compañía Hugo Restrepo. Este trabajo se desprende del proyecto "Selección de materiales de *Capsicum* spp. con atributos diferenciales y ventajas competitivas agronómicas y agroindustriales", financiado por El Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación.

Bioprospección y establecimiento de cultivos *in vitro* de plantas de la familia Amaryllidaceae de la Región del Maule

Hernández Castillo, R.¹, Pino, N.², Castillo, I.², de Andrade, J.³, y Arencibia, A.D.^{1,4*}

¹Doctorado en Biotecnología Traslacional, Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ³Escuela de Química y Farmacia, Facultad de Medicina, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ⁴Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

*Autor de correspondencia: aarencibia@ucm.cl

Resumen: Amaryllidaceae, una familia de plantas monocotiledóneas es conocida por su valor ornamental y medicinal. Esta familia produce un conjunto exclusivo de alcaloides denominados "alcaloides de Amaryllidaceae", derivados de isoquinolinas, que poseen propiedades farmacológicas significativas. Estas plantas son geófitas y se encuentran distribuidas en todo el mundo, y en Chile, aproximadamente el 47% de las especies de Amaryllidaceae son endémicas. Este trabajo inicia con la prospección de plantas en diferentes ecosistemas de la Región del Maule con el objetivo de valorizar la producción de sus alcaloides para la industria farmacéutica. Las especies que se han colectado son las siguientes: *Zephyrantes splendens*, *Phycella australis*, *Phycella amoena*, *Phycella escarlatina*, *Traubia modesta* entre otras. Aquí se presentan los resultados del manejo de explantes e introducción de material vegetativo, tanto de bulbos como de semillas. Se ha encontrado que la combinación de reguladores de crecimiento con 2 mg/L de BAP y 0,2 mg/L de ANA genera las mejores condiciones de respuesta para la organogénesis directa de bulbos (*Twin scales*). Por otro lado, a través de protocolos de bulbificación *in vitro* con diferentes concentraciones de fuentes de carbono se ha favorecido la multiplicación de clones y su respuesta morfogénica estableciendo un banco de germoplasma para 8 especies y con aproximadamente 300 plántulas en condiciones controladas de crecimiento, las cuales están siendo enraizadas y evaluadas en condiciones de invernadero. Como componente adicional, se ha realizado la caracterización química de alcaloides de algunas especies para la identificación de compuestos de interés. En este contexto, este trabajo busca sentar las bases biotecnológicas para la producción sustentable de alcaloides de especies endémicas de Amaryllidaceae de la Región del Maule con potencial de uso farmacéutico.

Palabras clave: Amaryllidaceae, Alcaloides, Cultivo *in vitro*, Agricultura celular.

Descubrimiento y caracterización genética de nuevas cepas criollas y variedades europeas de vid no descritas en Chile

Hinrichsen, P.^{1*}, Meneses, M.¹, y Castro, M.H.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina. Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: phinrichsen@inia.cl

Resumen: La pérdida de diversidad genética es un problema global, real y urgente, cuyas causas son múltiples y complejas. En Chile, la vid (*Vitis vinifera* L.) es el principal cultivo frutal, con aproximadamente 200.000 há plantadas, de las cuales ca. 140.000 se destinan a la producción de vino, una industria con altos estándares tecnológicos que coexiste con pequeños productores tradicionales. Chile se ha posicionado como el cuarto exportador mundial, una industria que se basa en las llamadas “cepas finas” francesas, de las cuales cinco suman ca. 70% de la producción total actual. Progresivamente desde fines del siglo XIX, se ha ido abandonando el germoplasma tradicional, usado desde la colonia. El cultivo de la vid llegó a Chile y la región con los colonizadores españoles, quienes trajeron un puñado de antiguas variedades ibéricas. Dos de ellas, Listán Prieto (LP) y Moscatel de Alejandría (MA), son consideradas “cepas fundacionales” pues originaron localmente una veintena de cepas criollas, propias del cono sur de Sudamérica. En este trabajo se describirán 35 nuevas cepas criollas que se suman a las anteriores, caracterizadas mediante un conjunto de 15 marcadores SSR. Además, se encontraron otras 10 cepas cuyos patrones alélicos sugieren que son europeas no conocidas, o nuevos genotipos sin parentales conocidos. Asimismo, se identificaron más de 30 variedades de vid europeas, así como algunos cultivares híbridos americanos, cuya presencia no estaba documentada en Chile. Todos estos genotipos se distribuyen en tres clados genéticamente bien diferenciados. La mayoría de estos genotipos se encontraron en viñedos antiguos de pequeños productores, ya sea en sitios únicos o presentes en distintas comunas; las menos fueron identificadas en varias regiones de Chile, lo que indica que fueron seleccionadas y propagadas a voluntad. Entre los parentales de las nuevas cepas criollas predominan LP y MA, aunque también destacan varias cepas antiguas como Muscat à petits grains blancs, Mollar Cano y otras criollas como Moscatel Rosada, Italiona y otras. A futuro se estudiará su potencial productivo y enológico, considerando su adaptación a las condiciones edafoclimáticas propias de los valles vitícolas de Chile, aunque la prioridad es el rescate de este valioso patrimonio genético local.

Palabras clave: Vid, *Vitis vinifera* L., cepas criollas, rescate y caracterización, microsatélites, SSR.

Estructura genética del maqui (*Aristotelia chilensis* [Molina] Stuntz) y reducción norte-sur de su diversidad genética

Cona, M.¹, Chávez, A.², León-Lobos, P.¹, Marín, J.C.², y Hinrichsen, P.^{1*}

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina, Santa Rosa 11,610, Santiago, Chile;

²Universidad del Bío-Bío, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: phinrichsen@inia.cl

Resumen: El maqui (*Aristotelia chilensis* [Molina] Stuntz) es un arbusto endémico de la Patagonia cuyos frutos tienen altos contenidos de polifenoles y otros compuestos antioxidantes. En años recientes, la especie ha sido sometida a un intenso proceso de domesticación, desarrollándose incluso nuevas variedades. El maqui es de fácil propagación y es un eficiente colonizador de hábitats deforestados, llegando a ser una especie invasiva. Por otra parte, es escasa la información sobre su historia evolutiva y estructura de poblaciones, información de gran utilidad para diseñar estrategias de domesticación y conservación efectiva. Para ello, se colectaron 14 poblaciones a lo largo de su distribución geográfica totalizando 183 muestras, las que fueron analizadas con 13 marcadores SSRs diseñados ex profeso. Los polimorfismos se agruparon mediante análisis bayesianos y estructura espacial, y luego se usaron para reconstruir patrones de historia filogeográfica y demográfica. Los resultados mostraron poblaciones bien estructuradas, con una clara disminución de la diversidad genética de norte a sur, especialmente notable en áreas que estuvieron cubiertas de hielo en las glaciaciones del cuaternario. El análisis con el programa *Structure* evidenció la existencia de tres grupos genéticos, ordenados geográficamente. Estos resultados sugieren que en los últimos milenios hubo un activo proceso de recolonización de la zona más austral de la actual distribución del maqui, posterior a la última glaciación. Al mismo tiempo, estos antecedentes podrían ayudar a definir esquemas de conservación y domesticación de la especie.

Palabras clave: Conservación, demografía, *Elaeocarpaceae*, microsatélites, SSR, fitogeografía, glaciación del cuaternario.

Colección de referencia de semillas de vid para estudios arqueológicos

Kidder, F.^{1*}, Salazar, E.², Belmar, C.¹, Uccesu, M.³, y Quezada, J.¹

¹Departamento de Antropología, FACSO, Universidad de Chile, Santiago, Chile; ²Unidad de Recursos Genéticos y Banco de Germoplasma La Platina, INIA Santiago, Chile; ³Centro Conservazione Biodiversità (CCB), Dipartimento di Scienze della Vita e dell'Ambiente, Università degli Studi di Cagliari, Viale Sant'Ignazio da Laconi 13, 09123 Cagliari, Italy

*Autor de correspondencia: florencia_kidder@hotmail.com

Resumen: La interpretación integral de un sitio arqueológico, que contribuya al entendimiento de culturas pasadas, requiere de la incorporación de diversas disciplinas científicas, entre ellas la botánica. Con el propósito de comprender el establecimiento del cultivo de la vid (*Vitis vinifera*) y su diversidad en Chile, el Instituto de Investigaciones Agropecuarias y la Facultad de Ciencias Sociales conformaron una “Colección de referencia de semillas de vid para estudios arqueológicos”. Durante la temporada 2022-23 se recolectó racimos de 60 plantas, pertenecientes a 13 variedades consideradas como “tradicionales” y que actualmente se utilizan para la producción de vino o pisco. Se seleccionaron cien semillas por variedad y se escanearon a una resolución de 600 dpi. Las imágenes fueron analizadas con el software de uso libre ImageJ para 9 parámetros morfológicos y luego se procesaron los resultados utilizando estadística multivariada usando el programa Infostat. Paralelamente se generó una data digital en formato Darwin Core siguiendo los principios FAIR, la que se publica en el sitio de libre acceso GBIF (Global Biodiversity Information Facility). Finalmente se concluye a partir de literatura enológica, histórica, los análisis moleculares y la colección de referencia generada que existen dos periodos para agrobiodiversidad de vid en Chile, los cuales tendrán incidencia en la morfología de la semilla. Un primer periodo que inicia con la llegada de la uva 1550 a Chile, que está marcado por la cruce y desarrollo de variedades locales. Y un segundo periodo inicia a mediados del siglo XIX y se caracteriza por la introducción de nuevas cepas pertenecientes paradigma francés de vitivinicultura. Se puede concluir que el análisis morfométrico a partir de imágenes y en conjunto a un análisis estadístico es una metodología adecuada para determinar variedades, siendo de utilidad tanto para estudios arqueológicos como para otras disciplinas, ya que permite un mayor nivel de especificidad en la identificación de la taxa a bajo costo.

Palabras clave: Germoplasma, Vid, variedades tradicionales, Arqueología, Análisis de imagen.

Agradecimientos: Proyecto INIA-MINAGRI Conservación de Recursos Genéticos, COD. 501453-70, Fondos Apoyo a la publicación de datos abiertos en GBIF Universidad de Chile (VID y ANID).

Patrones de germinación de semillas de *Myrica pavonis* (Myricaceae), un árbol nativo del extremo norte de Chile

León-Lobos, P.^{1*}, Pañitrur, C.², Navarro, J.², e Ibáñez, S.²

¹Laboratorio de Semillas Nativas, Centro Regional de Investigación La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Santiago, Chile; ²Banco Base de Semillas, Estación Experimental Vicuña, INIA, Vicuña, Chile

*Autor de correspondencia: pleon@inia.cl

Resumen: La disponibilidad de semillas de calidad es uno de los principales cuellos de botellas para el desarrollo de proyectos de reforestación y/o restauración ecológica de hábitat degradados. Particularmente, semillas en cantidad, de calidad y germinables se requieren para siembra directa o para producir plantas para proyectos de restauración. Por ello es fundamental conocer las condiciones óptimas de germinación de semillas de las especies bajo restauración. Se evaluó el efecto de diversos pretratamientos y diferentes regímenes de temperaturas, en la germinación de semillas de poblaciones de *Myrica pavonis* C. DC. recolectadas en las Regiones de Arica - Parinacota y de Tarapacá, Chile. Las semillas fueron previamente procesadas removiéndolas de los frutos. En cada ensayo las semillas fueron sembradas en placas Petri sobre Agar-Agar, monitoreando periódicamente la germinación. Se registraron diferencias significativas ($p < 0,05$) en la germinación entre las tres procedencias analizadas, sin embargo, no hubo diferencias significativas entre los regímenes de temperaturas analizadas (constante, 20°C y alternante, 10/20°C), así como en la interacción entre ambos factores ($p > 0,05$). Un ANOVA para semillas pretratadas (sumergidas en Ácido Sulfúrico por 5 minutos, 30 días a 5°C y semillas con corte apical y basal) e incubadas a 20°C, arrojó diferencias significativas entre los pretratamientos ($P=0,026$). Sin embargo, el test de Tukey arrojó diferencias significativas ($p < 0,05$) solo para la comparación entre el control y las semillas con cortes en los extremos. Por otro lado, no se registraron diferencias significativas ($p > 0,05$) entre semillas de *M.pavonis* pre-tratadas y luego incubadas a temperatura alternante (10/20°C). Las semillas de *M.pavonis*, no presenta mayores problemas para germinar, presentando una dormancia fisiológica. Aunque se requieren estudios más detallados para precisar posibles diferencias entre procedencias y regímenes de temperatura en la germinación de sus semillas.

Palabras clave: germinación normal, Dormancia, Pacama, árbol pequeño, arbusto.

Agradecimientos: Servicio de Plan de Compensación de la RCA N° 036/2014 por Intervención de *Myrica Pavonis* (Pacama), Proyecto Embalse Chironta, Región de Arica y Parinacota; Dirección de Obras Hidráulicas, Ministerio de Obras Públicas, Gobierno de Chile.

***Ex situ* conservation of the useful, native vascular flora of Chile. A preliminary analysis**

Luebert, F.^{1*}, Scherson, R.A.¹, Pañitrur, C.², Villanueva, D.¹, Espinoza, T.¹, Cisternas, M.^{2,3}, Salazar, E.², and Magni, C.R.¹

¹Universidad de Chile, Santiago, Chile; ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chile;

³Jardín Botánico Nacional, Viña del Mar, Chile

*Corresponding author: fluebert@u.uchile.cl

Abstract: The native vascular flora of Chile is composed of around 4,500 species, of which 995 have been considered useful. We compiled accessions of vascular plant species held at 30 Chilean *ex situ* conservation facilities (ESCF) to calculate the species richness (SR) and phylogenetic diversity (PD) conserved in ESCF of both total and useful vascular flora of Chile. PD was calculated as the sum of the total branch length of a phylogeny connecting a given species set. We further calculated phylogenetic beta diversity (PBD) to assess among-collection complementarity, as well an index of phylogenetic overdispersion to evaluate the extent to which *ex situ* conserved species and uses are clustered in the phylogeny. To calculate these phylogenetic indices, a phylogeny was obtained for the Chilean vascular flora using the R package V.PhyloMaker. All indices were the calculated using the R-package picante. While ESCF hold ca. 16% of the Chilean SR, PD held in ESCF amounts to ca. 30%. Likewise, when only useful plant species are considered, these values are 35% and 52%, respectively. PBD reveals two groups of ESCF, but there is no apparent relationships to their geographical location. One third of the ESCF have their species significantly clustered in the phylogeny. No ESCF shows its species significantly over dispersed across the phylogeny. Even though the plant species lists of each ESCF still need to be further updated, the results presented here suggest that there is room to increase *ex situ* representation of the vascular flora of Chile in ESCF, which can be achieved targeting specific plant taxa that maximize the increase of PD in ESCF.

Acknowledgments: Fondecyt Grant 1230598.

Conservación de recursos fitogenéticos en la provincia de Arauco, Chile: una mirada desde el *tukukaŵe* y el banco de semillas del Museo mapuche de Cañete

Manosalva, H.^{1*}, Saavedra, M.¹, Obreque, M.², Carvajal, J.¹, Leal, C.¹, Torres, M.¹, Painequeo, N.², Nilo, S.² y Carrero, M.²

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chillán; ²Museo *Ruka Kimvn Taiñ Volil* - Juan Cayupi Huechicura, Cañete

*Autor de correspondencia: hector.manosalva@inia.cl

Resumen: En una crisis de pérdida de agrobiodiversidad, agravada por la agricultura intensiva, las huertas y bancos de semillas comunitarios son clave para conservar semillas locales y promover la soberanía alimentaria. En América Latina, la sociedad civil ha liderado la valorización y recuperación de variedades tradicionales mediante conservación *in situ*, mientras que los científicos y gobiernos, han tardado en respaldar estas iniciativas. Este estudio abordó la conservación de recursos fitogenéticos de interés para huerteras de la provincia de Arauco, mediante la multiplicación y conservación de semillas tradicionales en la huerta o *tukukaŵe* del museo. Se implementó una metodología participativa, con mujeres mapuche *labkence* y no mapuche, estudiantes y los equipos del museo y del INIA. Se utilizaron estrategias basadas en los conocimientos mapuche, campesino no indígena y prácticas agroecológicas, realizando diálogos de saberes y/o interculturales. Los resultados son la creación de una huerta con más de 30 especies, más la primera etapa de un banco de semillas comunitario que identificó y conservó 13 especies y 29 cultivares. Ello permitió revitalizar prácticas y conocimientos agrícolas, la elaboración de alimentos tradicionales *labkence* utilizados en ceremoniales, valorando el patrimonio agroalimentario del territorio. Las huertas son repositorios de biodiversidad mediante prácticas de conservación *in situ*, vinculándose con iniciativas *ex situ* como el banco comunitario de semillas, que, en este caso, tiene triple funcionalidad: conservación, acceso y disponibilidad, y soberanía sobre semillas y alimentos. La conservación *in situ* debe respetar el manejo tradicional revitalizando prácticas y conocimientos, considerar la participación comunitaria y el rol de la mujer como guardadora de semillas. Es necesaria una política pública que impulse a estas iniciativas y una gobernanza sostenible de la agrobiodiversidad.

Palabras clave: Agrobiodiversidad, método participativo, conservación *in situ*, banco comunitario de semillas, *tukukaŵe*, diálogo de saberes.

Agradecimientos: Al Gobierno Regional del Biobío, estudiantes y mujeres asociadas a la huerta.

Estudio de la diversidad morfológica y metabolómica de variedades criollas de maní conservadas *in situ* en Uruguay

Martínez, G.^{1*}, Naya, I.², Castro-Carli, X.², Vidal, R.², Vaio, M.², de Almeida, N.³, López, A.⁴, y Rossini, C.⁵

¹Laboratorio de Botánica, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ²Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ³Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica del Uruguay (UTEC), Durazno, Uruguay; ⁴Departamento de Química del Litoral, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay; ⁵Laboratorio de Ecología Química, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

*Autor de correspondencia: gastonmartinez@gmail.com

Resumen: El maní (*Arachis hypogaea*) es un cultivo nativo de América del Sur de gran importancia debido a su elevado contenido de aceites, proteínas, vitaminas, minerales y metabolitos secundarios de tipo fenilpropanoides. Este cultivo presenta una gran variabilidad fenotípica, pudiéndose distinguir distintas subespecies, variedades botánicas y tipos agronómicos. Uruguay es parte de uno de los centros de diversidad del maní y la producción del cultivo en el país la han desarrollado pequeños productores a partir de variedades criollas. Como consecuencia del sistema de selección y conservación, las variedades presentan una elevada diversidad morfológica. En el siguiente trabajo se evaluó la relación entre descriptores morfológicos de vaina y grano utilizados internacionalmente para maní, con el tipo agronómico al que pertenecían las semillas de los productores. Además, se analizó la variabilidad de metabolitos de tipo fenilpropanoide entre los distintos tipos agronómicos de maní, comparando los espectros de Resonancia Magnética Nuclear de Protón (H-RMN) de los extractos realizados a las semillas de 45 plantas, de 9 accesiones diferentes. Los resultados mostraron que hay una gran diversidad morfológica entre las variedades criollas de maní conservadas por los productores en la actualidad y permitieron generar una clave para reconocer el tipo agronómico observando caracteres morfológicos. Por otro lado, los perfiles de los espectros de H-RMN fueron muy similares entre las plantas analizadas, indicando una composición de compuestos de tipo fenilpropanoide muy similar entre los distintos tipos agronómicos. En conclusión, el perfil de flavonoides no resultó ser un buen marcador quimiotaxonómico para maní.

Palabras clave: Variedades Criollas; Tipos Agronómicos, Fenilpropanoides, Diversidad Fenotípica.

Agradecimientos: A la CAP, a la ANII, al PEDECIBA (Uruguay), a la CSIC (Uruguay).

Active germplasm bank of Embrapa Pecuária Sul

Mazzocato, A.C.^{1*}, Ferreira, J.L.², Barbosa Silva, G.³, da Silva Gularte, T.⁴, and Miranda de Pellegrin, B.⁵

¹Pesquisadora, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS; ²Pesquisador, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS; ³Bolsista DTI CNPq, Embrapa Pecuária Sul, Graduada em Agronomia, IDEAU, Bagé, RS; ⁴Bolsista IC CNPq, Embrapa Pecuária Sul, Estudante de Engenharia Agrônômica, IFSUL, Bagé, RS; ⁵Bolsista IC CNPq, Embrapa Pecuária Sul, Estudante de Agronomia, URCAMP, Bagé, RS

*Corresponding author: ana.mazzocato@embrapa.br

Abstract: The "Campos Sul-brasileiros", which includes the Pampa Biome and the Atlantic Forest Biome, is characterized by a valuable biological heritage represented by a wide range of natural pasture species, some of which are naturalized, such as white clover. These grassland ecosystems are also the basis for livestock production in the southern region of Brazil. In this view, it is essential for its preservation at an international level to know its composition and magnitude through collection expeditions and the use of auxiliary and complementary tools such as the herbarium and biogeography analyses. In this view, in-situ or ex-situ germplasm banks have a vital role in species conservation for the study and preservation of biodiversity in different locations. Thus, the conservation of these genetic resources is the basis for food security and also to subsidize genetic improvement programs that man uses to promote the sustainable development of agriculture and the production of healthy foods. Because of this great value, Embrapa Pecuária Sul created the Active Germplasm Bank (BAG) of Forage Plants in 1977, with emphasis on the species *Paspalum notatum* Flüggé and *Bromus auleticus* Trin. ex Nees. Later, a collection of native and exotic leguminous species was incorporated. Currently, these BAGs, where documentation, characterization, and evaluation of accessions are carried out, are divided into two focal collections – one focusing on forage grasses and the other on forage legumes, namely "Banco Ativo de Germoplasma de Gramíneas Forrageiras para a região Sul" - where 400 accessions are registered, of which 263 accessions from five species of *Paspalum* and 95 accessions from three species of the genus *Bromus* stand out; and the "Banco Ativo de Forrageiras Leguminosas Exóticas e Nativas de Importância para a região Sul," which has 207 accessions, of which 158 accessions of the *Medicago* genus and 42 accessions of the *Trifolium* genus stand out. Furthermore, in the current context of climate change, the Leguminous BAG stands out as it has species in its collection that can contribute to nitrogen fixation, in addition to the high potential for mitigating greenhouse gases. New collection expeditions aimed at enriching the BAGs pool are planned.

Keywords: *Paspalum*, *Bromus*, *Trifolium*.

Provision of data from the CNPO herbarium of Embrapa Pecuária Sul

Mazzocato, A.C.^{1*}, Barbosa Silva, G.², Torres Pérez, G.³, Reis, R.P.⁴, de Carvalho, H.⁵, Gularte, T.⁶, Beckmann, Z.⁶, and Oliveira, N.⁶

¹Pesquisadora, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS; ²Bolsista DTI CNPq, Embrapa Pecuária Sul; ³Bolsista INCT CNPq, Graduando Ciências Biológicas, URCAMP, Bagé, RS; ⁴Graduanda Ciências Biológicas, URCAMP; ⁵Analista, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS; ⁶Bolsistas IC CNPq, Embrapa Pecuária Sul, Graduanda Eng. Agrônômica, IFSUL; Graduando Med. Veterinária; Graduanda Agronomia, IDEAU

*Corresponding author: ana.mazzocato@embrapa.br

Abstract: The Embrapa Pecuária Sul Herbarium was created in 1978. It was later named with the acronym CNPO (Centro Nacional de Pesquisa em Ovinos), representing the Embrapa Unit located in Bagé-RS. Subsequently, the name of the Unit changed to the Centro de Pesquisa Pecuária dos Campos Sul-Brasileiros (CPPSul), covering not only the Pampa Biome but also the Atlantic Forest Biome. The conservation of plant diversity has become fundamental due to the expansion of CPPSul's coverage territory. Although these fields are an essential center of forage plant biodiversity, there is a need for further studies and conservation of the flora. In this sense, the CNPO's participation in the National Institute of Technology-Virtual Flora and Funga Herbarium (INCT-HVFF) project gave an impetus to making data available for online consultation. In partnership with the Centro de Referência em Informação Ambiental-CRIA and specieslink, access to data in Brazil and abroad was possible. Thus, this resulted in studies by researchers analyzing key species, since the herbarium has old collections (1887) and is also of great relevance and socioeconomic importance, as it exchanges exsiccates and therefore has collections before its creation. The work of correcting data and registering new plant records has been developed at the CNPO through updates to the database and the creation of new exsiccates, contributing to scientific dissemination. The CNPO Herbarium, part of the Brazilian Herbaria Network and registered in the *Index Herbariorum*, has 4752 exsiccates, 4432 of which are updated exsiccate data, and of these, 4370 with accepted names. Among them, 3575 records were identified as species, 738 as genus, 120 as family, and 319 without identification. Among these, 3772 are georeferenced data by municipality, 2044 distinct collections, and 35 threatened species records. Concluded that, based on the national and international availability of data, it was possible not only to consult but also to study key species since the CNPO has remarkable diversity and representation concerning the forage species native to the Pampa Biome.

Keywords: biological collection, conservation, exsiccates.

Identificación de los caracteres principales que contribuyen al incremento del rendimiento en variedades de trigo del último centenio en Chile

Méndez, J.^{1*}, Tapia, G.¹ y Venegas, F.¹

¹Unidad de Recursos Genéticos, INIA-Quilamapu, 515 Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: jose.mendez@inia.cl

Resumen: El trigo (*Triticum aestivum* L.) es uno de los cultivos más importantes en Chile y fundamental en la dieta de la población. Los efectos del cambio climático a nivel global, han provocado una reducción del rendimiento y pérdida de la variabilidad genética. En Chile la red de bancos de germoplasma de INIA alberga más de 7000 variedades de trigo, la conservación de esta diversidad genética es esencial para garantizar la seguridad alimentaria y el desarrollo sostenible de la agricultura en Chile y en todo el mundo. El objetivo de este trabajo ha sido identificar cuáles han sido los caracteres determinantes en que el mejoramiento genético ha permitido incrementar los rendimientos del cultivo de trigo en Chile, desde la década del 20' hasta la actualidad. Para esto, se caracterizaron 3693 variedades provenientes del Banco Fitogenético INIA-Quilamapu, de acuerdo a la norma *IBPGR* (1985) para descriptores de trigo. Se seleccionaron 72 variedades de primavera y 79 de invierno desarrolladas entre el año 1921 y el 2000 en Chile. Estos fueron agrupados de acuerdo al año de desarrollo, entre 1921 al 1960; 1961 al 1980 y 1981 al 2000. Los datos fueron analizados con InfoStat para obtener las medias de resumen, las agrupaciones se sometieron a un análisis de varianza y prueba de comparación de medias. Se observó diferencias significativas en todos los parámetros evaluados, a excepción de los granos por espiguilla que no se observaron diferencias en ningún hábito de desarrollo. En la altura de planta, se observó una reducción significativa en ambos hábitos. En los trigos invernales se redujo de 152,5 a 105,6 cm mientras que en los de primavera fue de 109,7 a 90 cm. Solo en las variedades de hábito invernal, se observó un incremento significativo de 20,5 a 23,7 en el número de espiguillas por espiga y del peso de 100 semillas, el cual aumentó desde 4,6 a 5,1 g. Sin embargo, el número de granos por espiga, peso hectolitro y el rendimiento aumentaron de forma significativa en ambos hábitos. Existió una correlación positiva entre peso hectolitro v/s rendimiento y negativo entre el peso hectolitro y la altura de planta. La reducción de la altura de planta y el peso hectolitro fueron los parámetros más determinantes en aumento los rendimientos y la calidad física del grano. En la red de bancos de germoplasma-INIA, existen genotipos con potencial para aumentar peso de 100 semillas, granos por espiguilla, peso hectolitro y precocidad.

Palabras clave: Bancos fitogenéticos, germoplasma, Peso hectolitro, rendimiento.

Agradecimientos: Subsecretaría de Agricultura proyecto 501453-70.

En búsqueda del potencial enológico-sidrero de manzanos patrimoniales de la Región de los Lagos

Galaz Torres, C.^{1*}, Vergara, C.², Zamora, O.², y Morales, R.³

¹Laboratorio di Chimica Enologica-Distal, Università di Bologna, Cesena, Italia; ²INIA La Platina, Santiago, Chile; ³INIA Remehue, Osorno, Chile

*Autor de correspondencia: cristian.galaz2@unibo.it

Resumen: La sidra, bebida antiquísima elaborada a partir de manzanas, vive hoy un auge mundial dado su menor graduación alcohólica y cantidad de calorías en comparación a su opción natural, el vino espumoso. Además, su carácter único debido a las características distintivas de los manzanos y técnicas de producción de diversos núcleos productivos como Inglaterra, Francia, España y Alemania (entre otros), hacen que hoy el consumidor está interesado en descubrir. A través del tiempo, llegaron a Chile cultivares de manzanos de todos estos países, pudiendo haberse producido diversas cruza entre ellos. Tanto este patrimonio genético como las diferentes técnicas o estilos para la producción de sidra lentamente se han ido perdiendo, al igual que las viejas quintas de manzanos que los albergaban. La Región de los Lagos es uno de los reservorios de este patrimonio, con la potencialidad de lograr en el futuro una denominación de origen regulada según se identifiquen variedades de manzanas y métodos de producción particulares. Este estudio preliminar tiene el fin de sentar las bases técnicas para rescatar el patrimonio sidrero en la Región de los Lagos-Chile, por medio de la determinación analítica de las características enológicas fundamentales que deben tener los distintos grupos de manzanas sidreras. Para esto, se seleccionaron en punto de madurez técnica, 14 variedades y ecotipos de manzanos patrimoniales del Maule (manzanas de mesa) y de Puerto Octay (ecotipos), específicamente de un antiguo huerto de Puerto Fonck. Los frutos fueron analizados utilizando distintos parámetros enológicos, tales como % de humedad, °Brix, pH, %acidez, índice de polifenoles totales y FRAP. A través del uso de estadística descriptiva, multivariada y regresión lineal, se ha podido separar y encontrar posibles candidatos para generar una sidra de calidad y poco intervencionista del punto de vista enológico. Dado que se ha podido corroborar que la concentración de polifenoles es una característica enológica fundamental para la autoprotección a la oxidación, éste será un factor clave en los procesos de sidrificación y guarda de las futuras sidras de la Región, sumado a los diferentes parámetros analizados.

Palabras clave: Sidra, manzanos patrimoniales, enología, polifenoles, oxidación.

Agradecimientos: Hugo Konrad y Miguel Elissalt.

Caracterización de parientes silvestres de la papa nativos de Uruguay por su resistencia a marchitez bacteriana

Núñez, N.^{1*}, Rodríguez, G.², Tourne, F.³, Monteverde, E.⁴, González-Barrios, P.¹, Ferreira, V.³, Siri, M.I.³, Galván, G.¹, Speranza, P.¹, Vilaró, F.¹, y Gaiero, P.¹

¹Facultad de Agronomía, Udelar, Montevideo, Uruguay; ²Instituto Nacional de Investigaciones agropecuarias (INIA), Montevideo, Uruguay; ³Facultad de Química, Udelar, Montevideo, Uruguay; ⁴Department of Crop Sciences, University of Illinois, Urbana, IL, USA

*Autor de correspondencia: jn2b32016@gmail.com

Resumen: La papa (*Solanum tuberosum*) es el tercer cultivo más importante para la alimentación humana. Debido a la reducida variabilidad genética utilizada durante el proceso de domesticación, los cultivares modernos son susceptibles a una serie de factores bióticos y abióticos. Sin embargo, la papa cuenta con un acervo genético diverso. Sus parientes silvestres son una importante fuente de resistencia. En Uruguay se distribuyen naturalmente tres especies emparentadas con el cultivo: *Solanum commersonii*, *S. malmeanum* y *S. chacoense*. El objetivo de este trabajo es profundizar en la caracterización de estas especies por su resistencia a *Ralstonia solanacearum*. Este patógeno es causante de la principal enfermedad bacteriana de la papa y puede provocar pérdidas totales. En este trabajo se utilizó un total de 178 genotipos pertenecientes a las tres especies. Se evaluaron todas las accesiones de forma simultánea en un diseño en bloques completos al azar con 3 bloques temporales. El inóculo fue preparado con una cepa agresiva de la bacteria (UY031) perteneciente al filotipo IIB, secuevar 1; se utilizó una concentración de 106 UFC.g⁻¹ de suelo. La variable de respuesta utilizada fue el área debajo de la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC). Los resultados del ensayo muestran una respuesta diferencial de los genotipos, con un rango que va desde materiales más susceptibles que los controles a otros que llegaron a no presentar síntomas 30 días post-inoculación. Coincidiendo con evaluaciones anteriores realizadas por nuestro equipo, los materiales genéticos más destacados corresponden a la especie *S. malmeanum*, germoplasma escasamente caracterizado hasta el momento. En base a los resultados preliminares, estos parientes silvestres han demostrado un gran potencial para ampliar la base genética del cultivo de papa en cuanto a su resistencia a la marchitez bacteriana.

Palabras clave: *Ralstonia solanacearum*, *Solanum*, germoplasma nativo, premejoramiento

Agradecimientos: Comisión Sectorial de Investigación Científica, Udelar – CSIC I+D_2020_462.

Germinación *in vitro*: Una herramienta para la conservación *ex situ* de la planta antártica *Colobanthus quitensis*

Ontivero, Y.^{1,2}, Salgado, C.¹, Cabrera-Barjas, G.³ y Cuba-Díaz, M.^{1,4*}

¹Universidad de Concepción, Laboratorio de Biotecnología y Estudios Ambientales, Departamento de Ciencias y Tecnología Vegetal, Escuela de Ciencias y Tecnologías, Campus Los Ángeles, Chile;

²Universidad de Concepción, Programa de Doctorado en Ciencias de la Agronomía, Facultad de Agronomía, Chillán, Chile; ³Universidad San Sebastián, Facultad de Ciencias del Cuidado de la Salud, Campus Las Tres Pascualas, Concepción, Chile; ⁴Programa de Ciencia Antártica y Subantártica, Universidad de Concepción, Chile

*Autor de correspondencia: mcuba@udec.cl

Resumen: Los bancos de germoplasma son la base para la conservación de recursos genéticos de la flora de un país, cuyo mayor desafío es mantener semillas con óptima calidad fisiológica durante largos períodos. Mejorar las condiciones de germinación es fundamental para que las semillas expresen su máxima viabilidad. Las hormonas vegetales de alto costo son una estrategia convencional para mejorar la germinación, sin embargo, su sustitución por productos naturales a base de quitina o la aplicación de tratamientos osmóticos son opciones eficientes y económicas. Para optimizar el manejo de colecciones *ex situ* de *Colobanthus quitensis*, mantenidas en el Laboratorio de Biotecnología y Estudios Ambientales de la Universidad de Concepción, Campus Los Ángeles, se evaluó el efecto de diferentes concentraciones del medio Murashige y Skoog (MS), de quitosano o nanofibras de quitina (0,005 y 0,01 %) y el empleo de tratamientos osmóticos con cloruro de potasio (KCl) o polietilenglicol (5 y 10%) sobre su germinación *in vitro*. El medio *in vitro* sin adición de sales, promovió una mayor germinación (46,5%) comparado con medios MS al 25, 50 y 100% (24,4-26,7%), aunque esto afecta el desarrollo de las plántulas. La utilización de KCl al 5% aumentó el porcentaje de germinación (73,3%) respecto del control (38%) y aceleró este proceso. Mientras que, el empleo de bajas concentraciones de productos a base de quitina no influyó positivamente en los indicadores de la germinación. Se concluye que la ausencia de nutrientes en el medio de germinación *in vitro* y el empleo de KCl al 5% mejoran este proceso. Las bajas concentraciones de los productos de quitina no mejoran la germinación, aunque no se descarta que concentraciones un poco más elevadas contribuyan a optimizar la germinación *in vitro* y/o el establecimiento inicial de las plántulas.

Palabras clave: tratamientos osmóticos, quitina, quitosano, *Colobanthus quitensis*.

Agradecimientos: Programa de Doctorado en Ciencias de la Agronomía, Universidad de Concepción. Proyecto INACH DT_05_22. ANID/Scholarship Program/Doctorado Beca Nacional/2021-21210100. Vicerrectoría de Investigación y Desarrollo Universidad de Concepción Proyecto VRID N° 220.418.012-INV. ANID Fondecyt Regular 1221609.

Estudio de asociación genómica en germoplasma de Sur América para resistencia a un *Ipomovirus* de importancia económica

Ospina, J.A.^{1*}, Lopez, D.C.², Wenzl, P.¹, y Carvajal-Yepes, M.¹

¹Programa Recursos genéticos, Alianza Bioversity Int. & CIAT, Palmira, Colombia; ²Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia

*Autor de correspondencia: j.a.ospina@cgiar.org

Resumen: La Alianza Bioversity Internacional & el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), a través de Semillas del Futuro, conserva la colección más grande y diversa de yuca (*Manihot esculenta*) que incluye 5,963 accesiones de 28 países. La yuca es una fuente primaria de ingresos y calorías para millones de personas. En África del Este, la producción de este cultivo se ve afectada por la enfermedad del Virus de la Raya Marrón de la Yuca (Cassava Brown Streak Disease, CBSD), causada por dos especies de virus del género *Ipomovirus*: Virus de la raya marrón de la yuca (*Cassava brown streak virus*, CBSV) y Virus de la raya marrón de la yuca de Uganda (*Ugandan cassava brown streak virus*, UCBSV). El objetivo de esta investigación fue realizar un análisis de asociación genómica para identificar variantes genéticas relacionadas con la resistencia al virus y la enfermedad en un panel de 234 accesiones de germoplasma sudamericano previamente fenotipadas (Sheat et al., 2019). Las muestras fueron genotipadas con DArTseq y se evaluaron cuatro modelos estadísticos, el Modelo Lineal General (GLM), el Modelo Lineal Mixto (MLM), Modelo Mixto Multi-Locus (MLMM), y BLINK; se compararon los resultados y se anotaron los marcadores estadísticamente significativos. Se identificaron 28 marcadores SNPs, asociados a la severidad de los síntomas causados por el virus o a la presencia o ausencia de este. Uno de los loci identificados ha sido reportado anteriormente; los demás se ubicaron dentro o cerca de genes con funciones relacionadas al reconocimiento de patógenos y la activación de la respuesta inmune. Además, identificamos 47 accesiones con potencial resistencia al virus. Estos resultados son una valiosa contribución al pool genético para el mejoramiento de la yuca contra esta enfermedad. Así mismo, respaldan y fomentan el uso informado de los materiales conservados en la Alianza Bioversity Int. & CIAT.

Palabras clave: Yuca, *Ipomovirus*, genotipificación, estudio de asociación del genoma completo (GWAS), germoplasma.

Agradecimientos: Miguel Correa, Tatiana Garcia, y al equipo de Conservación In-Vitro de la Alianza Bioversity Int. & CIAT.

Flora costera de la Región de Antofagasta: Avanzando hacia su conservación, valoración y restauración

Pañitrur, C.^{1*}, Ibáñez, S.¹, Sandoval, A.¹, y Bolados, G.²

¹Banco Base de Semillas, INIA Intihuasi, Vicuña, Chile; ²Investigador independiente, Concepción, Chile

*Autor de correspondencia: carolina.panitrur@inia.cl

Resumen: A pesar de situarse en la aridez del desierto de Atacama, la flora de la costa de la Región de Antofagasta presenta una diversidad única, destacada por su alto nivel de endemismo. Lamentablemente, perturbaciones humanas y las condiciones del cambio climático, tienen a estas especies de plantas en un grado importante de amenaza. Bajo este contexto, se ejecutó un proyecto durante los años 2020 a 2023, cuyo objetivo fue diagnosticar el estado de la flora costera regional y aplicar medidas piloto de conservación *ex situ*, propagación y reintroducción de las especies amenazadas. Para el diagnóstico, en primer lugar, se recopiló y analizó la información existente sobre la flora de la zona de estudio, en diferentes fuentes de información (herbarios, catálogos, artículos científicos, tesis, proyectos, entre otros). Por otro lado, se hicieron parcelas de muestreo de la vegetación, a lo largo de toda la franja costera, desde los 0 a los 2.000 m.s.n.m. Con la información recopilada, se realizó un catastro de la vegetación y se identificaron tanto las especies como áreas prioritarias de conservación. Esta información fue utilizada para la aplicación de medidas piloto de conservación. Estas medidas incluyeron: (1) recolección de semillas de la flora costera y su conservación *ex situ* en el Banco Base de Semillas de INIA, (2) ensayos de propagación, a nivel de laboratorio y vivero y; (3) de reintroducción de plantas en su hábitat natural. El diagnóstico confirmó la presencia de 476 especies de flora nativa en la zona, de las cuales un 65% son endémicas de Chile y un 22% exclusivas del área de estudio. En base a la información de las especies prioritarias, se realizaron campañas de terreno que permitieron recolectar y conservar *ex situ*, semillas de un total de 137 especies de la zona, propagar 65 de éstas y reintroducir 12 de ellas. Además, gracias a este estudio, se descubrió una nueva especie para la flora de Chile (*Diplostephium paposanum*) y se reencontró una especie que había sido declarada extinta (*Plantago johnstonii*). De este modo, en marco de este proyecto, se confirmó la particularidad de la flora costera de la Región de Antofagasta, la cual, a pesar de situarse en medio del desierto más árido del mundo, abarca un 10% del total de la flora nativa de Chile. A pesar de los avances realizados para conservar el patrimonio florístico de esta zona, aún es necesario realizar esfuerzos que permitan resguardar y valorizar este tesoro único para el país.

Palabras clave: *ex situ*, propagación, reintroducción, flora nativa, extinción.

Agradecimientos: Este proyecto fue ejecutado gracias al financiamiento del Gobierno Regional de Antofagasta, implementado por la SEREMI de Medio Ambiente de la Región de Antofagasta y ejecutado por el equipo del Banco Base de Semillas de INIA. Agradecemos a todos ellos por su trabajo y colaboración.

Análisis espacial de la diversidad ecogeográfica de *Melothria pendula* L. para su conservación *in situ* y *ex situ* en México

González-Santos, R.¹, Parra-Quijano, M.^{2*}, Hernández-Sandoval, L.¹, y Guerrero-Torres, P.¹

¹Laboratorio de Botánica, Universidad Autónoma de Querétaro, Querétaro, México; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá, Bogotá, Colombia

*Autor de correspondencia: hmparraq@unal.edu.co

Resumen: *Melothria pendula* L. es una especie que se utiliza como alimento y medicina en México y tiene diferentes nombres, siendo el más común sandiita. Se trata de una planta que, aunque no se encuentra en cultivo, puede ser una alternativa para la seguridad alimentaria y nutricional a nivel local y regional. El objetivo del presente estudio fue caracterizar ecogeográficamente las poblaciones conocidas de sandiita en México, determinando su rango adaptativo y posibles sitios para la conservación *in situ* y su recolección para la conservación *ex situ*. Para ello se consolidó un conjunto de 1,270 registros de *M. pendula* provenientes de datos de presencia de herbarios. La generación de escenarios adaptativos fue posible mediante el desarrollo de un mapa de caracterización ecogeográfica del territorio (ELC), con una determinación previa de las variables abióticas de mayor influencia en la distribución de la especie. De un total de 179 variables bioclimáticas, edáficas y geofísicas analizadas, 11 resultaron importantes para la distribución de la especie, las cuales estaban relacionadas con la temperatura del cuarto más frío, precipitación anual y algunas variables de precipitación mensual, textura y características del suelo, altitud y radiación solar. El mapa ELC obtenido contuvo 21 categorías ecogeográficas, 14 de ellas con presencia de sandiita, detectándose categorías preferidas y evitadas por la especie. A través de un análisis de representatividad ecogeográfica, se determinaron 111 sitios de alto interés para la recolección eficiente de *M. pendula* distribuidos en México, actividad que generaría un banco de germoplasma de representatividad optimizada para la especie. Adicionalmente, un análisis de la distribución espacial de la diversidad ecogeográfica condujo a la identificación de ocho puntos calientes de alta prioridad para la futura conservación *in situ* de *M. pendula*, de los cuales solo tres se encuentran dentro de áreas naturales protegidas. De esta forma, las aproximaciones ecogeográficas muestran su potencial aplicación en priorización de la conservación cuando los datos genéticos son escasos, un caso muy recurrente en especies cultivadas poco conocidas o subutilizadas.

Palabras clave: Representatividad, especies subutilizadas, ELC mapas, adaptación abiótica.

Determinación de zonas espaciotemporales de transferencia de semillas de leguminosas forrajeras en Argentina frente al cambio climático

Silvestri, M.C.¹, Acuña, C.A.¹, Lavia, G.¹, y Parra-Quijano, M.^{2*}

¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE, UNNE-CONICET), Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá, Bogotá, Colombia

*Autor de correspondencia: hmparraq@unal.edu.co

Resumen: La conservación de recursos fitogenéticos forrajeros es importante para la sostenibilidad de la industria ganadera ante el impacto del cambio climático. El enfoque espaciotemporal para delimitar zonas de transferencia de semillas (ZTS) a partir de mapas de caracterización ecogeográfica del territorio (ELC) es una aproximación novedosa para actividades de recolección y conservación en el presente pensando en la restauración ecológica de poblaciones de especies nativas afectadas por el cambio climático en el futuro. Bajo este enfoque, se construyó un mapa ELC para dos especies forrajeras silvestres del género *Stylosanthes* Sw. (Fabaceae) para las condiciones bioclimáticas actuales de Argentina, el cual fue proyectado en dos escenarios de cambio climático futuros para definir posibles ZTS espaciotemporales. Se compilaron geolocalizaciones de la colección de germoplasma Stylo BGCTES y de bases de datos públicas (GBIF, genesys y herbarios nacionales) para seleccionar variables bioclimáticas, edáficas y geofísicas asociadas a la adaptación y distribución de las especies. A partir de las variables seleccionadas para *S. guianensis* y *S. hippocampoides*, se construyó un mapa ELC con resolución 2,5 arc-sec. Con este mapa, se elaboró un modelo Random Forest que permitió proyectarlo a condiciones de futuro para dos escenarios: ssp245 y 585 para los periodos 2040-2060 (2050) y 2080-2100 (2090), usando datos del modelo climático global MIROC-6 (CIMP6). Superponiendo la presencia de las dos especies a los mapas ELC de presente y futuro se detectaron poblaciones afectadas por el cambio climático considerando que su categoría de mapa ELC cambia a futuro. Las poblaciones fuente fueron sobrepuestas al mapa de áreas protegidas de Argentina (SIB, 2018) para priorizar recolecciones. Para ello se usaron las herramientas SelecVar, ELCmapas y Tzones de la caja de herramientas CAPFITOGEN3 y el software QGIS. Se identificaron 11, 15, 15, 28 poblaciones de *S. guianensis* y 10, 16, 16 y 12 poblaciones de *S. hippocampoides* afectadas por el cambio climático (ssp245 para 2050 y 2090 y ssp585 para 2050 y 2090, respectivamente). También se detectan 3, 20, 20 y 20 poblaciones de *S. guianensis* y 27, 27, 27 y 27 poblaciones de *S. hippocampoides* como potenciales donantes de germoplasma para reforzar las poblaciones afectadas en el futuro (ssp245 para 2050 y 2090 y ssp585 para 2050 y 2090, respectivamente). Finalmente, las 14 y 23 poblaciones potencialmente fuente de germoplasma de *S. guianensis* y *S. hippocampoides* que se ubican fuera de la red de áreas protegidas serán priorizadas para futuras campañas de recolección de germoplasma y conservación *ex situ*.

Palabras clave: Conservación *ex situ*, Recolección, Mapas ELC, *Stylosanthes*.

Determinación de diversidad genética de chaura (*Gaultheria pumila* L.f.) mediante marcadores Inter Simple Sequence Repeat (ISSR)

Parra Muñoz, P.¹, Peñaloza, B.³, Espinoza, S.², García, R.³, y Quiroz, K.^{1*}

¹Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. UCM, Talca, Chile; ²Departamento de Ciencias Forestales. UCM, Talca, Chile; ³Synergiabio, San Javier, Chile

*Autor de correspondencia: kquiroz@ucm.cl

Resumen: *Gaultheria pumila* (L.f.) D.J. Middleton, especie nativa de Chile y Argentina, que pertenece a la familia de las Ericaceae de la cual hay poca información de su estructura genética. Está reportada en el cordón cordillerano andino, desde la Región Metropolitana a la Región de Magallanes. Su uso como alimento y medicina data de los pueblos aborígenes de la Patagonia Austral. Presenta frutos aromáticos, con alto contenido de polifenoles y antioxidante, pudiendo producir hasta 0,5 kg de fruta fresca por planta. Exhibe alto grado de adaptabilidad a condiciones extremas, siendo una de las primeras en colonizar zonas de desastres naturales (erupciones volcánicas, deslizamientos de tierra y cortes de laderas) o tala de bosques nativos. En este estudio se determinó la diversidad genética de *G. pumila* a través de marcadores ISSR. Se seleccionaron 64 individuos distribuidos en tres sectores de la Reserva Nacional Volcán Villarrica, Región de la Araucanía, Chile. Se validó la eficiencia del método de Bromuro de Cetil-trimetilamonio (CTAB) para extracción de ADN en muestras de *G. pumila*. Se evaluó 12 marcadores ISSR, de los cuales solo seis fueron seleccionados para este estudio, debido a su reproducibilidad y al mayor grado de polimorfismos obtenidos, de entre 71,4% y 84,0% para los marcadores 815, 834, 836, 842, 844 y 855. El número total de amplicones observados fue de 154, de los cuales 122 fueron polimórficos, con un promedio de 20,3 alelos polimórficos por marcador. Los resultados de diversidad genética de Nei y el índice de diversidad de Shannon fueron $H_e = 0,28$ y $I = 0,42$, respectivamente. Los análisis de AMOVA indican que la variación dentro de las poblaciones estudiadas fue de 77% y entre las poblaciones fue de 23%. El análisis de coordenadas principales PCoA permitió conocer la distribución de la especie en el gradiente ecológico. Este estudio permitió concluir que el método CTAB es eficiente para la obtención de ADN de calidad de *G. pumila* colectada en condiciones naturales. Los marcadores ISSR seleccionados son suficientemente informativos y reproducibles para realizar estudios en poblaciones de *G. pumila*, indicando que la especie presenta un alto índice de diversidad genética.

Palabras clave: *G. pumila*, chaura, extracción ADN, polimorfismo, diversidad genética de poblaciones.

Efecto del estrés hídrico en la cinética de desarrollo de la semilla en variedades tradicionales de poroto chileno

Pérez, M.¹, Tapia, G.^{1*}, Mendez, J.¹, Lozano, C.¹, y Venegas, F.¹

¹Unidad de Recursos Genéticos, INIA Quilamapu, 515 Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: gtapia@inia.cl

Resumen: En el contexto de la seguridad alimentaria global y la creciente necesidad de optimizar la producción agrícola, la investigación en torno a los efectos del estrés hídrico en cultivos es esencial. Los porotos (*Phaseolus vulgaris* L.) representan un componente esencial de la dieta humana y son una fuente clave de proteínas y nutrientes. Sin embargo, la variabilidad climática y la escasez de agua plantean desafíos significativos para su cultivo. El objetivo de este ensayo fue analizar el efecto de estrés hídrico en el desarrollo de vainas y semillas de 4 variedades de poroto bajo condiciones normales y de estrés hídrico constantes. El estrés hídrico consiste en una disminución del riego en aproximadamente un 25% en relación a la capacidad de campo del suelo. Para el establecimiento del ensayo se realizó un diseño de bloques al azar con dichas variedades, 3 repeticiones y 2 tratamientos de riego bajo un sistema de aislamiento. En este trabajo se midieron diversos indicadores, incluyendo el peso fresco de la vaina, peso fresco de la vaina sin semilla, el peso fresco de la semilla, el número de semillas por vaina, el número de lóculos por vaina, el peso seco de la vaina sin semilla y el peso seco de la semilla; dichas mediciones fueron efectuadas desde el día 3 después de la floración hasta el día 54. Estos parámetros no solo otorgan una visión detallada de la respuesta de los porotos al estrés hídrico, sino que también permiten discernir cómo esta condición afecta distintos aspectos del desarrollo y la producción de semillas. De estos resultados se puede deducir que el tratamiento de estrés hídrico conduce a una disminución en el número de semillas por vaina, así como del peso de la semilla en la mayoría de las variedades, excepto en negro argel, donde hubo un aumento del 13 % en el peso de la semilla. El proceso de llenado se inició a los 15 días en el tratamiento de estrés hídrico mientras que a los 18 en riego, finalizando a los 30 días en Negro Argel y Tórtola y a los 36 días en Coscorrón y Enriqueta bajo la condición de estrés. Esto sugiere a su vez una reducción en el periodo de llenado de grano lo que no necesariamente conlleva en todas las variedades a una reducción del peso de la semilla.

Agradecimiento: Subsecretaría de Agricultura proyecto 501453-70.

Palabras clave: Semilla, Porotos, Tolerancia sequía, Desarrollo seminal.

Validación de secuencias de Defensinas en ADN genómico de especies diploides y tetraploides de *Paspalum* (Gramineae)

Rodríguez-Decuadro, S.^{1*}, Ramos, S.¹, y Vaio, M.¹

¹Departamento de Biología Vegetal. Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay

*Autor de correspondencia: sur9@fagro.edu.uy

Resumen: Las defensinas constituyen una superfamilia de proteínas dentro de los denominados péptidos antiMicrobianas (AMP-*antimicrobial peptides*). En el reino vegetal se presentan distribuidas en forma ubicua. A pesar de la similitud y conservación de sus estructuras tridimensionales, presentan una variabilidad sorprendentemente significativa en la secuencia de aminoácidos. La mayoría de las defensinas vegetales conocidas presenta actividad *in vitro* contra una gama de microorganismos, incluyendo hongos, levaduras y bacterias. Su prospección en la flora nativa de Uruguay es aún incipiente pese a su valioso potencial para el desarrollo de alternativas de control de infecciones (humanos, animales, plantas), y para la agroindustria, en la preservación de alimentos. Este trabajo, se basó en secuencias de defensinas putativas previamente identificadas y caracterizadas en transcriptomas *de novo* de plántula de cinco taxa tetraploides sexuales (IIJJ) del grupo Dilatata de *Paspalum*, especies nativas de la región templada de Sudamérica. Se incluyeron además los progenitores diploides putativos de los genomios I y J, *Paspalum intermedium* (II) y *P. juergensii* (JJ) y *P. umbrosum* (JJ). Como objetivo, se propuso la validación de estas secuencias mediante amplificación por PCR de ADN genómico, con el fin de analizar la fiabilidad del ensamblado y caracterizar la estructura exón-intrón de cada gen. De los 7 grupos de defensinas encontrados en los ocho genotipos de *Paspalum*, se seleccionaron tres de ellos para la validación. Se diseñaron *primers* específicos en las regiones 5' y 3' UTR, de manera de obtener toda la región codificante. Se ajustaron las condiciones de la reacción de PCR (concentración de ADN, temperatura de *annealing*). La identidad de los productos de amplificación se verificó mediante secuenciación. El análisis de las secuencias nos permitió confirmar las secuencias encontradas en los transcriptomas ensamblados, incluyendo sustituciones e inserciones/deleciones aminoacídicas en algunos de los genotipos. En todos los casos se detectó la presencia de un intrón, característica conservada en estos genes. Este trabajo nos permitió, no sólo realizar un estudio evolutivo de los genes de defensinas en tetraploides y sus posibles progenitores diploides sino también ampliar el catálogo de secuencias de AMPs con vistas a un futuro desarrollo de productos alternativos a los actuales para el control de infecciones, tanto en medicina como en agronomía.

Palabras Clave: AMPs vegetales, verificación, aplicabilidad.

Agradecimientos: CSIC, PEDECIBA.

Efecto del déficit hídrico en la germinación y crecimiento de especies nativas

Rodríguez, Y.¹, Moreno, C.¹, Suárez, C.¹, Gillman, L.¹, y Fernández, G.^{1*}

¹Departamento de Sistemas Agrarios y Paisajes Culturales, Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Treinta y Tres, Uruguay

*Autor de correspondencia: gfernandez@cure.edu.uy

Resumen: Uruguay posee recursos vegetales nativos relevantes, entre los que se encuentra la especie frutal *Acca sellowiana*, *Schinus lentiscifolius* con uso medicinal y ornamental y las gramíneas forrajeras *Bromus catharticus* y *Bothriochloa laguroides*. El déficit hídrico sufrido recientemente en la región, sumado a los anuncios de escasez de lluvia para los próximos años, refuerzan la importancia de conocer el efecto que la disponibilidad de agua genera en la germinación y crecimiento inicial de estas especies. Para esto pusimos a germinar, durante 22 días, semillas de *B. laguroides*, *B. catharticus*, *A. sellowiana* y *S. lentiscifolius* en un gradiente de estrés hídrico de -0,5 a -5 MPa generados con soluciones de polietilenglicol-6000 y un tratamiento control con agua destilada. Las semillas de *S. lentiscifolius* fueron escarificadas con lija. Las condiciones de germinación fueron 12 horas de luz a 25°C y 12 de oscuridad a 20°C. El porcentaje de germinación y la velocidad de germinación fueron reducidos por el estrés hídrico generado, principalmente a partir de -2 MPa. Mientras que a -5 MPa sólo germinaron 12,5% de las semillas de *B. catharticus*. Para *B. laguroides* y *A. sellowiana* se observó una reducción del crecimiento foliar a mayor estrés hídrico. En las raíces, se observó una menor inversión en *B. catharticus* y *B. laguroides* a partir de -2 MPa respecto al control. En *A. sellowiana* el tratamiento control y -0,5 MPa invirtieron más en raíces que los tratamientos restantes. Se detectaron variaciones en la relación hoja/raíz para *A. sellowiana* y *S. lentiscifolius*. Mientras que el primero destinó más recursos al crecimiento radicular a medida que aumentó el estrés hídrico, el segundo invirtió más en hojas en el tratamiento control que a -0,5 MPa. Los resultados muestran que la germinación y el crecimiento de las plántulas fueron más afectados que la asignación de recursos a hojas o raíces en la mayoría de las especies. Solo *A. sellowiana* disminuyó la proporción hoja/raíz tal vez como forma de compensar la falta de agua. Los resultados evidencian que, en un escenario de cambio climático y aumento de sequías, la germinación y el crecimiento de estos recursos se verían afectados, lo que impactaría negativamente en la conservación *ex situ* de los mismos.

Palabras clave: Estrés hídrico, Gramíneas, Leñosas, PEG-6000.

Agradecimientos: Al Banco de Germoplasma de INIA por la donación de *B. catharticus*, a CSIC - UdelaR por la financiación del proyecto (CSIC I+D 2020, ID 407).

Evaluation of the physiological quality of the seed library collection of Universidad Tecnológica del Uruguay

Russi, F.^{1*}, Martínez, V.¹, y de Almeida, N.¹

¹Laboratorio de Agroecología, Universidad Tecnológica, Durazno, Uruguay

* Corresponding author: francisco.russi@estudiantes.utec.edu.uy

Resumen: Las Bibliotecas de Semillas a diferencia de los Bancos de Germoplasma, además de la conservación, añaden un componente social, ya que se nutren de intercambios de semillas, de colectas y de donaciones de distintos actores de la comunidad. Estas formas de adquisición fomentan la formación de vínculos entre la ciencia y la sociedad a través de las semillas. El Laboratorio de Agroecología de la Universidad Tecnológica del Uruguay, localizado en la ciudad de Durazno, Durazno, Uruguay cuenta con una Biblioteca de Semillas desde el año 2020, esta fue creada por el Grupo de Agroecología, Sustentabilidad y Medio Ambiente (GASMA) con el objetivo de fomentar una experiencia de extensión y educación ambiental vinculada a la producción, distribución, intercambio y gestión de semillas nativas y criollas. Esta Biblioteca almacena actualmente 120 variedades hortícolas y arbóreas, de las cuales 94 corresponden a variedades hortícolas distribuidas en 39 especies. Estas semillas son intercambiadas con la sociedad para fomentar y/o fortalecer huertas agroecológicas y utilizadas en experimentos y ensayos realizados por estudiantes de la Universidad, por lo que resulta de importancia conocer la calidad fisiológica de las mismas. En este trabajo con los objetivos de evaluar la calidad fisiológica de las semillas de la Biblioteca, generar nueva información para la base de datos de la misma e identificar la viabilidad de las semillas, se evaluó la totalidad del acervo hortícola mediante la realización de pruebas padrones de germinación, obteniendo el porcentaje de germinación G(%) de cada variedad. Estas se hicieron bajo las normas ISTA (2005). De las 94 muestras evaluadas 19 corresponden a la familia Cucurbitaceae, 18 a la Poaceae, 13 a la Solanaceae, 12 a la Asteraceae, 12 a la Fabaceae, 10 a la Brassicaceae, 4 a la Amaranthaceae, 3 a la Amaryllidaceae, 2 a la Aquifoliaceae, 2 a la Apiaceae, 1 a la Rutaceae y 1 a la Malvaceae. La media de G(%) de la Biblioteca fue del 60% y en cuanto a los promedios de germinación por familia, los valores más altos los obtuvieron Rutaceae (100%), Malvaceae (93%), Amaryllidaceae (87%) y Amaranthaceae (85%) y los más bajos Asteraceae (36%) y Fabaceae (36%). En conclusión, los resultados demuestran una alta variabilidad inter e intraespecífica, generando nuevas interrogantes para futuros trabajos, pudiendo evaluar cómo afectan otras variables en la calidad fisiológica de las semillas.

Palabras clave: Germinación, Conservación, Educación Ambiental.

Propagation of *Phaseolus albicarminus* Debouck & N. Chaves, by layering, cuttings, and grafting

Sabogal Carvajal, R.A.^{1*}, Escobar Guzmán, H.¹, Gereda, J.M.¹, Santaella, M.¹, and Debouck, D.G.¹

¹Genetic Resources Program, Alliance Bioversity International – CIAT, 763537, Cali, Colombia

*Corresponding author: r.sabogal@cgiar.org

Abstract: *P. albicarminus*, endemic to Costa Rica and a wild relative of cultivated beans, was collected in a mountain forest in 2012 and described in 2020. The Future Seeds germplasm bank, located in Palmira, Colombia, is the only genebank that safeguards an accession (G40901) of this little-known wild bean. The availability of original seeds of *P. albicarminus* is limited and production of new seeds has been scarce, possibly due to its endemism, it requires specific ecological conditions. This research aims to asexually propagate this accession, using three methodologies: layering, cutting, and grafting. The final goal is to identify the appropriate growing conditions to produce enough seeds with the quality required by the bank to conserve and distribute. Initially, in a growth chamber with controlled conditions, three asexual propagation methodologies were evaluated, using the percentage of budding as indicator. The layering and cuttings were done by adjusting methodologies described in previous years and the grafts were performed using the slit-type method, which was already successfully used for different bean species. An accession of *P. dumosus* (G35684) was used as rootstock; because this species allows us to counteract the susceptibility of *P. albicarminus* to soil problems such as fungi and nematodes, since *P. dumosus* is a material that adapts very well to the environmental and soil conditions of the experimental stations. The experimental design was completely randomized with 3 treatments and 4 replications; data were analyzed with the statistical program SAS® OnDemand, using univariate parameters; ANDEVA and the Tukey test for comparison of means ($p < 0.05$) were performed. The results indicate that grafting (75% of budding) is significantly more effective for propagating *P. albicarminus*, compared to layering (25% of budding) and rooted scions (16.6% of budding). While we continue grafting *P. albicarminus* and moving it to the most convenient experimental station, to date, this method has also allowed the production of 673 seeds of *P. chiapasanus* (G40790) and 234 seeds of a hybrid of *P. vulgaris* × *P. dumosus* (G36387).

Keywords: Germplasm bank, vegetative propagation, wild bean.

Acknowledgments: This work has been supported by the Global Crop Diversity Trust. The authors thank all the staff of the CIAT Genetic Resources Program, especially the germplasm regeneration team. The growth chambers have been purchased thanks to a grant provided by the Bundesministerium für Wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (BMZ) of Germany.

Evaluation of rootstocks for the multiplication of *Phaseolus albicarminus* Debouck & N. Chavesa

Sabogal Carvajal, R.A.^{1*}, Gereda, J.M.¹, Escobar Guzmán, H.¹, Santaella, M.¹, and Debouck, D.¹

¹Genetic Resources Program, Alliance Bioversity International – CIAT, 763537, Cali, Colombia

*Corresponding author: r.sabogal@cgiar.org

Abstract: The wild bean *P. albicarminus* accession G40901 conserved in the Future Seeds germplasm bank (Palmira, Colombia) is currently not available because of lack of seeds for distribution. This living collection has been noted as susceptible to attacks of nematodes and root rots (namely *Macrophomina*), putting the accession at risk. We were thus interested in testing vegetative propagation to reduce the use of original seeds in the multiplication process. By the grafting technique, the compatibility of 16 bean accessions as rootstocks to propagate *P. albicarminus* and mitigate root problems was evaluated. Plant shoots from the living collection of *P. albicarminus* were used for grafting onto *P. coccineus* (6 accessions), *P. dumosus* (3 accessions), *P. lunatus* (2 accessions) and *P. vulgaris* (5 accessions). Rootstocks were chosen according to the passport data to match the ecology of *P. albicarminus*. Accessions with strong root development in the stations of Corrales and Tenerife (Valle, Colombia) that may indicate tolerance to soil pests and pathogens were selected. Short-cycle accessions were also included, seeking to shorten the reproductive cycle of *P. albicarminus*. The grafts were performed using the slit-type method and remained in a growth chamber where photoperiod, relative humidity, temperature, and light intensity were controlled. They were moved to Corrales and Tenerife. Under controlled conditions at 43 days after grafting, the overall percentage of *P. albicarminus* grafts that budded was 52.8%. At 60 days after transplanting to the station, the percentage of grafts that adapted to the conditions of Corrales was 56.5%, and to the conditions of Tenerife it was 43.5%. Three rootstocks (1 *P. coccineus*, 1 *P. dumosus*, 1 *P. vulgaris*) were identified for the successful propagation of *P. albicarminus*; 23 plants (grafts) of *P. albicarminus* are currently established (13 in Corrales and 10 in Tenerife). Thanks to the grafting technique, to date 7 seeds of *P. albicarminus* have been produced.

Keywords: Germplasm bank, wild bean, grafting, genetic resources.

Acknowledgments: This work has been supported by the Global Crop Diversity Trust. The authors thank all the staff of the CIAT Genetic Resources Program, especially the germplasm regeneration team. The growth chambers have been purchased thanks to a grant provided by the Bundesministerium für Wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (BMZ) of Germany.

Agricultura familiar campesina y conservación de las semillas tradicionales: el caso del maíz en San Carlos, Ñuble, Chile

Salazar, E.^{1*}, Chiron, C.², Salfate, V.¹, Tiara, F.³, y Vaillant, M.²

¹Unidad de Recursos Genéticos y Banco de Germoplasma La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile; ²Ecole Supérieure d'Agro-Développement International, Angers, Francia; ³Confederación de Federaciones de Sindicatos Campesinos y Trabajadores del Agro de Chile, CONAGRO, Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: esalazar@inia.cl

Resumen: La agricultura siendo un sector clave para Chile, ha experimentado un crecimiento explosivo desde 1970, con un modelo neoliberal centrado en la agroexportación. En cuanto al maíz, la pérdida de variedades locales de esta especie ha aumentado en las últimas décadas, alcanzando hasta el 26% de erosión genética en algunas regiones, observándose una sustitución por variedades comerciales, más homogéneas y con mejores rendimientos. A pesar de esto, la agricultura familiar e indígena mantiene y cultiva VT. Este trabajo buscó comprender las razones que tienen los agricultores para mantener VT, usando como unidad de estudio el maíz en la comuna de San Carlos, Región de Ñuble. Se realizaron entrevistas semiestructuradas a 30 agricultores, identificados por contacto previo y el método de bola de nieve. Los datos se organizaron en tres ejes temáticos: Sistema de cultivo e itinerario técnico, Gestión de las semillas, Razones para mantener las VT de maíz. Se realizó un análisis temático de tipo cualitativo siguiendo las metodologías de Paillé y Muchielli (2012) y Gasselin et al (2014) y uno cuantitativo mediante el método multivariado AFDM. Los resultados mostraron que: las variedades utilizadas por los agricultores y el manejo agronómico es diferenciado y está determinado por las características agroecológicas y socioeconómicas del territorio de estudio, que corresponden a seco, zona intermedia y valle regado. Las VT son más relevantes en el seco, existiendo mayor diversidad de variedades; el manejo del cultivo es tradicional con baja tecnología, y producción de maíz tiene alto valor económico, que venden altos precios por darle valor agregado como chuchoca, siendo junto a la producción de otros cultivos el principal ingreso predial. La gestión de la semilla solo se realiza en el seco y la zona intermedia, al no existir oferta de semillas mejoradas, explicando en parte el bajo rendimiento. Los agricultores del valle regado solo cultivan maíz comercial en terrenos arrendados, con altos rendimientos los que venden a las empresas, pero a un bajo valor. Las razones que tienen los agricultores para mantener las VT de maíz son múltiples y combinadas, siendo las de tipo económicas y recursos espaciales las principales. Se caracterizó los tipos de variedades cultivadas en San Carlos y el manejo que realizan los agricultores. Los numerosos beneficios que ofrecen las VT permitieron discutir la importancia de su conservación frente a los bloqueos del sistema semillero chileno, así como el papel clave de la agrobiodiversidad frente al cambio climático, en la búsqueda de soluciones para asegurar el futuro de la agricultura y la alimentación mundial.

Palabras clave: conservación *in situ*, variedades tradicionales, maíz, agricultura familiar campesina.

Agradecimientos: Proyecto FONDECYT de Iniciación 11200894 y Proyecto INIA-MINAGRI 501453-70.

Diversidad y estructura genética de la colección chilena de maíz mediante marcadores SNPs en alta densidad basados en DArTseq

Salazar, E.^{1*}, Salfate, V.¹, González, M.², Sansaloni, C.³, y Petroli, C.³

¹Unidad de Recursos Genéticos y Banco de Germoplasma La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Av. Santa Rosa 11610, Santiago, Chile; ²Laboratorio de Microbiología Aplicada, Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Raul Bitrán 1305, La Serena, Chile;

³Genetic Resources Program, International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Carretera México-Veracruz Km. 45 El Batán, Texcoco, C.P. 56237, Mexico

*Autor de correspondencia: esalazar@inia.cl

Resumen: La colección chilena de maíz ha sido escasamente estudiada a nivel molecular. Para conocer su potencial, promover su uso y conservación, un total de 1.170 accesiones fueron sometidas a un genotipado a gran escala utilizando la tecnología DArTseq. Se identificaron 109.824 marcadores SNPs, obteniéndose un total de 1.157 accesiones con un total de 20.956 marcadores SNPs después de los filtros. Los marcadores SNPs tuvieron un valor PIC de 0,195 promedio. La estructura de población fue analizada mediante método bayesiano y un análisis de conglomerado, indicando la existencia de 2 grupos principales ($F_{st} = 0,199$) y una gran cantidad de mezclas. El grupo 1 compuesto de 184 accesiones, incluyó casi la totalidad de los maíces norteros y altiplánicos. A su vez, el segundo grupo fue más diverso, estando compuesto por 534 accesiones, incluyendo accesiones recolectadas entre la Región de Atacama hasta la Región de Los Ríos. Finalmente, en mezcla entre los grupos 1 y 2 se identificaron 439 accesiones. El análisis jerárquico mostró una mayor cercanía entre la subpoblación de maíz Choclero con el grupo genético 1 del altiplano. La H_e que define la variación genética dentro de cada grupo fue de 0,137 para el grupo 1 y 0,269 para el grupo 2, siendo este último de naturaleza más mezclada. El índice de endogamia (F_{is}), en promedio para ambas poblaciones fue positivo en maíces mejorados (0,222) y negativo en maíces tradicionales (-0,290). Los resultados indican que existen 2 grupos genéticos vinculados a la geografía del país, observándose una gran diversidad. Los valores negativos de F_{is} podrían estar explicando la existencia de flujo genético entre los grupos. Estos hallazgos proporcionan información importante para, por ejemplo, la conservación *ex situ* eficiente del maíz y futuros trabajos de mejoramiento genético.

Palabras clave: Diversidad Genética, Maíz, SNP, STRUCTURE, variedades locales, líneas de mejoramiento.

Agradecimientos: Proyecto FONDECYT de Iniciación 11200894, proyecto INIA-MINAGRI 501453-70, Proyecto FOVI 220099.

Modelamiento y caracterización de las zonas de cultivo del maíz en Chile basado en variables climáticas

Salazar, E.^{1*}, Salfate, V.¹, Fuentes, M.², y Alfaro, A.³

¹Unidad de Recursos Genéticos y Banco de Germoplasma La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile; ²CRI Quilamapu, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán, Chile; ³Doctorado en Ciencias Biológicas con mención en Ecología de Zonas Áridas, Universidad La Serena/ Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA)

*Autor de correspondencia: esalazar@inia.cl

Resumen: El cambio climático está ejerciendo una influencia significativa en los ciclos y productividad de los cultivos alterando las condiciones ambientales de los lugares de cultivo. El desarrollo de nuevas variedades resilientes o la reubicación de los cultivos a zonas con condiciones óptimas son formas de enfrentar sus efectos. Este trabajo tiene por objetivo caracterizar las distintas zonas climáticas donde se realiza el cultivo del maíz a través de variables climatológicas actuales (1991-2021), bioclimáticas y requerimientos del cultivo. Para la definición de zonas se procedió con el análisis de los datos grillados del Centro de Ciencia del Clima y la Resiliencia (CR)², se agruparon las grillas utilizando el método Kmedias. Las zonas agrupadas se clasificaron en base a su elevación, temperatura, pp totales y precocidad potencial del maíz (GDA). Para modelar la idoneidad climática del cultivo de maíz en Chile, se utilizó el método de máxima entropía (MaxEnt), basando el modelo en registros georreferenciados de maíces cultivados en Chile, junto con 11 variables bioclimáticas (BIO1-11) y los requerimientos de cultivo (GDA, temporada GDA, periodo libre de heladas $T > 1^{\circ}\text{C}$). Los resultados revelaron una considerable diversidad de zonas de Norte (Lat. $18^{\circ}10'S$) a Sur (Lat. $43^{\circ}20'S$), limitadas por bajas temperaturas en áreas cordilleranas y australes. Se detectó que el maíz se cultiva tanto en zonas de alto y bajo estrés térmico, variando incluso dentro de una misma latitud. Esto reveló la existencia de zonas con niveles afines de estrés térmico para maíz en diferentes extremos del país, explicando su amplia distribución. Según MaxEnt, las variables que más contribuyeron a describir la idoneidad de las zonas de cultivo fueron BIO3, BIO4, BIO8, BIO9 y la elevación, todas relacionadas con la estabilidad térmica que requiere el maíz para su óptimo desarrollo. En resumen, este estudio demuestra que el maíz en Chile se cultiva en una amplia gama de nichos climáticos, adaptándose preferentemente a zonas de temperaturas estables.

Palabras clave: Maíz-ecologías, maíz-ambientes, Kmedias, MaxEnt, Variables bioclimáticas.

Agradecimientos: Proyecto FONDECYT de Iniciación 11200894, Proyecto FOVI 220099, Proyecto INIA MINAGRI 501453-70.

Colección de porotos de la Universidad Tecnológica del Uruguay

Sosa, C.^{1*}, Luján, M.P.¹, Vidal, R.², y de Almeida, N.¹

¹Laboratorio de Agroecología, Grupo de Agroecología, Sustentabilidad y Medio Ambiente (GASMA), Universidad Tecnológica, Durazno, Durazno Uruguay; ²Laboratorio de Fitotecnia y Recursos Genéticos, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay
*Autor de correspondencia: camilo.sosa@estudiantes.utec.edu.uy

Resumen: La información sobre el germoplasma de porotos de Uruguay es escasa, a pesar de su importancia para la producción familiar. No hay datos disponibles sobre las colecciones nacionales. Este trabajo tuvo como objetivo caracterizar la colección de variedades locales porotos de la Universidad Tecnológica del Uruguay. Dicha colección se creó en 2021 en el marco del proyecto “Porotos de Uruguay”, donde se realizaron colectas de germoplasma en predios de productores familiares. A lo largo de estos años la colección ha sido enriquecida por donaciones e intercambios. Se organizaron los datos de pasaporte según los Descriptores de Pasaporte para Cultivos Múltiples propuestos por la FAO y Bioversity International. Para caracterizar la colección se consideró el número de accesiones y su forma de obtención, riqueza y abundancia de especies por región cultural. Se calcularon los índices de Shannon (H) y Simpson (D) para estimar la diversidad. Se comprobó que la colección está formada por seis especies y 129 accesiones, siendo 47% obtenidas de colectas, 29% de donaciones y 23% de intercambio. La especie más abundante fue *Phaseolus vulgaris* (42%), seguida de *Phaseolus lunatus* (26%), *Vigna unguiculada* (25%), *Dolichos lablab* (4%) y *Vigna radiata* y *Cajanus cajan*, con 2%. La riqueza y abundancia por región varió de tres a cuatro, y de ocho a 47, respectivamente. La región Norte, Centro y Suroeste presentaron cuatro especies y Canelones tres especies. La mayor y menor abundancia fueron observadas en la región Norte y Suroeste, respectivamente. En cuanto a la diversidad, los mayores valores fueron obtenidos para región Suroeste (H=1,32, D=0,28), seguida de la región Centro (H=1,21, D=0,32), Norte (H=1,10, D=0,37) y Canelones (H=0,86, D=0,46). Los valores para el total de la colección fueron de H=1,34 y D=0,30. En conclusión, los resultados de este estudio son un punto de partida sobre la diversidad de porotos presentes en el país. Contribuyen a orientar futuras colectas de germoplasma, además de posibilitar el desarrollo de estrategias complementarias de conservación y colaboraciones para promover su uso sostenible.

Palabras clave: Conservación, Diversidad, Variedades locales.

Agradecimientos: A los productores familiares de Uruguay por su valioso aporte en la conservación de los recursos fitogenéticos del país. A la DICYT por el apoyo financiero.

El pastoreo aumenta el rendimiento cuántico de gramíneas en pastizales naturales de Uruguay

Suárez, C.¹, Rodríguez, Y.¹, Claramunt, M.¹, y Fernández, G.^{1*}

¹Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Treinta y Tres, Uruguay

*Autor de correspondencia: gfernandez@cure.edu.uy

Resumen: El campo natural de Uruguay es base de la producción ganadera, por lo que determinar posibles efectos del pastoreo es esencial para una producción sustentable. El ganado remueve biomasa verde y limita la acumulación de materia seca, lo que aumenta la radiación incidente y la temperatura del suelo y reduce la disponibilidad de agua para las plantas. Estos cambios pueden generar estrés y dañar el aparato fotosintético de las plantas y reducir el crecimiento y la producción vegetal. Las plantas tienen mecanismos de protección para evitar daños, como la reemisión de los fotones absorbidos (fluorescencia). Por lo tanto, analizar la fluorescencia del fotosistema II (FSII) es útil para estudiar el efecto de diferentes factores en el nivel de estrés de las plantas. En este trabajo evaluamos el efecto del pastoreo en la fluorescencia del FSII y el contenido hídrico relativo (CHR) de gramíneas nativas C3 y C4. En un sitio pastoreado (0,5 animales/ha) y en una clausura adyacente seleccionamos hojas nuevas y sanas de 10 especies de pastos. Al mediodía medimos la fluorescencia inicial (F_0) y máxima (F_m) y calculamos la fluorescencia variable ($F_v = F_m - F_0$) y el rendimiento cuántico máximo del FSII (F_v/F_m). Luego cortamos las hojas y en el laboratorio calculamos el contenido hídrico relativo (CHR). Los datos fueron comparados con Anova de dos vías, con pastoreo y metabolismo fotosintético como variables de clasificación y F_v/F_m y CHR como variables dependientes. Bajo pastoreo, las gramíneas tuvieron mayores valores de F_v/F_m que en clausura. No hubo diferencias debidas al metabolismo ni a la interacción metabolismo $\times$ pastoreo. El CHR no fue afectado ni por el pastoreo ni por el metabolismo de las plantas ni su interacción. El efecto positivo del pastoreo sobre el F_v/F_m podría deberse a una mayor renovación de las hojas y una mayor disponibilidad de nutrientes en relación a las plantas de la clausura. Este efecto positivo fue general a todas las especies independientemente del metabolismo fotosintético.

Palabras clave: Ecofisiología vegetal, Estrés, Fluorescencia, Gramíneas C3 y C4.

Agradecimientos: Este trabajo fue apoyado a través del proyecto FPTA 365 del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria de Uruguay.

Caracterización de la colección *ex situ* de *Phaseolus lunatus* y *P. vulgaris* de Uruguay

Tadich Delascio, I.^{1*}, Andrade, F.², Bonfiglio, M.¹, Naya, I.¹, Vaio, M.³, Vidal, R.¹ y de Almeida, N.⁴

¹Lab. de Fitotecnia y Recursos Genéticos, Dep. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; ²Dep. de Fitotecnia, Universidad Federal de Santa María, Río Grande do Sul, Brasil; ³Lab. de Evolución y domesticación de plantas, Dep. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Uruguay; ⁴Lab. de Agroecología, Grupo de Agroecología Sustentabilidad y Medio Ambiente, Instituto Tecnológico Centro Sur, Universidad Tecnológica (UTEC), Uruguay

*Autor de correspondencia: iantadich@gmail.com

Resumen: La producción y manejo de porotos (*Phaseolus lunatus* y *P. vulgaris*) en Uruguay es realizada por productores familiares a partir de variedades criollas. El Banco de Germoplasma de Facultad de Agronomía, UdelaR (BG-FAgro) conserva una importante colección generada a partir de las colectas realizadas entre los años 1985 y 1986. La mayor parte de estas accesiones carecen de caracterización y por tanto se desconoce la diversidad de las variedades conservadas. El objetivo de este trabajo es caracterizar dicha colección mediante descriptores fenotípicos de flor, vaina y grano. Se caracterizaron 25 accesiones: 7 de *P. lunatus* y 18 de *P. vulgaris*; evaluando 5 caracteres de vaina; 3 de grano y 2 de flor de acuerdo a IPGRI (2001). Para el análisis de los datos se utilizaron las modas de cada descriptor. En *P. lunatus* la característica con más variación fue: Forma del grano con 3 categorías, oval achatada (11) fue la más frecuente (57%). En tanto 3 características no variaron: Color más claro del grano: Blanco, Color más oscuro del grano: Sin color más oscuro y Color de la vaina madura: Marrón. Para *P. vulgaris* la característica con más variación fue: Color más claro del grano con 7 variaciones: Crema (más frecuente 44%). Las características con menos variación fueron: Posición de los racimos con vainas con 2 variaciones: Distribución homogénea (más frecuente 89%). Sección transversal de la vaina con 2 variaciones: Elíptica redondeada (más frecuente 78%). Para *P. lunatus* la mitad de las características presentaron variación entre las accesiones evaluadas. Para *P. vulgaris* todas las características presentaron variación entre las accesiones evaluadas. Este trabajo significa el primer estudio de diversidad de la colección de porotos del BG-FAgro, donde se demuestra que todas las accesiones presentan diferencias.

Palabras clave: Banco de Germoplasma; porotos, variedades criollas.

Agradecimientos: a los productores que donaron sus semillas y las conservan, Facultad de Agronomía (UdelaR) y UTEC por la colaboración prestada para este trabajo.

Modelado de la distribución actual y futura de *Solanum chilense* frente al cambio climático: recomendaciones para su conservación

Lorca, F.¹, Gangas, J.¹, y Tapia, G.^{2*}

¹Facultad de ciencias, Universidad del Bío-Bío, Sede Chillan, Chillan, Chile; ²Unidad de Recursos Genéticos, INIA-Quilamapu, 515 Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: gtapia@inia.cl

Resumen: *Solanum chilense* es una especie herbácea que habita zonas desérticas del norte de Chile. Esta es una especie auto incompatible y un pariente silvestre del tomate cultivado. De esta especie se han obtenido genes de resistencia a enfermedades entre otros. Por tanto, la importancia de la conservación de su variabilidad genética natural cobra relevancia, más aún dado el cambio climático. Este estudio se enfoca en comprender como el cambio climático afectara la distribución de *S. chilense* en el futuro. A su vez, se busca desarrollar estrategias que permitan mitigar el impacto de los cambios ambientales en su hábitat natural, con el fin de preservar su biodiversidad para los requerimientos futuros. En este trabajo se analizaron 144 puntos geográficos de la distribución de *Solanum chilense* en Chile y Perú, utilizando los paquetes “Randomforest” y “dismo” en R, se modeló su distribución bajo los escenarios climáticos Ssp 245 y Ssp 585 para el año 2050. Las variables bioclimáticas utilizadas fueron seleccionadas en base a un mapa de correlaciones utilizando las más alejadas entre sí, lo cual hace que el modelo sea más preciso con sus resultados. Los modelos indican cambios significativos en la distribución de *Solanum chilense* para el 2050. En general, se obtuvo una reducción en su distribución geográfica. Sin embargo, estos cambios son más drásticos en los valles y zona precordillerana que lo observado en las regiones más cercanas a la costa. A partir de estos resultados, se propone desarrollar una propuesta de conservación que involucre proteger la especie en su hábitat natural pero dentro de áreas silvestres protegidas. Así también se propone preservar su diversidad genética mediante la conservación de semillas en bancos de germoplasma. Estas estrategias buscan mitigar los impactos del cambio climático y preservar la biodiversidad de la especie para futuros requisitos de mejoramiento e investigación.

Palabras clave: *Solanum chilense*, cambio climático, conservación, modelado de distribución, escenarios climáticos.

Agradecimientos: Subsecretaría de Agricultura proyecto 501453-70.

Colección Chilena de porotos: Consideraciones en el estudio y caracterización de su diversidad para la seguridad alimentaria futura

Tapia, G.^{1*}, Mendez, J.¹, y Venegas, F.¹

¹Unidad de Recursos Genéticos, INIA-Quilamapu, 515 Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: gtapia@inia.cl

Resumen: La especie *Phaseolus vulgaris* tiene su origen en América, siendo su domesticación datada de forma paralela en las regiones de Mesoamérica y Andina hace alrededor de 8000 años. Distintos países de América Latina mantienen colecciones de germoplasma de *P. vulgaris* así como de sus parientes silvestres. La colección chilena de porotos ha sido conformada en base a colectas realizadas sobre el territorio chileno desde la década de los 80. Esta se encuentra constituida fundamentalmente por *P. vulgaris*, no existiendo representantes ni parientes silvestres dentro de ella. Las más de 1000 accesiones que conforman la colección son diversas en colores, tamaños y pesos, así como también en caracteres fenológicos. Dentro de esta colección se encuentra representada la raza Chile, siendo algunos de sus representantes las variedades: tórtola, sapito y coscorrón. A pesar que la colección chilena tiene un origen en colectas dentro de nuestro territorio nacional, es diversa en lo que respecta a su origen primario, lo cual ha sido evidenciado gracias a análisis de genotipado mediante el chip BARCBear12K_3 Infinium SNP array, así como mediante secuenciación masiva DARTseq. Distintos criterios se han utilizado para la selección de variedades y su caracterización dentro de la colección de porotos. Entre los estudios realizados sobre estos materiales se cuentan la composición nutricional, culinaria, así como composición química de compuestos fenólicos. Dentro de estos últimos, se han identificado genes relacionados con las síntesis de flavonoides. A su vez, un grupo de variedades diversas en su origen primario han sido evaluadas en relación a la tolerancia a sequía y los posibles mecanismos asociados. Los aspectos metodológicos considerados en las evaluaciones parecen ser fundamentales en los resultados obtenidos y son discutidos en este trabajo.

Palabras clave: Colección germoplasma, Flavonoides, Genotipado, Tolerancia sequía, Poroto.

Agradecimientos: Subsecretaría de Agricultura proyecto 501453-70. Proyecto Fortalecimiento al Desarrollo Científico de Centros Regionales-ANID R20F0001CEAP. Comunidad de práctica para América Latina y el Caribe, CIAT-CIMMYT.

Genomic analysis of two medicinal plants from Colombia: *Lippia alba* and *Petiveria alliacea*

Tarazona-Pulido, L.^{1,2*}, Rugeles-Silva, P.A.^{1,2}, Cardona Tobar, K.M.^{1,2}, Díaz-Ariza, L.A.², Muñoz Florez, J.E.¹, and López-Alvarez, D.¹

¹Universidad Nacional de Colombia, Palmira; ²Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá

*Corresponding author: ltarazonap@unal.edu.co

Summary: Understanding the genetics of different species of medicinal plants is the starting point for comprehending gene activities related to the synthesis of secondary metabolites that provide medicinal and pharmacological potential to many of them. Currently, methodologies like the DNA sequencing technique associated with restriction sites (RADseq) enable us to explore the genomes of these species and identify single nucleotide polymorphisms, which serve as tools to evaluate and understand the genetic and structural mechanisms of genomic regions in various species. Medicinal species such as *Lippia alba* and *Petiveria alliacea* are known for their antitumor activities, among other pharmacological potentials. This makes them potential candidates for establishing cultivation practices to harness these potentials. However, there is a lack of information regarding their genetic structure, which hinders their development due to the unknown genetic and population behavior. In this study, we conducted an analysis of genetic diversity and population structure using leaf samples from 17 individuals of the *L. alba* species from the Tolima, Putumayo, and Valle del Cauca departments, and 31 individuals of *P. alliacea* from the Tolima, Cundinamarca, Boyacá, and Valle del Cauca departments. We constructed libraries using the PST1 restriction enzyme with the RADseq technique. For *L. alba*, we obtained 3.8GB of raw data, where were retained 17,036 loci and identified 4,572 SNPs in 16 samples, revealing a genetic variation of 5.19% ($p < 0.001$) between two genetic groups; some individuals from Tolima and Valle del Cauca showed a mixture of clusters, while all individuals from Putumayo fell within the same genetic group. For *P. alliacea*, we obtained 16GB of raw data, retained 6,395 loci, and identified 3,291 SNPs, with a 75% variation by four genetic groups and minimal genomic similarity between samples from the Valle and Cundinamarca departments ($p < 0.001$). It was evident that *P. alliacea* exhibits more genetic structuring than *L. alba*, which may be related to their reproductive modes.

Keywords: RADseq, PST1, Omics, SNPs, Genetic diversity, Population structure.

Acknowledgments: We would like to express our gratitude to MINAMBIENTE and the Pontifical Javeriana University - GAT program for their support.

Marcadores microsatélites de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) utilizados en la caracterización molecular de accesiones de cañahua (*C. pallidicaule* Aellen) del Banco de Germoplasma de granos altoandinos del INIAF

Veramendi, S.^{1*}, Huanca, N., e Hinojosa, L.²

¹Laboratorio de biología Molecular, INIAF, Cochabamba, Bolivia; ²Banco de Germoplasma de Granos Altoandinos, INIAF, Cochabamba, Bolivia

*Autor de correspondencia: silene.veramendi20@gmail.com

Resumen: La cañahua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen), conocida también como kañahua o cañiwa, pertenece a la familia Chenopodiaceae. Es una especie que tiene su origen en el altiplano boliviano, muy importante para la seguridad alimentaria por su alto contenido en proteínas. De ahí surge la necesidad de caracterizar su diversidad genética a nivel molecular usando marcadores microsatélites (SSR), de elección para este fin por ser altamente polimórficos y co-dominantes, además de transferibles entre especies relacionadas. Por lo tanto, este trabajo tiene por objetivo probar la transferibilidad de algunos SSR diseñados para quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) en accesiones de cañahua y conformar un conjunto de marcadores SSR informativos en este cultivo. De un total de siete microsatélites de quinoa evaluados, cuatro amplificaron ADN de accesiones de cañahua: QCA005, QATG093, QCA093 y QAATG1. Con ellos se realizó una evaluación preliminar de la diversidad genética de la colección estudiada (N° de accesiones estudiadas). El ADN total fue extraído de folíolos mediante el protocolo CTAB (bromuro de Hexa decil trimetil amonio) de Doyle & Doyle (1990). y se cuantificó por electroforesis en geles de agarosa al 1%. Se realizó la amplificación por PCR con los cuatro marcadores en ciclos de desnaturalización a 94°C por 1 min, hibridación (52 PC y 55 ° C) por 45 seg, y elongación a 72°C por 1 min. Los datos se analizaron utilizando el programa NTSys.pc 2.10. Los resultados mostraron que estos microsatélites presentan un alto nivel de polimorfismo, con valores de PIC (índice de contenido polimórfico) mayores a 0,50, siendo el marcador QCA005 el más polimórfico, con un PIC de 0,76. Se observaron 17 alelos en estas accesiones, con un tamaño entre 120 y 236 pb. El análisis de conglomerados reveló una estructura genética de la población separada en dos grupos bien definidos.

Palabras clave: Microsatélite, *Chenopodium quinoa* Willd., *Chenopodium pallidicaule* Aellen, diversidad genética, transferibilidad.

Conservation of plant genetic resources at Embrapa Tabuleiros Costeiros

Cruz da Silva, A.V.^{1*}, Neves Muniz, E.¹, da Silva Ledo, A.¹, da Silva Júnior, J.F.¹, Albuquerque Rangel, J.H.¹, Marques de Carvalho, L.¹, Nassau Costa, E.F.¹, and Lopes de Souza, J.¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Brazil

*Corresponding author: ana.veruska@embrapa.br

Abstract: The conservation of genetic resources is a strategic theme within the Brazilian Agricultural Research Corporation (Embrapa). This work aimed to report on the plant germplasm preserved by Embrapa Tabuleiros Costeiros (CPATC). There are nine plant Active Germplasm Banks (AGB): Genipap (*Genipa americana* L.), Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes), Gliricidia (*Gliricidia sepium* (Jacq.) Steud), Moringa (*Moringa oleifera* Lam), Jureminha (*Desmanthus* sp.), Coconut (*Cocos nucifera* L.), Sugarcane (*Saccharum*) and Indian neem (*Azadirachta indica* A. Juss), as well as, medicinal, aromatic, and spice plants. In addition, there is the *in situ* conservation research with Cambuí tree (*Myrciaria floribunda* (H.West ex Willd.) O. Berg.) and the work-collection of yam (*Dioscorea cayanaensis* Lam.). The AGBs are distributed across five experimental field units, involving areas of humid coastal tablelands and restinga, and the savannah-like agreste and sertão. The number of accessions varies from 4 (Neem) to 32 (Mangaba). The oldest, and the one with the largest number of individuals, is the Coconut AGB, with activities beginning in 1982 and composed of 2300 plants representing 27 accessions, including duplicates. The most recent is the Gliricidia AGB, created in 2023, with 96 plants representing 14 accessions. The characterization of accessions uses morphological, agronomic, ecophysiological, physicochemical, and molecular descriptors. In 2018, a manual of descriptors for Mangaba was published in partnership with Biodiversity International. In 2020, the descriptors manual for Genipap was also published to standardize the characterization of these genetic resources. Several other technical-scientific publications are available in various databases, and passport information was registered in Embrapa's Alelo system. These actions facilitate the exchange of germplasm and enable the development of research by other institutions.

Keywords: *Genipa americana*, *Hancornia speciosa*; *Myrciaria floribunda*; *Gliricidia sepium*; *Moringa oleifera*; *Desmanthus* sp.; *Cocos nucifera*; *Saccharum*.

Acknowledgment: Embrapa (10.20.02.012.00.05.001); CNPq (313273/2021-9).

Ex situ conservation and application of descriptors in the characterization of Genipap genebank

Cruz da Silva, A.V.^{1*}, Alves Santos, C.², Silva Santana, J.G.³, da Silva Ledo, A.¹, Neves Muniz, E.¹, and Lopes de Souza, J.¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Brazil; ²Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, Brazil; ³Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, Brazil

*Corresponding author: ana.veruska@embrapa.br

Abstract: The Genipap (*Genipa americana* L.) is a fruit species from the Rubiaceae family. It is widely distributed in Brazil and has important nutritional and ecological properties; however, it is not yet domesticated. This work aimed to evaluate the enrichment, development, and characterization of accessions from the Genipap Genebank of Embrapa Tabuleiros Costeiros. The genebank is located in the municipality of Nossa Senhora das Dores, Sergipe, Brazil, and comprises 28 accessions represented by 254 individuals. Fifteen descriptors (botanical, morphological, and growth) and five morphometric indices were employed in the evaluation. In addition, there was the enrichment and survival rate analysis over the 13 years of its existence. There was success in enrichment, maintenance, and diversity strategies. Except for two accessions, which had only 50% survival, the others had rates above 80%. A smooth bark phenotype was only observed in the *G. infundibuliformis* from the Recôncavo Baiano (BA) region. The presence of trichomes and horizontal branching were specific to the CV accession, which also presented the highest average height. The CV is an accession of the *G. americana* L. species from a natural population in the municipality of Cascavel, Ceará. The age of the plants varies from 3 to 14 years and, therefore, the variation in the growth descriptors, such as height, which ranged from 0,57 to 5,47, and the area of the tree crown, from 0,64 to 12,12m. There was also a variation for all the morphometry data. The accession BRC, from only 3 years, stands out for showing values above average (57%) for the proportion of the tree crown, even when compared with older accessions. Knowledge of the descriptors and existing diversity in the germplasm bank will support conservation strategies and direct future research.

Keywords: *Genipa americana* L., genetic resources, morphometry.

Acknowledgment: Embrapa (10.20.02.012.00.05.001).

Evaluación de la respuesta a tizón tardío (*Phytophthora infestans*) en una colección núcleo de parientes silvestres de la papa del Uruguay

Vique, B.^{1*}, Hernández-Lista, N.¹, Núñez, N.¹, Rodríguez, G.², González-Arcos, M.², Valle, D.², Moreira, V.¹, Galván, G.¹, Vilaró, F.¹, González-Barrios, P.¹, y Gaiero, P.¹

¹Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay; ²Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Uruguay

*Autor de correspondencia: 1brunovique@gmail.com

Resumen: El cultivo de papa (*S. tuberosum*) es el principal cultivo hortícola en Uruguay. La mayoría de los cultivares son susceptibles a diversos patógenos, por lo que la búsqueda de fuentes de resistencia es un desafío actual. Una de las principales enfermedades es el tizón tardío, causado por *Phytophthora infestans*, causa de 10-15% de pérdidas y costos económicos-ambientales por aplicaciones químicas. Los parientes silvestres son una fuente de genes de resistencia. Uruguay cuenta con una gran colección de parientes silvestres de la papa de todo el país y una colección núcleo está siendo caracterizada. En este trabajo se presentan resultados de evaluaciones en la colección núcleo de parientes silvestres y materiales del programa de premejoramiento de INIA en respuesta al tizón tardío en ensayos a campo y en condiciones controladas. Se realizaron 2 ensayos a campo (DBCA), ciclo de otoño 2022 y 2023 en INIA Las Brujas. Para la inoculación se utilizó surcos infectivos del cultivar susceptible Chieftain. A su vez se realizaron 2 ensayos en condiciones controladas: hoja desprendida y planta entera en maceta, realizados en solarío. En el ensayo de hoja desprendida se evaluaron hojas tomadas de plantas de 43 genotipos, colocadas en placa de Petri. Para el ensayo en maceta se seleccionaron 19 genotipos a partir del ensayo de hoja desprendida, materiales resistentes, medianamente resistentes y susceptibles. Se realizaron 3 repeticiones inoculadas y 1 testigo por genotipo. La inoculación fue con una suspensión de $1,5 \times 10^4$ esporangios/mL de una cepa caracterizada. La variable de respuesta fue el AUDPC, estimada en base a severidad. Los resultados muestran una respuesta diferencial de los genotipos con un rango variable desde materiales muy susceptibles a tolerantes, con una mayor correlación de los ensayos a campo con el ensayo en maceta que con hoja desprendida. En base a resultados preliminares, estos materiales muestran potencial para ampliar la base genética del cultivo en cuanto a su resistencia al tizón tardío.

Palabras clave: germoplasma nativo, *Solanum commersonii*, *S. malmeanum*, *S. chacoense*.

Agradecimientos: Comisión Sectorial de Investigación Científica, Udelar – CSIC I+D_2020_462.

Sección 2
Innovaciones
desarrolladas a partir de
los recursos
fitogenéticos para hacer
frente a los efectos del
cambio climático



Conferencia magistral

Recursos genéticos de tomate, sus microorganismos y cambio climático: un prospecto de investigación para los desafíos futuros

González, M.^{1*}, Salazar, E.², Donoso, A.³, Alfaro, A.¹, Pasten, P.¹, Muñoz, A.¹, Salfate, V.², Rodríguez, R.¹, Cortés, C.¹, Stoll, A.¹

¹Laboratorio de Microbiología Aplicada, Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Raul Bitrán 1305, La Serena, Chile; ²Unidad de Recursos Genéticos y Banco de Germoplasma La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Av. Santa Rosa 11610, Santiago, Chile; ³Laboratorio de Hortalizas, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Av. Santa Rosa 11610, Santiago, Chile

* Autor de correspondencia: maximo.gonzalez@ceaza.cl

Resumen: El Cambio Climático conlleva un aumento en severidad y frecuencia de las sequías, siendo necesario implementar estrategias que permitan el desarrollo de cultivos bajo estas condiciones. El fenotipo de un cultivo responde a su genética, factores ambientales y a las comunidades microbianas que le habitan. Las variedades tradicionales pueden aportar rasgos genéticos claves para la tolerancia al estrés hídrico, así como también, las comunidades microbianas que en ellos habitan. Nuestro trabajo analizó la diversidad genética de 156 accesiones de tomate (*Solanum lycopersicum*) mediante ddRAD, identificándose ~ 10.000 SNPs. A su vez, se determinó que 12 accesiones abarcan el 99,9% de los alelos de la colección (*core* genética). A continuación, un ensayo de estrés hídrico en campo fue realizado usando la *core*, 2 accesiones “tolerantes” y una variedad comercial. El experimento consideró un diseño de 3 bloques al azar con tratamientos de riego al 100% (control) y 50% (estrés). De los parámetros evaluados diámetro del tallo, diámetro del raquis, rendimiento, presentaron diferencias significativas producto del genotipo (G) y del estrés (E), mientras que dos accesiones presentaron interacción G × E. Al término del ensayo, se realizó un pool de raíces de cada a cesión y tipo de riego. El gen ribosomal 16S (región V3-V4) fue secuenciado para determinar tasas microbianas presentes en muestras rizosféricas y endófitas de raíz. Efectos del genotipo, del estrés hídrico o su interacción, se observaron en la estructura y diversidad de ambas comunidades bacterianas, destacando una de las accesiones que previamente presentó interacción. Nuestros resultados sugieren una contribución positiva de las comunidades bacterianas en respuesta al estrés, revelando su importancia para futuros estudios.

Palabras clave: Holobionte, Comunidad Microbiana, Estrés Hídrico, GxE, core de diversidad, SNPs.

Agradecimientos: Fondecyt Iniciación No. 11200702, Fomento Vinculación Internacional FOVI220099, Conservación de Recursos Genéticos INIA-MINAGRI 501453-70.

Ponencias orales

Manejo de la vegetación nativa para la conservación *in situ* de los palmares de butiá en tiempos de cambio climático

Sosinski, E.^{1*}, Raguse-Quadros, M.², y Urruth, L.³

¹Embrapa Clima Temperado, Brasil; ²Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil; ³Secretaria do Meio Ambiente e Infraestrutura do RS, Brasil

*Autor de correspondencia: enio.sosinski@embrapa.br

Resumen: Palmeras del género *Butia* aparecen en agregados naturales, formando ecosistemas denominados de palmares (butiazais). Este trabajo tiene el objetivo de discutir cómo conservar los palmares frente a las necesidades de producción ganadera de las propiedades rurales en Argentina, Brasil y Uruguay. Fueron realizadas evaluaciones con imágenes de satélite, caracterización de la densidad de palmas y presencia de bosque nativos en un palmar conservado en una estancia en el sur de Brasil. Las 236,35 hectáreas de este butiazal llevan más de 100 años dedicadas a la ganadería. Esta zona del bioma Pampa se encuentra en situación de ecotono con formaciones forestales de Mata de Restinga que tienden a expandirse sobre el campo con palmas (butiazeiros), provocada principalmente por especies de *Myrsine* y *Eugenia*, propias de estos bosques. El proceso de invasión se ha incrementado debido al cambio climático y se inicia en regiones cercanas a los bordes del bosque y en zonas con mayor densidad de palmeras, ocupando el espacio de la vegetación de pastizal del palmar. Cuando la invasión alcanza grandes áreas, promueve la degradación del palmar, empobreciendo este extracto herbáceo y dando sombra a palmeras centenarias, que entran en senescencia y muerte. Además, hace inviable el proceso natural de renovación de las palmas. En los últimos 11.000 años los ciclos de expansión y contracción de los bosques sobre palmares en el bioma Pampa estuvieron relacionados con variaciones climáticas y regímenes de perturbaciones naturales, como incendios. Los regímenes actuales de perturbación natural se han alterado y las acciones humanas han generado una severa pérdida de hábitat, resultando en alta amenaza para estos ecosistemas en tiempos de cambio climático. En el palmar de la estancia evaluada, sólo el pastoreo y la siega no ha sido suficiente para evitar la pérdida de área, exigiendo controlar la invasión, aunque se trata de un proceso natural, desencadenado por especies forestales nativas. De 2001 a 2021 se registró un aumento de 40 hectáreas de vegetación forestal en la zona del palmar. Por lo tanto, la presencia de ganado se considera beneficiosa si se realiza de acuerdo con las capacidades de soporte forrajero. Pero no basta para garantizar la preservación del palmar. Esto requiere manejo ganadero y control esporádico del establecimiento de otras especies arbóreas nativas y exóticas.

Palabras clave: Recursos fitogenéticos, ecosistemas, Arecaceae.

Agradecimientos: CNPq, CAPES, Funbio/GEF Terrestre, MMA, CPFL/RGE.

Estrategias para poner a los recursos fitogenéticos al servicio de una agricultura resiliente al cambio climático

Bustos-Korts, D.^{1*}

¹Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias y Alimentarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

*Autor de correspondencia: daniela.bustos@uach.cl

Resumen: Los programas de mejoramiento vegetal se basan en el estudio de la variabilidad genética natural de una especie, identificando parentales que tienen características adaptativas deseables para un ambiente productivo de interés. Luego, se realizan cruzamientos para generar una progenie que combine estas características. Para que parte de esta progenie sea recomendada como futura variedad a los agricultores, es fundamental evaluar su desempeño en distintos ambientes, estimando tanto su desempeño general, como su sensibilidad a las condiciones de clima, suelo y manejo agronómico relevantes para un sistema productivo de interés. Estas sensibilidades se evalúan en ensayos (usualmente, un número de localidades y años), que representan las condiciones ambientales de la agricultura del presente. Sin embargo, el desarrollo de nuevas variedades tarda aproximadamente diez años para especies de cultivos anuales (y mucho más para frutales). Por lo tanto, puede que las evaluaciones realizadas en el presente no representen adecuadamente las condiciones ambientales que enfrentarán las variedades cuando sean cultivadas por los agricultores. Los modelos de predicción (predicción genómica acoplada a modelos de cultivo) tienen como objetivo explorar combinaciones de genotipo-ambiente-manejo que tienen alta probabilidad de ocurrencia en el futuro, prediciendo las posibles respuestas de los genotipos a estos ambientes. De esta forma, los modelos informan las decisiones de mejoradores, para que estos puedan utilizar los alelos relevantes para adaptación al clima del futuro. Este trabajo discutirá las oportunidades que se presentan al aplicar modelos predictivos a la selección de variedades adaptadas al cambio climático, valorizando el germoplasma existente para aumentar la resiliencia de los cultivos. Se ilustrarán estos conceptos mostrando ejemplos en trigo.

Palabras clave: modelos de predicción, interacción genotipo-ambiente-manejo, cambio climático.

Parientes silvestres de alfalfa provenientes de ambientes afectados por severas sequías, para la adaptación al cambio climático de la ganadería de Chile Mediterráneo

Ovalle, C.¹, Inostroza, L.¹, del Pozo, A.², Barahona, V.¹ y Espinoza, S.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán, Chile; ²Facultad de Agronomía, Universidad de Talca, Talca, Chile

*Autor de correspondencia: covalle.inia@gmail.cl

Resumen: La estrategia para el mejoramiento de la sustentabilidad de los sistemas de ganaderos en el secano Mediterráneo de Chile estuvo basada por cuatro décadas en el estudio de los recursos pastorales aportados por el espinal (*Acacia caven*) y en la introducción y domesticación de leguminosas forrajeras anuales. En la última década, y para hacer frente a los desafíos impuestos por el cambio climático, la investigación evolucionó hacia la búsqueda de leguminosas perennes bajo la hipótesis que existen en la flora Mediterránea del mundo especies de leguminosas perennes, como alfalfas, con sistemas radicales profundos que les permitirían tolerar prolongados períodos de sequía. En alianza con los programas Crop Wild Relatives de Crop Trust y Fondecyt, se introdujo una colección de 70 accesiones del complejo *Medicago sativa-falcata*, provenientes de zonas de extrema sequía en Kazajstán, Azerbaiyán, España, Australia, Estados Unidos y Chile. Se estudió la variabilidad fenotípica mediante sensores NDVI, RGB y cámaras térmicas y cómo un período de sequía de 5 a 6 meses en una zona Mediterránea, afecta la persistencia y productividad de las plantas. Se encontraron dos accesiones de híbridos de *Medicago arborea* × *M. sativa*, (AF3448 y AF3347), los cultivares Génesis y Venus, las accesiones APG44669 y APG6567 y los cultivares ancestrales Aragón de España y Alta Sierra de Chile, que mostraron una alta tolerancia a la sequía y producción de forraje. Por último, se estableció una red de ensayos en un gradiente de aridez en Chile Central, para determinar el valor agronómico de las 8 líneas candidatas de alfalfas tolerantes a sequía. Resultados preliminares muestran que la línea AF3448 exhibe un comportamiento agronómico igual o superior a los testigos comerciales. Actualmente se encuentra en ejecución el registro de 2 variedades de alfalfa con comprobada tolerancia a la sequía.

Palabras clave: *Medicago spp.* Tolerancia sequía, alfalfa, secano.

Agradecimientos: Investigación financiada por INIA, Fondecyt 1180821, Crop Trust GS19001, FIA PYT-2020-1423.

Water crisis in Uruguay and the conservation of landraces

Vidal, R.¹, Vaio, M.², and de Almeida, N.³

¹Lab. de Fitotecnia y Recursos Genéticos Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía – Udelar, Montevideo, Uruguay; ²Lab. Evolución y Domesticación de las Plantas, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía – Udelar, Montevideo, Uruguay; ³Grupo de Agroecología, Sustentabilidad y Medio Ambiente, ITR Centro Sur, UTEC, Durazno, Uruguay

* Corresponding author: rvidal@fagro.edu.uy

Summary: The last water crisis from 2022 to 2023 in Uruguay was caused by a drought triggered by *La Niña* phenomenon and exacerbated by an increase in extreme temperatures. This drought resulted in the largest water deficit in 74 years and led to an agricultural emergency that continues to affect local farmers. In Uruguay, some crops, such as beans and peanuts, are exclusively grown using landraces. Furthermore, in other crops like maize and squash, specific dishes and uses require landraces. These varieties are conserved by family farmers, and their harvest is essential to ensure the seed availability for the following year. The water crisis has not only reduced crop yields but has also had other adverse effects, including genetic erosion, losses of cultural heritage, and sovereignty associated with the loss of landraces conserved by farmers. Despite the importance of preserving these landraces, there is currently no official data available concerning the impact of events like the water crisis on the conservation of these invaluable crop varieties in Uruguay. To assess the impact of the water crisis on the preservation of landraces, surveys were carried out via an online form to families of farmers involved in conserving these landraces. These families had been previously contacted for surveys of landraces of corn, peanuts, and beans before the onset of the drought. A total of 63 responses were obtained from seven departments of Uruguay, and 23 (37%) reported the loss of at least one landrace. Only two responded that they obtained enough production for self-consumption, and three managed to obtain enough to plant the next year. None of the respondents obtained enough yield to distribute or market. Other three families were visited, two barely obtained seeds for the next harvest, and another could not harvest anything but retained seeds. Based on these responses, it was concluded that the water crisis in Uruguay had a significant impact on the conservation of landraces. Furthermore, seeds of landraces were replenished in 10 cases from reserves conserved in the germplasm bank of the Facultad de Agronomía. The study emphasizes the importance of including information on the conservation of landraces in official surveys to establish measures for preserving these invaluable genetic resources.

Keywords: *In situ* conservation; seeds; genetic resources; erosion, germplasm bank

Acknowledgment: to all the farmers who collaborated with the work and conserve the agrobiodiversity.

Genetic pathways from extremophile plants: new approach for crops genetic engineering to abiotic stress tolerance

Gómez-Espinoza, O.¹, Carrer, H.², Abanto, M.¹, Reyes Díaz, M.¹, Gajardo, H.¹, Villena, K.¹, and Bravo, L.A.^{1*}

¹Universidad de La Frontera, Temuco, Chile; ²University of São Paulo, Piracicaba, Brazil

*Corresponding author: leon.bravo@ufrontera.cl

Abstract: Plants are sessile organisms, unable to hide or escape from their environment. Therefore, to thrive in Earth's extreme environments, plants have developed morphological, physiological, and molecular traits that grant them the ability to withstand such harsh conditions and continue to grow and reproduce. A delicate balance exists in nature between plant productivity (growth and photosynthesis) and stress tolerance due to limited resources. While most plants struggle to balance the two, a select group, called outliers, maintains significant stress tolerance without compromising photosynthesis. We've identified these remarkable outlier species thriving in Antarctica, arid Chilean deserts, and high mountains. These plants are intriguing because they've evolved efficient protective strategies that allow for high primary production, making them promising candidates for increasing crop tolerance to drought and other climate change-related factors while preserving productivity. This is a pressing challenge as we strive to ensure food security for the coming century. Our research focused on the genes associated with stress tolerance in these extremophile species. By studying outlier species like *Deschampsia antarctica*, *Colobanthus quitensis*, and *Strombocarpa tamarugo* in optimal and stress conditions (drought), we assessed their gene co-expression networks using transcriptomics and physiological traits. This analysis identified key genes linked to outlier traits. These candidate genes, once selected, underwent testing and validation using genetic engineering approaches (transgenic or CRISPR- Cas) on plants such as *Nicotiana tabacum*, *Solanum lycopersicon*, and *Saccharum officinarum*. This allowed us to examine how these mutations affect stress tolerance and productivity. Our strategy relies on high-throughput transcriptomics, facilitating the quantification of thousands of genes and proteins within "outlier extremophile targets." Transcriptome profiles offer insights into the regulation of metabolic networks under stress conditions, ultimately validating these candidate genes in a transgenic approach.

Keywords: transcriptomics; extremophile; food security; abiotic stress.

Acknowledgments: This research was supported by the project: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo—Universidad de La Frontera (2020/07578-1). O.G.-E. was funded by ANID Fondecyt Postdoctorado N°3230521.

**Ponencias
en formato póster**

Metodología para el desarrollo comercial de bioinsumos en base a microorganismos: modelo hongos endófitos Endomix®

Barra-Bucarei, L.^{1*}, Parra Andrades, K.¹, Ortiz-Campos, J.¹, y Parra Henríquez, P.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Av. Vicente Méndez 515, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: lbarra@inia.cl

Resumen: El mundo se encuentra bajo un régimen climático que cambia rápidamente, a consecuencia de la generación de gases de efecto invernadero, los agricultores enfrentan fenómenos meteorológicos severos de forma frecuente e intensa, afectando su producción, además de facilitar la aparición de nuevas y más agresivas plagas y enfermedades. Frente a este preocupante y complejo escenario es fundamental transitar rápidamente hacia sistemas productivos agrícola más resilientes donde los microorganismos benéficos son grandes aliados. Dado lo anterior, el INIA, a través del Centro Nacional de Bioinsumos (CeNBI), diseñó e implementó una metodología para el desarrollo comercial de bioinsumos en base a hongos endófitos denominada Endomix®. Esta metodología consideró ocho etapas, que se inició con la exploración de alrededor de 150 candidatos (cepas hongos), la realización de pruebas preliminares de colonización endofítica, eficacia de su acción de biocontrol y de promoción de crecimiento, junto con las pruebas del potencial de escalamiento industrial de los candidatos, lo que redujo el número inicial a 20 cepas. Posterior a la evaluación a nivel de laboratorio y campo, y confirmado su potencial de escalamiento, se seleccionaron dos cepas de *Beauveria* spp. que constituyeron el producto Endomix B1, que junto con aumentar la resistencia de las plantas frente a patógenos como *Botrytis cinerea* y *Neofusicoccum* spp., promueve el crecimiento vegetal de especies como tomate y arándanos. Después de nueve años de I+D Endomix B1 se encuentra en el mercado nacional e internacional (TRL 9), siendo el único producto en base a hongos endófitos, lo que valida la metodología desarrollada en el CeNBI.

Palabras clave: biocontrol, endófitos, bioinsumos, microorganismos benéficos.

Agradecimientos: Startup Ciencia SUC220091 (ANID).

Isolation and microbiological characterization of lactic acid bacteria from organic fruits and vegetables from Maule region

Barros Díaz, V.¹, Mamani Challapa, M.¹, and Valdés Vergara, C.^{2*}

¹Laboratorio de Bioprocesos, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

*Corresponding author: cvaldesv@ucm.cl

Abstract: Lactic acid bacteria cover a large number of genetically related microorganisms, and share characteristics such as the production of lactic acid as the main metabolite. According to their classification, can be homo - or heterofermentative. They are of great importance in the food industry because they are responsible for altering the characteristics of certain foods, such as smell, taste and texture; they act as antimicrobials, which positions them as microorganisms of great interest given their applications. The purpose of this research was to determine the presence of lactic acid bacteria on the surface of fruits and vegetables marketed in the Maule region to detect bacteria with potential industrial use (for example production of bioplastic) and thus value the regional identity, giving it an added value when marketed. Biochemical tests were carried out on samples of fruits and vegetables of organic origin from the region, which were beet, strawberry, radish and cherry tomato, to determine if those samples collected belonged to lactic bacteria. To develop the tests, initial cultures were obtained from the surface of the sample using a sterile swab. The bacteria were subcultured and isolated, and three colonies from each culture plate were subsequently characterized to determine the existence of the same type of bacteria present. The results coincide with the characteristics of lactic acid bacteria, such as Gram-positive staining, negative catalase activity, fermenting different carbohydrates, such as glucose, sucrose, and fructose, and producing moderately strong acids such as lactic and acetic acid, as indicated by the literature and authors. Finally, isolated colonies were obtained from all the samples used, with those from beets showing the best results in growth and production of lactic acid, which was measured by HPLC, obtaining amounts comparable to those recorded for commercial lactic acid bacteria, ranging from 6 to approximately 20 g/L between samples. Finally, lactic acid bacteria do exist on the surface of fruits and vegetables marketed in the Maule region.

Keywords: lactic acid bacteria, lactic acid, microbiological characterization, valorization of microorganisms from Maule.

Acknowledgements: INES I+D project (Universidad Católica del Maule), for funding to develop the research.

Isolation and characterization of epiphytic bacterial strains from roots of *Lampranthus* spp.

Carvajal, P.¹, Pérez, J.¹, Rojo, J.¹, Lobera, F.¹, and Mercado-Seguel, A.^{1*}

¹Laboratorio de Biotecnología, Departamento de Biotecnología FACIMAR, Universidad de Antofagasta, Chile

*Corresponding author: ana.mercado@uantof.cl

Abstract: *Lampranthus* spp. is a xerophytic succulent belonging to the Aizoaceae family that is used for ornamentation in the city of Antofagasta and grows in saline sandy soils, poor in nutrients such as nitrogen, so it is possible that the microflora of the soil, associated with its rhizosphere, could help its growth. Some researchers have reported that among soil microorganisms, there are epiphytic bacteria that act as “Plant Growth Promoting Bacteria” (PGPB). Some can fix nitrogen, solubilize phosphate, or produce hormones that can help plant growth. The objective of this work was to isolate and characterize bacterial strains from roots of *Lampranthus* spp. To achieve this, microbiological, biochemical, and molecular methods were used. Twenty bacterial strains were isolated in Jensen's medium, free of nitrogen. They were characterized by morphological and biochemical analysis. The results indicated that the predominant morphology was Gram-negative bacilli. Using the API 20E kit for biochemical assays, the metabolic characteristics were studied, finding that 50% were positive to the ONPG (hydrolysis of o-nitrophenyl-b-D-galactopyranoside) and GEL (gelatin liquefaction) tests, 30% of the strains were positive for MAN (fermentation of mannitol) and NO₂ production, and one of the bacteria has the enzyme tryptophan deaminase, which could participate in the metabolism of indole acetic acid. Two strains can solubilize phosphate in Pikovskaya medium. Two strains belong to the genus *Bacillus*, according to a partial sequence of the 16S rDNA gene. The plant growth-promoting effect was characterized by analyzing *Lolium perenne* (ryegrass) seed germination and short-term growth. One of the strains can promote the growth of *Lolium perenne*, because on day 7 post-sowing 58% of seeds treated with this strain were germinated, compared to 22% in control seeds (n=45 per treatment), while the length of the radicle was 1,75 cm and 1,66 cm, respectively, although with a standard deviation of more than 30%. Potentially could be used as a biofertilizer although its effect needs to be studied in detail and on a larger scale, and it is necessary to discuss the use of *Lolium perenne* as a model for screening germination and growth.

Keywords: PGPB, Nitrogen Fixation, Pikovskaya, *Lampranthus* spp., *Lolium perenne*.

Acknowledgment: Project “semillero CR5310” VRIIP -DGI Universidad de Antofagasta, Chile.

Banco de Nemátodos INIA: complejo nemátodo entomopatógeno-bacteria simbiote para el control de plagas de importancia económica en la agricultura

Monje, A.J.¹, Jara, P.M.¹, y Navarro, P.D.^{1*}

¹Laboratorio Ciencia de Insectos, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Vilcún, Chile

*Autor de correspondencia: patricia.navarro@inia.cl

Resumen: La biodiversidad de nematodos entomopatógenos de un país permite entregar a este territorio un abanico de herramientas para el control biológico de plagas de importancia económica, tanto nativas como introducidas. Los nemátodos entomopatógenos (NEPs) son macroorganismos de cuerpo cilíndrico que habitan el suelo y viven en simbiosis con una bacteria, la cual se ubica al interior del cuerpo del nemátodo. Este complejo nematodo-bacteria se reproduce al interior de un insecto matándolo en un periodo entre 48 a 72 horas. Su rango de insectos hospederos es específico dentro del cual desarrollan su ciclo de vida. En 2010 INIA, en colaboración con el CABI, realizaron una colecta a nivel nacional en Chile llamada “Ruta de Darwin” en la cual se aislaron las especies de NEPs *Steinernema feltiae* (Rhabditida: Steinernematidae), *Steinernema unicornum* (Rhabditida: Steinernematidae), *Steinernema australe* (Rhabditida: Steinernematidae) y *Heterorhabditis atacamensis* (Rhabditida: Heterorhabditidae) entre las cuales existen actualmente existen en 132 aislamientos. Este recurso genético nativo se encuentra hasta la fecha en dependencias de INIA y, a partir de 2024, se alojarán en el BANCO DE NEMATODOS de dicha institución en el Centro Regional Carillanca ubicado en Vilcún, Región de La Araucanía. El objetivo de este banco es preservar la biodiversidad de estos NEPs y dar origen a dos líneas de investigación enfocadas en (1) determinar las habilidades del nematodo para buscar e infectar su hospedero y, (2) evaluar la bacteria simbiote como fuente de metabolitos secundarios para el futuro desarrollo de biocidas naturales. En la actualidad estos aislamientos de NEP-bacteria están siendo evaluados para el control de plagas de suelo, incluyendo burritos del género *Aegorhinus* (*A. superciliosus* y *A. nodipennis*), complejo de gusanos blancos (*Hylamorpha elegans*, *Phytoloema herrmanni*) y complejo de cuncunillas negras (*Dalaca* sp.) con el objetivo de buscar soluciones naturales para el manejo de estas plagas. Otras plagas de interés incluyen las especies introducidas *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae), *Otiiorhynchus sulcatus* (Coleoptera: Curculionidae) y *Naupactus xanthographus* (Coleoptera: Curculionidae). A futuro se espera contribuir al uso de este complejo en el manejo de plagas de la zona central y norte de Chile como herramientas en una Estrategia de Manejo Integrado de plagas (MIP).

Palabras clave: Nematodo entomopatógeno, bacteria simbiote, *Steinernema australe*, *Xenorhabdus magdalenensis*, NEP, complejo NEP-bacteria.

Agradecimientos: Esta iniciativa es financiada por el proyecto 503597-71 MINCIEN del Ministerio de Ciencias de Chile.

Caracterización de una Superóxido Dismutasa proveniente microorganismo termófilo *Geobacillus wiegeli* (GWE1) aislado a partir de una estufa de esterilización

Leiva, G.¹, Monsalves, M.¹, y Blamey, J.^{1,2*}

¹Fundación científica y cultural Biociencia. José Domingo Cañas 2280 Ñuñoa, Región Metropolitana;

²Universidad de Santiago de Chile. Av. Alameda Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Estación Central, Región Metropolitana

*Autor de correspondencia: jblamey@bioscience.cl

Resumen: Los organismos extremófilos son organismos capaces de tolerar y sobrevivir condiciones extremas, ya sea de pH, temperatura, salinidad y disponibilidad de agua. Estos microorganismos son capaces de vivir en estas condiciones debido a su especializada maquinaria celular, y enzimas adaptadas a estas condiciones, denominadas extremozimas. Las extremozimas presentan una alta estabilidad a ambientes extremos de reacción. Debido a las características de estas enzimas, tienen múltiples aplicaciones en la industria biotecnológica. Los microorganismos extremófilos son comúnmente aislados de ambientes extremos naturales, como salares, aguas termales, o lagos geotérmicos, sin embargo, estos microorganismos también pueden ser aislados a partir de ambientes antropogénicos que presenten condiciones extremas, como por ejemplo una estufa de esterilización. En este trabajo, se caracterizó una superóxido dismutasa desde una bacteria termófila, xerófila *Geobacillus wiegeli* (GWE1), aislada a partir de una estufa de esterilización. La proteína fue purificada mediante cromatografía de intercambio aniónico y cromatografía de exclusión molecular y posteriormente caracterizada mediante el ensayo de riboflavina-nitroblue de tetrazolium. Cuando el microorganismo fue irradiado con UVA, se observó un aumento de actividad superóxido dismutasa, que se correlacionó con una disminución de los niveles de anión superóxido. Se realizó la secuenciación del genoma y se identificó un gen de superóxido dismutasa en el genoma del microorganismo, el gen fue clonado y expresado en *Escherichia coli*. La enzima recombinante fue purificada mediante ultrafiltración y exclusión molecular, y posteriormente se realizó la caracterización enzimática. La proteína resultante corresponde a una superóxido dismutasa que contiene Mn con un peso molecular de 47kDa, actividad se alcanzó a pH 7,0 y 50°C. La enzima es altamente termoestable, capaz de mantener 46% de actividad residual tras incubación a 50°C durante 64 horas, y más del 64% de su actividad tras 16 horas de incubación a 60°C. Aquí presentamos sus propiedades catalíticas, que demuestran el potencial de los microorganismos extremófilos y los recursos genéticos microbianos como fuente de enzimas de interés industrial, con alta estabilidad y actividad catalítica.

Palabras clave: Superoxide dismutase, thermophilic, sterilization drying oven.

Herramientas -ómicas en el estudio de recursos genéticos bacterianos de la Antártida

Núñez-Montero, K.^{1*}, Madariaga-Troncoso, D.¹, Contreras Rivas, M.J.², Leal Villegas, K.² y Barrientos Díaz, L.¹

¹Facultad de Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile; ²Facultad de Ingeniería, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile

*Autor de correspondencia: kattia.nunez@uautonoma.cl

Resumen: La Antártida es un continente inhóspito y con condiciones extremas. Las bacterias que allí habitan han desarrollado adaptaciones únicas para sobrevivir dichas condiciones. Resultado de ello, pueden ser una fuente valiosa de recursos genéticos con potenciales aplicaciones, en especial en la búsqueda de nuevos productos naturales para uso biomédico y agrícola. Por su parte, los avances recientes en adquisición y análisis de datos -ómicos han sido fundamentales en la explotación de estos recursos, permitiendo profundizar en el conocimiento sobre la genética y metabolismo de los microorganismos. Nuestro grupo de investigación ha indagado en la diversidad de bacterias antárticas, obteniendo una colección con más de 200 cepas, de las cuales se cuenta con el 15% de los genomas completos secuenciados. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue estudiar recursos genéticos microbianos con posibles aplicaciones clínicas y agrícolas de sus moléculas bioactivas a través de la caracterización del genoma y metaboloma de bacterias antárticas. Para esto, se realizaron ensayos de bioactividad contra microorganismos patógenos humanos y fitopatógenos. Además, se estudió el metaboloma de las cepas en distintas condiciones de cultivo mediante extracción orgánica, detección con UHPLC-QTOF-MS/MS y análisis de redes de interacción molecular. Seguidamente se secuenció el genoma de cepas con resultados de bioactividad positivos, utilizando un enfoque híbrido de ensamblaje con las tecnologías Illumina y Oxford Nanopore Technologies. Como resultado se destacó la capacidad de producción de compuestos antimicrobianos en las cepas *Streptomyces fildesensis* So13.3, *Massilia* sp. Dwa41.01b, *Pseudomonas* sp. So3.2b y *Sphingomonas* sp. So64.6b, siendo estas últimas posibles nuevas especies según la comparación de genoma completo con los miembros de sus respectivos géneros; las cuales además presentan elementos genéticos indicativos de adaptación al continente antártico. Debido a que los recursos genéticos de las bacterias antárticas ofrecen un potencial significativo en diversas áreas, actualmente se trabaja en la caracterización por secuenciación de meta-amplicones ARNr 16S de trasplantes microbianos. Se pretende la conservación y aplicación de trasplantes que contengan la diversidad actual de microorganismos de ambientes con bajo impacto antropogénico y con potencial biotecnológico futuro.

Palabras clave: ambiente extremo, microbiología ambiental, extremófilo, herramientas -ómicas, Antártida.

Agradecimientos: FONDECYT-Iniciación 11230475 y FONDECYT-Regular 1210563.

Biological synthesis of ferromagnetic nanoparticles mediated by extremophilic microorganisms

Antúñez, V.¹, Sánchez-San Martín, J.², and Blamey, J.^{2,3*}

¹Laboratorio de Bioquímica de Extremófilos, Universidad Santiago de Chile, Santiago, Chile;

²Fundación Biociencia, Santiago, Chile: ³Laboratorio de Bioquímica de Extremófilos, Universidad Santiago de Chile, Santiago, Chile

*Corresponding author: jenny.blamey@usach.cl

Abstract: The development of new alternatives for the synthesis of nanoparticles (NPs) has been of great interest. Chemical synthesis has traditionally been employed; however, this requires the use of numerous toxic reagents, resulting in the production of environmentally harmful residues. Biological synthesis of nanoparticles has emerged as a promising alternative. The primary objective of this work is to demonstrate the capability of two extremophilic microorganisms, *Pseudomonas aeruginosa* and *Geobacillus* sp. ID17, in the biosynthesis of ferromagnetic NPs, specifically iron oxide NPs, both intra and extracellularly. For the biological synthesis, two types of iron salts, $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ and $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ were used as metal precursors. In order to optimize the synthesis process, various factors that influence the NPs synthesis were studied, optimal pH (pH 2 - 7) and temperature (25 - 65°C) as well as precursor concentrations (1 - 10 mM), culture medium (LB, TGY and TSB) and inoculation time (18 - 72 h). The magnetic properties of the generated NPs were evaluated during the different bacterial growth phases, using a neodymium magnet as an external magnetic field. So far, the bacterial NPs have been characterized through UV-Vis spectroscopy, scanning electron microscopy (SEM) coupled to X-ray scattering spectroscopy (EDX). NPs were generated at concentrations of 1 – 5 – 10 mM. The UV-Vis spectrum of the supernatant from the *P. aeruginosa* culture in the presence of iron oxide showed a band near 275 nm, associated to the plasmon resonance corresponding to iron at all three concentrations. The formation of the iron oxide NPs was confirmed through SEM/EDX. Meanwhile, *Geobacillus* sp. ID17 showed that the NPs formed were intracellular, detected by SEM/EDX. The iron concentration and pH of the media were the most critical parameters for the biosynthesis magnetic NPs. These bacteria proved to be capable of synthesizing iron oxide nanoparticles with unique magnetic properties, making them promising candidates for use in various applications. Further studies are required to determine their morphology and potential functionalization.

Keywords: Ferromagnetic nanoparticles, Iron oxide nanoparticles, Nanoparticle biosynthesis, Extremophiles.

Acknowledgments: Fundación Biociencia, Facultad de Química y Biología, USACH.

Identification and Characterization of the Biotechnological Potential of Microorganisms Isolated from Water Samples of Falcon Fiord, Southern Patagonian Ice Field

Sánchez-San Martín, J.^{1*}, Jessen, G.², and Blamey, J.^{1,3}

¹Fundación Biociencia; ²Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas Facultad de Ciencias Universidad Austral de Chile & Centro de Investigaciones Oceanográficas COPAS COASTAL, Universidad de Concepción, ³Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile

*Corresponding author: jsanchez@bioscience.cl

Abstract: The Southern Patagonian Ice Field, covering an area of 13,000 km², constitute the second largest ice mass in the southern hemisphere, after Antarctica. This region, with a particular focus on the Glaciar and Falcon Fiord system, stands out for its significance in the neotectonic (seismic) context, rich microbial diversity, and biotechnological potential. Enzymes derived from extremophilic microorganisms, specifically psychrophiles inhabiting glacial environments, have been observed to possess properties of great interest for industrial applications. These enzymes play a fundamental role in the adaptation and survival of psychrophiles in extreme conditions and are highly relevant in the field of biotechnology and commercial applications. For these reasons, cold aquatic environments are considered valuable natural laboratories that require thorough study and characterization. In this work, eleven microorganisms were isolated and cultured from 2 liters of surface water collected at different points in Falcon Fiord. Cultures were obtained from both sterivex filter membranes and sediment samples. Two culture media (LB/3 and R2A) were used, and the pH was adjusted according to the environmental conditions of each sample, with incubation at 4°C. Once axenic cultures were obtained, characterization was performed through Gram staining, amplification of the 16S rRNA gene, and phylogenetic identification of each microorganism's species. Additionally, enzymatic screening was conducted to detect esterase, cellulase, catalase, and laccase activities, using substrates such as MUF-butyrate, carboxymethyl cellulose, hydrogen peroxide, and guaiacol to assess the respective enzymatic activities. The results revealed that all isolates were Gram-negative bacteria, distributed in three different genera: *Flavobacterium*, *Shewanella*, and *Pseudomonas*. Representative microorganisms from these genera exhibited activities for at least three of the enzymes evaluated, highlighting the potential of these microorganisms and their enzymes for future biotechnological applications. These microorganisms were preserved in the microorganism's collection at Fundación Biociencia. This preliminary study emphasizes the urgent need to focus efforts on conserving biodiversity and exploring biotechnological potential in environments critically affected by the climate crisis, such as Falcon Fiord in the Southern Patagonian Ice Field.

Keywords: Psychrophiles, Psychroenzymes, Biotechnology, Southern Ice Field.

Acknowledgments: Fundación Biociencia, COPAS COASTAL ANID FB210021.

Biosíntesis de nanopartículas de cobre mediante bacterias aisladas de muestras antárticas

Torres-Ponce, N.^{1,3*}, **Blamey, J.**², y **Cuadros-Orellana, S.**^{3,4*}

¹Doctorado en Biotecnología Traslacional (DBT); ²Fundación Científica y Cultural Biociencia, Santiago, Chile; ³Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio); ⁴Laboratorio de Genómica y Ecología Microbiana Aplicada (GEMA), Universidad Católica del Maule, Ave San Miguel 3605, Talca

*Autor de correspondencia: nidia.torres997mail.com scuadros@ucm.cl

Resumen: Las nanopartículas de cobre (CuNPs) han atraído una gran atención científica debido a su actividad catalítica, eléctrica, óptica, fotónica, textil, nanofluídica y antibacteriana. No obstante, gran parte de la producción de estas nanopartículas es de síntesis química, lo que produce altos niveles de contaminación. Por otro lado, la biosíntesis de nanopartículas metálicas es un enfoque ecológico para sintetizar nanopartículas metálicas bien caracterizadas. Previamente, se ha informado que los microorganismos antárticos son capaces de sobrevivir a temperaturas extremas, alta radiación UV solar y a la presencia de metales pesados, e incluso se ha reportado su capacidad para producir nanopartículas de diversos metales. En este estudio, se evaluó la capacidad de síntesis de CuNPs de cuatro microorganismos aislados desde muestras ambientales de tres diferentes ubicaciones geográficas de la Antártica. Se utilizó 5 mM de sulfato de cobre (CuSO₄) como fuente de cobre para evaluar la capacidad de estos aislados de producir CuNPs a tres diferentes temperaturas de producción (4°C, 28°C y 55°C) y dos concentraciones de CuSO₄ (1 mM y 4 mM), las que mostraron un cambio de color característico de la producción de CuNPs, estas fueron analizadas mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) confirmando la presencia de nanopartículas de Cu de forma esférica en un rango de tamaño de 100 nm a 180 nm. Adicionalmente, se observa que las nanopartículas son formadas intracelularmente. Este trabajo reporta el uso de microorganismos aislados desde ambientes extremos para producir productos de alto valor biotecnológico con aplicaciones a diversos procesos industriales. El uso de estos microorganismos potenciaría reducir el impacto ambiental de los procesos industriales, promoviendo el uso de soluciones biotecnológicas basadas en recursos microbianos para enfrentar el cambio climático.

Palabras clave: Bacterias antárticas, nanopartículas de cobre, biosíntesis.

Agradecimientos: Fondecyt Regular 1201692; ANID-Fondequip EQM 210185; AFOSR Grant #FA 9550-13-10089.

Valorization of agroindustrial waste for the generation of bioplastics

Valdés Vergara, C.^{1*}, Mamani Challapa, M.², Guzmán, V.², Prieto, J.², Barros Díaz, V.², Valdés, T.², and Martínez, V.²

¹Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Laboratorio de Bioprocesos, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

*Corresponding author: cvaldesv@ucm.cl

Abstract: Plastic pollution represents a worldwide crisis that has been steadily increasing over the course of several years, resulting in millions of metric tons of plastic being deposited into the environment. As an alternative to plastics, bioplastics can be used, which are biodegradable and can be produced using microorganisms. The valorization of agro-industrial waste for obtaining reducing sugars to feed microorganisms is a promising strategy for sustainable development and waste management. The present work focuses on two biopolymers obtained through the use of microorganisms and agro-industrial waste: polylactic acid (PLA) and kefir. Polylactic acid (PLA) can be produced using *Lactobacillus*. Lactic acid, which is a key component in PLA production, can be obtained through fermentation using *Lactobacillus* strains. PLA has good mechanical characteristics compared to others of its type and is useful for obtaining bioplastic bags. On the other hand, kefir is a biopolymer that has antimicrobial properties and is edible, making it useful for food coatings. Kefir is an exopolysaccharide derived from kefir grains and is classified as a heteropolysaccharide consisting of equimolar quantities of glucose and galactose. It is a water-soluble glucogalactan. The microorganisms involved in kefir production include lactic acid bacteria, yeast, and acetic acid bacteria. To obtain the PLA precursor (lactic acid), a *Lactobacillus* strain isolated from fruits from the Maule region was used, which was compared with the commercial strain *Lactobacillus plantarum*, using a conventional MRS culture and modified MRS using reducing sugars obtained from waste. agroindustrial, were incubated for 72 hours at 37°C. Using the isolated *Lactobacillus* strain and lactic acid was quantified by HPLC, 22.12 g/L of lactic acid was obtained with conventional MRS and 19.77 g/L with modified MRS, a production similar to that of the commercial strain. For the polymerization of lactic acid, a rotary evaporator was used at 10 mm Hg at 160°C with a 1.2% v/v H₂SO₄ catalyst and incubated for 6 hours, obtaining PLA with a yield of 85%. FTIR spectra showed characteristic signals of PLA at 1185 cm⁻¹ and 1715 cm⁻¹ in the product obtained. A consortium of *Lactobacillus* microorganisms isolated from kefir was used to produce kefir. The consortium was grown in conventional MRS and modified MRS cultures, which were compared with the commercial strain *Lactobacillus kefirifaciens*. The strains were incubated at 30°C for 120 hours, and the kefir product was quantified by the “antrone method”, obtaining a production of 185.15 mg/L, which was analysed by FTIR, showing the characteristic signals of glucose and galactose. between 1200 and 800 cm⁻¹, indicating the presence of kefir.

Keywords: Valorization of agroindustrial waste, lactic acid, poli-lactic acid, kefir, circular economy.

Acknowledgements: INES I+D (UCM).

Benthic environment as reservoirs of antimicrobial resistance sentinels – toward genetic surveillance for coastal ecosystems

Zárate, A.¹, Buschmann, A.², Pérez-Santos, I.³, Alarcón, J.⁴, Leyton, B.⁵, Bruna, P.⁵, and Barrientos Díaz, L.^{1*}

¹Facultad de Ciencias de la Salud, Instituto de Ciencias Aplicadas, Universidad Autónoma de Chile, Temuco, Chile; ²Centro i-mar, CeBiB, MASH, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt, Chile; ³Centro i-mar, Universidad de Los Lagos, Puerto Montt, Chile; ⁴Independent Researcher, Temuco, Chile; ⁵Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

*Corresponding authors: leticia.barrientos@ufrontera.cl

Abstract: The presence of antibiotics used on aquaculture operations could thus exert selective pressure on the benthic microbiome, constituting hotspots of emergence and spread toward antimicrobial-resistant bacteria (ARB), posing an important public health threat. However, the direct contribution of these activities to the environmental microbiome is extremely hard to untangle. We performed a comparative analysis of shotgun metagenomic DNA sequencing from nine sites located in the coast of southern Chile, combined with cultivation approaches using four culture media for the purpose of categorizing the responses of bacteria as a tool to develop genetic counselling for coastal environment. Analyses revealed numerous sequences belonging to bacterial metabolic networks potentially resistant and transmissible to other bacteria. Likewise, of 30 bacteria whose species were identified from pure culture, major have been previously found in the marine environment including *Dietzia*, *Microbacterium*, *Pseudoalteromonas*, *Psychrobacter*, *Rhodococcus*, *Shewanella*, *Sporosarcina* and *Vibrio*. *Vibrio* and *Pseudoalteromonas* act as the major reservoir of multidrug resistance determinants, as well as the rest of the strains are known to harboured clinically relevant antibiotic resistance genes such as quinolone determinants, florfenicol, and genes are essential for erythromycin and tetracycline resistance. These findings support the occurrence of ARB in benthic marine ecosystems, emphasizing the potential risk associated with the dissemination of antimicrobial resistance. Thus, it is highly imperative to explore transmission among connected habitats with the aim of discriminating against virulent versus harmless bacteria sentinels based on the ecological connections among them, identifying pathogens that might provide early warning at local and global levels within the One Health framework.

Keywords: Environmental resistome, Planetary health.

Acknowledgments: The first author acknowledges Chilean agency ANID FONDECYT for the support of Postdoctoral project N° 3220504. Similarly, this work was funded by Fondecyt Regular N° 1210563 from the Chilean agency ANID FONDECYT.

Supervivencia y crecimiento inicial de híbridos Roble-Raulí (Ro-Ra) en un sitio de la Depresión Intermedia, región de Los Ríos, Chile

Fernández-Villegas, C.^{1,3*}, Droppelmann, F.^{2,3}, y Thiers, O.^{2,4}

¹Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ²Instituto de Bosques y Sociedad (IBOS), Facultad de Ciencias Forestales y Recursos Naturales, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ³Cooperativa Mejoramiento Genético Forestal (CMGF), Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ⁴Centro de Investigación en Suelos Volcánicos (CISVo), Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

*Autor de correspondencia: crisopher.fernandez@uach.cl

Resumen: La experiencia internacional muestra amplia y creciente utilización de híbridos a escala operacional en el sector forestal, dado que combinan los mejores atributos de las especies parentales. En Chile, roble (*Nothofagus obliqua*) y raulí (*Nothofagus alpina*) hibridan de forma natural, y actualmente no existe información del desarrollo de estos híbridos frente a las especies puras. Este trabajo analizó el desarrollo inicial de 100 híbridos Roble × Raulí (Ro-Ra) comparados con especies puras de roble y raulí utilizando un ensayo clonal de tres años con diseño de bloques completos al azar (DBCA) y parcelas STP (*single Tree Plot*). Se registró la supervivencia (%), altura total (Ht, m), el diámetro a la altura del cuello (dac, cm) y rectitud (categoría inferior 1 – 2, media 3 – 4 y superior 5 – 6) de todos los individuos. El ensayo presentó una buena supervivencia (92%), donde los híbridos Ro-Ra alcanzaron 93,5%, roble 92,2% y raulí 78,9%. Los 25 clones híbridos de mayor altura obtuvieron un crecimiento promedio Ht de 2,76±0,14 m y dac de 4,96±0,40 cm; roble Ht de 2,28±0,25 m y dac de 4,0±0,62 cm y raulí Ht 2,54±0,15 m y dac 4,5±0,65 cm. Los 25 clones híbridos presentaron categoría 4 promedio de rectitud, y para roble y raulí categorías 3 y 5, respectivamente. Si bien las evaluaciones son tempranas, se identificaron híbridos con desarrollo inicial y rectitud superior a roble y raulí. Nuevas evaluaciones con edades más avanzadas serán necesarias para identificar los híbridos que poseen la adaptabilidad a variedad de sitios de roble, y hábitos de crecimiento, sanidad y propiedades de la madera de raulí; atributos que valorizarán este nuevo material genético nativo desde un punto de vista socioeconómico y ambiental.

Palabras clave: Hibridación, adaptabilidad, *Nothofagus*, Genética forestal, Silvicultura.

Agradecimientos: ANID BECAS/MAGÍSTER NACIONAL 22220549, Proyecto FIC 21-07. Desarrollo y escalamiento tecnológico de híbridos roble-raulí, Cooperativa Mejoramiento Genético Forestal (CMGF), Universidad Austral de Chile.

Modelos predictivos basados en reflectancia-NIR para la estimación de la eficiencia en el uso del agua de poblaciones de alfalfa

Linostroza, L.^{1*}, Garriga, M.², Sandoval, F.², Khaled, A.² y Pino, M.T.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán, Chile; ²Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: linostroza@inia.cl

Resumen: La eficiencia en el uso del agua (EUA) a escala fisiológica (tasa de asimilación de CO₂/tasa de transpiración) y agronómica (biomasa acumulada/agua transpirada) es un componente determinante de la tolerancia a sequía de alfalfa cultivada en condiciones de secano-Mediterráneo de Chile central. La implementación de la EUA como criterio de selección en un programa de mejoramiento genético (PMG) ha sido limitada debido al alto costo en términos económico y labor involucrados en su determinación. El objetivo de este trabajo fue desarrollar modelos predictivos de la EUA basados en mediciones rápidas y de bajo costo de la reflectancia del dosel en el infrarrojo cercano (NIR). En condiciones de invernadero, se establecieron 5 accesiones de alfalfas tolerantes a sequía desarrolladas por el PMG-Alfalfa de INIA-Chile. Las plantas se establecieron en tubos de PVC de 10 cm de diámetro y 50 cm de altura. Se utilizó como sustrato una mezcla de arena fina (50%), vermiculita (35%), suelo de la Serie Arrayán (10%) y perlita (5%). Se establecieron tres regímenes de riego: una condición de riego óptimo (control; $\Psi_{\text{sustrato}} -0,33$ MPa) y dos de riego deficitario. En riego deficitario, se suspendió el riego 3 y 6 días previo a cada corte de evaluación de la producción de biomasa. Se realizaron 3 cortes de biomasa a los 30, 65 y 170 días después del establecimiento. Previo a cada corte se determinó la tasa fotosintética (A), tasa de transpiración (T) y EUA instantánea (A/T) en una hoja por cada unidad experimental (45) con un medidor de fotosíntesis LICOR6400XT (LI-COR Biosciences, USA). Simultáneamente, se determinó la reflectancia espectral de la misma hoja con un espectroradiómetro ASD Handhel2 (Malvern Panalytical Ltd., USA). Se ajustaron modelos basados en Regresión de Mínimos cuadrados Parciales (PLSR), Regresión basada en componentes principales (PCR) y Regresión Ridge (RR). El poder predictivo de los modelos se evaluó en base al coeficiente de determinación (R²) y la raíz del error medio cuadrático (REMC) del modelo, tanto en la calibración como en la validación. Los parámetros de intercambio gaseoso (A, T y conductancia estomática) tuvieron predicciones bajas, con valores de R² de la validación inferiores a 0,4. Sin embargo, el modelo obtenido para EUAi tuvo un mayor poder de predicción con un valor de R² de la validación de 0,75. Los resultados permiten concluir que es posible estimar la EUA de alfalfa mediante modelos predictivos basados en reflectancia-NIR. El modelo puede ser mejorado mediante la introducción de un mayor número de observaciones. Actualmente se trabaja en la validación de este modelo en condiciones de campo.

Palabras clave: *Medicago spp.* Tolerancia sequía, alfalfa, secano mediterráneo.

Agradecimientos: Investigación financiada por INIA, Fondecyt 1180821, Crop Trust GS19001, FIA PYT-2020-1423, Fondecyt 1230399.

Valor agronómico de líneas genéticas de alfalfa tolerantes a sequía evaluado en cinco ambientes del secano Mediterráneo de Chile

Linostroza, L.^{1*}, Barahona, V.¹, Etcheverría, P.¹, del Pozo, A.², Ovalle, C.¹, Espinoza, S.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán, Chile; ²Facultad de Agronomía, Universidad de Talca, Talca, Chile

*Autor de correspondencia: linostroza@inia.cl

Resumen: Los sistemas ganaderos de la zona centro-sur de Chile han sido desplazados por sistemas productivos de alta rentabilidad (frutales y cultivos intensivos) hacia zonas marginales, con limitaciones de tipo edáfica y propensos a sequía. Por otro lado, el cambio climático ha afectado negativamente la productividad y persistencia de praderas en todo el territorio nacional. Análisis climático de los últimos 50 años demuestran que las precipitaciones en Chile continental han disminuido en una tasa que fluctúa entre el 2 y 4% por década. El Programa de Alfalfas de INIA ha desarrollado ocho líneas genéticas avanzadas de alfalfa tolerantes a sequía. El objetivo de este trabajo fue establecer una red de ensayos en la zona Centro-Sur de Chile para la evaluación del valor agronómico de las líneas genéticas y liberación de al menos un cultivar de alfalfa tolerante a sequía. En el otoño del año 2021 (20 abril al 4 de junio) se sembraron cuatro ensayos en las Regiones del Maule (Cauquenes), Ñuble (Chillán y El Carmen), y Araucanía (Vilcún). En el otoño del 2022 se sembró en las Regiones de Ñuble (Portezuelo) y O'Higgins (Litueche). Todos los experimentos se manejan bajo condiciones de secano. Las localidades incluyen condiciones de secano de precordillera (El Carmen), interior (Portezuelo y Cauquenes) y de costa (Litueche). Se establecieron ocho líneas candidatas y dos testigos comerciales (Baldrich650 y WL903). Tanto las líneas candidatas como testigos comerciales se caracterizan por no presentar dormancia invernal. Cada accesión se sembró en parcelas de 2 × 4 m. Dentro de la parcela, las semillas se distribuyeron en hileras a 20 cm. La dosis de siembra fue de 15 kg ha⁻¹. Cada experimento se organizó en un diseño de bloques completos al azar con 3 repeticiones. La producción de materia seca (MS) se evaluó mediante corte con barra segadora, dejando 5 cm de residuo. Previo a cada corte se determinó altura de planta y en primavera se evaluó la fecha de floración mediante el registro de los estados de botón, primera flor y 10% floración. La producción de MS total mostró una interacción Población×Localidad altamente significativa ($p < 0,001$). Lo que indica que las poblaciones de alfalfa mostraron un comportamiento agronómico diferenciado en cada localidad. Chillán fue la localidad con mayor potencial de producción de MS, debido a la mejor calidad de suelos (trunao profundo) y mayores de precipitaciones. En esta localidad, los testigos comerciales (Baldrich650 y WL903) junto con la línea candidata AF3448, mostraron los mayores valores de producción de MS. En Cauquenes, donde el estrés hídrico fue más severo, la línea AF3448 superó a los testigos comerciales. La línea candidata AF3448 mostró la mayor altura de planta junto a los testigos comerciales. La floración no mostró diferencias significativas entre poblaciones en todas las localidades. En base a resultados preliminares, se concluye que la línea AF3448 exhibe un comportamiento agronómico igual o superior a los testigos comerciales.

Palabras clave: *Medicago spp.* tolerancia sequía, alfalfa, secano mediterráneo.

Agradecimientos: Investigación financiada por INIA, Fondecyt 1180821, Crop Trust GS19001, FIA PYT-2020-1423, Fondecyt 1230399.

Mejoramiento genético de manzano: En busca de nuevas variedades chilenas resistentes a *Venturia* y ambiente con temperatura subóptima

Salvadores, Y.^{1,2*}, y Hahn, C.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA). Av. Vicente Méndez 515, Centro Regional Quilamapu, Chillán, Chile; ²Universidad de Concepción. Programa de Postgrado, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: ysalvadores@inia.cl

Resumen: En el nuevo escenario climático a nivel mundial, muchas especies frutales se han visto fuertemente afectadas y el manzano no es la excepción. En ese contexto, el Programa de Mejoramiento Genético (PMG) de Manzano, se planteó como objetivos; desarrollar variedades de manzana con alta calidad de fruta y resistencia a *Venturia*, para el mercado exportador. Iniciado el 2009, de acuerdo a lo solicitado por la industria, se ha focalizado en un 80% de la producción de seedlings, con destino calidad de fruta y el 20% de resistencia a *Venturia*. Se realizaron cruzamientos dirigidos con germoplasma disponible en Chile y adicionalmente, se introdujo polen desde otros programas de mejoramiento internacionales, con lo cual se lograron realizar 205 cruzamientos dirigidos con un total de 167 familias en el bloque de progenitores, el cual cuenta con 23 variedades comerciales. Con base en mediciones cuantitativas y cualitativas, se identificaron algunas selecciones como promisorias. Dentro de las variables fenotípicas evaluadas, tres contribuyen al mayor porcentaje de descarte del programa y corresponden a la quemadura por sol y color de cubrimiento estrechamente relacionadas con un incremento en las temperaturas máximas que para las temporadas 2021/2022 y 2022/2023 fueron de 1,2°C y 1,4°C para el mes de febrero en el Campo Experimental Santa Rosa donde se encuentran las selecciones, y la susceptibilidad a *Venturia inaequalis*, ligada a lluvias primaverales. Por otra parte, aquellas selecciones cuyos frutos tenían características promisorias, fueron almacenados por 107 días a 0°C más 7 días a temperatura ambiente para evaluar comportamiento de postcosecha. Luego de 14 años de trabajo, actualmente el PMG de manzano de INIA cuenta con 131 selecciones intermedias, de las cuales 16 se encuentran en fase de selección avanzada y establecidas en cuatro localidades desde la Región del Maule hasta la Región de la Araucanía con un porcentaje de selección de 0 a 1,3% para calidad de fruto y de 0 a 20,4% para resistencia a *Venturia*. De estas selecciones avanzadas, seis corresponden a resistencia a *Venturia* y diez fueron seleccionadas por calidad de fruto.

Palabras clave: Manzano, *Venturia inaequalis*, quemadura por sol, selecciones avanzadas.

Agradecimientos: Proyectos: O8CT11 PUD-017; 13 CTI-18862 y 503611-71.



Sección 3

Innovaciones desarrolladas a partir de los recursos fitogenéticos para garantizar la seguridad alimentaria y nutricional

Conferencia magistral

Uso de los recursos genéticos del maíz en los programas públicos de mejoramiento genético en Latinoamérica: Retos y oportunidades

Chassaigne, A.^{1*}

¹Banco de Germoplasma. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Texcoco, México

*Autor de correspondencia: a.chassaigne@cgiar.org

Resumen: El 63% de las accesiones de maíz distribuidas por el banco de germoplasma de CIMMYT a nivel mundial entre 2019 y 2022 se dirigieron a instituciones públicas y el resto al sector privado. En Latinoamérica, México superó las 20 instituciones públicas que recibieron accesiones de maíz, Argentina 3, Brasil 2; mientras que de Bolivia, Guatemala, Perú, República Dominicana y Venezuela sólo una institución pública por país solicitó accesiones de maíz al banco de germoplasma de CIMMYT que cuenta con más de 28.000 accesiones de maíz. Las instituciones públicas también pueden solicitar líneas endocriadas bajo desarrollo, obtenidas por el programa de mejoramiento genético de CIMMYT, para ello deben solicitar su ingreso al Consorcio Internacional de Mejoramiento de Maíz para Latinoamérica (IMIC-LatAm) como miembros honorarios, el ingreso está en función de la colaboración que presten a CIMMYT. Sin embargo, en los últimos tres años sólo CENTA (El Salvador), ICTA (Guatemala), INTA (Argentina) y UACH (México) han solicitado esas líneas. Otra opción es solicitar licenciamiento comercial de productos terminados de maíz desarrollados para Latinoamérica, actualmente hay disponibles 41 híbridos. Entre los retos que afrontan los sistemas nacionales de investigación agrícola se encuentran: financiamiento para investigación y desarrollo inestable, poco relevo generacional, programas de mejoramiento genético no integrados a sistemas de semillas, pocas empresas privadas nacionales que comercializan semilla de maíz. El programa MasAgro en México, es un ejemplo de la asociación del sector público con el privado para impulsar el sistema nacional de semillas, que pudiera ser adaptado a las condiciones de otros países latinoamericanos. Por otro lado, la iniciativa de Bancos de Germoplasma del CGIAR, colabora con los bancos de germoplasma nacionales y promueve la creación de bancos locales de semillas, no sólo para la conservación de los recursos genéticos del maíz sino también su uso.

Palabras clave: recursos genéticos, maíz, banco de germoplasma.

Agradecimientos: A los colaboradores de los sistemas nacionales de investigación agrícola de Latinoamérica, quienes evalúan los recursos genéticos de maíz en sus países, con escasos recursos, pero con abundante pasión.

Ponencias orales

Recursos fitogenéticos y Conocimientos locales en la “Quebrada de los Cuervos y Sierras del Yermal” en Uruguay

Puppo, M.^{1*}, Gianotti, C.², Calvete, A.¹, Leal, A.², y Rivas, M.^{2,3*}

¹Departamento de Territorio y Paisaje, Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Maldonado, Uruguay; ²Departamento de Sistemas Agrarios y Paisajes Culturales, Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Rocha, Uruguay; ³Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

*Autores de correspondencia: mpuppo@cure.edu.uy, mrivas@fagro.edu.uy

Resumen: Los recursos fitogenéticos cultivados y silvestres y los conocimientos locales asociados estructuran los paisajes y dan sustento a las comunidades rurales. La “Quebrada de los Cuervos y Sierras del Yermal” es un paisaje protegido del noreste de Uruguay en la que habitan unas 30 familias de agricultores familiares con larga tradición en el territorio. El objetivo general del trabajo consistió en identificar en los contextos domésticos actuales (casas) y abandonados (taperas) a los recursos fitogenéticos presentes, sus usos y prácticas de manejo. Se realizó una prospección primaria del territorio seguida de una etapa en la que se realizaron entrevistas en profundidad y observación participante. Se relevaron 13 casas y 41 taperas, 185 recursos fitogenéticos (121 exóticas y 64 nativas) con diversos hábitos de crecimiento, 10 categorías de uso y 11 categorías de prácticas de manejo. El menor número de recursos fitogenéticos y una menor equitatividad de hábitos de crecimiento en las taperas, indica que la migración campo-ciudad es una causa relevante de erosión genético-cultural. De acuerdo al consenso de uso, el número de prácticas de manejo y el número de usos de cada especie destaca un grupo de recursos fitogenéticos que incluye frutales exóticos y nativos, variedades criollas hortícolas, árboles nativos multipropósito, yerba mate y plantas medicinales. Se propone un modelo de distribución espacial de los recursos fitogenéticos en los contextos domésticos, identificando 4 espacios diferentes que estructuran el paisaje, el cultivado (jardines, quintas y chacras), el manejado en los alrededores de las construcciones, el promovido en el campo natural y un espacio silvestre con escasa intervención en los bosques y afloramientos rocosos. Los resultados obtenidos reafirman la necesidad de conservar el paisaje biocultural y la inclusión de la agrobiodiversidad y los conocimientos locales como puntos focales de conservación y desarrollo sostenible en el área protegida.

Palabras clave: agrobiodiversidad, conservación *in situ*, área protegida, paisaje domesticado, desarrollo local.

Agradecimientos: a las familias de la Quebrada de los Cuervos y Sierras del Yermal, y al programa del posgrado en Ciencias Agrarias de la Facultad de Agronomía.

Identidad y sostenibilidad de casas comunitarias de semillas criollas y nativas

Forero Roncancio, L.G.¹, Rodríguez Ramos, E.H.¹ y Parra-Quijano, M.^{1*}

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá, Bogotá, Colombia

*Autor de correspondencia: hmparra@unal.edu.co

Resumen: Las casas comunitarias de semillas (CCS) representan una alternativa colectiva de conservación, organización y gobernanza territorial de los recursos fitogenéticos locales, especialmente de semillas criollas y nativas. La consolidación de una CCS está determinada por elementos técnicos y organizacionales que permiten establecer pasos necesarios para su establecimiento y funcionamiento. El objeto de la presente investigación fue identificar los principales pasos en el proceso de establecimiento de dos CCS en dos municipios, Albán y Sasaima, del departamento de Cundinamarca, Colombia. Para ello se empleó la metodología de Investigación y Acción Participativa (IAP), particularmente aplicada en un diagnóstico para evaluar el índice de agrobiodiversidad que hace parte del índice de diversidad del agroecosistema (IDA). Luego se realizó la construcción de una red de innovación para cada CCS, identificando actores, interacciones, roles y funciones de los integrantes. Finalmente se realiza la definición colectiva de la identidad de cada CCS. Como resultado relevante, se evidenció una reducción del IDA en ambos municipios, 14,3% en Albán y 28,3% en Sasaima, asociado al cambio del uso del suelo por actividades como turismo y dificultades para lograr el relevo generacional de los agricultores. Adicionalmente, el tipo de población en términos de edad y género, influye en la sostenibilidad y en la transferencia de liderazgos, experiencias y conocimientos. Se pudo establecer que cada CCS tiene una identidad propia y unos elementos para su sostenibilidad, y que va a estar definida por condiciones demográficas, sociopolíticas, culturales y ambientales. Para ambas CCS el factor determinante para su creación fue el fortalecimiento de la soberanía alimentaria local. Finalmente, se identificaron siete fases para el establecimiento de CCS en Colombia: sensibilización, constitución, acopio de semillas, establecimiento, funcionamiento, sistematización y acompañamiento. Una acertada caracterización de recursos fitogenéticos, un capital humano diverso y el autorreconocimiento de los integrantes en roles funcionales, influyen en la sostenibilidad en el tiempo de las CCS. Así mismo es importante reconocer que las dinámicas territoriales son determinantes en las proyecciones y objetivos que cada CCS se traza.

Palabras clave: conservación *in situ*, banco de germoplasma local, soberanía alimentaria, gobernanza territorial.

Agradecimientos: a las comunidades rurales de Albán y Sasaima, Cundinamarca, Colombia.

Diversidad genética de accesiones élite de mandioca para calidad comercial en Paraguay

Mendoza González, A.^{1*} y Toledo, W.¹

¹Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Centro de Investigación para Agricultura Familiar, Programa de Recursos Genéticos para Agricultura Familiar, Código Postal: 020305, San Pedro, Paraguay

*Autor de correspondencia: amalio.mendoza@ipta.gov.py

Resumen: La mandioca constituye uno de los cultivos más importante para el Paraguay, para la alimentación es el principal alimento en las fincas de la agricultura familiar y como materia prima para la fabricación artesanal o industrial de Almidón. El objetivo fue estudiar la diversidad genética de accesiones elite de mandioca con características para calidad comercial. La experimentación se llevó en el Centro de Investigación para la Agricultura Familiar dependiente del Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA-Paraguay). A partir de los resultados de caracterización agronómicas se seleccionaron 20 accesiones la cuales fueron evaluadas en parcelas de cuatro hileras de cinco metros de largo con espaciamiento de un metro entre hileras y 0,70 metro entre plantas, con tres repeticiones. Las variables evaluadas fueron: número de raíces por plantas, números de raíces comerciales, número de raíces no comerciales, peso de raíces comerciales (kg ha^{-1}), peso de raíces no comerciales (kg ha^{-1}) y peso total (kg ha^{-1}). Para determinar la distancia genética se realizó un análisis multivariado en base a la distancia generalizadas de Mahalanobis. La contribución relativa de los caracteres para divergencia fue obtenida por el método de Singh (1981), para delimitación de grupos se utilizó el método de dendrograma Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA). La mayor distancia genética fue observada ente el acceso MPy 096 y MPy250 y la menor distancia entre MPy212 y MPy 258 con valores de 34,42 y 0,13, respectivamente. Las variables peso comercial de raíces y peso no comercial fueron las que más contribuyeron a la distancia genética entre los accesos con valores de 75,32% y 14,85%, respectivamente. Se formaron cuatro grupos, siendo los accesos MPy 096 y MPy 023 conformado en un solo grupo cada uno.

Palabras Claves: Manihot, yuca, recursos genéticos, distancia genética, variabilidad.

Agradecimientos: Al BID, PROGRAMA PR-L1162.

Evaluación de 63 accesiones de fique (*Furcraea* spp. L) y selección de accesiones promisorias en la colección de trabajo de Agrosavia

Espitia-Negrete, L.B.^{1*}, Orozco-Orozco, L.F.¹, Cotes-Torres, J.M.², Medina-Cano, C.I.¹, y Grisales-Vásquez, N.Y.¹

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-Agrosavia. Centro de Investigación La Selva- Rionegro-Antioquia, Colombia; ²Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín-Antioquia, Colombia

*Autor de correspondencia: lauraespitia10@hotmail.com o lespitia@agrosavia.co

Resumen: El fique pertenece a la familia de las Agaváceas, género *Furcraea*, siendo las especies de este género de distribución neotropical. Colombia es el principal productor de la especie a nivel mundial y cuenta con rendimiento promedio de 1,4 t/ha de fibra seca. En el país se han reportado cinco especies (*F. foetida* L. Haw., *F. selloana* K. Koch, *F. cabuya* Trel., *F. acaulis* Kunth B. Ullrich, y *F. abisaii* Giraldo- Cañas) de las cuales se extraen fibras biodegradables con diversidad de usos tales como: fabricación de empaques, costales, artesanías y vestuarios; el jugo y bagazo se usan en la fabricación de bioinsumos y en alimentación animal. Agrosavia cuenta con una colección de trabajo de fique y especies relacionadas, conformada por 148 accesiones colectadas en 12 departamentos del país. Esta colección se encuentra establecida en el Centro de Investigación La Selva, ubicado en Rionegro- Antioquia, Colombia. El objetivo de este trabajo fue evaluar el rendimiento y porcentaje de fibra de 68 accesiones de *Furcraea* pertenecientes a la colección, durante cuatro ciclos de cosecha (2019 a 2022). Mediante un modelo lineal mixto bivariado se obtuvieron las varianzas por metodología bayesiana, calculando un índice de rendimiento- estabilidad para cada accesión; se construyó biplot para ambas variables, lo que permitió seleccionar 10 accesiones promisorias, que superan los rendimientos promedios reportados para el país, entre estas se cuenta con ocho con espinas y dos sin espinas, estas últimas son interesantes ya que la ausencia de espinas es deseable puesto que permite disminuir tiempo y costos en los procesos de cosecha.

Palabras clave: producción; repetibilidad; Agavácea; estadística bayesiana.

Agradecimientos: Los autores expresan sus agradecimientos a la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-Agrosavia y al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (MADR) por la financiación del proyecto.

Ponencias en formato póster

Edad al primer parto de vacas F1 Costeño con Cuernos por Holstein rojo y Jersey en el Caribe Seco Colombiano

Paternina Diaz, E.^{1*}, Montiel Vargas, A.G.¹, Hernandez Martinez, C.C.¹, y Cañas Alvarez, J.J.¹

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, Agrosavia, Centro de Investigación Motilonia. Km 5 Vía Becerril – Agustín Codazzi, Cesar, Colombia (202057)

*Autor de correspondencia: epaternina@agrosavia.co

Resumen: La raza criolla bovina Costeño con Cuernos (CCC) demuestra rusticidad y adaptabilidad que se expresa en parámetros reproductivos como la edad al primer parto; (EPP), convirtiéndose en una alternativa para el cruzamiento con razas foráneas en la producción de leche. Por tanto, se realizó un programa de cruzamiento para evaluar el potencial productivo, especialmente EPP y producción de leche. Se evaluaron 7 vacas F1 Holstein y Jersey × CCC paridas de primer parto, las vacas son resultado de inseminación artificial de Holstein rojo y Jersey en vientres CCC. La evaluación productiva de leche se realizó entre los meses de abril de 2022 a febrero de 2023, en el municipio de Agustín Codazzi, Cesar, con una altitud de 131 msnm, temperatura media de 27,67°C, una humedad de 71,10% y una precipitación de 10,16 mm. Las vacas tuvieron una alimentación basada en pasto *Megathyrus maximus* manejados en sistema rotacional de 3 días de ocupación y 26 días de descanso, agua a voluntad y sal mineralizada al ocho por ciento de fósforo. Se realizaron análisis de la EPP de las vacas y producción láctea, con pesajes de leche una vez por semana, con báscula digital, las crías se apartaban de su madre el día anterior al ordeño a las catorce horas y el ordeño se realizó de forma manual con la estimulación de la cría en el encuentro con la vaca a las seis horas. El cruce Jersey × CCC registró un promedio para EPP de $31,0 \pm 0,82$ meses y una producción láctea de $5,3 \pm 0,70$ litros versus el cruce Holstein rojo × CCC con un promedio para EPP de $35,0 \pm 3,85$ meses y una producción láctea de $3,2 \pm 0,77$ L. Los resultados de EPP son inferiores a lo descrito por Ossa y cols (2018), quienes reportan 37,57 meses de EPP en la raza CCC, así mismo Ossa, cols (2007) reportan 38,21 meses de EPP en la raza Romosinuano in embargo, Montaña-Bermúdez y cols (2022) reportan 32,1 meses en ganado Simmental y Simbrah en México. En la producción de leche no se encontraron datos recientes reportados en vacas criollas de la raza CCC. De acuerdo con estudios no publicados en AGROSAVIA, el tamaño corporal del cruce CCC × Jersey tiene mayor similitud en estructura morfométrica con la raza criolla CCC confiriéndole ventajas de adaptación al medio tropical.

Palabras clave: Intervalo entre partos, raza criolla, cruzamiento, rusticidad.

Agradecimientos: Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural - MADR, AGROSAVIA.

Comportamiento de búsqueda de nemátodos entomopatógenos nativos e introducidos en el control de larvas de *Aegorhinus*

Navarro, P.D.^{1*}, Monje, A.J.¹, Gallegos, V.¹, Berrios, G.¹, Álvarez, I.¹, y Herrera, C.²

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Centro Regional Carillanca, Chile; ²Agrícola Giddings, Purranque, Chile

*Autor de correspondencia: patricia.navarro@inia.cl

Resumen: El burrito del frambueso *Aegorhinus superciliosus* (Coleoptera: Curculionidae) es una de las plagas más importantes del cultivo de arándano en Chile. El daño es causado por la larva, que se alimenta de la raíz y la corona de la planta haciendo galerías, ubicándose en lugares donde los insecticidas no llegan. Los nemátodos entomopatógenos (NEPs) son una herramienta eficaz para el control de plagas del suelo debido a su habilidad de buscar y encontrar al hospedero. Sin embargo, no todas las especies y aislamientos de NEPs poseen el mismo comportamiento de búsqueda, siendo algunos aislamientos más rápidos y profundizadores. Este estudio evaluó el comportamiento de búsqueda de larvas de *A. superciliosus* de 3 especies nativas de NEPs *Steinernema feltiae* (aislamiento INIA), *Steinernema unicornum* y *Steinernema australe*, y se comparó con la especie *S. feltiae* aislamiento Koppert y *S. feltiae* aislamiento Biobee. Se determinó (1) la capacidad de búsqueda de hospedero (movimiento horizontal y vertical), (2) penetración (número de IJs que ingresan a la larva) y (3) infección (número de larvas muertas) en condiciones de laboratorio. Los ensayos fueron realizados a 4, 13 y 20°C con el objetivo de conocer la temperatura de suelo a la cual mejor se adapta cada especie. El movimiento horizontal de los nemátodos fue medido a 1, 2, y 3 cm de ancho, y el movimiento vertical a 5, 10, 20, 30 y 40 cm de profundidad, ambos 72 h después de la inoculación de los nemátodos. Los datos fueron analizados a través de ANDEVA y las diferencias de medias con Test de Tukey ($p > 0,005$). La especie *S. australe* fue la más eficaz (60%) en el control de larvas de *A. superciliosus* profundizando hasta 40 cm. Las especies introducidas resultaron menos profundizadoras que *S. australe*, pero con mayor desplazamiento horizontal. Las especies *S. australe* y *S. unicornum* resultaron más eficaces a temperaturas entre 10 a 14°C. Las otras especies de NEPs fueron favorecidas en su eficacia y reproducción con temperaturas entre 20 y 25°C. Los resultados contribuyen a la selección de hospederos adecuados para cada especie de NEP.

Palabras clave: Nemátodos entomopatógenos, *Steinernema australe*, comportamiento de búsqueda.

Agradecimientos: Financiado por Fondef 2021 + IT 21 I 0005, Agrícola Giddings y Bio Futuro.

Análisis predictivo, comparativo y experimental de los factores insecticidas producidos por el hongo entomopatógeno *Beauveria pseudobassiana* RGM 2184

Altimira, F.^{1*}, Arias-Aravena, M.^{1,2}, Jian, L.³, Real, N.¹, Correa, P.¹, González, C.⁴, Godoy, S.¹, Castro, J.F.⁵, Zamora, O.⁶, Vergara, C.⁶, Vitta, N.¹, y Tapia, E.¹

¹Laboratorio de Entomología y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina, Santiago, Chile; ²Programa de Doctorado en Ciencias Mención Investigación y Desarrollo de Productos Bioactivos, Universidad de Talca; ³Department of Plant Protection, Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China; ⁴Center for Bioinformatics and Genome Biology, Fundación Ciencia & Vida, Santiago 7780272, Chile; ⁵Banco de Recursos Genéticos Microbianos, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Chillán, Chile; ⁶Laboratorio de Materias Primas y Alimentos, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina, Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: fabiola.altimira@inia.cl

Resumen: El hongo entomopatógeno *Beauveria pseudobassiana* cepa RGM 2184 presentó un 80% de eficacia sobre la plaga cuarentenaria *Lobesia botrana* (Lepidoptera: Tortricidae) en ensayos de campo. Debido a su alta eficacia se secuenció el genoma de esta cepa y se realizaron análisis de minería genómica para predecir los compuestos implicados en su actividad insecticida. Además, se analizó el perfil metabólico de extractos de compuestos del sobrenadante del cultivo de la cepa RGM 2184 mediante espectrometría de masas, y se evaluó la actividad insecticida de este extracto en larvas de *Galleria mellonella*. El análisis genómico dio como resultado, cuatro grupos de genes biosintéticos señalados como productores de factores insecticidas (oosporeína, beauvericina, desmetilbassianina y beauveriolido), 20 toxinas y al menos 40 factores potenciales de biocontrol no descritos (poliquétidos y péptidos no ribosomales). El análisis genómico comparativo reveló que entre el 65 y el 95% de estos genes son específicos del género *Beauveria*. El perfil metabólico de los extractos sobrenadantes de los cultivos de RGM 2184 mostró metabolitos secundarios como beauveriolido, oosporeína, inflatina C y bassiatina. Sin embargo, varios de los metabolitos detectados aún no han sido descritos. El extracto de metabolitos provocó una mortalidad del 79% de las larvas de *Galleria mellonella* a los 28 días post inyección. Los resultados de esta investigación sientan las bases para el estudio de nuevas moléculas insecticidas.

Palabras clave: *Beauveria pseudobassiana*; hongos entomopatógenos, metabolitos secundarios, actividad insecticida.

Agradecimientos: Bayer-Grants4Biologicals-Novel solutions 2019-01-031.

Caracterización microbiológica de los lodos del tratamiento de aguas residuales de la industria vitivinícola

Echeverría Veja, A.¹, Espinoza Mondaca, A.I.², Arqueros Sanhueza, E.², Mellado Quintanilla, D.^{4*}, Roa Roco, R.³, y Morales Vera, R.²

¹Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule (CIEAM). Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Centro de Biotecnología de los recursos naturales (CENbio). Universidad Católica del Maule. Ave San Miguel 3605. Talca, Chile; ³Centro de Investigación e Innovación Viña Concha y Toro S.A, Fundo Pocoa s/n, Km10 Ruta K-650, Región del Maule, Penciahue, Chile; ⁴Doctorado de Biotecnología Traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile

*Autor de correspondencia: denisse.mellado@alumnos.ucm.cl

Resumen: El compostaje es un proceso biológico de degradación de materia orgánica, como los residuos de la industria agrícola, llevado a cabo por un grupo de bacterias y hongos aerobios. El producto de este proceso, el compost, proporciona nutrientes esenciales para el crecimiento de las plantas, material orgánico para mejorar la salud del suelo y microorganismos beneficiosos tanto para el suelo como para las plantas. El conocimiento de la composición microbiológica de la materia orgánica que se va a compostar es de vital importancia para optimizar el proceso de compostaje y mejorar la calidad del producto final. El objetivo principal de esta investigación es estudiar los microorganismos relacionados con los lodos del tratamiento de aguas residuales de la industria vitivinícola mediante secuenciación de la región 16S rRNA para bacterias e ITS para hongos. Dentro de los microorganismos presentes en los lodos, los principales filos bacterianos fueron *Caldilinea*, *Hyphomicrobium* y *Amaricoccus*; y los géneros fúngicos más abundantes fueron *Aspergillus*, *Thermomyces* y *Neurospora*. Dentro de estos grupos filogenéticos se han identificado microorganismos con características nitrificantes que también se han reportado en el compostaje, por lo que se postula que esta carga microbiológica de los lodos contribuye de manera positiva al proceso de compostaje, la calidad del compost obtenido y al microbioma del suelo. Planteándose el uso de lodos de la industria vitivinícola como fuente rica en nitrógeno y microorganismos para el proceso de compostaje.

Palabras clave: compostaje, viñedo, residuos, microbioma.

Agradecimientos: proyecto CORFO Crea&Valida 19CVID-107464 "Desarrollo y validación de tecnologías para la composta eficiente y de calidad", Viñedos Concha y Toro, Centro de Investigación e Innovación Viña Concha y Toro y Universidad Católica del Maule.

Cepas de levaduras vínicas como plataforma para mejoras genéticas de caracteres de fermentación y emisión de gasotransmisores (H₂S) para aplicaciones agrobiotecnológicas

Molinett, S.^{1*}, Kessi-Pérez, E.I.² y Martínez, C.^{2,3}

¹Laboratorio de Bionanotecnología, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Cruz, Chorrillos 86, Chile; ²Centro de Estudios en Ciencia y Tecnología de Alimentos (CECTA), Universidad de Santiago de Chile, Santiago, Chile; ³Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile, Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: sebastian.molinett@inia.cl

Resumen: *Saccharomyces cerevisiae* es una especie de importancia dado su uso industrial en fermentaciones tradicionales (cerveza, vino, pan, etc.), aplicaciones biotecnológicas en la industria alimentaria, farmacéutica, agrobiotecnológica, medioambiental y como organismo modelo en las ciencias biológicas. Esta levadura presenta una gran diversidad genotípica y fenotípica, por lo cual distintas cepas tienen aplicaciones biotecnológicas específicas; más aún, la industria busca no sólo explotar esta diversidad natural, sino que obtener cepas mejoradas para rasgos de interés. Una estrategia es su mejoramiento genético mediante el desarrollo de programas de cruzamientos intraespecíficos. En este contexto, nuestro grupo de estudio ha desarrollado una población de levaduras (población F1), derivada de una población original (población F0) consistente en cepas vínicas colectadas en Chile y Argentina, a través de una estrategia de cruzamientos al azar. El análisis de distintos rasgos de importancia industrial en esta población F1 ha mostrado que los valores de heredabilidad obtenidos son altos (de entre 0,62 hasta 0,99), lo cual ha permitido su uso exitoso para la obtención de cepas mejoradas para la producción de vinos desde mostos deficientes en nitrógeno así como altos en azúcar inicial mediante programas de mejoramiento genético; estos ejemplos sugieren que esta población F1 es una plataforma adecuada para obtener cepas para otras aplicaciones biotecnológicas más allá de la fermentación vínica, cuyos caracteres a mejorar puedan presentar también altos valores de heredabilidad. En ese contexto, *S. cerevisiae* ha sido ampliamente estudiada durante la fermentación vínica sobre su capacidad para producir sulfuro de hidrógeno (H₂S), principalmente en condiciones de alto azufre elemental o bajos niveles de nitrógeno asimilable. Ahora se reconoce que este gasotransmisor no es solo un intermediario de la biosíntesis de aminoácidos azufrados, sino que también tiene diversas funciones regulatorias de tipo hormonal en plantas, tales como potenciador de la fotosíntesis, movimiento estomático, germinación de semillas, organogénesis de raíces, retraso de la senescencia de flores cortadas y frutas frescas, y tolerancia al estrés biótico y abiótico. Por ello, se propone realizar un programa de mejoramiento genético para la obtención de cepas de levadura con un aumento en la biosíntesis y/o liberación de H₂S desde la población F1 antes mencionada, de forma de evaluar el impacto del H₂S producido en rasgos relevantes para la calidad global y vida útil de frutos no-climatéricos carnosos, con un enfoque específico sobre los procesos que regulan la maduración y senescencia del fruto.

Palabras clave: *Saccharomyces cerevisiae*, mejoramiento genético, fermentación limitada en N, gasotransmisor, H₂S.

Agradecimientos: Proyecto Fondef IDeA I+D ID23I10287.

Hongos endófitos del género *Trichoderma* spp. para la promoción de crecimiento en el cultivo de ají

Ortiz-Campos, J.^{1*}, Barra-Bucarei, L.¹, Parra Andrades, K.¹ y Parra Henríquez, P.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: javiera.ortiz@endofitos.com

Resumen: La demanda de alimentos y su suministro necesario se ha convertido en el mayor desafío de las últimas décadas, siendo el sector agrícola el principal encargado de entregar a la población sostenibilidad alimentaria. Los bioinsumos, en particular aquellos en base a microorganismos se transforman en grandes aliados, dentro de éstos los hongos endófitos han demostrado desempeñar múltiples funciones en favor de las plantas, entre ellas la capacidad de promover su crecimiento. Se evaluó la capacidad de colonización endofítica de dos cepas de *Trichoderma* spp. del producto Endomix® T1 y su potencial de promoción de crecimiento en cultivo de ají (*Capsicum annuum*). Se utilizaron las cepas RGM 1581 (*T. asperelloides*) y RGM 3476 (*T. inhamatum*). Las plantas fueron inoculadas con suspensiones de conidios (1×10^7 conidios mL⁻¹) en el sustrato y se mantuvieron por 30 d a 25°C (con fotoperiodo 14/10). Posteriormente, se extrajeron las plantas, se lavaron en agua potable y se realizaron desinfecciones superficiales (30 seg en etanol 70%, 2 min en hipoclorito de sodio 1,5%, 30 seg en etanol 70% y 3 lavados en agua destilada estéril) de las estructuras vegetales (hoja, tallo, raíz), estas fueron cortadas, sembradas en placas con Agar Noble suplementada con cloranfenicol (0,025 mgL⁻¹) y se incubaron a 25°C por 45 d en oscuridad y se evaluó el crecimiento de los endófitos desde el interior de los tejidos. Se evaluó la producción de sideróforos de Fe mediante la técnica de cromo azurol S (CAS), se sembraron discos de las cepas endófitas en medio sólido. La producción de compuestos indólicos se cuantificó mediante el método espectrofotométrico que emplea el reactivo de Salkowsky usando medio líquido; caldo de papa suplementado con triptófano (10 gL⁻¹). Se inocularon plantas con suspensiones de conidios al sustrato, a los 45 d se extrajeron las plantas, se lavaron en agua potable, se midieron (cm) y luego de 48 h a 60°C se pesaron (g). Las dos cepas lograron colonizar las plantas de ají. La cepa RGM 1581 presentó cambios de coloración en el medio considerándose positiva para el método CAS (22,01%). Ambas cepas presentaron la capacidad de producir compuestos indólicos, variando esta entre 6,44 y 38,84 mg mL⁻¹. La altura de planta varió entre 29,02 y 30,84 cm y el peso seco varió entre 1,6 y 2,3 g no presentando diferencia significativa entre los tratamientos. En conclusión, cepas endófitas del producto Endomix® T1 pueden actuar como potenciales bioestimulantes en el cultivo de ají, siendo una alternativa sostenible en el manejo del cultivo.

Palabras clave: *Capsicum annuum*, probióticos, bioestimulantes, atributos promoción.

Agradecimientos: Laboratorio de Bioprocesos, BRGM, INIA-Chile.

Evaluación del potencial de adaptabilidad de *Camelina sativa* en la macrozona Sur Austral de Chile

Chandía, M.I.¹, Teuber, O.², Ordoñez, I.³, Alcalde, J.M.⁴, Luengo-Escobar, A.⁴, y Osorio, C.E.^{4*}

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco P.O. Box 54-D, Chile; ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Tamel Aike Km 4,5 Camino Coyhaique Alto, Coyhaique; ³Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Kampenaike, Avda. España 01720, Punta Arenas; ⁴Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca, Km 10 camino Cajón-Vilcún s/n, Temuco P.O. Box 929, Chile

*Autor de correspondencia: claudia.osorio@inia.cl

Resumen: La evaluación de nuevos recursos genéticos bajo distintos ambientes, que puedan dar respuesta a las necesidades crecientes de la industria de alimentos es una necesidad creciente a nivel mundial. *Camelina* var. New Gold (*Camelina sativa* L.), o falso lino, tiene un contenido de ácidos grasos cercano al 40%. Sus bajos requerimientos en cuanto a fertilidad de suelos, tolerancia a estrés hídrico, resistencia a plagas y enfermedades la convierten en un interesante recurso genético. El objetivo del presente estudio fue evaluar la potencialidad de *Camelina* en la macrozona Sur Austral de Chile. Parcelas experimentales en cinco zonas agroclimáticas fueron establecidas para evaluar el peso de 100 semillas, rendimiento (kg/ha) y el contenido de aceite. Se observó un mayor peso en semillas en la localidad La Pampa con un promedio de 0,20 g/100 semillas, y un menor peso de semilla en Rio Verde (0,173 g/100 semillas). El mayor contenido de aceite de semillas se obtuvo en la localidad de Carillanca con 45% en promedio y un menor contenido en La Pampa con 37%, existiendo diferencias significativas entre ambas localidades ($p \leq 0,001$). No se observaron diferencias significativas en contenido de aceite entre las localidades ubicadas en las regiones de Aysén y Magallanes. Destaca el rendimiento en Tierra del Fuego con 6.378 kg/ha ($p \leq 0,002$), atribuibles a las diferentes condiciones climáticas en que se desarrolló el cultivo, las características del suelo, disponibilidad de agua y las horas de luz en las diferentes localidades, con un claro gradiente longitudinal en la producción de la var. New Gold desde la Zona Sur hacia la Zona Sur-Austral. La información generada por este estudio abre las posibilidades a la exploración de *C. sativa* en el sur de Chile, y así evaluar la expansión de este cultivo industrial a estas regiones australes.

Palabras clave: *Camelina*, oleaginosa, localidades, macrozona Sur Austral.

Agradecimientos: los autores agradecen el financiamiento de CORFO, vía PTECIN-188130 y a SmartEarth *Camelina* por facilitar la semilla de *camelina* utilizada en este estudio.

The potential of Chilean winter squash (*Cucurbita maxima* Duch.) populations with high nutritional quality towards food safety

Donoso, A.^{1*}, Vergara, C.², and Salazar, E.³

¹Horticultural crops, La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile; ²Foods Unit, La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile; ³Genetic Resources Unit and Germplasm Bank, La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile

*Corresponding author: adolfo.donoso@inia.cl

Abstract: *Cucurbita* is known to have been restricted to America in pre-Columbian times. Among the cultivated species, *Cucurbita pepo* is the most economically important, followed by *C. moschata* and *C. maxima*. While *C. pepo* was grown in North America and Central America, and *C. moschata* was cultivated from North America to South America, from the Pacific to the Atlantic coast, *C. maxima* was restricted to the southern regions of South America. *C. maxima* earliest evidence of domestication comes from coastal Peru (2500 to 1500 B.C.) with later pre-Columbian evidence in Argentina (500 B.C.) and northern Chile (A.D. 600) (Decker-Walters and Walters 2000). In the case of Chile, the archeological evidence of pre-Columbian winter squash growing has been dated to A.D. 600, corresponding to *C. maxima* and *Lagenaria* sp. as cultigens on the north shore of the Cachapoal River in the L. Bernardo O'Higgins Region (Planella and Tagle 1998), with a posterior *Cucurbita* cultigen evidence dated prior to A.D. 1000 in the Metropolitan Region of Santiago (Planella et al. 2005). In Chile, *C. maxima* is an important ingredient of local cuisine; is cultivated by 2,260 farmers in 5,000 ha, based mainly on landraces because no commercial varieties are available. Recently, commercial hybrids have been introduced with differences in fruit size and shape, and organoleptic characteristics, replacing the local varieties. To rescue and improve Chilean landraces, a breeding program was initiated in 2004 to generate uniform and stable Chilean winter squash lines. A nutritional assessment was carried out in four inbred advanced lines of *C. maxima* from INIA's program, determining at harvest total crude protein by Kjeldahl method, total soluble solids by the index of refraction, dry matter by infrared determination and total carotenoids by spectrophotometry. The data show the great potential of some winter squash (*C. maxima*) individuals as a better source of carbohydrates (7.2-11.1 °Brix), proteins (0.96-2.29 g per 100 g fresh pulp) and carotenoids (10.2-23.4 mg per 100 g fresh pulp), associated to a high dry matter content of the fruits with 9.8 to 19.1%. Meanwhile, the crude protein and dry matter reported by other studies for *Cucurbita* fresh pulp, ranged maximum values of 0.9 g per 100 g fresh pulp and 8% for protein and dry matter, respectively, while the reported total soluble solids content and the carotenoids content was 9.2° Brix and 11.2 g per 100 g fresh pulp. Our preliminary results showed that bred lines developed from landraces, doubled the values of nutrients reported in the literature for other *Cucurbita* commercial varieties.

Acknowledgements: The work was supported by the research agreement INIA-MINAGRI 501453-70, INIA-MINCIENCIAS 503598-71 and the project ANID-FOVI 220099.

Biodiversidad en características morfológicas y fisicoquímicas de genotipos de *Rubus* de una colección de trabajo en Colombia

García-Arias, F.L.¹, Sanchez-Betancourt, E.¹, Mayorga, F.¹, Franco, V.¹, y Núñez, V.^{1*}

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia. Centro de Investigación Tibaitatá, Km. 14 vía Mosquera - Bogotá. Mosquera - Cundinamarca, Colombia

*Autor de correspondencia: vnunez@agrosavia.co

Resumen: El género *Rubus* cuenta con un gran número de especies distribuidas en casi todo el mundo y presentan una amplia diversidad morfológica y genética. Dentro de este género, las especies *R. glaucus* y *R. alpinus*, conocidas como mora de Castilla y mora Bachué, respectivamente, son cultivadas y comercializadas en Colombia. Dada la gran importancia comercial que han adquirido estas especies, la producción de mora en el país creció de 110.000 t año⁻¹ en 2016 a 175.000 t año⁻¹ en 2022 con un rendimiento promedio alrededor de 9,0 t ha⁻¹. No obstante, existe un amplio número de especies cuyas características morfológicas y fisicoquímicas son desconocidas y que pueden convertirse en alternativas atractivas para los productores y consumidores de la mora. Por lo anterior, se caracterizaron 43 genotipos de *Rubus*, algunos colectados en zonas productoras del país y otros provenientes del banco de germoplasma de la nación colombiana que hacen parte de la colección de trabajo del programa de fitomejoramiento de mora de Agrosavia. La caracterización incluyó variables asociadas a la hoja, tallo, flor y fruto; así como variables fisicoquímicas asociadas a calidad de fruto como sólidos solubles, acidez titulable, firmeza, índice de madurez, entre otras. El análisis de componentes principales para las variables morfológicas mostró que los primeros cinco componentes explican el 76% de la variabilidad entre los diferentes genotipos, siendo ancho del pétalo, longitud de la hoja y peciolo las variables que más contribuyeron a la variabilidad. Por otro lado, con las variables asociadas a calidad de fruto se encontró que los cuatro primeros componentes explicaron el 88% de la variabilidad, donde las variables peso, tamaño y firmeza fueron las de mayor importancia, resultados que son similares a lo reportado en especies de *R. glaucus*, *R. urticifolius* y *R. robustus*. La matriz de correlación reveló correlaciones positivas y significativas entre longitud de peciolo con el largo y ancho de hoja; entre la presencia de pubescencia en tallo y pubescencia en hoja, y entre forma del tallo y forma de la hoja. En las variables morfológicas del fruto, el peso y tamaño esta positivamente correlacionado con la firmeza; mientras que el índice de forma estuvo correlacionado de manera positiva con el diámetro longitudinal. En el análisis de conglomerados se observó la separación de las accesiones *R. glaucus* de las accesiones silvestres incluida *R. alpinus*, las cuales presentaron mayor peso, tamaño y firmeza de fruto.

Palabras clave: Recursos genéticos, Mora, Caracterización, Peso de Fruto, Firmeza.

Agradecimientos: Agradecimiento al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural - MADR y Agrosavia por la financiación de esta investigación.

Patrones de usos tradicionales y modernos de las plantas nativas comestibles de Chile

León-Lobos, P.^{1*}, Díaz-Forestier, J.², Díaz, R.¹, Celis-Díez, J.L.³, Díazgranados, M.⁴, y Ulián, T.⁴

¹Programa de Recursos Genéticos, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chile; ²Centro Regional de Investigación e Innovación para la Sostenibilidad de la Agricultura y los Territorios Rurales, CERES, Quillota, Chile; ³Escuela de Agronomía, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Quillota, Chile; ⁴Royal Botanic Gardens, Kew, Wellcome Trust Millennium Building, Wakehurst, Ardingly, Reino Unido

*Autor de correspondencia: pleon@inia.cl

Resumen. Las plantas silvestres comestibles desempeñan un rol clave en la subsistencia de muchas comunidades tradicionales, y cada vez están siendo más valoradas en su aporte a la seguridad alimentaria y la nutrición a nivel internacional. En base a una revisión bibliográfica, se describen los patrones de uso de las Plantas Nativas Comestibles (PNC) de Chile y analiza su papel como fuente potencial de cultivos y productos alimenticios. Se documentaron 330 PNC, las cuales representan un 7,8% de la flora total de Chile. Estas especies pertenecen a 196 géneros y 84 familias. Las familias más diversas son Asteraceae (34), Cactaceae (21), Fabaceae (21), Solanaceae (20) y Apiaceae (19). En cuanto a formas de vida, las hierbas perennes son las predominantes (40%), seguidas de los arbustos (35%), los árboles (14%) y las hierbas anuales y bianuales (11%). Los frutos (35,8%), raíces (21,5%) y hojas (20,0%) son las partes de las plantas más consumidas. Se identificaron nueve formas de consumo de las PNC de Chile, siendo en "fresco" el consumo predominante (43%), seguido de las "bebidas" (27%), "preparaciones saladas" (27%) y "dulces" (13%). Para casi todas las PNC chilenas han reportado usos alimenticios tradicionales, mientras que sólo unas pocas registran usos contemporáneos. La riqueza de especies, la diversidad y representación taxonómica tienen patrones similares a los observados para la flora mundial y en floras de otros países donde se han realizado este tipo de estudios. Algunas PNC de Chile tienen el potencial de convertirse en nuevos cultivos y fuentes importantes de nuevos productos nutricionales. Sin embargo, aún existen muchos vacíos en el conocimiento sobre sus características nutricionales, antinutricionales, bioquímicas y sensoriales. Se recomiendan futuras investigaciones que den a conocer sus propiedades y usos potenciales en la agricultura y la industria alimentaria.

Palabras clave: plantas comestibles, recursos fitogenéticos, conocimiento tradicional.

Agradecimientos: Subsecretaría de Agricultura, Ministerio de Agricultura, Chile.

Desempeño fisiológico de genotipos del tubérculo andino *Tropaeolum tuberosum* Ruíz & Pavón en condiciones de bajo fósforo

Lesmes Lara, Y.^{1*}, Ñustez López, C.E.¹, Magniyskiy, S.¹ y, Moreno Fonseca, L.P.¹

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá

*Autor de correspondencia: ylesmesl@unal.edu.co

Resumen: El 67% de los suelos del mundo presentan limitaciones en la producción debido a la baja disponibilidad de fósforo (P). Este nutriente es esencial para el desarrollo, calidad y rendimiento de los cultivos al formar parte de moléculas como fosfolípidos, ácidos nucleicos y ATP. En la región Andina la baja disponibilidad de P en el suelo limita la agricultura, sin embargo, el cubio (*Tropaeolum tuberosum*), presenta buenos rendimientos en esta zona, atribuidos a su rusticidad. El objetivo de este proyecto fue evaluar el desempeño fisiológico de 15 genotipos de *T. tuberosum* de la colección de la Universidad Nacional de Colombia, en condiciones de bajo P. Se sembraron tubérculos de cada genotipo en bolsas plásticas con suelo bajo en P (2,67 ppm) y se aplicaron dos dosis de P, 0 kg ha⁻¹ y 50 kg ha⁻¹. El experimento se hizo a libre exposición durante 2 ciclos de cultivo, con un diseño completamente al azar. Los resultados mostraron que la adición de P aumentó el número de tallos, hojas y tubérculos, en todos los genotipos, similar a lo observado en otros tubérculos andinos, como la papa. Sin embargo, las accesiones 30 y 45 no mostraron diferencias significativas en estas variables con la adición de P. Igualmente la masa seca de las hojas, tallos, raíces y tubérculos, la eficiencia del fotosistema II y el contenido relativo de clorofilas en los genotipos 42, 50 y Yana fue significativamente mayor con la adición de P, respecto a las crecidas sin aporte de P. En todos los genotipos, excepto el 28, 36 y 40, se observó aumentó significativo en área foliar con adición de P. La conductancia estomática no presentó diferencias significativas entre los tratamientos en ningún genotipo, aunque los datos más bajos se presentaron en las plantas sin adición de P, como se ha reportado en otras especies. Los resultados indican que existe una respuesta diferencial de los genotipos a la adición de P donde los genotipos 28, 30, 36 y 40 muestran un alto potencial para ser sembrados en suelos con bajo contenido de P.

Palabras clave: Cubio, Mashua, deficiencia de fósforo, fluorescencia de la clorofila a, conductancia estomática.

Agradecimientos: Los autores agradecen a la Universidad Nacional de Colombia por la financiación y el aporte del material vegetal y al Instituto Colombiano Agropecuario por el préstamo de las instalaciones para el desarrollo del experimento.

Nuevas variedades de papas derivadas de recursos genéticos nativos para enfrentar el cambio climático

Lizana, C.^{1*}, Behn, A.¹, Quezada, D.¹, Águila, A.², y Miquel, L.³

¹Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Banco de germoplasma de papas, Facultad de Ciencias Agrarias y Alimentarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; ²Estación experimental Puerto Octay, Sector la Gruta, Puerto Octay, región de Los Lagos, Chile; ³Consortio papa Chile, Fundo Aunquinco s/n, La Unión, Región de los Ríos, Chile

*Autor de correspondencia: carolina.lizana@uach.cl

Resumen: Para lograr una agricultura sostenible, la adaptación al cambio climático debe ser un objetivo principal de los programas de mejoramiento genético. La biodiversidad de papas nativas de Chile ofrece características de adaptación a estreses ambientales que pueden ser introducidas en variedades mejoradas para lograr materiales que combinen rendimientos estables en condiciones de incremento térmico y/o déficit hídrico con las propiedades saludables de estas papas asociadas principalmente a su alto contenido de antocianinas en la pulpa. El objetivo general del programa fue evaluar y seleccionar líneas mejoradas de papas de colores provenientes de cruzamientos entre genotipos nativos y variedades comerciales, para generar nuevas variedades adaptadas a altas temperaturas y déficit hídrico. La evaluación inició con 22 líneas mejoradas a partir de las cuales se seleccionaron tres para convertirse en nuevas variedades (Nébula-UACH, Galaxia-UACH y Centifolia-UACH). Este trabajo presenta la evaluación de 7 genotipos de papas (2 nativas, 2 comerciales y las 3 nuevas variedades) en 9 experimentos diferentes desarrollados entre la región de la Araucanía y Los Lagos, durante 5 años, combinando diferentes ambientes y tratamientos específicos de disponibilidad hídrica (riego/secano) y aumento de temperatura (Temperatura ambiental/ T° ambiental $+3^{\circ}\text{C}$), para proyectar su comportamiento en futuros escenarios de cambio climático. Se realizaron evaluaciones de fenología, fisiología y rendimiento. Como era esperado el rendimiento de las nuevas variedades fue intermedio entre los genotipos nativos y las variedades comerciales el que varió entre 20 y 88 Ton ha⁻¹ en los ambientes evaluados. Centifolia-UACH presentó el promedio más alto a través de los ambientes (48 ton ha⁻¹) y Galaxia-UACH la mayor estabilidad del rendimiento ($b=0,62$, $r^2=0,62$, $p < 0,05$). La sensibilidad de las nuevas variedades al déficit hídrico, fue inferior al de los genotipos nativos y comerciales, llegando a menos de 25% de reducción en el rendimiento con 40% de déficit hídrico. Galaxia-UACH no presentó efectos negativos ante incrementos moderados de temperatura mientras que Nébula-UACH y Centifolia-UACH presentaron una respuesta moderada (<10% de reducción del rendimiento, con un incremento de 3°C de la temperatura media durante el llenado de los tubérculos). En todas las tres nuevas variedades el incremento de temperatura redujo significativamente la concentración de antocianinas en los tubérculos en un 30% en promedio. La estabilidad del rendimiento se asoció en estos materiales a la mantención de la conductancia estomática, mayor duración del área foliar y en algunos casos mejor regulación de la temperatura de las hojas.

Palabras clave: nuevas variedades, adaptación al cambio climático, estrés hídrico, alta temperatura.

Desempeño de variedades dulces de *Lupinus albus* en dos localidades del sur de Chile

López, G.¹, Alcalde, J.M.², Luengo-Escobar, A.², y Osorio, C.E.^{2*}

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco P.O. Box 54-D, Chile; ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca, Km 10 camino Cajón-Vilcún s/n, Temuco P.O. Box 929, Chile

*Autor de correspondencia: claudia.osorio@inia.cl

Resumen: Durante los últimos años, la demanda por cultivos proteaginosos ha aumentado, y entre ellas, el cultivo de *Lupinus albus* se ha visto relevado, siendo una alternativa importante en las dietas de la industria salmonera en reemplazo de fuentes de proteínas animales. Esta demanda exige la evaluación de nuevo materiales genéticos, que incorporen características deseables, adaptadas a distintas zonas climáticas del Sur de Chile, por lo que el objetivo de esta investigación fue evaluar el desempeño de líneas avanzadas de lupino dulce en términos de rendimiento y contenido proteico de la semilla en dos localidades del Sur de Chile. Para dar cumplimiento a lo anterior, se evaluaron nueve líneas avanzadas del programa de mejoramiento genético de lupino blanco. Se establecieron parcelas experimentales con un diseño de bloques completamente al azar con cuatro repeticiones, en INIA Carillanca (38° 41' 34,21" S / 72° 24' 33,26" O) Región de la Araucanía, e INIA La Pampa (38° 41' 35,04" S / 72° 24' 32,64" O) Región de Los Lagos. Se evaluaron variables de rendimiento (kilos de semilla/hectárea), contenido de proteínas en semilla y rendimiento de proteínas por hectárea. Los resultados obtenidos indican diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,001$) en el rendimiento, para todos los genotipos evaluados, presentando mayor rendimiento en La Pampa con respecto a Carillanca, con una diferencia entre localidades de más de 500 kg/ha por variedad. En Carillanca en cambio, hubo diferencias significativas en el contenido de proteínas de las semillas, con dos genotipos con un contenido de proteínas superior en comparación al observado en La Pampa. Sin embargo, al analizar el rendimiento de proteínas por hectárea, se observaron diferencias significativas en la localidad de La Pampa, destacando producciones superiores a los 2.700 kg de proteína/ha, lo cual se explica por el mayor rendimiento en esa localidad. Estas diferencias son indicadores del efecto ambiental en los genotipos evaluados, los cuales se podrían explicar por mayores alzas de temperaturas en el periodo de floración y déficit hídrico marcado durante la temporada en la localidad de Carillanca. Al analizar el comportamiento por variedad, en la localidad de Carillanca no hubo diferencias significativas, en cambio en La Pampa, se destacaron dos líneas avanzadas las cuales son promisorias variedades en el corto plazo.

Palabras clave: *Lupinus albus*, lupino blanco, rendimiento, localidades, líneas avanzadas.

Agradecimientos: Programa de Fitomejoramiento de Lupino Dulce, del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (502610-70).

Diversidad genética y fenotípica de un germoplasma de avena de diverso origen en relación con el mejoramiento genético

Mathias-Ramwell, M.^{1*}, Pavez, V.², Meneses, M.², Fernández, F.¹, Valdés, A.³, Lobos, I.⁴, Silva, M.⁴, Saldaña, R.⁵, y Hinrichsen, P.²

¹Programa de mejoramiento genético de avena, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), CRI Carillanca, Temuco, Chile; ²Laboratorio de Análisis Genético, INIA, CRI La Platina, Santiago, Chile; ³Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile; ⁴Laboratorio de Espectroscopía Infrarrojo Cercano, INIA, CRI Remehue, Osorno, Chile; ⁵Laboratorio de Nutrición Animal y Medio Ambiente, INIA, CRI Remehue, Osorno, Chile

*Autor de correspondencia: monica.mathias@inia.cl

Resumen: La avena es un importante producto de exportación para La Araucanía, siendo producida en Chile en la última década (2010-2022) mayoritariamente (> 90%) con el cv. Supernova INIA. Una forma de reducir el riesgo de una baja diversidad genética en el cultivo, frente a nuevos estreses bióticos y abióticos, es incrementar la diversidad temporal a través del recambio varietal. Sin embargo, los nuevos cultivares han generado un bajo impacto al no superar claramente a Supernova INIA. En este contexto, la diversidad genética y fenotípica de un germoplasma de avena de diverso origen fueron determinadas con el objetivo de detectar posibles causas de la baja tasa de recambio varietal en Chile y establecer acciones respecto al manejo del germoplasma. La colección de 132 genotipos fue evaluada en campo en Vilcún, La Araucanía, Chile, en 2020. Se midió 28 variables fenotípicas importantes para el mejoramiento. El ADN fue analizado con 14 marcadores SSRs. El efecto aleatorio del genotipo fue significativo ($p \leq 0,05$) sobre las 28 variables, exhibiendo una moderada a alta heredabilidad en el sentido amplio, con excepción del rendimiento (0,27) y el manchado de la cáscara (0,32). La diversidad fenotípica promedio fue alta ($H' = 0,68 \pm 0,18$), identificándose tres grupos fenotípicos con diferentes aptitudes para el mejoramiento. Un grupo de 26 genotipos superó a Supernova INIA en un índice de selección combinando las 28 variables. La diversidad genética fue en promedio moderada ($H_e = 0,58 \pm 0,03$), identificándose dos subpoblaciones con una discreta distancia genética (0,24). La diversidad y valor fenotípico de este germoplasma favorecen el mejoramiento genético en el corto plazo, sugiriendo que una nueva diversidad funcional será necesaria para lograr un avance genético en el largo plazo.

Palabras clave: Avena sativa, diversidad fenotípica, diversidad genética, SSRs, mejoramiento genético.

Agradecimientos: Financiado por Proyecto Núcleo de Investigación INIA, Ministerio de Agricultura, Chile.

Prospección de tolerancia a enfermedades en un germoplasma de avena de diverso origen en el sur de Chile

Mathias-Ramwell, M.^{1*} y Fernández, F.¹

¹Programa de Mejoramiento de Avena, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), CRI Carillanca, Vilcún, Chile

*Autor de correspondencia: monica.mathias@inia.cl

Resumen: La avena ocupa el segundo lugar en superficie de cultivo en Chile, fluctuando en torno a las 100.000 ha (2010-2023). La presencia de enfermedades en el cultivo puede generar pérdidas de calidad y rendimiento, siendo la tolerancia genética una estrategia para incrementar la resiliencia de la avena frente a razas emergentes de patógenos. Con el objetivo de detectar germoplasma de avena tolerante a enfermedades, una colección de 132 genotipos de diverso origen fue evaluada en campo en 2022 sin aplicación de fungicidas, en Carahue y Purranque, Chile. Las enfermedades fueron evaluadas visualmente con escalas, utilizando el cv. Supernova INIA como testigo. Se realizó una prueba de Kruskal-Wallis con contraste de medias (LSD, $p \leq 0,05$). Las enfermedades variaron dependiendo del ambiente, con excepción de las manchas en glumas, el Virus del Enanismo Amarillo de la Cebada (VEAC) y *Puccinia coronata*, presentes en ambos ambientes. El efecto del genotipo fue significativo sobre la mayoría de las enfermedades ($p < 0,001$), excepto sobre el VEAC, y sobre *Septoria avenae* y *P. coronata* en Purranque ($p > 0,05$). La incidencia de enfermedades en Carahue fluctuó entre: 0 a 100 % (*P. coronata*), 2,5 a 65 % (*P. graminis*), 0 a 30 % (VEAC) y 0 a 100% (manchas en glumas); mientras que en Purranque fluctuó entre: 0 a 30 % (*P. coronata*), 0 a 3,5 % (VEAC), 0 a 75 % (manchas en glumas), 7,5 a 50 % (*S. avenae*) y 0 a 75 % (*Blumeria graminis*). La mayoría de las enfermedades exhibió una moderada a alta heredabilidad en el sentido amplio (H^2), fluctuando entre 0,41 y 0,76, indicando una moderada a alta proporción de variación explicada por factores genéticos. Por otro lado, VEAC, *S. avenae*, y *P. coronata* en Purranque, mostraron una baja H^2 ($< 0,20$). En comparación con el cv. Supernova INIA, en Carahue un total de 60, 31 y 37 genotipos, exhibieron menor incidencia ($p < 0,001$) de *P. coronata*, *P. graminis* y manchas en glumas, respectivamente; mientras que en Purranque un total de nueve y 17 genotipos exhibieron una menor incidencia ($p < 0,001$) de *B. graminis* y manchas en glumas, respectivamente. Se detectó 42 genotipos con tolerancia a más de una enfermedad. El germoplasma estudiado es una fuente de tolerancia a *P. coronata*, *P. graminis* y manchas en glumas, y en menor medida a *B. graminis*, mostrando la importancia de enriquecer el germoplasma actual con nuevas fuentes de tolerancia a esta última enfermedad.

Palabras clave: Avena, tolerancia a enfermedades, roya, oidio, manchas en glumas.

Agradecimientos: Financiado por el Ministerio de Agricultura, Chile.

Caracterización de la altura de planta y la tolerancia a tendedura de un germoplasma de avena de diverso origen en el sur de Chile

Mathias-Ramwell, M.^{1*} y Fernández, F.¹

¹Programa de Mejoramiento de Avena, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), CRI Carillanca, Vilcún, Chile

*Autor de correspondencia: monica.mathias@inia.cl

Resumen: La avena se destaca en la rotación de cultivos en Chile por su bajo costo de producción e impacto ambiental. Sin embargo, la sensibilidad del cultivo a la tendedura ha implicado un manejo con aplicación de regulador de crecimiento. La tendedura genera pérdidas de calidad y producción, siendo el desarrollo de cultivares tolerantes una estrategia de mitigación; mientras que una menor altura de planta reduciría el índice de cosecha y problemas asociados al manejo del rastrojo. Con el objetivo de detectar germoplasma de avena con tolerancia a la tendedura y menor altura, una colección de 132 genotipos fue evaluada en campo sin aplicación de regulador de crecimiento en 2022, en Carahue y Purranque, Chile. Se utilizó como testigo el cv. Supernova INIA. La altura de planta fue medida con regla, mientras la tendedura se estimó visualmente como porcentaje de la parcela tendida y ángulo de inclinación de las plantas tendidas. Con los resultados de altura se aplicó ANOVA (Tukey, $p \leq 0,05$) y con la tendedura una prueba de Kruskal-Wallis (LSD, $p \leq 0,05$). El efecto del genotipo fue significativo sobre la tendedura y la altura de planta ($p \leq 0,05$). En Carahue, la altura fluctuó entre 70,5 y 158,7 cm, y la tendedura entre 0 y 100 % con una inclinación entre 1 a 4,5. En Purranque, la altura fluctuó entre 72,2 y 181,9 cm, y la tendedura entre 0 y 100 % con una inclinación entre 1 y 4. Se observó una baja correlación parcial entre altura y porcentaje de tendedura en Carahue ($r = 0,30$; $p < 0,001$) y Purranque ($r = 0,35$; $p < 0,001$). La altura exhibió una moderada a alta heredabilidad en el sentido amplio (H^2) (0,40 y 0,72) y el porcentaje de tendedura una moderada H^2 (0,47 y 0,58), en Carahue y Purranque, respectivamente; mostrando un moderada a alta proporción de variación explicada por factores genéticos. Por otro lado, la inclinación de las plantas exhibió una baja H^2 ($< 0,38$). En comparación con Supernova INIA, se detectó genotipos con menor tendedura (32 y 90) e inclinación de plantas (32 y 87), en Carahue y Purranque ($p \leq 0,05$), respectivamente; no detectándose genotipos con menor altura ($p > 0,05$). El germoplasma estudiado es una fuente de tolerancia a tendedura, pero limitado en una menor altura, comparado con Supernova INIA; mostrando la relevancia de enriquecer el germoplasma actual con nuevos genotipos de menor altura para el mejoramiento genético.

Palabras clave: Avena, *Avena sativa*, tendedura, altura de planta.

Agradecimientos: Financiado por el Ministerio de Agricultura, Chile.

Diversidad genética de accesiones elite de mandioca para calidad comercial en Paraguay

Mendoza González, A.^{1*}, y Toledo, W.¹

¹Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Centro de Investigación para Agricultura Familiar, Programa de Recursos Genéticos para Agricultura Familiar, Código Postal: 020305, San Pedro, Paraguay

*Autor de correspondencia: amalio.mendoza@ipta.gov.py

Resumen: La mandioca constituye uno de los cultivos más importante para el Paraguay, para la alimentación es el principal alimento en las fincas de la agricultura familiar y como materia prima para la fabricación artesanal o industrial de Almidón. El objetivo fue estudiar la diversidad genética de accesiones elite de mandioca con características para calidad comercial. La experimentación se llevó en el Centro de Investigación para la Agricultura Familiar dependiente del Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA-Paraguay). A partir de los resultados de caracterización agronómicas se seleccionaron 20 accesiones la cuales fueron evaluadas en parcelas de cuatro hileras de cinco metros de largo con espaciamiento de un metro entre hileras y 0,70 metro entre plantas, con tres repeticiones. Las variables evaluadas fueron: número de raíces por plantas, números de raíces comerciales, número de raíces no comerciales, peso de raíces comerciales (kg ha⁻¹), peso de raíces no comerciales (kg ha⁻¹) y peso total (kg ha⁻¹). Para determinar la distancia genética se realizó un análisis multivariado en base a la distancia generalizadas de Mahalanobis. La contribución relativa de los caracteres para divergencia fue obtenida por el método de Singh (1981), para delimitación de grupos se utilizó el método de dendrograma Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA). La mayor distancia genética fue observada ente el acceso MPy 096 y MPy250 y la menor distancia entre MPy212 y MPy 258 con valores de 34,42 y 0,13, respectivamente. Las variables peso comercial de raíces y peso no comercial fueron las que más contribuyeron a la distancia genética entre los accesos con valores de 75,32% y 14,85%, respectivamente. Se formaron cuatro grupos, siendo los accesos MPy 096 y MPy 023 conformado en un solo grupo cada uno.

Palabras clave: Manihot, yuca, recursos genéticos, distancia genética, variabilidad.

Agradecimientos: Al BID, PROGRAMA PR-L1162.

Evaluación de los rasgos radicales y estrategias de adquisición de fósforo en germoplasma de quinoa de tierras bajas chilenas: perspectivas para la agricultura sostenible

Montesano de Souza Campos, P.^{1*}, Meier, S.², Morales, A.¹, y Seguel, A.³

¹Banco de Germoplasma, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca; ²Laboratorio de Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca; ³Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

*Autor de correspondencia: pedro.montesano@inia.cl

Resumen: En un contexto global donde la reducción del uso de fertilizantes fosfatados y el incremento de la calidad nutricional de los alimentos son esenciales para garantizar la seguridad alimentaria, la quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) destaca por su notable resistencia a diversas condiciones de estrés y su excepcional valor nutricional. Este estudio se enfocó en la evaluación de germoplasma de quinoas del sur de Chile conservados en el Banco de Germoplasma de INIA Carillanca, particularmente adaptados a climas templados y menos estudiados en términos de sus características radicales y su capacidad de adquisición de fósforo (P). Inicialmente, se analizaron treinta genotipos de quinoa cultivados bajo condiciones limitantes de P (7 mg P kg⁻¹), revelando variaciones genotípicas significativas en la acumulación de P, con valores que oscilaron entre 1,2 y 11,8 mg por planta. Se observó una correlación significativa ($r = 0,91$) entre la producción de biomasa aérea y la acumulación de P, destacando la biomasa radicular como un factor más influyente en la nutrición de P que la actividad bioquímica medida en las raíces. En una fase posterior, se seleccionaron dos genotipos de quinoa para una comparación detallada con trigo y lupino, cultivos modelo conocidos por sus distintos mecanismos de adquisición de P (basados en morfología y fisiología, respectivamente). Bajo niveles contrastantes de P en el suelo (deficiente y fertilizado), se analizaron las características morfológicas y fisiológicas de las raíces. Los resultados demostraron que las raíces de quinoa, independientemente del nivel de P, eran más largas, con mayor área superficial y de menores diámetros en comparación con las de trigo y lupino. Este estudio destaca la relevancia de la morfología radicular de la quinoa en la adquisición de fósforo, evidenciando el valor de los genotipos chilenos en la agricultura sostenible y resiliente, especialmente en suelos pobres en P.

Palabras clave: quinoa, morfología radical, fósforo.

Agradecimientos: A la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile (ANID) a través del proyecto Fondecyt de Postdoctorado no. 3210517 y a la Subsecretaría de Agricultura, Gobierno de Chile, Programa de Recursos Genéticos (501453-70 y 503598-71).

Variabilidad fenológica en genotipos de trigo de invierno y primavera en respuesta a la disponibilidad de fósforo y agua

Meier, S.^{1*}, Montesano de Souza Campos, P.², Palma, R.³, Cea, P.⁴, y Seguel, A.⁵

¹Laboratorio de Ciencias Ambientales, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca;

²Banco de Germoplasma, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca; ³Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Universidad de la Frontera, Temuco, Chile; ⁴Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile; ⁵Núcleo Científico y Tecnológico en BioRecursos, BIOREN-UFRO, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

*Autor de correspondencia: sebastian.meier@inia.cl

Resumen: La relación entre la disponibilidad de fósforo (P) y el estrés por déficit de agua representa un desafío significativo para la producción mundial de trigo. Este estudio tiene como objetivo explorar la adaptabilidad de diferentes genotipos de trigo a diversas condiciones de P y agua, centrándose en parámetros fenológicos. Las plantas se cultivaron en condiciones controladas sobre un Andisol con 3,4 mg P kg⁻¹ de suelo (-P), que se enriqueció posteriormente a 30 mg P kg⁻¹ (+P). Se aplicó riego en dos niveles: bien regado (+W) y al 30% de +W (estrés hídrico, -W). El trigo se cultivó hasta el final de su ciclo fenológico. Los resultados muestran que tanto los genotipos de trigo de invierno como los de primavera son sensibles de manera diferencial a la limitación de P y agua. Los genotipos de invierno mostraron retrasos significativos, que oscilaron entre 40 y 127 días, en alcanzar el estadio de vaina de hoja fuertemente erecta (Feekes 5) bajo condiciones de bajo P y estrés hídrico (-W-P). Por otro lado, los genotipos de primavera mostraron un retraso de 11 días bajo condiciones de bajo P pero adecuado riego, y un retraso de 16 días cuando se aplicaron condiciones de bajo P y estrés hídrico. Interesantemente, los genotipos de primavera bajo condiciones de estrés hídrico, pero con suficiente P aceleraron la fenología en promedio 10 días. Este estudio revela la compleja interacción entre la disponibilidad de fósforo y el estrés hídrico en la fenología de diferentes genotipos de trigo. Estos hallazgos brindan una base para desarrollar estrategias de manejo de nutrientes y agua dirigidas a las respuestas adaptativas específicas de los genotipos de trigo de invierno y primavera. Investigaciones futuras deben centrarse en dilucidar los mecanismos genéticos detrás de la variación fenotípica observada, lo que proporcionará enfoques adicionales para optimizar el uso de nutrientes y agua en el cultivo de trigo.

Palabras clave: Diferencia genotípica, escasez de fósforo, estrés por déficit de agua.

Agradecimiento: A la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile (ANID) a través del proyecto Fondecyt no. 1220190 y 1211387 y a la Subsecretaría de Agricultura, Gobierno de Chile, Programa de Recursos Genéticos (501453-70).

Caracterización de la diversidad fenotípica del Sauco (*Sambucus* sp.) en el sur de Chile: Hacia la domesticación y producción sostenible

Montesano de Souza Campos, P.¹, González, A.^{1*}, Morales, A.¹, Romero, I.¹, Galdames, R.¹, Matamala, L.¹, Crouchett, R.¹, Emden, N.², Tardón, G.², López, M.³, Cheuque, F.⁴, Valenzuela, M.S.⁵, Díaz, N.⁶, y de La Vega, M.²

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca, Camino Cajón-Vilcún s/n, Chile; ²Bayas del Sur S.A., Ruta 5 sur km 950, Casilla 157, Purranque, Chile; ³ASYC Agro SpA, Calle Carrera 151, Lautaro, Chile; ⁴Cooperativa Amuley Lef Trau, Gustavo Vernyori lote b-5, Lautaro, Chile; ⁵Asesorías Agroalimentarias y Comercio Internacional SpA, Apolo VI 1844, Vitacura, Chile; ⁶Agrícola Trucao S.A., Fundo Santa Elena s/n, Río Negro, Chile

*Autor de correspondencia: abel.gonzalez@inia.cl

Resumen: El género *Sambucus* L., cuenta con aproximadamente 23 especies descritas y se caracteriza por su diversidad morfológica. Su centro de origen principal es en Asia central, sin embargo, las rutas de dispersión del sauco abarcan Europa, América y Asia, donde se especiaron. En Chile, se cree que el sauco fue introducido hace muchas décadas, principalmente por sus propiedades medicinales. Recientemente, la demanda internacional por el sauco ha aumentado debido a sus beneficios nutricionales y antivirales, generando interés en la agroindustria chilena, aunque gran parte de la explotación a nivel nacional se genera a través de colectas de materiales silvestres. Este estudio se enfocó en caracterizar la diversidad fenotípica del sauco en Chile para posteriormente evaluar su potencial como cultivo de berries. Se analizaron 91 muestras de *Sambucus* sp. colectadas en las comunas de Río Negro, Lanco, Vilcún, Lautaro, Cherquenco, Perquenco y Victoria. Se documentaron a través de fotografías y se analizaron morfométricamente 28 semillas, 28 frutos y 2 racimos por muestra, utilizando en total 25 variables descriptivas. Comparando con datos bibliográficos, las semillas estudiadas mostraron dimensiones superiores a lo reportado a nivel mundial, pero con rasgos característicos de la especie *Sambucus nigra*. Se realizó un análisis de agrupamiento no supervisado (K-means) con los datos morfométricos, en donde se evidenció la formación de tres grupos principales de diversidad. Cabe destacar la marcada influencia de la localidad en la configuración de estos grupos, lo que permite deducir una alta tasa de propagación vegetativa y/o endogamia del material de Sauco “nativo”. Este trabajo establece una base para futuras investigaciones, incluyendo el genotipado y análisis bioquímico del sauco chileno, con miras a su domesticación y posible inclusión en la matriz productiva agrícola del país.

Palabras clave: sauco, morfometría, diversidad.

Agradecimientos: A la Fundación para la Innovación Agraria (FIA) a través del proyecto FIA PYT-2023-0362 y a la Subsecretaría de Agricultura, Programa de Recursos Genéticos (501453-70).

Mini tubérculos de papa: el inicio del escalamiento productivo de semilla certificada en el sur de Chile

Moreno Peña, M.C.^{1*}, y Alva, S.²

¹Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales, Centro Regional de la papa INIA Tranapunte, Carahue, Chile; ²Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales, INIA La Pampa, Purranque, Chile

*Autor de correspondencia: mayeli.moreno@inia.cl

Resumen: La papa (*Solanum tuberosum* L.) ocupa el segundo lugar en importancia de consumo para los chilenos, por lo que su producción es una labor de alta relevancia que se realiza en distintos sectores del territorio nacional. En Chile, la semilla certificada de papa sólo se puede producir por resolución del Servicio Agrícola y Ganadero N°3276 de 2016 dentro del área libre de enfermedades cuarentenarias, la cual comprende desde la provincia de Arauco hasta Magallanes. La utilización de semilla certificada es fundamental desde el punto de vista de la conservación del material genético en la agricultura, ya que éstas conservan un grado adecuado y satisfactorio de identidad genética, pureza varietal y sanidad. El Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) trabaja minuciosamente en obtener material parental de variedades INIA generadas por el programa de mejoramiento genético de papa. Su producción inicia con la generación de plantas *in vitro* y plántulas SAH (sistema autotrófico hidropónico) cultivadas en ambientes controlados, que dan origen a pequeños tubérculos conocidos como mini tubérculos. En las últimas tres (3) temporadas se han entregado un total de 840.000 minitubérculos de las variedades Patagonia INIA, Puyehue INIA, Porvenir, Pehuenche INIA, Pukara INIA, Karu INIA y Yaike. Este material es entregado a pequeños, medianos y grandes agricultores, quienes asumen el rol de semilleristas con el objeto de multiplicar la semilla utilizada en el esquema de producción de papa consumo. Gracias a ello, en el país se ha logrado mantener y mejorar la calidad genética de los cultivos, asegurando la productividad agrícola a largo plazo y contribuyendo a la sostenibilidad y resiliencia de la agricultura.

Palabras clave: mini tubérculo, identidad genética, pureza varietal, sanidad vegetal, semilla certificada de papa.

Agradecimientos: Convenio privado. Producción de mini tubérculos y ensayos de valor agronómico de nuevas variedades de papa, 503500-12. Ministerio de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación, proyecto Cultivos tradicionales de Chile: Fuente de alimentos nutritivos para la Seguridad y Soberanía Alimentaria del país, 503598-71.

Potencial de rendimiento y sus componentes en variedades tradicionales nativas de papa en comparación con cultivares desarrollados por programa de mejoramiento genético

Muñoz, M.^{1*}, Uribe, M.¹, Folch, C.¹, Méndez, A.M.¹, y Martínez, I.¹

¹Fitomejoramiento de papas. Centro Regional de Investigación INIA Remehue, Osorno, Chile

*Autor de correspondencia: manuel.munozd@inia.cl

Resumen: La papa nativa de Chile (*Solanum tuberosum* grupo Chilotanum) puede contribuir a diversificar la matriz alimentaria, no obstante, es necesario conocer su rendimiento en condiciones óptimas y la distribución de sus componentes, con la finalidad de dimensionar su potencial como opción productiva. Con el objetivo de evaluar el potencial de rendimiento de cinco variedades tradicionales nativas (Bruja, Bizcocha, Cabra, Cabrita y Murta Ojuda) a partir de semilla de alta calidad, en comparación con cuatro variedades mejoradas de alto estándar (Patagonia-INIA, Porvenir, Yaike y Yagana-INIA), se estableció un experimento en un diseño de parcela dividida con el factor variedad como parcela principal y distancia de plantación como subparcela en tres repeticiones. La plantación se estableció el 17 de octubre de 2019 en la localidad de Butalcura, municipio de Dalcahue, Chiloé. Se empleó material de propagación previamente saneado, libre de virus. Cada parcela consistió en 4 hileras de 4,5 mts de largo, con 15 tubérculos por hilera, con una distancia entre hilera de 75 cm para una de las subparcelas y 90 cm para la otra. La fertilización suministrada consistió en 200 Kg N, 400 P₂O₅, 300 K₂O por ha y se aplicaron fungicidas para controlar enfermedades. La cosecha se realizó el 11 de marzo de 2020. El factor varietal produjo diferencias significativas (ANOVA, $p < 0,01$) en las variables rendimiento comercial, número de tubérculos por planta, peso de tubérculos por planta y proporción de tubérculos con calibre mayor a 65 mm de diámetro. Las 5 variedades nativas están asociadas a un alto número de tubérculos por planta (29% mayor a las mejoradas), alto número de tallos por planta, mayor número de tubérculos por tallo principal, mientras que las variedades mejoradas están asociadas a mayor rendimiento por hectárea (30% superior a las nativas), mayor peso promedio por tubérculo cosechado (51% superior a las nativas) y mayor precocidad en madurez del follaje. Si bien las variedades nativas son menos competitivas en rendimiento con respecto a las mejoradas, poseen formas y colores atractivos para mercados de nicho o productos diferenciados con identidad territorial.

Palabras clave: *Solanum tuberosum*; variedades de papa, rendimiento, Chilotanum, mejoramiento genético.

Agradecimientos: Subsecretaría de agricultura proyectos Fitomejoramiento de papas 500057-70 y Conservación de recursos genéticos 501453-70.

Variabilidad del rendimiento y calidad para un panel diverso de líneas experimentales de papa ensayadas en tres condiciones de cultivo

Muñoz, M.^{1*}, Uribe, M.¹, Folch, C.¹, Méndez, A.M.¹, y Martínez, I.¹

¹Fitomejoramiento de papas. Centro Regional de Investigación INIA Remehue, Osorno, Chile

*Autor de correspondencia: manuel.munozd@inia.cl

Resumen: La papa es uno de los cultivos con mayor superficie en el mundo (19,2 millones de ha). En Chile se cultiva en distintos ambientes, con la mayor producción proveniente de la macrozona comprendida por las regiones de La Araucanía, Los Ríos y Los Lagos. En el desarrollo de variedades con una mayor eficiencia en el uso de recursos, se están buscando genotipos que puedan adaptarse a períodos de cultivo cortos (precocidad), a ambientes de secano con restricciones hídricas y también a ambientes de alto rendimiento potencial. Se evaluaron 15 líneas experimentales avanzadas generadas desde cruza controladas biparentales en tres condiciones de cultivo: a) en ciclo corto en secano, con aplicación de desecante a los 100 días de siembra a cosecha para detener el anticipadamente período el vegetativo, b) en período largo en secano con desecación natural del follaje, c) con aplicación de riego aportando 470 mm de agua durante el período vegetativo. El ensayo se realizó en Osorno, Chile, durante las temporadas 2021-2022 y 2022-2023. La fecha de plantación fue el 17 de octubre y cosecha el 30 de enero para el cultivo en condición a) y 8 de marzo para b) y c). Se detectó variabilidad genotípica significativa para la variable rendimiento comercial (ANOVA $p < 0,01$) en las condiciones a), b) y c). Hubo genotipos que se ubicaron consistentemente en el grupo estadístico superior para rendimiento en las tres condiciones, según test de Tukey (5%), destacando la línea RN50-1, primera en el ranking en a), b) y c) y la variedad Porvenir, segunda en el ranking. En promedio, la diferencia en rendimiento entre la condición a) y b) fue de 41% a favor de la segunda, mientras que la diferencia entre b) y c) fue de 59% a favor de esta última. En el genotipo primer rankeado la diferencia fue de 32% y 49% respectivamente. En cuanto a calidad, en el parámetro peso específico, asociado a la densidad del tubérculo y sus propiedades de cocción, solo hubo variación entre la condición b) y c). Esta última produjo una disminución de 1,2% en el valor de la densidad del tubérculo y una diferencia negativa promedio de 0,68 puntos en la escala standard de calidad de fritura que fluctúa entre los valores 1 a 5.

Palabras clave: *Solanum tuberosum*, variedades, fitomejoramiento, propiedades de cocción, fritura.

Agradecimientos: Subsecretaría de agricultura, Fitomejoramiento de papas 500057-70.

Transcriptómica *de novo* como oportunidad para la búsqueda de proteínas con potencial antimicrobiano en especies nativas

Rodríguez-Decuadro, S.^{1*}

¹Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UdelaR, Montevideo, Uruguay

*Autor de correspondencia: sur9@fagro.edu.uy

Resumen: Actualmente, uno de los grandes desafíos a nivel mundial es encontrar productos de reemplazo para los actuales antimicrobianos. Su uso indebido y excesivo tanto en la medicina humana como en la producción de alimentos ha elevado a nivel mundial la resistencia de los microorganismos, representando una amenaza tanto para la salud humana como animal, debilitando además la seguridad alimentaria y la sostenibilidad ambiental. Los péptidos antimicrobianos (AMPs, *antimicrobial peptides*), componentes del sistema inmune de todos los organismos vivos, han surgido como moléculas con potencial como agentes terapéuticos innovadores, representando en la actualidad, una de las estrategias más prometedoras para combatir la resistencia microbiana, para prevenir y tratar enfermedades en humanos, animales y cultivos de importancia comercial. Las plantas han demostrado ser una fuente importante de nuevos compuestos bioactivos, sin embargo, a pesar de la gran cantidad de resultados disponibles sobre AMP vegetales, hay poca información sobre estos péptidos derivados de especies nativas, que constituyen la biodiversidad vegetal más importante. Con la llegada de las nuevas tecnologías de secuenciación masiva, el análisis global de transcriptomas ahora es posible a costos razonables, incluso sin ninguna información genómica previa. Por lo tanto, las tecnologías de secuenciación de transcriptomas, abren nuevas oportunidades para descubrir nuevos AMP a partir de especies de plantas silvestres. En esta línea, nos hemos centrado en la prospección y producción de AMPs de plantas nativas de nuestra región. Utilizando la secuenciación masiva de ARN y el ensamblado *de novo* de transcriptomas, hemos aislado varios genes que codifican AMPs, contando actualmente con un catálogo de genes (defensinas, esnaquinas, proteínas de transferencia de lípidos, *hevein-like*) identificados en los transcriptomas de varias especies nativas. Hasta el momento se han expresado 3 de ellos de forma heteróloga en *Escherichia coli*, detectando en los péptidos recombinantes propiedades antimicrobianas contra hongos oportunistas del ser humano y contra patógenos de plantas de relevancia agronómica. Varios de los péptidos encontrados son candidatos para el desarrollo de productos útiles en el tratamiento o el control efectivo de enfermedades. utilizando estrategias biotecnológicas para su producción.

Palabras clave: RNAseq, AMPs vegetales, producción heteróloga.

Agradecimientos: becas CAP, PEDECIBA, CSIC, ANII, equipos de investigación.

Uva tintorera, fuente de antioxidantes para la salud

Salazar, C.^{1*}, Vergara, C.¹, Miranda, M.¹, y Zamora, O.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina, Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: carolina.salazar@inia.cl

Resumen: La vid (*Vitis vinifera* L.) es una especie de alto interés por ser fuente de antioxidantes, tales como el resveratrol y las antocianinas. Sin embargo, en la amplia industria vitivinícola hay un grupo de variedades que ha sido poco explorada: las vides tintoreras. Estas cepas han sido tradicionalmente utilizadas con fines de corrección de color en la elaboración de vinos. Si bien a nivel mundial hay muchas variedades tintoreras, en nuestro país destacan dos: ‘Alicante Bouschet’ y ‘Lacrima Christi’, aunque muchos viticultores solo las conocen como tintoreras, sin asignarlas a una variedad específica. En la mayoría de las vides, las antocianinas y otros pigmentos se sintetizan y se acumulan en la piel de la baya, sin embargo, en las tintoreras se acumulan en toda la fruta (piel y pulpa). El potencial antioxidante de las tintoreras ha sido poco explorado en la industria de los alimentos, pudiendo ser una materia prima con disponibilidad en el mercado, por su gran cantidad de hectáreas actualmente productivas y con un precio competitivo frente a otros frutos con alta capacidad antioxidante, como otras variedades de vid, arándanos y otros berries. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial de las cepas tintoreras como fuente de compuestos antioxidantes. Para ello, se colectaron muestras en la Región Metropolitana, en la temporada 2021-22. Las bayas fueron analizadas en base a contenido de sólidos solubles (° Brix), color, pH, acidez titulable, contenido y perfil de antocianinas, polifenoles totales y proantocianidinas. Los resultados mostraron que la humedad, acidez y pH fue de 25 y 22 ° Brix, 0,8 y 1% acidez, pH de 3,0 y 3,2, para tintorera y Merlot, respectivamente. El contenido de antocianinas, malvidina, proantocianidinas y polifenoles totales fue significativamente mayor en la cepa tintorera que en Merlot, tanto en piel como en pulpa y baya completa. El contenido de malvidina en la piel de la cepa tintorera fue casi cinco veces mayor que la concentración encontrada en la piel de Merlot. La uva tintorera podría ser revalorizada como materia prima fuente para desarrollar nuevos productos. Con un manejo agronómico adecuado, además sería posible potenciar el rol de las tintoreras y asegurar la sustentabilidad del cultivo a largo plazo. Futuras proyecciones incluyen la revalorización de las variedades tintoreras, con foco en el enorme potencial, tanto biológico como de mercado, frente a otros productos existentes.

Palabras clave: tintorera, antioxidantes, antocianinas.

Agradecimientos: Núcleo INIA Subsecretaría Agricultura 502954-70.

Potencial de harinas no convencionales de origen local como alternativas de proteína vegetal para la industria de alimentos

Sandoval, A.^{1*}, Vergara, C.², Vera, L.¹, Fulle, R.¹, Sanhueza, F.¹, Zamora, O.², Zúñiga, J.¹, Mathias-Ramwell, M.¹, Cordero-Lara, K.³, Osorio, C.E.¹, Alfaro C.⁴, y Alcalde, J.M.¹

¹INIA Carillanca, Temuco, Chile; ²INIA La Platina, Santiago, Chile; ³INIA Quillamapu, Chillán, Chile;

⁴INIA Rayentué, Rengo, Chile

*Autor de correspondencia: anamaria.sandoval@inia.cl

Resumen: Las actuales tendencias de consumo buscan alternativas más saludables y sustentables. El desarrollo de nuevos ingredientes alimentarios, donde fuentes proteicas para la industria han ido en aumento, explorando granos locales con potencial para la elaboración y uso de alimentos con alto valor nutritivo. Las Harinas No Convencionales (HNCs) son alternativa a nivel nutricional para consumidores con requerimientos específicos. Cereales, pseudocereales y leguminosas son una interesante opción para elaborar HNCs, siendo ricas en proteína vegetal, fibra, vitaminas y minerales. El objetivo del trabajo fue elaborar y caracterizar prototipos de cuatro HNCs a partir de materias primas de origen local: avena (Supernova INIA) (HAV), lupino (Alboroto INIA) (HL), quinoa (Kuru INIA) (HQ) y, arroz (Zafiro y Onix, INIA) (HAZ y HAO). La elaboración preliminar de las harinas consistió en: pelado, limpieza, molienda, tamizado y envasado. Luego se caracterizaron en base a: granulometría (AOAC 965.22), humedad (termobalanza), cenizas (AOAC 942.05), proteína (método Dumas), color (espacio CIE L*a*b, y ΔE^*). La humedad varió entre 10 y 14%, cenizas entre 1,6 y 3,2% b.s; color fluctuó con L* (62,2-80,6), a* (-2,6 – 2,9), b* (4,0 – 37,9) y ΔE^*_{ab} (5 – 39); mientras proteína fluctuó entre 9,3 y 37,6% b.s. Mientras la granulometría al tamiz más fino 150 μ m fue <10%. Humedad se estableció dentro de harinas integrales (art.353 del RSA). HAO fue de luminosidad más baja por su color negro exterior, y HQ por presencia de partes externas de tonos rojizos-anaranjados, HL presentó el color más luminoso y amarillo, por sus carotenoides, HAV y HAZ fue de color similar a harina de trigo. Cenizas fue más alto que harina refinada, y da cuenta de mayor extracción de harina y, demuestra mayor cantidad de minerales, por ser de grano entero, sin embargo, se debe optimizar el proceso para no exceder el máximo permitido (RSA). Se confirma que HL tuvo 37% de proteínas, mayor a las demás (entre 9 y 15%), cada una siendo rica fuente de este macronutriente frente a otros alimentos. De granulometría similar, continua la optimización del proceso de elaboración. Así, esta etapa es importante para la obtención de HNCs que destacan a nivel nutricional, siendo alternativas interesantes para mejorar en al menos, el nivel proteico en alimentos.

Palabras clave: harinas no convencionales, proteína, lupino, quinoa, arroz, avena.

Agradecimientos: Proyecto Subsecretaría de Agricultura 503464-70.

Plasticidad y resiliencia de *Lupinus albus* bajo un escenario de cambio climático

López-Olivari, R.¹, Soto, S.², Luengo-Escobar, A.¹, Alcalde, J.M.¹, y Osorio, C.E.^{1*}

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Carillanca, Km 10 camino Cajón-Vilcún s/n, Temuco P.O. Box 929, Chile; ²Facultad de Ciencias Agropecuarias y Medioambiente, Universidad de La Frontera, Temuco P.O. Box 54-D, Chile

*Autor de correspondencia: claudia.osorio@inia.cl

Resumen El cultivo de lupino se caracteriza por prácticas tradicionales basadas en el conocimiento local y la adaptación al entorno en la región de La Araucanía. Sin embargo, la evaluación del comportamiento de los genotipos de *Lupinus albus* al déficit hídrico para determinar la capacidad de resiliencia de estos recursos genéticos y transferir esta información a los agricultores se hace necesaria debido a la variabilidad climática en términos de cantidad, intensidad y distribución de las precipitaciones para una adecuada toma de decisiones. El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta del rendimiento de grano (Kg m^{-2}) en cinco genotipos de *Lupinus albus* bajo diferentes regímenes de riego: T1 (100% bien regado), T2 (75% de T1), T3 (50% de T1), T4 (30% de T1) y T5 (agua lluvia), en un diseño parcelas divididas con arreglo factorial de 5x5 con 3 repeticiones, durante las temporadas de 2020, 2021 y 2022. Los resultados mostraron la importancia de aplicar agua de riego al cultivo, obteniendo aumentos significativos del rendimiento de grano en los tratamientos 100 y 75% para los tres años de evaluación. Al analizar los rendimientos de los genotipos evaluados, IT-15 mostró un buen desempeño bajo condiciones de riego T2 en las temporadas 2020 y 2022. En forma consistente, el tratamiento T5 presentó los rendimientos significativamente más bajos (~20% menor), mostrando la importancia de una gestión del agua en el cultivo en la producción de lupino, o la elección de genotipos adaptadas al déficit hídrico. Así, las líneas avanzadas SPI 09-39 e IT-15 presentaron una respuesta al rendimiento positiva bajo condiciones de estrés hídrico, por lo que sería factible considerar que existe suficiente plasticidad en los genotipos evaluados, para ser recomendados para distintas condiciones de pluviometría o manejo. Esto demuestra que la elección de genotipos tendría un impacto significativo en el rendimiento de grano en el lupino, así como la necesidad de considerar las condiciones climáticas al planificar la producción de esta leguminosa.

Palabras clave: lupino, variedades, riego, rendimiento, variabilidad genética, cambio climático.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el programa de Fitomejoramiento de Lupino Dulce, del Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA Carillanca (502610-70). También, agradecer el apoyo realizado por las personas que trabajan en el laboratorio de Ciencias del Riego de INIA Carillanca.

Betarraga amarilla: potencial fuente colorantes amarillos naturales

Vergara, C.^{1*}, Pino, M.T.¹, Zamora, O.¹, McLeod, C.², Sandoval, A.³, y Alvarez, F.¹

¹INIA La Platina, Santiago, Chile; ²INIA Kampenaike, Punta Arenas, Chile; ³INIA Carillanca, Temuco, Chile

*Autor de correspondencia: cristina.vergara@inia.cl

Resumen: En la industria de alimentos el reemplazo de colorantes amarillos sintéticos es una problemática aún sin resolver, en especial por los conocidos tartrazina (E-102) y amarillo crepúsculo (E-110) los cuales están cuestionados y restringidos e incluso prohibidos en algunas legislaciones (Europa y Estados Unidos). La prohibición está directamente relacionada con los efectos dañinos a la salud humana que provoca el consumo de estos aditivos, resultando en condiciones de hiperactividad y déficit atencional en niños. Lo anterior, unido a la tendencia actual de los consumidores por preferir alimentos elaborados con ingredientes naturales y con etiqueta limpia ha llevado a la industria a realizar el cambio desde ingredientes sintéticos por naturales, pero no resuelven el problema ya que presentan una baja solubilidad en agua y estabilidad limitada a condiciones de temperatura y luz, lo que limita su aplicación en una amplia gama de alimentos acuosos (la gran mayoría de los alimentos son de naturaleza hidrofílica) y no permite contar con soluciones de reemplazo. El objetivo del trabajo fue caracterizar betarragas amarillas cultivadas en Chile y su potencial como fuente de nuevos colorantes amarillos naturales (betalaínas) hidrosolubles. Se utilizó betarragas amarillas de variedad comercial establecidas en INIA La Platina, Región Metropolitana e INIA Kampenaike, Región de Magallanes. La caracterización se realizó determinando humedad (%), sólidos solubles (°Brix), contenido de polifenoles totales mediante Folin-Ciocalteu), pigmentos hidrosolubles betalaínas (betacianinas (rojo) y betaxantinas (amarillo)) y actividad antioxidante (FRAP). El contenido de humedad varió entre 80 y 81%, mientras que los sólidos solubles variaron entre 14 y 19 °Brix, polifenoles totales fluctuó entre 0,2 y 0,5 mg EAG/g betarraga fresca, mientras que el contenido de betaxantinas (pigmento amarillo) varió entre 0,16 y 0,4 mg Bx/g betarraga fresca, no se detectó betacianinas (pigmentos rojos). La actividad antioxidante varió entre 24-32 µmol Trolox/g de betarraga fresca. Las betarragas cultivadas en sur extremo mostraron contenido significativamente mayor de betaxantinas, mientras que las cultivadas en zona central alcanzaron mayor contenido de sólidos solubles, polifenoles totales y FRAP. Las betarragas amarillas poseen un contenido de pigmentos amarillos betaxantinas de gran interés con potencialidad de uso como “alimentos que colorean” y fuente de pigmentos amarillos hidrosolubles para usar como colorantes naturales en alimentos altos en humedad.

Palabras clave: betarraga, betalaínas, colorantes naturales.

Agradecimientos: proyecto subsecretaría agricultura 503474-70.

Contenido de polifenoles y antocianinas en híbridos de maqui (*Aristotelia chilensis*)

González, B.¹, Osoreo, E.¹, Doll, U.¹, y Vogel, H.^{1*}

¹CENATIV, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca, Av. Lircay S/N, Talca, Chile

*Autor de correspondencia: hvogel@utalca.cl

Resumen: Maqui (*Aristotelia chilensis* (Mol.) Stuntz) es una especie nativa de Chile reconocida por el alto contenido de polifenoles y antocianinas en sus bayas. Su destacada capacidad antioxidante ha sido la causa del incremento en la exportación de diversos productos en base a maqui. Para asegurar una producción agrícola sustentable, se han desarrollado variedades comerciales de alto rendimiento en base a un proceso de selección de genotipos destacados. Paralelamente, se han cruzado individuos con características superiores obteniendo híbridos. 69 de estos genotipos han producido frutos y han sido evaluados por el contenido de polifenoles y antocianinas de las bayas. Para los análisis se recolectaron 30 frutos maduros de cada genotipo, determinando el tamaño de la baya, el porcentaje de pulpa, contenido de polifenoles (Folin-Ciocalteu) y de antocianinas (pH diferencial) en cinco repeticiones. El porcentaje de pulpa varió entre 14 a 82% con un promedio de 51%. La concentración de polifenoles mostró valores entre 0,4 y 6,0 g EAG/100 g MS por híbrido, mientras que el contenido de antocianinas varió entre 0,7 y 2,2 g cy-3-glu/100 g MS. Se identificaron los genotipos que, junto con las concentraciones más altas de polifenoles y antocianinas, tenían mayores porcentajes de pulpa y cuyo periodo de maduración fue corto. Los híbridos de características destacadas se clonarán para aumentar el número de plantas por cada genotipo. Estos se evaluarán en un diseño experimental para determinar su comportamiento en terreno y corroborar el contenido de polifenoles y antocianinas en diferentes ambientes y años. Mediante el cruzamiento de plantas destacadas de *A. chilensis* se ha aumentado la variabilidad en varias características de rendimiento y de calidad de los frutos, generando nuevos genotipos sobresalientes, potenciales candidatos para el desarrollo de nuevas variedades comerciales.

Palabras clave: baya; porcentaje de pulpa; periodo de maduración.

Sección 4

Innovaciones desarrolladas a partir de los recursos zoogenéticos y microbianos para hacer frente a los efectos del cambio climático, garantizar la seguridad alimentaria y nutricional



Ponencias orales

Análisis de la estructura poblacional y cuello de botella genético de poblaciones de gallina Mapuche presentes en el sur de Chile mediante el uso de microsatélites

Díaz-Matus de la Parra, M.^{1*}, Inostroza, K.², Alcalde, J.A.³, Larama, G.⁴, y Bravo, S.⁵

¹Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Agrarias y Alimentarias, Universidad Austral de Chile;

²Departamento de Ciencias Agropecuarias y Acuícolas, Universidad Católica de Temuco, Temuco,

Chile; ³Departamento de Fruticultura y Enología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago,

Chile; ⁴Biocontrol Research Laboratory, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile; ⁵Instituto de

Producción Animal, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

*Autor de correspondencia: mariodiazmatus@gmail.com

Resumen: La pérdida de diversidad genética dentro de las razas de gallinas es una gran preocupación, ya que muchas razas están en peligro de extinción. En este estudio se genotipó un total de 96 gallinas de siete razas (Brahma, Plymouth Rock, Kollonca, Quetro, Kollonca de aretes, Trintre y Cogote pelado) utilizando 12 microsatélites. El número de alelos por locus, las heterocigosidades observada y esperada, y el FIS se determinaron mediante el programa GenAlEx v6.503. La distancia genética de Nei se calculó con el software PHYLIP v.3.6.9.8 y el árbol filogenético se graficó con TREEVIEW v. 1.6.6. La estructura genética poblacional fue evaluada con el programa STRUCTURE v.2.3 y la hipótesis del cuello de botella fue determinada a través de una prueba de desviación del equilibrio de mutación-deriva con el software BOTTLENECK 1.2.01. La consanguinidad dentro de las razas (FIS) fue baja, con un promedio de -0,27. El árbol de Neighbor-joining derivado de la distancia genética de Nei mostró dos grupos de razas, el primero formado por Plymouth Rock, Quetro, Kollonca de aretes y Brahma, y el segundo por Kollonca, Trintre y Cogote pelado. El análisis de la estructura racial reveló que Brahma y Plymouth Rock formaron grupos diferenciados, pero el resto de las otras razas se agruparon juntas. Todas las razas evaluadas presentaron una alta diversidad genética y una elevada exogamia. La estructura genética evidenció que Brahma y Plymouth Rock son genéticamente distintas, mientras que las otras razas no presentaron diferencias genéticas. Para las diferentes razas de gallinas analizadas, se observaron patrones diversos en cuanto a la presencia de cuellos de botella recientes en sus historias genéticas. Estos resultados son los primeros en el país y se pueden utilizar como información base para caracterizar la biodiversidad de las razas de gallinas domésticas utilizadas en los sistemas de traspatio en la región de La Araucanía.

Palabras clave: Gallina Mapuche, razas locales, diversidad genética, recursos Zoogenéticos.

Mejoramiento de la calidad genética de la ganadería ovina en el territorio Patagonia Verde, Chile

Carvajal, A.M.^{1*}, Martínez, M.E.¹, y de la Barra, R.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Remehue, Osorno, Chile

*Autor de correspondencia: andres.carvajal@inia.cl

Resumen: El territorio Patagonia Verde (PV) comprende la provincia de Palena más la comuna de Cochamó, en la región de Los Lagos. En él se encuentran productores ovinos pertenecientes a la Agricultura Familiar Campesina los cuales manejan pequeños rebaños en los que se desconoce su calidad genética y estándar racial. La aplicación de una encuesta a productores y asesores y el estudio de sus rebaños nos permitió construir un diagnóstico y plantear acciones para el mejoramiento de la ganadería ovina en términos de su calidad genética y productividad, teniendo como objetivo valorizar la producción ovina mediante la generación de reproductores adaptados al territorio y potenciar las capacidades técnicas y de gestión de los productores y sus asesores técnicos. Para ello, se conformó una red de 61 productores ovinos y 15 asesores, los cuales fueron capacitados mediante charlas, talleres, demostraciones prácticas y material técnico-divulgativo en áreas básicas de producción pecuaria y gestión genética, de forma de resolver y homologar las brechas detectadas en el diagnóstico. Los rebaños de los productores fueron intervenidos con el fin de desarrollar un plan genético de mejoramiento basado en selección o cruzamiento, incorporando machos de calidad genética certificada y depurando vientres. En total se realizaron 23 charlas teóricas, 3 talleres y 37 visitas prediales con actividades prácticas en terreno, y 7 reuniones con los asesores. Como objetivo de mejoramiento se acordó generar un mayor número de corderos por vientre (prolificidad) y aumentar la ganancia de peso entre nacimiento y destete. Por tanto, las capacitaciones y talleres se enfocaron en aspectos de alimentación, nutrición, manejo del encaste, aptitud racial y habilidad materna, condición corporal (CC) y manejo y sanidad del cordero. Se conformaron 45 rebaños de absorción y 16 de cruzamiento, predominando la incorporación de carneros Suffolk (39%) y Texel (28%) con el fin de mejorar el formato carnívor. Como resultado de 2 temporadas se crotalizaron 1.163 y 759 vientres, obteniendo de ellos 841 y 731 corderos, correspondiente a un índice de prolificidad de 72,3 y 96,3 el primer y segundo año, respectivamente. Esta respuesta pudo ser consecuencia de un mejor manejo de la carga animal, la CC de la madre durante la preñez, tópicos reforzados en las capacitaciones. El peso al nacimiento promedio obtenido de las crías nacidas para ambas temporadas no difirió, estando en promedio en 4,61 kg.

Palabras clave: Calidad genética, ovinos, Patagonia verde.

Agradecimientos: Al Gobierno regional de Los Lagos por el financiamiento del programa BIP 30341175-0 y la SEREMI de Agricultura.

Colección de microorganismos INTA-Mendoza (CoMIM): conservación y valoración de microorganismos asociados a vid y vino

Chimeno, S.V.^{1*}, Lerena, M.C.², Combina, M.^{1,2}, y Mercado, L.^{1,3}

¹Estación Experimental Agropecuaria Mendoza, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina

*Autor de correspondencia: chimeno.valeria@inta.gob.ar

Resumen: El Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) de Argentina cuenta con una Red de Recursos Genéticos Microbiológicos con el fin de dar respuestas a desarrollos tecnológicos para la producción agropecuaria-agroindustrial y sanidad animal y vegetal. La colección de microorganismos de INTA Mendoza (CoMIM) integra esta red con el objeto de conservar y caracterizar microorganismos regionales. Actualmente cuenta con los siguientes aislados de levaduras: diferentes cepas de *Saccharomyces cerevisiae* seleccionadas para la elaboración de vinos de diferente estilo (tintos jóvenes, Malbec, Bonarda, variedades criollas), identificadas molecularmente (secuenciación del dominio D1/D2 del gen ribosomal 26S, PCR-RFLP ITS-5.8S y tipificación por PCRInterdelta) y caracterizadas en sus propiedades enológicas, como actividad fermentativa, producción de enzimas, aromas, etc; las cuales están disponibles para la transferencia; diferentes especies de contaminación de jugos de uva concentrados y vinos identificadas molecularmente y caracterizadas en sus actividades (tolerancia osmótica y a preservantes y capacidad para producir etilfenoles); especies aisladas con potencial para biocontrol de hongos ocratoxigenicos y otras podredumbres de uvas durante la poscosecha. Por otro lado, se cuenta con una sub-colección de levaduras *S. cerevisiae* integrada en dos bloques estratégicos para la conservación *ex situ* de esta especie del ecosistema viñedo. El bloque: “biodiversidad”, 2000 aislados de diferentes viñedos de la ZARM, principal región productora de vinos Malbec. Por otro lado, el bloque: “nichos”, 500 aislados (desde suelo, corteza, yemas, flores, bayas) recolectados a lo largo del ciclo biológico de la vid y 500 levaduras endófitas de viñedos de la ZARM. Esta colección, busca resguardar la biodiversidad regional de microorganismos que presentan potenciales aplicaciones biotecnológicas en áreas como: biocontrol de hongos, la fermentación de vinos y otros alimentos, la resistencia a diferentes agentes y condiciones del ambiente. Su disponibilidad, podría dar respuestas a los desafíos del cambio climático y la diversificación productiva.

Palabras clave: ecosistema vitivinícola, recursos genéticos microbiológicos, resguardo *ex situ*.

Complejo nativo nemátodo entomopatógeno-bacteria simbiote: Innovación y proyecciones para control de plagas

Navarro, P.D.^{1*}, Ceballos, R.², Palma-Millanao, R.¹, y Monje, A.J.¹

¹Laboratorio Ciencia de Insectos, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Vilcún, Chile;

²Laboratorio de Ecología Química, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Chillán, Chile

*Autor de correspondencia: patricia.navarro@inia.cl

Resumen: El complejo nemátodo entomopatógeno (NEP)-bacteria simbiote es una herramienta de control biológico utilizada mundialmente para el control de plagas insectiles del suelo. En Chile, existen complejos nativos NEP-bacteria que están siendo estudiados y mejorados para el control de plagas de importancia económica para la agricultura. La eficacia del complejo nativo NEP-bacteria *Steinernema australe*-*Xenorhabdus magdalenensis*, aislado desde la isla Magdalena en la Patagonia Chilena, fue mejorado a través de selección artificial, utilizando 2-careno como estímulo olfativo para el control de larvas del género *Aegorhinus* (Coleoptera: Curculionidae). Estudios olfatométricos fueron realizados en laboratorio y la evaluación de los NEPs mejorados a nivel de laboratorio, invernadero y campo. La metodología de selección de los nematodos fue realizada a través del uso de olfatómetros en forma de "T" modificados la cual permitió incrementar la eficacia de este complejo nativo en un 20% contra larvas de *Aegorhinus* y aumentar cinco veces la rapidez de los nematodos en percibir la presencia de la larva e infectarla. Los datos de mortalidad de larvas de *Aegorhinus* fueron analizados a través de Análisis de Varianza, y las diferencias entre las medias de los tratamientos evaluados a través de la prueba de Tukey ($p < 0,005$). Actualmente este nematodo se encuentra en etapa de escalamiento para su futura comercialización. Por otra parte, la bacteria simbiote de este NEP se encuentra siendo evaluada en relación a sus extractos crudos para la identificación de metabolitos secundarios con efectos biocidas del tipo insecticida y nematocida. Resultados promisorios han sido observados para el control de plagas como *Hylamorphia elegans* (Coleoptera: Scarabaeidae) y el nematodo fitoparásito *Xiphinema index* (Dorylaimida: Longidoridae). Estos resultados se proyectan como futuras herramientas específicas para el control de plagas nativas e introducidas al país.

Palabras clave: Nematodo entomopatógeno, bacteria simbiote, *Steinernema australe*, *Xenorhabdus magdalenensis*, NEP, complejo NEP-bacteria.

Agradecimientos: Esta investigación fue financiada por Fondef 2021 + IT 21I0005 y Agrícola Giddings y BioFuturo.

INIA's Microbial Bank: the importance of thematic microbial collections in addressing the effects of climate change on agriculture

Castro, J.F.^{1*}, Guerra, M.¹, Carrasco, J.¹, Barra-Bucarei, L.¹, and Millas, P.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Av. Vicente Méndez 515, Chillán, Chile

*Corresponding author: jean.castro@inia.cl

Abstract: The Microbial Genetic Resources Bank of the Institute of Agricultural Research harbors the Chilean Collection of Microbial Genetic Resources (CChRGM) an International Depository Authority recognized by the World Intellectual Property Organization. Serving as a reservoir of microbial diversity, the CChRGM plays a pivotal role in preserving and developing innovative tools to address the challenges posed by climate change in agriculture. Different bioprospection campaigns have targeted the acquisition of plant pathogens, biocontroller fungi, and plant growth-promoting bacteria, strategically positioning these microorganisms as important raw material in for developing eco-friendly alternative to traditional pesticides, aligning with sustainable pest management practices. The phytopathogens collection, housing reference strains such as *Phytophthora* spp., *Botrytis* spp., *Fusarium* spp., *Neofusicoccum* spp., *Pseudomonas syringae*, and others, serves as a testing ground for novel products designed to counter their proliferation. Concurrently, the plague control collection features fungi such as *Beauveria* spp., *Metarhizium* spp., and *Trichoderma* spp. are used in commercial products (Endomix) to control insect plague and pathogens, while also promoting plant-growth. Plant growth-promoting bacteria like *Bacillus*, *Pseudomonas*, nitrogen-fixing bacteria, and actinobacteria contribute to pathogen control. These thematic collections not only preserve microbial diversity but emerge as important tools in shaping a resilient agricultural to overcoming the impacts of climate change.

Keywords: Microbial Genetic Resources Bank (BRGM), Chilean Collection of Microbial Genetic Resources (CChRGM), thematic culture collections, climate change.

Acknowledgements: FONDEQUIP EQM200205 (ANID).

Interaction of plant growth-promoting bacteria on induced drought stress in Chilean landrace of *Phaseolus vulgaris* L.

Olivares, D.^{1,2,3*}, Valenzuela, F.³, Meza, C.^{1,4}, Carrasco, B.³, and Banerjee, A.^{5*}

¹Centro de Biotecnología de los Recursos Naturales (CENBio), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrícolas y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ³Centro de Estudios en Alimentos Procesados (CEAP), Talca, Chile; ⁴Doctorado en Biotecnología Traslacional (DBT), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ⁵Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Universidad Autónoma de Chile, Talca, Chile

* Corresponding author: dayenu.olivares@alu.ucm.cl aparna.banerjee@uautonoma.cl

Resumen: *Phaseolus vulgaris* L. is among one of the most consumed leguminous crops worldwide for its nutritional value. It is also related to various native ancestral varieties in South-Central America. Abiotic stress like, drought puts crops at risk. In context with global warming, it is imperative to characterize and improve the response of cultivars to abiotic stresses in the future. In the present study, drought stress induced by 1%, 5%, 10%, 15%, and 20%, Polyethylene glycol (PEG) treatment was evaluated in three Chilean bean varieties (Sapito, Tórtola, and Mantequilla) focusing on the effect of plant growth-promoting bacteria in response to drought stress. Germination parameters namely were evaluated. The association of bacteria to the root was visualized by confocal microscopy. The plants were moved to the greenhouse for 10 days after the germination maintaining drought conditions, and later growth parameters, fresh and dry weight, and root/shoot ratio were evaluated. From the results, it can be concluded that the native PGPB induced growth of common beans under 10% drought conditions Indicating the use of PGPB in sustainable agriculture in the near future.

Keywords: Plant-bacterial interaction, drought, *Phaseolus vulgaris* L., plant growth promoting bacteria (PGPB).

Agradecimientos: Fortalecimiento Científico de Centros Regionales R20F0001.

Aplicación de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) en frijol común nativo chileno (*Phaseolus vulgaris* L.) para un crecimiento mejorado en respuesta al estrés térmico

Meza, C.¹, Valenzuela, F.², Carrasco, B.², y Banerjee, A.^{3*}

¹Doctorado en Biotecnología Traslacional, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Talca, Chile; ²Centro de Estudios en Alimentos procesados, Talca, Chile; ³Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Universidad Autónoma de Chile, Talca, Chile

*Autor de correspondencia: aparna.banerjee@uautonoma.cl

Resumen: El poroto chileno *Phaseolus vulgaris* L., es la leguminosa más consumida a nivel mundial, ya que poseen características en su composición que permiten destacar su consumo como un hábito alimentario saludable. Se han descrito sus efectos benéficos sobre los sistemas circulatorio, inmunológico, digestivo y también se ha sugerido que tiene un papel relevante en la prevención de eventos cardiovasculares. La raza “Chile” forma parte de la matriz “andina” de los porotos y es considerado un patrimonio socio-cultural de los alimentos. Su conservación se ha trabajado durante los últimos años ya que, los recursos genéticos y las variedades ancestrales son un patrimonio invaluable para los países que los poseen, son la base de la seguridad alimentaria, sobre todo en un contexto de cambio climático; por lo que su conservación es crucial. Una de las áreas de estudio que actualmente está impactando en la agricultura, es la de aplicación de productos a través del empleo de microorganismos, por lo que proponemos el uso de bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB) en semillas de poroto nativo chileno bajo altas temperaturas. Se realizaron experimentos para estudiar la interacción entre las raíces de variedades de poroto y PGPB, también, evaluar los impactos del estrés térmico a nivel celular y fisiológico mediante análisis de clorofila, carotenoides, contenido de polifenoles, capacidad de absorbancia de radicales de oxígeno (ORAC) y análisis de probables daños a la membrana. Se obtuvo una buena interacción entre las PGPB y las raíces de las variedades de poroto chileno, también las temperaturas máximas toleradas para variedades de Tortola y Sapito fue de 35°C y para la variedad mantequilla de 40°C. Este estudio investiga específicamente el papel de los PGPB nativos evaluando su eficacia para promover la germinación de semillas, la formación temprana de plántulas y el crecimiento de las plantas en condiciones de estrés térmico, y dilucidando los mecanismos celulares y fisiológicos que sustentan sus efectos beneficiosos. Los resultados de esta investigación tienen implicaciones más amplias para promover la aplicación de PGPB en otros cultivos y regiones, para construir sistemas agrícolas resistentes y sostenibles frente al cambio climático global.

Palabras clave: *Phaseolus vulgaris* L., poroto chileno, PGPB, estrés de temperatura, cambio climático.

Agradecimientos: FONDEQUIP-ANID EQM200122, Programa de Fortalecimiento Científico de Centros Regionales ANID- R20F0001.

Cambio de temperatura durante el día en aguas naturales versus las de acuicultura de pirarucú (*Arapaima spp.*)

Martínez González, D.^{1*}

¹Universidad Nacional de Colombia. Carrera 32 No. 12-00. Palmira, Valle del Cauca, Colombia

*Autor de correspondencia: dmartinezg@unal.edu.co

Resumen: Los peces son animales poiquiloterms (no regulan su temperatura interna) que viven en el agua, la cual presenta una capacidad calórica de 1, por lo tanto, se calienta lentamente y durante el día acumula la energía capturada de los rayos solares, siendo su temperatura más alta alrededor de las 18 h Boyd (1982). El objetivo de esta investigación fue analizar el efecto del cambio de temperatura durante el día en cuerpos de agua naturales versus las utilizadas para el acuicultura del pez amazónico pirarucú (*Arapaima spp.*). El estudio se llevó a cabo en Villagarzón (latitud 0°56'13,30"N y longitud 76°35'12,84"O), departamento del Putumayo; y en cuerpos de agua naturales del río Amazonas (latitud 3°47'0,91"S y longitud 70°21'56,21"O); y Lago Tarapoto, departamento de Amazonas (latitud 3°48'9,15"S y longitud 70°25'9,82"O). Se evaluó la temperatura del agua a un metro de profundidad utilizando un termómetro digital con sonda y durante diferentes horas (6, 12 y 18 h). Los datos fueron analizados mediante estadística descriptiva y prueba de T student procesándola con el programa R con un nivel de significancia del 5 %. Se encontró que las temperaturas en cuerpos de agua naturales en promedio fueron de: 28,10, 28,50 y 28,60°C en el río Amazonas y de 29,70, 30,13 y 30,10 en el lago Tarapoto (sin diferencias estadísticamente significativas) a las 6, 12 y 18 h respectivamente, mientras que en acuicultivos fue de 23,10, 27,74 y 28,86°C respectivamente a las mismas horas (con diferencias estadísticamente significativas entre las medias de las 6 y 12 h y de las 6 y 18 h. Lo anterior es similar a lo presentado por Boyd (1982). Este estudio permitió concluir que en cuerpos de agua naturales y de gran volumen ese cambio se da en décimas de grados, mientras que en cuerpos de agua pequeños como son los utilizados en el acuicultura de peces su cambio se da en grados. Según Meneses *et al.* (2020) la temperatura influye principalmente en parámetros como Oxígeno Disuelto (OD), pH y Conductividad Eléctrica (CE), afectando la fauna acuática. Cuando la temperatura es baja su crecimiento también baja, y este aumenta cuando las temperaturas son altas, interviniendo en la productividad, su confort y en algunos casos extremos hasta causar la muerte. La gran diferencia entre las temperaturas del agua durante el día en medios naturales y las de acuicultivos se puede ampliar aún más con el cambio climático y se deben buscar rápidas soluciones.

Palabras clave: capacidad calórica, poiquiloterms y zona de confort.

Sección 5

Una mirada crítica a los tratados internacionales: avances desde su implementación a nivel nacional e internacional, impactos y desafíos futuros



Conferencias magistrales

Implementación del TIRFAA en América y el Caribe: Situación Actual, Experiencias en su ejecución y desafíos futuros

Toledo, A.^{1*}

¹Secretaría del Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (TIRFAA), Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura – FAO, Roma, Italia

*Autor de correspondencia: Alvaro.Toledo@fao.org

Resumen: El Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura fue adoptado durante la Trigésima Primera Sesión de la Conferencia de la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura el 3 de noviembre de 2001 y ha sido ratificado a nivel nacional por más de 150 países. El Tratado tiene como objetivos generales:

- reconocer la enorme contribución de agricultores de todas las regiones del mundo a la diversidad de los cultivos que alimentan el mundo;
- establecer un sistema mundial para proporcionar a los agricultores, fitomejoradores y científicos acceso gratuito y fácil a los materiales fitogenéticos;
- garantizar que los usuarios compartan los beneficios que obtienen de los germoplasmas utilizados en la mejora de las plantas o en la biotecnología.

En la ponencia realizada, se detallan las experiencias que diversos países de la región han puesto en marcha en la ejecución del Tratado, así como iniciativas de otras regiones que pueden ser relevantes para la Región. Se analizan también oportunidades y desafíos que habrá que tratar en los próximos años.

New alliances, incentives, policies, and practices for the conservation and sustainable use of plant genetic resources in Latin America and the Caribbean

Vernooy, R.^{1*}, Drucker, A.¹, Ramirez, M.¹, and Thomas, E.¹

¹Alliance of Bioversity International and CIAT

*Correspondence author: r.vernooy@cgiar.org

Resumen: Almost everywhere around the globe, agrobiodiversity (which includes all plant genetic resources, i.e., crops, forages, and trees, on-farm and in the wild) and the local practices that maintain it are under stress. Agricultural modernization and the shift to monocultures, changing food habits, environmental degradation, and urbanization are among the contributing factors. Many farming households have become more individualized in terms of decision-making and deployment of inputs, including seeds. Traditional seed exchange relationships have become weaker in many areas. Climate change has begun to put additional pressure on farmers' seed and food production systems and on the multiple functions that they fulfill. To address this global challenge, new alliances, incentives, practices, and strategies are needed to better conserve and sustainably use our plant genetic resources. Such innovations exist at small scale and sometimes with limited recognition and support. They include payment for agrobiodiversity schemes (e.g. Guatemala, Peru), community seed Banks (Africa, Asia, Latin America), crop and tree restoration initiatives (e.g. Burkina Faso, Colombia, Kenya, Peru), community-supported agriculture initiatives (Africa, Asia, Europe, Latin America), dietary health clubs (e.g. Kenya, Vietnam), value chains of neglected and underutilized species (also known as forgotten crops) (Africa, Asia, Europe, Latin America), and a protocol for collaboration between the national genebank and community seed banks. There is an urgent need to bring these innovations to scale backed up by adequate government and institutional support if we are to stop/revert the loss of agrobiodiversity and related (indigenous and local) knowledge and practices.

Keywords: agrobiodiversidad, banco comunitario de semillas, conservación, incentivos, protocolo de cooperación, restauración, uso sostenible.

Acknowledgments: Agradecemos a las comunidades/organizaciones campesinas e indígenas, y a las instituciones colaboradores en África, América Latina y Asia para sus esfuerzos e iniciativas de conservación y uso sostenible de la agrobiodiversidad.

Challenges and limitations in the distribution and utilization of microbial genetic resources in the context of Access and Benefit Sharing framework: The Brazilian case

Glienke, C.^{1*}

¹Department of Genetics, Universidade Federal do Parana, Av. Coronel Francisco Heráclito dos Santos, 210, CEP: 81531-970, Curitiba, Brazil

* Corresponding author: cglienke@ufpr.br

Summary: The Convention on Biological Diversity provides a global legal framework for action on biodiversity and has 3 main goals. One of them concerns the fair and equitable sharing of benefits arising from the use of genetic resources. Based on this goal, the Nagoya Protocol implements access and benefit sharing (ABS). As part of the Nagoya Protocol, Brazil implemented a new Access and Benefit Sharing legislation (Law 13,123/2015). However, this legislation resulted in adverse effects on microbiological collections, especially with regard to the description of new species. According to this law, foreign researchers seeking access to native Brazilian biodiversity will only be able to do so if they are linked to Brazilian scientific and technological research institutions, public or private, and these institutions are therefore responsible for registering the activity in the SisGen Brazilian system. This requirement applies to the use of any Brazilian genetic resource deposited in ex-situ collections. This prerequisite has led to a reluctance of international microbiological collections to accept deposits of Brazilian microorganisms in recent years. Furthermore, it also created challenges for the description of new species of bacteria isolated in Brazil, as it is mandatory to deposit type strains in different culture collections in at least two different countries. Unfortunately, the interpretation is that the association requirement described in Brazilian Law 13,123/2015 contradicts the principle of “unrestricted distribution” provided for in Rule 30 of the International Code of Nomenclature of Prokaryotes (ICNP). To avoid any restrictions on access, ICNP Rule 30 states that organisms deposited in a way that may limit access cannot serve as strains of the type. Therefore, this interpretation significantly impacts studies involving Brazilian biodiversity. Despite ongoing efforts to resolve these issues, many challenges remain, and much progress is still needed.

Acceso a recursos genéticos en Colombia y su contribución a la bioeconomía

Ospina, C.^{1*}

¹Programa Colombia más Competitiva, Swisscontact Colombia, Cra 48 # 93-51, Bogotá, Colombia

*Autor de correspondencia: hylla24@gmail.com carlos.ospina@swisscontact.org

Resumen: Colombia, gracias a su ubicación geográfica, presenta características y condiciones ambientales favorables para el desarrollo y diversificación de todo tipo de formas de vida. alberga casi el 10% de la biodiversidad mundial, con más de 300 tipos de ecosistemas, distribuidos en cinco regiones geográficas: los Andes, el Caribe, la costa del Pacífico, la Amazonía y los llanos orientales. ocupa el primer lugar en diversidad de especies de aves y orquídeas a nivel mundial, el segundo lugar en plantas, mariposas, peces de agua dulce y anfibios; y es uno de los países más ricos en recursos hídricos. Casi el 10% de la superficie de Colombia de 1.100.000 km² es superficie forestal, un 10% son aguas territoriales y otro 10% son aguas protegidas. toda esta biodiversidad es una fuente potencial de recursos genéticos y productos derivados que pueden ser traducidos en bienes y servicios para los humanos, que pueden ser aprovechados a partir de la forma expresa de estos recursos genéticos en alimentos, materias primas, medicinas naturales, entre otros y a los cuales La biotecnología puede aplicarse para producir bienes y servicios de alto valor agregado, que satisfagan las necesidades básicas y la evolución del mercado. En Colombia, el acceso a los recursos genéticos se otorga a través de un contrato de acceso que permite la bioprospección y actividades comerciales con los recursos genéticos y sus derivados. Hasta el año 2020 Colombia ha otorgado 322 contratos con fines de investigación, 23 contratos marco con universidades y centros de investigación y 17 contratos comerciales. de estos, el país ha recibido importantes aportes derivados de la distribución de beneficios monetarios y no monetarios. El acceso a los recursos genéticos y sus derivados, para el desarrollo de productos y servicios, es fundamental para el impulso de la bioeconomía en Colombia, ya que por un lado fortalece los sistemas de información en biodiversidad y las capacidades en C+T+i, y de otro lado el estado recibe beneficios derivados del acceso. Aunque el país ha fortalecido en los últimos años su marco normativo e institucional para favorecer el acceso a los recursos genéticos y sus productos derivados, estos esfuerzos no son suficientes para el desarrollo de la bioeconomía, ya que, aunque se cuenta con políticas como el conpes de biotecnología, el conpes de crecimiento verde, la política para la gestión integral de la biodiversidad y sus servicios ecosistémicos, la misión de sabios para el avance de la Ciencia, la Tecnología y la Innovación, el Plan de Acción para la cadena de valor de ingredientes naturales, por mencionar los más relevantes; es necesario superar brechas como aumentar gradualmente la inversiones del PIB en ciencia, tecnología e innovación, que actualmente son del 0,8%, una de las más bajas de Latinoamérica (mineducación.gov.co), fortalecer la articulación del gobierno, sector privado, academia y sociedad, ya que en la actualidad es muy débil, disminuir las brechas de desigualdad entre los territorios, ya que en la regiones más pobres es donde se encuentra la más alta biodiversidad, entre otras. El potencial que tienen los recursos genéticos y sus productos derivados para el fortalecimiento de la bioeconomía en Colombia es muy relevante. Sin embargo, el acceso a los recursos genéticos por sí solo no puede mover la bioeconomía en su totalidad, ya que es necesario que el gobierno trabaje de la mano del sector privado en generar condiciones habilitantes que permitan que Colombia avance hacia una economía basada en el uso sostenible de la biodiversidad y sus servicios ecosistémicos.

Palabras clave: Recursos genéticos, bioeconomía, ABS.

Agradecimientos: Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible.

Ponencias orales

Estableciendo una Comunidad de Práctica de bancos de germoplasma de América Latina y el Caribe

Carvajal-Yepes, M.^{1*}, Sansaloni, C.², Petroli, C.², Hearne, S.², y Wenzl, P.¹

¹La Alianza de Bioversity Intl. & el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Palmira-Colombia; ²Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Texcoco-Mexico

*Autor de correspondencia: m.carvajal@cgair.org

Resumen: Dos centros CGIAR, la Alianza de Bioversity Intl. & el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) y el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), unieron fuerzas para establecer una Comunidad de Práctica (CdP) de bancos de germoplasma nacionales que conservan diferentes cultivos de interés agrícola, localizados en América Latina y el Caribe. Para inaugurarla en 2021, se llevó a cabo una encuesta en línea en toda la región para definir los temas prioritarios de la CdP. La encuesta constó de 34 preguntas abiertas y de opción única y múltiple para: (i) recopilar y actualizar información de contacto de colegas e instituciones que trabajan en recursos genéticos vegetales (RGV) en la región, (ii) crear una lista de los RGV que se conservan y han sido caracterizados genéticamente, e (iii) identificar necesidades, lagunas de conocimiento, oportunidades de colaboración y posibles temas para talleres relacionados con el uso de herramientas genómicas y digitales para optimizar la conservación y el uso de los RGV. Un total de 48 colegas de 14 países y 33 instituciones respondieron a la encuesta, mencionando que conservan en conjunto más de 84 especies cultivadas. Se identificaron cuatro temas prioritarios que se abordaron durante 2022 y 2023 a través de reuniones virtuales y talleres presenciales. Aquí, presentamos un resumen de los resultados de la encuesta, de los talleres y reuniones llevados a cabo en 2022 y 2023, las prioridades identificadas por el grupo de participantes para 2024, así como algunos comentarios compartidos por los miembros de la CdP sobre los beneficios de esta comunidad regional.

Palabras clave: Bancos de germoplasma, genómica, comunidad, colaboración, regional.

Agradecimientos: Agradecemos a DivSeek por ser el motor catalizador de esta comunidad de práctica, a la Iniciativa de Bancos de Germoplasma del CGIAR por la financiación, y a todas las instituciones participantes y sus representantes por su sentido de comunidad y colaboración para compartir conocimientos de manera multilateral a través de los temas prioritarios.

Proceso de ratificación e inicio de implementación del TIRFAA en Colombia

Parra-Quijano, M.^{1*}, Navarrete Frías, C.², y González Almario, C.³

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá, Bogotá, Colombia;

²Alianza CIAT Bioversity International, Palmira, Colombia; ³Departamento de Agrobiodiversidad, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, AGROSAVIA, Mosquera, Cundinamarca, Colombia

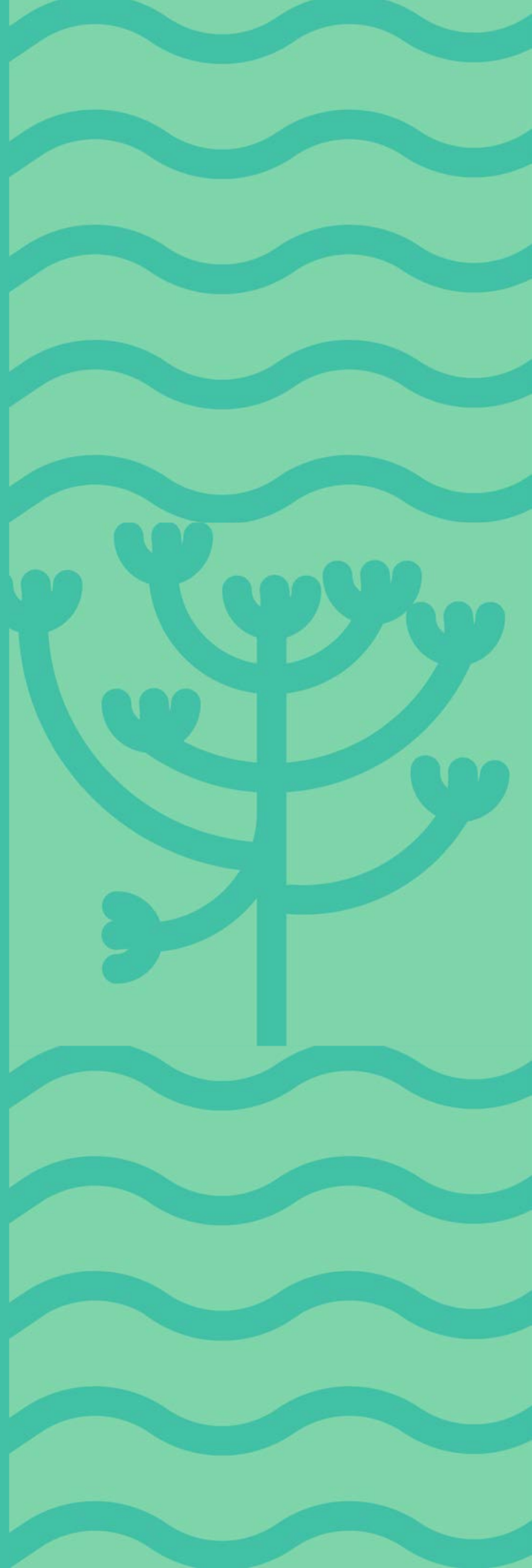
*Autor de correspondencia: hmparraq@unal.edu.co

Resumen: El Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (TIRFAA) se encuentra *ad portas* de surtir su proceso completo de ratificación en Colombia. Esto se consigue en el tercer intento de ratificación del TIRFAA en el Congreso de Colombia, tras 22 años de haber sido firmado por parte de los representantes del gobierno colombiano. Para el momento en que se redacta el presente resumen, la Corte Constitucional ha anunciado mediante comunicado de prensa, la exequibilidad de la Ley 2285 de 2023, que es el instrumento legal por el cual se adopta el TIRFAA en Colombia, restando sólo algunos procesos cortos de trámite y la firma del Presidente de la República. El ejercicio realizado por las personas e instituciones que acompañaron el proceso de ratificación del TIRFAA, las lecciones aprendidas y el momento histórico que viven los Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura en Colombia son aquí presentados. Colombia se encuentra en un momento clave donde las tres ramas del poder, la legislativa, la ejecutiva y la judicial, están impulsando el fortalecimiento de los territorios, la autonomía de las pequeñas organizaciones de base, así como el reconocimiento de los derechos del campesinado. Por esto se ha desarrollado una estrategia inicial de socialización de los beneficios del TIRFAA para las comunidades campesinas y étnicas y para redes de custodios de semillas ya establecidos en el país. La estrategia pasa por escuchar las necesidades que existen en los territorios con gran potencial agroalimentario, vinculando a las comunidades campesinas e indígenas que conservan agrobiodiversidad. Al ser una estrategia de incepción, se busca sentar algunos pilares fundamentales al: i) ampliar y fortalecer una red de comunidades locales vinculadas con la producción y conservación de semillas y articularlas con el TIRFAA y los derechos del agricultor, ii) fortalecer una red institucional de semillas y el Sistema Nacional de Semillas, para enfocar más actividades hacia la conservación *in situ* con las comunidades étnicas y campesinas, iii) consolidar propuestas robustas para presentar a financiadores o al Fondo de Reparto de Beneficios, potenciando así la implementación del TIRFAA en Colombia y iv) contribuir a las distintas estrategias y planes de Gobierno en marcha, encadenando esfuerzos con una sentencia reciente de la Corte Constitucional acerca de la protección de semillas nativas y criollas en manos de pueblos indígenas. Esto se expone con el fin de escuchar otras experiencias de inicio de implementación del TIRFAA en países de la región y aprender de lo aprendido, para ir sentando las bases para la efectiva implementación del TIRFAA en Colombia.

Palabras clave: Negociación, Semillas, Acceso y Reparto Justo de Beneficios, Derechos del Agricultor.

Agradecimientos: Los autores quieren reconocer el trabajo arduo de muchos actores en el proceso surtido en Colombia con el TIRFAA, especialmente del grupo de apoyo a la ratificación, de la Secretaría del TIRFAA en Roma, de la Oficina de la Representación de la FAO en Colombia, de los congresistas ponentes, de funcionarios de los Ministerios de Ambiente y Desarrollo Sostenible, Agricultura y Desarrollo Rural y Relaciones Exteriores, y de personas muy interesadas en el avance del TIRFAA como Daniel Debouck, Juan Lucas Restrepo, Ximena Nieto y Francisco López.

Sección Miscelánea



Ponencias orales

Análisis de vacíos en la colecta de dos especies de *Passiflora* L. en Colombia

Díaz López, M.V.^{1,2*}

¹Alianza Internacional de Bioversity y CIAT, Cali, Colombia; ²Universitat Oberta de Catalunya, Barcelona, España

*Autor de correspondencia: m.v.diaz@cgiar.org

Resumen: Con el fin de orientar los esfuerzos de recolección para llenar los vacíos de colecciones *ex situ*, es necesaria la información geográficamente explícita sobre la diversidad única de razas cultivadas. Este estudio se centra en conocer el vacío de representación en las colecciones de bancos de germoplasma respecto a la diversidad genética de variedades locales de plantas del género *Passiflora*, específicamente en el contexto de Colombia, un país altamente biodiverso amenazado por diversos factores. El método empleó datos de pasaporte, datos medioambientales y antropogénicos. Se ajustaron tres Modelos de Distribución Espacial de Especies (SDM) para predecir la distribución potencial de dos variedades de *Passiflora* L. (Maracuyá y Granadilla), MaxEnt, Random Forest y Gradient Boosting fueron probados, seleccionando el más adecuado basándose en criterios de sensibilidad, especificidad, Área Bajo la Curva ROC (AUC). El modelo elegido fue Random Forest, ya que logró predecir las presencias con mayor precisión, y fue capaz de hallar las especies en zonas no reportadas en la literatura, pero que son aptas para su desarrollo debido a sus características medioambientales. Dentro de las áreas de potencial presencia, se calcularon tres métricas de vacío para evaluar la conservación *ex situ*; la primera se refiere a la accesibilidad desde cualquier lugar de la distribución a los lugares de presencia de las especies; la segunda a la cercanía entre accesiones; y la tercera a la similaridad ambiental de cualquier lugar de la distribución con los lugares de presencia. Se encontró que los lugares en lo que es más probable encontrar un vacío en conservación de Maracuyá son el Centro-Oriente del país y un municipio en Risaralda, así, las misiones de colecta deben centrarse ahí. En cuanto a Granadilla, es más probable encontrar ese vacío en gran parte de la región cafetera, y parte de Cundinamarca y Boyacá. También, que la Granadilla es la más vulnerable, pues menos del 50% de su distribución está bien conservada, mientras que el Maracuyá muestra una conservación satisfactoria (>90%). El estudio destaca desafíos en el acceso a los datos, reconociendo la posibilidad de falsos vacíos por la falta de información disponible, y revela la coexistencia del café a través del sistema productivo de *Passiflora* L. Ofrece alternativas de modelación más eficientes que MaxEnt, abordando la incertidumbre en los modelos y destacando la importancia de herramientas de "apoyo a la discusión" para orientar la conservación.

Palabras clave: Adaptación al cambio climático, Diversidad de cultivos, Conservación *ex situ*, Seguridad alimentaria, Recursos genéticos, Fitomejoramiento, Colombia.

Agradecimientos: A la Alianza, por darme la oportunidad de ampliar mis conocimientos y explotar mis habilidades como estadística y científica de datos en sus proyectos. A mis padres por estar presentes en este proceso. Gracias.

Estrategias para la conservación, uso y selección de variedades tradicionales de zapallo por agricultores familiares de la región Noreste de Brasil

Ramalho Ramos, S.R.^{1*}, Borges, R.M.², da Silveira, L.M.³, de M. Rocha, M.⁴, de Aragão, F.⁵, de S. Nunes, G.H.⁶, y Cardoso, B.T.⁷

¹Embrapa Alimentos e Territórios, Maceió, Brasil; ²Embrapa Semiárido, Petrolina, Brasil;

³Universidade Federal Rural do Semiárido, Mossoró, Brasil; ⁴Embrapa Meio Norte, Teresina, Brasil;

⁵Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, Brasil; ⁶Universidade Federal Rural do Semiárido, Mossoró, Brasil; ⁷Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Brasil

*Autor de correspondencia: semiramis.ramos@embrapa.br

Resumen: La valorización de los alimentos tradicionales y de los conocimientos locales para el manejo y uso de la agrobiodiversidad favorece el mantenimiento de la resiliencia, la sostenibilidad y la salud de los sistemas agroalimentarios. En la región Nordeste de Brasil, lugar donde aún se registra deficiencia de vitamina A, existe una tradición en el cultivo y consumo de zapallo (*Cucurbita moschata* D.), hortaliza rica en carotenoides totales. En esta región se cultivan variedades locales, cuyas semillas son conservadas por agricultores familiares y cuyos frutos tienen fuerte aceptación en el mercado porque tienen características culinarias y de sabor que satisfacen el interés de los consumidores. Este trabajo tuvo como objetivo identificar y describir estrategias de manejo y uso de germoplasma de zapallo en la región noreste de Brasil, cuantificar la variabilidad genética y seleccionar progenies superiores con relación a características fisicoquímicas y compuestos nutricionales. El trabajo fue desarrollado por Embrapa e Instituciones colaboradoras, en el periodo de 2009 a 2019, a través de mejoramiento participativo. La base de recombinación incluía, en cada ciclo, una población de 400 plantas. Las características contenido de carotenoides totales (CAT), materia seca (MS) y contenido de sólidos solubles (SST) fueron evaluadas en cada ciclo de selección. Posteriormente, las progenies fueron probadas en cinco diferentes ambientes. Hubo aumento en los promedios de las características CAT, MS y SST. Se encontró que las semillas de variedades tradicionales, además de ser mantenidas en diferentes condiciones por los agricultores, también son comercializadas, favoreciendo el flujo de germoplasma en la región. Los datos indican que el proceso de selección realizado con la participación de los agricultores fue efectivo para incrementar el valor promedio de las características evaluadas.

Palabras clave: *Cucurbita moschata* D., mejoramiento participativo, nutrición, variedades tradicionales.

Variedades locales de papa andina Grupo Andigenum de la provincia de Catamarca, Argentina. Prospección, colecta y conservación *ex situ*

Atencio, H.M.^{1,5*}, Contrera, G.E.², Pastrana, K.V.³, Alemanno, G.⁴, y Digilio, A.⁵

¹FCA, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Bs. As., Argentina; ²FCA, Universidad Nacional de Catamarca, Catamarca, Argentina; ³AER Santa María - INTA, Catamarca, Argentina; ⁴AER Belén - INTA, Catamarca, Argentina; ⁵Banco Activo de Germoplasma EEA Balcarce - INTA, Bs. As., Argentina

*Autor de correspondencia: hmatencio@gmail.com

Resumen: Los recursos fitogenéticos son la fuente de diversidad indispensable para el mejoramiento genético actual y potencial de los cultivos. Un ejemplo de esto lo constituye la papa y sus parientes silvestres. La especie cultivada *Solanum tuberosum* L. incluye el Grupo Andigenum de alta montaña, cuyas variedades locales se distribuyen geográficamente a lo largo de los Andes, desde el Noroeste de Argentina (NOA) hasta el sur de Venezuela. En el NOA las variedades del Grupo Andigenum se cultivan en los valles de altura en las provincias de Jujuy, Salta, Catamarca y Tucumán. Actualmente, una colección de 400 accesiones del Grupo Andigenum, provenientes principalmente de Salta y Jujuy, se conservan *ex situ* en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA Balcarce, INTA, Bs. As., Argentina. El objetivo principal del trabajo fue prospectar y coleccionar variedades locales de papa de diferentes localidades de Catamarca, con el fin de iniciar la conservación *ex situ* y su documentación. Se llevaron adelante dos viajes; en el primero, se realizó la consulta previa, libre e informada, y se presentaron los objetivos del proyecto a productores locales y representantes de comunidades originarias, previo permiso de acceso sobre los recursos fitogenéticos otorgado por la Secretaría de Ambiente de Catamarca. En un segundo viaje, y habiendo obtenido el consentimiento libre, previo y fundamentado firmado por productores y representantes comunidades originarias, se colectaron 30 tubérculos por cada una de las variedades locales de papas. Las 86 accesiones del Grupos Andigenum adquiridas proceden de 10 localidades en los departamentos Santa María, Belén y Antofagasta de la Sierra, provincia de Camatarca, teniendo así una representación de los sitios donde se cultiva mayoritariamente estas variedades locales de papa.

Palabras clave: recursos fitogenéticos, productores locales, variedades locales de papas, banco de germoplasma.

Agradecimientos: a los productores locales y representantes de comunidades originarias de las localidades de Toro Yaco, El Cajón, La Hoyada, Los Cerrillos, El Ingenio, Barranca Larga, Laguna Blanca, Villa cabecera de Antofagasta de la Sierra, Antofalla y el Peñón.

Búsqueda de regiones genómicas y genes asociados a caracteres productivos en vid de mesa (*Vitis vinifera* L.) usando una colección diversa de la especie

Hinrichsen, P.^{1*}, Muñoz-Espinoza, C.², Meneses, M.¹, Fuentes, R.¹, Reyes, S.², Castro, M.H.¹, Araya, C.¹, Iribarra, J.¹, Meneses, C.³, y Salazar, E.¹

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA La Platina. Santiago, Chile; ²Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción. Chillán, Chile; ³Facultad de Agronomía, P. Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

*Autor de correspondencia: phinrichsen@inia.cl

Resumen: El fitomejoramiento se apoya principalmente en la diversidad genética disponible en cada especie. En INIA se cuenta con una colección de unos 250 genotipos de la especie, la que ha sustentado un programa de fitomejoramiento (PMG) de vid de mesa por 30 años. Una forma de optimizar la selección de nuevas líneas consiste en usar marcadores moleculares, lo que se enmarca en estudios dirigidos a conocer la estructura genética de cada carácter de importancia productiva. El primer marcador desarrollado localmente (p3-VvAGL11) y usado mundialmente se orientó a la selección de vides sin semilla palatable, un carácter oligogénico. Los bancos de germoplasma también permiten abordar el estudio de caracteres poligénicos, como son la mayoría de los rasgos de interés productivo. En este sentido, se han estudiado caracteres como la firmeza de bayas, respuesta a GA3 para crecimiento de bayas, contenido de ácidos orgánicos y azúcares, tamaño de las bayas, entre otros. Actualmente, nuestro trabajo se centra en el estudio de dos caracteres de alta relevancia productiva que en distinto grado están asociados a factores ambientales: la fecha de maduración y cosecha y la compacidad de racimos y/o arquitectura de raquis. Para ello, se ha combinado el fenotipado sistemático e intensivo usando herramientas de última generación, con secuenciación masiva de una colección de 86 variedades representativas de la diversidad de la especie y 30 líneas segregantes del PMG de vid de mesa. Los genotipos seleccionados presentan una amplia diversidad para ambos caracteres estudiados. Mediante análisis multivariado ha sido posible definir el peso específico de cada subcomponente fenotípico. Desde un punto de vista molecular, se ha realizado la secuenciación genómica por el método GBS para los 116 genotipos, y se han identificado más de 120.000 SNPs, que representan el genoma de la especie con una alta cobertura. Combinando datos fenotípicos y moleculares (GWAS), se ha podido identificar regiones del genoma y los correspondientes genes candidatos asociados a ambos caracteres, los que están siendo estudiados en sus niveles de expresión.

Palabras clave: Vid, colección, fitomejoramiento, GWAS, transcriptómica, RNA-seq, genes candidatos, fecha de cosecha, compacidad de racimos.

Agradecimientos: Proyectos FONDECYT 11190936 (CME) y 1221410 (PH).

Confronting climate risks: a novel climate smart rice production system based on SRI and new varieties in Chile

Cordero-Lara, K.^{1*}, Santibáñez, M.P.², Uribe, H.¹, Rodríguez, G.², Saavedra, F.¹, Retamal, R.¹, Ramírez, C.¹, Witkowski, K.³, and Barrera, F.²

¹Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillán, Chile; ²Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura, Santiago, Chile; ³Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura, San José, Costa Rica

*Corresponding author: kcordero@inia.cl

Abstract: Rice production faces multiple increasing risks. linked to climate change (extreme weather, water scarcity, GHG emissions) as well as the reduction of arable land and the high cost of critical inputs (seed and agrochemicals), among others. Rice is important for food security, but in Chile, national production does not meet demand and the growing challenges are reducing number of rice producers. Since 2017, INIA Chile and IICA have been working on developing a new rice production system, adapting principles of the System of Rice Intensification (SRI) to Latin American paddy rice fields and integrating new rice varieties. The Climate Smart Rice System (CSRS), is based on low seeding density (less than 70 kg/ha), drill seeding (30 cm between rows), mixed weed control (lower herbicide use combined with mechanical control), soil aeration, and intermittent irrigation during the complete rice life cycle to avoid flooding and GHG emissions). To develop the system, a participatory co-innovation methodology was used. Six Participatory Innovation Groups (GIP) were created in 2021, which included farmers, researchers, extensionists and farm advisors in the Maule Region and Ñuble Region, which together cover 100% of the Chilean rice production area. Last season (2022/2023), one hectare of CSRS was established in the paddy field of a farmer from each GIP. Three temperate japonica rice varieties were used (Jaspe FL INIA, Quila300502 and Zafiro INIA), two new cultivars (early maturing varieties) and one widely cultivated traditional variety. All fields were managed by adapted agronomic practices of CSRS, defined in participatory workshops with each GIP. Group discussion sessions were held throughout the crop cycle to evaluate the performance of the new system, identify challenges and benefits, and compare it with the conventional rice production system of each farmer. All fields established on time (before October 15), yielded more than 8t/ha, using 50% less water, 60% less seed, and reduced amounts of fertilizers and herbicides, compared to conventional production systems using pregerminated seed, drill seeding and flooding. Results demonstrated multiple agronomic, environmental, and economic benefits including addressing the major limitation of water availability for rice production in Chile and should be scaled up.

Keywords: sustainable rice, water saving, sustainable food system, farmer innovation.

Acknowledgments: INIA, IICA, FONTAGRO, FIA, FIC Maule.

Diversidad genética de *Arachis villosa* Benth. (Fabaceae) de Uruguay

Da Luz-Graña, C.^{1,2*}, Vaio, M.², y Vidal, R.²

¹Estudiante de Doctorado Pedeciba Biología; ²Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

*Autor de correspondencia: cdaluz@fagro.edu.uy

Resumen: *Arachis villosa* es el pariente silvestre del maní cultivado (*A. hypogaea* L.) con distribución más austral, ambas especies comparten el genomio A, por lo que es una valiosa fuente de variabilidad genética. La mayor distribución natural de la especie se encuentra en Uruguay, asociada a las costas del río Uruguay y Río de la Plata. Un relevamiento reciente identificó su presencia en 21 localidades. Hasta el momento no hay estudios de la diversidad genética *in situ* de *A. villosa* de Uruguay. Para conocer su diversidad genética se analizó el genoma plastidial de nueve accesiones de distintas poblaciones de Uruguay que representan todo el rango de su distribución. Además, se incluyeron una accesión de *A. correntina* (PI261871) y dos secuencias plastidiales de referencia provenientes de Base de Datos identificadas como *A. villosa* (MK144825 y OL752637). Se utilizó como outgroup el cpDNA de *A. ipaensis* (ipaeMk1448). Para la obtención del ADN plastidial se realizó una secuenciación de baja cobertura, paired-end, en la plataforma DNBseq (BGI). Los cloroplastos se ensamblaron mediante Novoplasty y se realizó un análisis filogenético en FastTree. Se identificaron dos clados con máximo soporte (soporte de rama 1) de *A. villosa*, uno de los cuales contiene una accesión de referencia Argentina. *Arachis correntina* quedó en otro clado diferente, junto con la segunda accesión de referencia (soporte de rama 0,99). La especie *A. correntina* era considerada en el pasado una variedad de *A. villosa* y estos resultados evidencian errores en la denominación de estas especies en colecciones *ex situ*. El abordaje empleado permitió un primer acercamiento a la diversidad intraespecífica de *A. villosa*, y futuros estudios ampliando con accesiones de otras poblaciones verificarán la posibilidad de auxiliar en la identificación de accesiones de estas dos especies.

Palabras clave: maní silvestre, ADNcp, recursos genéticos, *ex situ*, *in situ*.

Agradecimientos: ANII y CSIC de Uruguay.

El maní invisible: estudio de la diversidad genética y estado de conservación de *Arachis hypogaea* en Uruguay

Naya, I.^{1,2*}, Vidal, R.², Castro-Carli, X.², Martínez, G.¹, De Almeida, N.³, Bertioli, D.⁴, Berná, L.⁵, y Vaio, M.²

¹Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA), Montevideo, Uruguay; ²Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; ³Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica del Uruguay (UTEC), Durazno, Uruguay; ⁴Wild Peanut Lab, University of Georgia (UGA), Georgia, Estados Unidos; ⁵Sección Biomatemática - Unidad de Genómica evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

*Autor de correspondencia: nayaignacio@gmail.com

Resumen: El maní cultivado (*Arachis hypogaea*) es una de las leguminosas más importantes a nivel mundial. La variabilidad genotípica es considerada escasa en relación a la variabilidad presente en los parientes silvestres. Uruguay es parte de uno de los centros de diversidad del maní, correspondiente al área de ocupación Guaraní. Es cultivado únicamente por un número cada vez menor de agricultores familiares que conservan variedades criollas. Los estudios sobre el estado de conservación en el país son escasos. En el presente trabajo se evaluó, a nivel genotípico, el estado de conservación de los recursos genéticos de *A. hypogaea* de Uruguay, mantenidas *in situ/on farm* y *ex situ* en bancos de germoplasma. Para ello, se utilizaron marcadores de tipo SNPs (Axiom Arachis II) comparándose las poblaciones cultivadas por agricultores en dos momentos distintos (1980s respecto a la actualidad). Además, se utilizaron 384 accesiones representativas de la colección núcleo del USDA para determinar parentescos y tipos agronómicos. Los resultados muestran que en Uruguay existe diversidad genética y que las poblaciones se dividen en dos grupos que se corresponden con los tipos agronómicos: valencia y español. Asimismo, se constata que las poblaciones cultivadas han variado a lo largo del tiempo, lo que implica un cambio en la importancia relativa de estos tipos asociados a sus usos. Estos resultados, combinados con el reducido porcentaje de accesiones de colectas antiguas que efectivamente germinó, puede estar enmascarando una pérdida efectiva de diversidad de las poblaciones de *A. hypogaea*. Por otra parte, los resultados consolidan a Uruguay como centro de diversidad de la subespecie *Arachis hypogaea* ssp. *fastigiata* como sugieren otras investigaciones. Finalmente, este trabajo muestra la fragilidad de los sistemas de conservación *in situ* y *ex situ*.

Palabras clave: Variedades Criollas; Recursos Genéticos; Estructura Poblacional; Conservación *in situ*; Conservación *ex situ*.

Agradecimientos: A la ANII, al PEDECIBA (Uruguay), a la CSIC (Uruguay), al Wild Peanut Lab (Estados Unidos).

Asociación entre porotos de Uruguay y rizobios

Luján, P.^{1*}, Sosa, C.¹, Platero, R.², y de Almeida, N.¹

¹Laboratorio de Agroecología, Grupo de Agroecología, Sustentabilidad y Medio Ambiente (GASMA), Universidad Tecnológica (UTEC), Durazno Uruguay; ²Laboratorio de Microbiología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable

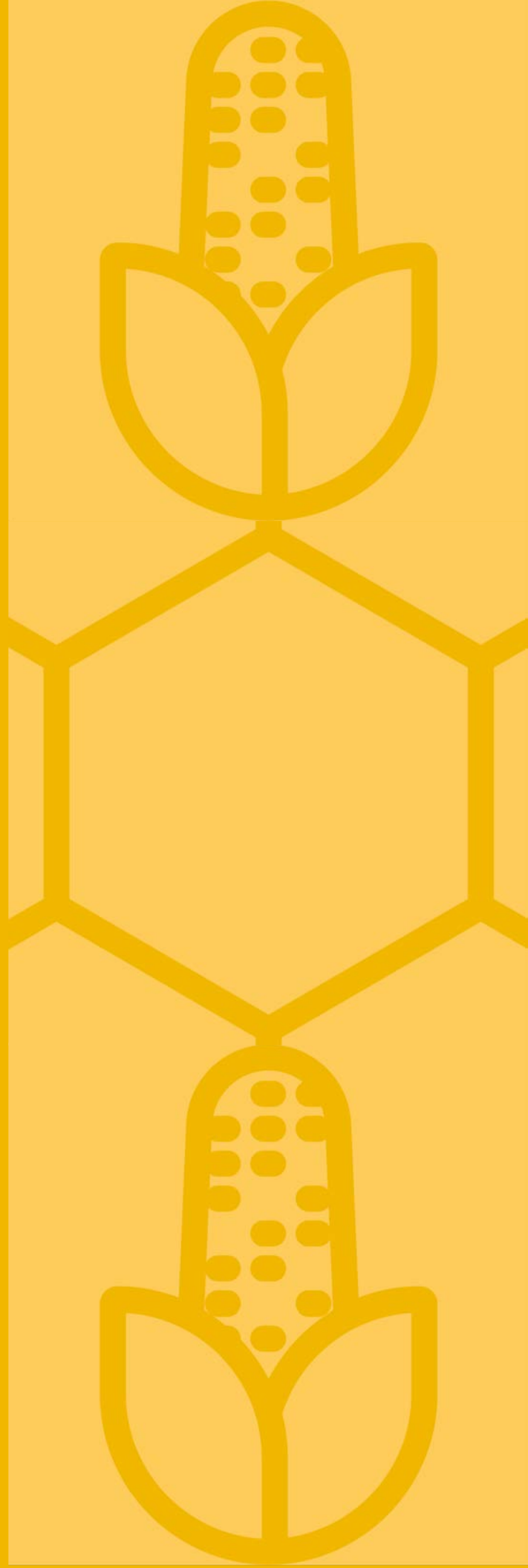
*Autor de correspondencia: maria.lujan@estudiantes.utec.edu.uy

Resumen: En Uruguay no hay antecedentes de estudios sobre la capacidad de formar asociaciones simbióticas efectivas entre variedades locales de porotos y rizobios, por lo que es de interés obtener informaciones sobre el tema ya que representa una oportunidad para el acceso a nuevos recursos genéticos del país. El estudio tuvo como objetivo verificar la asociación entre variedades locales de porotos y rizobios a través de la nodulación en las raíces. Se realizaron ensayos en una cámara de cultivo con plantas trampa, que consistieron en sembrar semillas previamente desinfectadas en los suelos de origen de cada variedad. Se hicieron cuatro réplicas más un control en sustrato estéril. Se evaluaron nueve variedades locales de las especies *Dolichos lablab* (1), *Phaseolus vulgaris* (3), *Phaseolus lunatus* (1) y *Vigna unguiculata* (4) de la colección de germoplasma de la UTEC. Después de 20 días, se evaluó la presencia de nódulos en sus raíces, como forma de determinar la presencia de rizobios compatibles en los suelos ensayados. A su vez, también se analizó el color interno de los nódulos para distinguir asociaciones efectivas y no efectivas. Los resultados demostraron la presencia de nódulos en todas las variedades locales, lo que confirmó la capacidad de formar asociaciones simbióticas. Los controles no mostraron nódulos, validando el protocolo. Se encontró nodulación en el 69% de los individuos evaluados, lo que podría indicar una baja carga de rizobios específicos en los suelos. De los nódulos, el 65% tenía color interno rojo, el 15% era rosado y el 10% blanco, mostrando una alta proporción de asociaciones efectivas. El promedio del peso húmedo y largo de raíz de los individuos que presentaron nódulos fue de 1,5 y 2 veces mayor que los promedios de los individuos sin nódulos, indicando mejor desarrollo. Este estudio representa una primera aproximación y propone ampliarlo a más variedades de porotos locales y profundizar en la caracterización de plantas y rizobios aislados en el futuro. Esto podría llevar a la creación de una colección de rizobios útiles como estimulantes del crecimiento de variedades de porotos locales en Uruguay.

Palabras clave: Conservación; Leguminosas; Variedades locales; Simbiosis.

Agradecimientos: A los productores familiares de Uruguay por los materiales brindados para la realización del estudio. A la DICYT por el apoyo financiero.

Índice de autores



ÍNDICE DE AUTORES

Abanto M.	117			
Acuña C.A.	88			
Águila A.	154			
Aguirre-Neira J.C.	49			
Alarcón J.	129			
Albuquerque Rangel J.H.	106			
Alcalde J.A.	174			
Alcalde J.M.	149	155	168	169
Alemanno G.	195			
Alfaro A.	98	111		
Alfaro C.	168			
Altimira F.	145			
Alva S.	50	63	163	
Álvarez A.	51			
Alvarez F.	170			
Álvarez I.	144			
Alveal S.	30	52		
Alves Santos C.	107			
Amorena I.	61			
Andrade F.	101			
Antúñez V.	125			
Araya C.	196			
Arellano V.	37			
Arencibia A.D.	71			
Arias-Aravena M.	145			
Arqueros Sanhueza E.	146			
Arroyo F.	30			
Atencio H.M.	64	67	195	
Azevedo V.	22			
Banerjee A.	179	180		
Barahona V.	115	132		
Barbieri R.L.	32			
Barbosa Silva G.	79	80		
Barra-Bucarei L.	119	148	178	
Barrientos L.	38			
Barrera F.	197			
Barrientos Díaz L.	29	124	129	
Barros Díaz V.	120	128		
Becerra Baeza C.	42			

Beckmann Z.	80			
Behn A.	31	51	154	
Belmar C.	74			
Berná L.	199			
Bernardi C.N.	64			
Berrios G.	37	39	144	
Bertioli D.	199			
Betancur M.	36			
Beyhaut E.	47			
Blamey J.	123	125	126	127
Bolados G.	86			
Bonfiglio M.	53	101		
Bonjour F.	68			
Borges R.M.	194			
Bravo L.A.	117			
Bravo S.	174			
Bruna P.	38	129		
Bruno M.	57			
Bubillo R.E.	64			
Burgos R.	52			
Buschmann A.	129			
Bustos-Korts D.	114			
Cabrera-Barjas G.	55	84		
Calvete A.	138			
Calvo P.C.	64			
Cañas Alvarez J.J.	143			
Capa-Morocho M.	54			
Cardona Tobar K.M.	104			
Cardoso B.T.	194			
Carrasco B.	46	179	180	
Carrasco J.	51	178		
Carrasco M.	55			
Carrer H.	117			
Carrero M.	77			
Carrillo-Rodríguez J.C.	59			
Caruso A.	40			
Carvajal A.M.	34	175		
Carvajal J.	77			
Carvajal P.	121			
Carvajal Yepes M.	60	85	189	
Carvalho R.F.	56			
Castillo I.	71			
Castro Cabrera I.	57			

Castro J.F.	63	145	178
Castro M.H.	72	196	
Castro X.	53		
Castro-Carli X.	78	199	
Cea P.	161		
Ceballos R.	177		
Celis-Diez J.L.	152		
Chandía M.J.	149		
Chassaigne A.	136		
Chávez A.	73		
Chávez-Servia J.L.	58	59	
Cheuque F.	162		
Chimeno S.V.	176		
Chiron C.	96		
Chong B.	45		
Cid Arias N.	65		
Cisternas M.	76		
Claramunt M.	100		
Clement C.	49		
Combina M.	176		
Cona M.	73		
Conde Martínez N.	41		
Contrera G.E.	195		
Contreras Rivas M.J.	29	38	124
Contreras S.	48		
Cordero-Lara K.	168	197	
Correa Abondano M.	60		
Correa F.	44		
Correa P.	145		
Cortés C.	111		
Cortizas S.	62		
Cotes Prado A.M.	24		
Cotes-Torres J.M.	141		
Crouchett R.	162		
Cruz da Silva A.V.	106	107	
Cuadros-Orellana S.	127		
Cuba-Díaz M.	30	52	55 84
Cuervo I.	49		
Da Luz-Graña C.	53	198	
da Silva Gularte T.	79		
da Silva Júnior J.F.	106		
da Silva Ledo A.	106	107	

da Silveira L.M.	194							
de Almeida N.	62	78	93	99	101	116	199	200
de Andrade J.	71							
de Angelis V.	64							
de Aragão F.	194							
de Carvalho H.	80							
de la Barra R.	34	175						
de La Vega M.	162							
de M. Rocha M.	194							
de S. Nunes G.H.	194							
Debouck D.G.	94	95						
Defacio R.A.	64	67						
del Pozo A.	115	132						
Delgado I.D.	61							
Delgado M.	37	39						
Días López M.V.	193							
Díaz M.	62							
Díaz N.	162							
Díaz R.	63	152						
Díaz-Ariza L.A.	104							
Díaz-Forestier J.	152							
Diazgranados M.	152							
Diaz-Matus de la Parra M.	174							
Digilio A.	64	67	195					
Doll U.	171							
Donoso A.	111	150						
Donoso Ñanculao G.	65							
Droppelmann F.	130							
Drucker A.	185							
Echeverría Veja A.	146							
Elesbão Alves R.	66							
Emden N.	162							
Escobar Guzmán H.	94	95						
Espinoza C.	30							
Espinoza Mondaca A.I.	146							
Espinoza S.	46	89	115	132				
Espinoza T.	76							
Espitia-Negrete L.B.	69	70	141					
Etcheverría P.	132							
Fernández F.	156	157	158					
Fernández G.	92	100						
Fernández-Villegas C.	130							

Ferreira J.L.	79		
Ferreira V.	83		
Ferreyra M.J.	64	67	
Flores P.D.	58		
Folch C.	50	164	165
Forero Roncancio L.G.	139		
Formica M.B.	64		
Fornero C.	47		
Franco V.	151		
Fredes Arévalo E.	42		
Fuentes C.	44		
Fuentes M.	98		
Fuentes R.	196		
Fulle R.	168		
Gacitúa S.	43		
Gaiero P.	68	83	108
Gajardo G.	28		
Gajardo H.	117		
Galaz Torres C.	82		
Galdames R.	162		
Gallardo-Escárate C.	28		
Gallegos V.	144		
Galván G.	83	108	
Gangas J.	102		
Garcia da Rosa V.	53		
García R.	45	89	
García-Arias F.L.	151		
García-Vásquez R.	59		
Garnica-Montaña J.P.	69		
Garriga M.	131		
Gereda J.M.	94	95	
Gianotti C.	138		
Gillman L.	92		
Glienke C.	186		
Godoy S.	145		
Gómez-Espinoza O.	117		
González A.	162		
González A.A.	41		
González Almario C.	190		
González B.	171		
González C.	145		
Gonzalez G.	46		

González M.	97	111		
González-Arcos M.	68	108		
González-Barrios P.	68	83	108	
González-Santos R.	87			
Granja F.	54			
Grisales-Vásquez N.Y.	69	70	141	
Guerra M.	178			
Guerrero-Torres P.	87			
Gularte T.	80			
Guzmán V.	128			
Hahn C.	133			
Hearne S.	189			
Hernández Castillo R.	71			
Hernández de la Torre M.	57			
Hernandez Martinez C.C.	143			
Hernández-Lista N.	108			
Hernández-Sandoval L.	87			
Herrera C.	144			
Hinojosa L.	105			
Hinrichsen P.	72	73	156	196
Huanca N.	105			
Ibáñez F.	68			
Ibáñez S.	75	86		
Inostroza K.	174			
Inostroza L.	115	131	132	
Jara P.M.	122			
Jessen G.	126			
Jian L.	145			
Iribarra J.	196			
Kantanen J.	23			
Kessi-Pérez E.I.	147			
Khaled A.	131			
Kidder F.	74			
Klagges M.	30			
Larama G.	39	174		
Lavia G.	88			
Leal A.	138			
Leal C.	77			
Leal Villegas K.	29	38	124	
Lecaros Suárez B.	42			
Leiva G.	123			
León-Lobos P.	48	73	75	152

Lerena M.C.	176			
Lesmes Lara Y.	153			
Leyton B.	129			
Libkind D.	40			
Lizana C.	154			
Loaiza-Loaiza O.A.	70			
Lobera F.	121			
Lobos I.	156			
Lopes de Souza J.	106	107		
López A.	78			
Lopez D.C.	85			
López G.	155			
López M.	162			
López-Alvarez D.	104			
López-Hoyos J.H.	69	70		
López-Olivari R.	169			
Lorca F.	102			
Lozano C.	90			
Luebert F.	76			
Luengo-Escobar A.	149	155	169	
Luján M.P.	99	200		
Madariaga-Troncoso D.	29	124		
Magni C.R.	76			
Magniyskiy S.	153			
Malagrina G.M.	64			
Mamani Challapa M.	120	128		
Manosalva H.	77			
Marcos-Gómez R.	58			
Marín J.C.	73			
Marques de Carvalho L.	106			
Martínez C.	68	147		
Martínez E.S.	64			
Martínez G.	78	199		
Martínez González D.	181			
Martínez I.	164	165		
Martínez M.E.	34	35	175	
Martínez M.P.	43			
Martínez V.	93	128		
Matamala L.	162			
Mathias-Ramwell M.	156	157	158	168
Mayorga F.	151			
Mazzocato A.C.	79	80		

McLeod C.	170			
Medina-Cano C.I.	70	141		
Meier S.	160	161		
Mellado Quintanilla D.	146			
Méndez A.M.	164	165		
Méndez J.	65	81	90	103
Mendoza González A.	140	159		
Meneses C.	196			
Meneses M.	72	156	196	
Mercado L.	176			
Mercado-Seguel A.	121			
Meza C.	179	180		
Millas P.	44	178		
Miquel L.	154			
Miranda de Pellegrin B.	79			
Miranda M.	167			
Molina-Müller M.	54			
Molinett S.	147			
Monje A.J.	122	144	177	
Monsalves M.	123			
Montalvan D.	61			
Montesano de Souza Campos P.	63	160	161	162
Monteverde E.	83			
Montiel Vargas A.G.	143			
Moraga P.	43	48		
Morales A.	160	162		
Morales R.	82			
Morales Vera R.	146			
Morán R.	45			
Moreira V.	108			
Moreno C.	92			
Moreno Fonseca L.P.	153			
Moreno J.	44			
Moreno Peña M.C.	163			
Muñoz A.	111			
Muñoz Florez J.E.	104			
Muñoz M.	50	164	165	
Muñoz-Espinoza C.	196			
Muñoz-Quiróz V.	44			
Nassau Costa E.F.	106			
Navarrete D.	30			
Navarrete Frías C.	190			

Navarrete-Campos D.	55			
Navarro J.	75			
Navarro P.D.	122	144	177	
Naya I.	53	78	101	199
Neves Muniz E.	106	107		
Nilo S.	77			
Nunez Rodriguez J.A.	61			
Núñez N.	68	83	108	
Núñez V.	151			
Núñez-Montero K.	29	38	124	
Ñustez López C.E.	153			
Obregón D.	57			
Obreque M.	77			
Ochoa E.	54			
Olivares D.	179			
Oliveira N.	80			
Ontivero Y.	30	55	84	
Ordoñez I.	149			
Orozco-Orozco L.F.	69	70	141	
Ortiz-Campos J.	119	148		
Osores E.	171			
Osorio C.E.	149	155	168	169
Ospina C.	187			
Ospina J.A.	60	85		
Otárola J.	44			
Ovalle C.	115	132		
Painequeo N.	77			
Palavecinos P.	35			
Palma M.	38			
Palma R.	161			
Palma-Millanao R.	177			
Pañitrur C.	63	75	76	86
Parra Andrades K.	119	148		
Parra Henríquez P.	119	148		
Parra Muñoz P.	46	89		
Parra-Quijano M.	87	88	139	190
Pasten P.	111			
Pastrana K.V.	195			
Paternina Diaz E.	143			
Pavez V.	156			
Peñaloza B.	45	89		
Pérez J.	121			
Pérez M.	90			

Pérez-Ochoa M.L.	58			
Pérez-Santos I.	129			
Petroli C.	97	189		
Pino H.	46			
Pino M.T.	131	170		
Pino N.	71			
Pinto A.	36			
Platero R.	200			
Pokharel K.	23			
Pouchucq Marinkovic L.	42			
Prenol L.V.	61			
Prieto J.	128			
Puppo M.	138			
Quezada D.	154			
Quezada J.	74			
Quiroz K.	46	89		
Raguse-Quadros M.	113			
Ramalho Ramos S.R.	66	194		
Ramírez C.	197			
Ramirez M.	185			
Ramos S.	91			
Raz L.	49			
Real N.	145			
Reis R.P.	80			
Retamal R.	197			
Reyes Díaz M.	39	117		
Reyes S.	196			
Rivas M.	32	138		
Rivas Y.	36			
Roa Roco R.	146			
Rodriguez E.	53			
Rodríguez G.	68	83	108	197
Rodríguez P.	36			
Rodríguez R.	q			
Rodriguez Ramos E.H.	139			
Rodríguez Y.	92	100		
Rodríguez-Blanco A.	47			
Rodríguez-Decuadro S.	91	166		
Rojas C.	36			
Rojo J.	121			
Romero I.	162			
Romero M.	54			

Rossini C.	78									
Rugeles-Silva P.A.	104									
Russi F.	93									
Ruvinskiy D.	23									
Ryan M.	25									
Saavedra F.	197									
Saavedra M.	77									
Sabogal Carvajal R.A.	94	95								
Sagredo B.	44									
Salazar C.	167									
Salazar E.	63	74	76	96	97	98	111	150	196	
Saldaña R.	156									
Salfate V.	96	97	98	111						
Salgado C.	84									
Salvadores Y.	133									
Sanchez-Betancourt E.	151									
Sánchez-San Martín J.	125	126								
Sandoval J.	39									
Sandoval A.	86	168	170							
Sandoval F.	131									
Sandoval J.	37									
Sanhueza F.	168									
Sansaloni C.	97	189								
Santaella M.	94	95								
Santibáñez M.P.	197									
Santos V.	40									
Scherson R.A.	76									
Seguel A.	160	161								
Silva M.	156									
Silva Santana J.G.	107									
Silvestri M.C.	88									
Siri M.I.	83									
Sosa C.	99	200								
Sosinski E.	32	113								
Soto S.	169									
Sotomayor Burgos L.	57									
Speranza P.	68	83								
Spoljaric M.	64									
Stoll A.	111									
Suárez C.	92	100								
Tadich Delascio I.	101									
Tadich I.	53									

Vernooy R.	185							
Vidal R.	53	56	78	99	101	116	198	199
Vilacoba E.	40							
Vilaró F.	68	83	108					
Villanueva D.	76							
Villena K.	117							
Vique B.	108							
Vitta N.	145							
Vives Hernández K.	57							
Vogel H.	171							
Weldenegodguad M.	23							
Wenzl P.	60	85	189					
Winkler A.	50							
Witkowski K.	197							
Yévenes M.	28							
Zamora O.	82	145	167	168	170			
Zárate A.M.	38	129						
Zúñiga J.	168							

XIV
SIRGeAC

ORGANIZAN:



PATROCINA:



APOYAN:



AUSPICIAN:



MEDIA PARTNERS:



XIV

SIRGeAC



Simposio Internacional de
Recursos Genéticos para
las Américas y el Caribe