2011

FORMATO INFORME TECNICO FINAL PROYECTOS FIC REGIONAL

FONDO DE INNOVACIÓN PARA LA COMPETITIVIDAD

Convenios FIC 2011

Nueva tecnología para medir el comportamiento de genes de alto valor biotecnológico. Hacia la protección legal de nuestros recursos genéticos vegetales.

Gobierno Regional de Arica y Parinacota
División de Planificación y Desarrollo Regional

328

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

Nueva tecnología para medir el comportamiento de genes de alto valor biotecnológico. Hacia la protección legal de nuestros recursos genéticos vegetales.

INFORME TÉCNICO FINAL

Revisado por:
Sonia Cañón C.

(Noviembre, 2012)

REPUBLICA DE CHILE
GOBIERNO REGIONAL ARICA Y PARINACOTA
División Planificación Desarrollo Regional
29 NOV 2012
RECIBIDO
Nº 1651 Día: Hora: 09:05 h.

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

Nombre del Ejecutor:

Universidad de Tarapacá

Nombre del Proyecto:

Nueva tecnología para medir el comportamiento de genes de alto valor biotecnológico. Hacia la protección legal de nuestros recursos genéticos vegetales.

Fecha del Convenio:

2 agosto, 2011

Período Informado: (MESES)

Agosto 2011 - Octubre 2012.

Coordinador o responsable del Proyecto:

Nombre:	**Correo electrónico y Teléfono:**
Wilson Huanca Mamani	whuanca@uta.cl 58-205567

1.- Resumen del Proyecto o programa:

Descripción resumida de la iniciativa:

Este proyecto está dirigido a potenciar la capacidad de análisis que posee actualmente el laboratorio de biotecnología vegetal de la Facultad de Cs. Agronómicas de la Universidad de Tarapacá, a través de la adquisición de un equipo de PCR Tiempo Real "Real Time" el cual complementará nuestros estudios de caracterización de genes tolerantes a la salinidad y al exceso de boro en maíz y tomate. Específicamente este equipo nos permitirá amplificar y simultaneamente cuantificar los niveles de genes (tolerancia) presentes en una muestra (estresada) la cual es estadísticamente comparable con los niveles de genes de una segunda muestra (no estresada). De esta manera se puede determinar si un gen se activa (responde) o no en presencia del estrés (sal y/o boro). Este resultado más una caracterización funcional posterior permitirá seleccionar aquellos genes de tolerancia con alto valor biotecnológico y patentables.

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

Objetivo General: **Dotar a la Región de Arica y Parinacota con una potente y nueva tecnología para medir el comportamiento de genes con alto valor biotecnológico.**
Objetivos Específicos: **1-Adquirir equipo PCR Tiempo Real.** **2-Determinar y medir actividad de primeros genes de toleracia.**
Resultados o productos esperados: **1-Lista de los primeros genes de tolerancia en maiz y tomate con alto valor biotecnológico.**

2.- Metodologías aplicadas:

Nuestro proyecto consiste en la adquisición de un equipo de PCR en "Tiempo Real" el cual permite registrar cuantitativamente la actividad de genes en una muestra de tejido vegetal. Este equipo complementará nuestros estudios de caracterización de genes tolerantes a la salinidad y al exceso de boro en muestras de maíz y tomate

Para adquirir la adquisición del equipo "Tiempo Real" se han establacido la siguiente metodología, resumida en tres pasos.

1-Cotización de equipos.
2-Adquisición de equipo.
3-Puesta en marcha y primeros resultados.

Para el experimento de estrés en plantas de maíz y tomate, la metodología es la siguiente:

1-Plantas de maíz o tomate son estresadas con NaCl o boro.

2-Luego de 72 horas se colectan muestras de hoja y de raíz de plantas estresadas y no estresadas. Se extrae en RNA total de cada muestra.
3-De los análisis de microarreglo se seleccionan los genes tolerantes y se confirman, mediante RT-PCR, que realmente responden en presencia del estrés (NaCl o boro).
4-Los genes confirmados en la etapa anterior, ahora son analizados y cuantificados de manera individual, uno por uno, en el equipo de "Tiempo Real".
5-Los genes confirmados mediante el "Tiempo Real" serán los genes con potencial biotecnológico y futuros candidatos a ser protegidos legalmente.

3.- Gestiones y Actividades Realizadas para el logro de los objetivos:

-Para el experimento de estrés (NaCl o boro) en plantas de maíz y tomate.

1-Se realizó el experimento para inducir estrés en maíz y tomate (ver figura-1).
2-Se analizaron los resultados para las muestras de hojas y raíz de maíz y se seleccionaron una lista de preliminar de genes que responden a estos estrés. Estos serán los genes andidatos a ser analizados por el equipo de "Tiempo Real".

-Para la adquisición del equipo se han realizado las siquientes gestiones.

1-Se cotizó y evaluó diversos equipos de Tiempo Real y se ha seleccionó el más adecuado para nuestros requerimientos. Este equipo corresponde a la marca Illumina, modelo Eco Real Time PCR system.

2-Se licitó la adquisición del equipo de Tiempo Real. La empresa Grupo-Bios se adjudicó la licitación.

3-El costo actual del equipo que nosotros seleccionamos disminuyó considerablemente su valor, generando un ahorro de $19.500.000. Debido a esto, nosotros solicitamos que este ahorro pueda ser utilizado para la compra de equipamiento adicional que permitirá complementar las actividades propuestas en el proyecto original y para cubrir gastos relacionados con recursos humanos, que no fueron considerados en la propuesta original. El equipamiento adicional comprende un termociclador normal, cámara de crecimiento para plantas, máquina fabricadora de hielo, centrífuga minifuge, un generador de voltage, un estabilizador de voltage y un computador de escritorio. Esta solicitud fué aprobada.

4-Se licitó la adquisición de "Adquisición equipos de laboratorio" (productos de la reitenmización del presupuesto original). Esta licitación comprende los siquientes equipos, termociclador normal, cámara de crecimiento para plantas, máquina fabricadora de hielo y centrífuga minifuge.
Lamentablemente, hubieron problemas admisitrativos de parte de los ofertantes lo que produjo que ninguna empresa cumpliera con los requisitos de postulación.

5-Se recibió el el equipo de PCR en TIEMPO REAL. Para la capacitación en el uso del equipo (2 y 3 de mayo, 2012), se gestionó con la empresa Grupo-Bios, quién se adjudicó la licitación, hacer un pequeño curso teórico practico, para investigadores de diversas áreas de la Universidad, sobre el uso de esta nueva tecnología y sus aplicaciones. Este curso estará dirigido a investigadores que pretendan realizar estudios de cuantificación de la actividad de genes

ARICA Y PARINACOTA

PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA

FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

6-Se adquirió un equipo vortex, por la modalidad de compra menor a 3 UTM, OC-UTA 2012020155.

7-Se adquirió un equipo generador de voltaje, por la modalidad de convenio marco OC 656236-80-CM12.

8-Se adquirió un computador de escritorio, por la modalidad de trato directo.

9-Se inició el proceso de la segunda licitación licitación de "Adquisición de equipos de laboratorio", ID 656236-63-LE12.

10-Se declaró desierta, por segunda vez, la licitación de un conjunto de equipos de laboratorio (Licitación ID Nº656236-63-LE12), debido a que lamentablemente hubieron problemas admisitrativos de parte de los ofertantes lo que produjo que ninguna empresa cumpliera con los requisitos de postulación.

11-Se inició el tercer proceso de licitación "Adquisición de equipos de laboratorio", ID Nº656236-98-LE12.

12-La empresa Grupo-Bios se adjudicó la licitación de la Camara de crecimiento y la centrifuga minifuge, la empresa Arquimed se adjudicó la maquina febricadora de hielo y la empresa Sociedad Rojas se adjudicó el Termociclador normal.
-Se recibió la cámara de crecimiento, el termociclador normal y la maquina fabrocadora de hielo.

13-Como actividad de difusión, se realizaron dos publicaciones;

a) Suplemento en los periódicos El Mercurio y Las Ultimas Noticias. La publicación es de una página y se publicó en todo el norte de Chile, desde Arica, hasta la Serena. El documento trata sobre las líneas de investigación de nuestro laboratorio y como el GORE nos ha apoyado fuertemente, para generar una plataforma científica y tecnológica dedicada a estudiar y proteger lo recursos genéticos vegetales en la Región. Se anexa artículo.
Versión on line: http://www.edicionesespeciales.elmercurio.com/destacadas/detalle/index.asp?idnoticia=20111222897477&idcuerpo=
b) Periódico local "La Estrella de Arica" el dia sabado 29 de Septiembre del presente año. El documento trata sobre las líneas de investigación de nuestro laboratorio y especialmente como el Gobierno Regional nos financió el equipo de PCR en Tiempo Real para estudiar y proteger lo recursos genéticos vegetales en la Región. Se anexa artículo.

14-Se realizaron los primeros enzayos con el equipo de PCR en Tiempo Real. A partir de los primeros análisis de expresión de genes de maíz, en hojas, a partir de RT-PCR, se cuantificó estos resultados por PCR en Tiempo-Real.

15-Participación en la XII Reunión de BIología Vegetal, a realizarce en la ciudad de Pucón, entre los dias 3 y 6 de dicembre del presente año. En esta reunión se presentarán los resultados obtenidos de este proyecto.

16-Pendiente. Firma acuerdo de transferencia de tecnológica con la Asociación de agricultores Asoagro.

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

4.- Problemas técnicos y financieros del proyecto:

Un problema que tuvimos y que nos produjo un retrazo, considerable, en nuestro proyecto ha sido por parte de las empresas que postularon deficientemente a nuestras licitaciones. Por ejemplo, en la segunda licitación, que comprendía la adquisición de un conjunto de equipos de laboratorio, postularon 4 empresas, de las cuales tres de ellas no enviaron la boleta de garantía y la cuarta no envió el anexo-1, documentación exigida para ingresar al concurso. Lamentablemente, la licitación se declaró desierta.

El receso Universitario de febrero, por otro lado, también nos produjo un retrazo en las gestiones administrativas de nuestro proyecto. Si bién el equipo FIC de la Universidad continuó eficientemente sus actividades, los trámites dependientes de otros estamentos de la Universidad no se pudieron realizar sino hasta el termino de dicho receso que fue a finales del mes de febrero. Además, la Universidad comenzó una etapa de reestructuración administrativa, lo que en su momento puso en peligro la continuidad del equipo FIC, sin embargo, esos inconvenientes fueron resueltos.

No tuvimos problemas financieros durante todo el proyecto.

5.- Resultados

Diseño experimental.

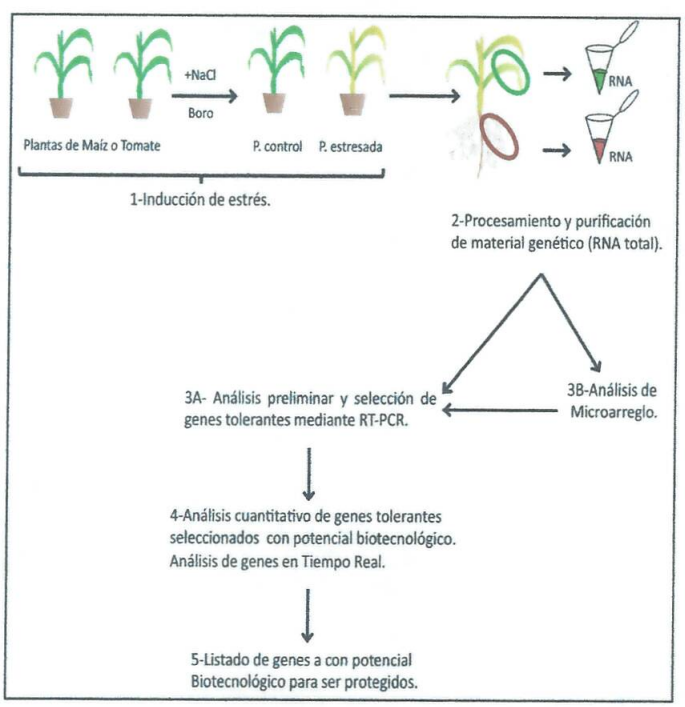


Figura-1. Diagrama de la estrategia experimental. 1-Plántulas de maíz o tomate, crecidas en hidroponía, son estresadas con NaCl (150mM) o boro (30ppm). 2-Luego de 96 horas se colectan muestras de hoja y de raíz de plantas estresadas y no estresadas. Se extrae el RNA total de cada muestra. 3-De los análisis de microarreglo se seleccionan los genes tolerantes (3B) y se confirman, mediante RT-PCR (3A), que realmente responden en presencia del estrés (NaCl o boro). 4-Los genes confirmados en la etapa anterior, ahora son analizados y cuantificados de manera individual en el equipo de "PCR en Tiempo Real". 5-Los genes confirmados mediante el "Tiempo Real" serán los genes con potencial biotecnológico y candidatos a ser protegidos legalmente.

1-Listado de los genes que responden a la salinidad o al exceso de boro, obtenidos a través de un análisis masivo de genes (microarreglo) en hojas y raíces del maíz lluteño sometidos a estrés salino o por exceso de boro.

A través del análisis bioinformático de los resultados de los microarreglos se obtuvo un listado de genes que responden al estrés respectivo, ya sea aumentando o disminuyendo su actividad. En las siguientes 4 tablas se muestran aquellos genes que más se activan (en rojo) o más disminuyen (verde), su actividad en presencia de NaCl o boro, ya sea en hojas o raices del maíz lluteño.

Tabla 1. Listado de los 20 genes con mayor cambio en expresión en raíz de maíz estresadas con NaCl

Anotación	Cambio de expresión	
	3 Hrs	96 Hrs
Unknown protein	20.5196504	3.31952587
Probable lipase - maize	67.7404853	3.10395269
NA	[illegible]	2.68883664
Little protein 1	7.5273978	2.48868911
OSJNBa0065J03.17 {Oryza sativa}	4.81429414	2.38012623
OSJNBb0085C12.17 {Oryza sativa}	8.04879393	2.37871647
putative heat stress protein	8.76628833	2.18871397
putative inositol polyphosphate 5-phosphatase	9.66862303	2.14269118
early drought induced protein	17.3863259	2.02695668
putative hydroxycinnamoyl transferase	6.29313888	2.01424672
hypothetical protein	0.50043028	0.5455497
Putative auxin-responsive protein IAA2	6.80400378	0.5397432
MADS-box DNA binding protein	0.46347907	0.53863537
NA	4.97371477	0.5012135
fatty acid alpha-oxidase	0.37773136	0.48369726
putative potassium transporter	2.27180938	0.47783186
putative ABC1 protein	[illegible]	0.45508606
unnamed protein product;	0.65625981	0.45397549
putative copper-exporting ATPase	0.05905631	0.29825398
boron transporter	0.32947804	0.22326964

Tabla 2. Listado de los 20 genes con mayor cambio en expresión en raíz de maíz estresadas con Boro

Anotación	Cambio de expresión	
	3 Hrs	96 Hrs
probable lipase - maize	[illegible]	3.43904909
putative LHY protein	[illegible]	2.66967602
putative pumilio/Mpt5 family RNA-binding protein	2.57277851	2.65869413
OSJNBa0065J03.17 {Oryza sativa}	3.15190672	2.29245257
putative copine I	[illegible]	2.24656144
putative gamma-aminobutyrate transaminase subunit precursor isozyme 3	2.15588856	2.19309199
unknown protein	[illegible]	2.09081572
ankyrin-like protein	2.0796851	2.08714839
putative hydroxycinnamoyl transferase	[illegible]	2.08857383
putative galactoside 2-alpha-L-fucosyltransferase	3.28138337	2.07989696
GDSL-motif lipase/hydrolase-like protein	0.43245649	0.45061364
Rop3 small GTP binding protein	0.37808964	0.45003537
putative dehydrogenase	[illegible]	0.43005803
putative ribosomal protein L32	0.48615129	0.41870795
putative receptor protein kinase	0.34549184	0.39925671
putative potassium transporter	0.4880774	0.38321775
boron transporter	0.2602483	0.32176522
60S large subunit ribosomal protein, start by similarity	0.33605116	0.27578197
putative lipase	0.45249099	0.26149253
hypothetical protein (AC002986)	0.33048016	0.2227603

Tabla 3. Listado de los 20 genes con mayor cambio en expresión en hoja de maíz estresadas con NaCl

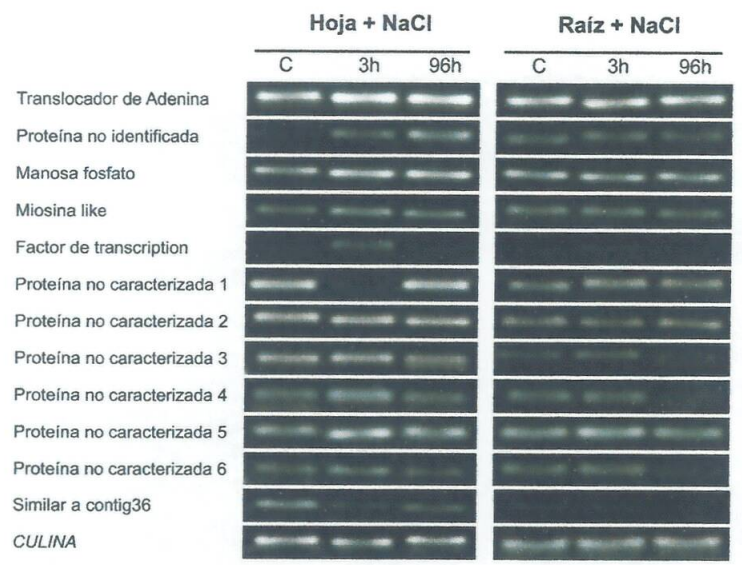
Anotación	Cambio de expresión	
	3 Hrs	96 Hrs
Hypothetical protein	74.069	52.593
putative dihydropyrimidine dehydrogenase	104.373	34.166
pseudo-response regulator 1	38.854	34.076
putative rubredoxin	[illegible]	29.281
VP1/ABI3 family regulatory protein	40.919	24.744
unknown	55.181	21.922
hypothetical protein	4.843	21.074
mitochondrial transcription factor	58.774	20.342
putative transcription factor	2.607	20.135
unknown protein	4.815	19.971
putative cucumisin-like serine protease	0.228	0.135
Na+/H+ exchanger	0.461	0.135
hydroxymethylglutaryl-CoA reductase	0.317	0.124
unknown protein	0.385	0.116
expressed protein (alternative splicing)	[illegible]	0.115
annexin P35 - maize	0.362	0.113
putative root hair defective 3 (RHD3)	0.357	0.108
unknown protein	0.570	0.107
putative phosphate transporter 2-1	0.159	0.064
hypothetical protein	0.115	0.039

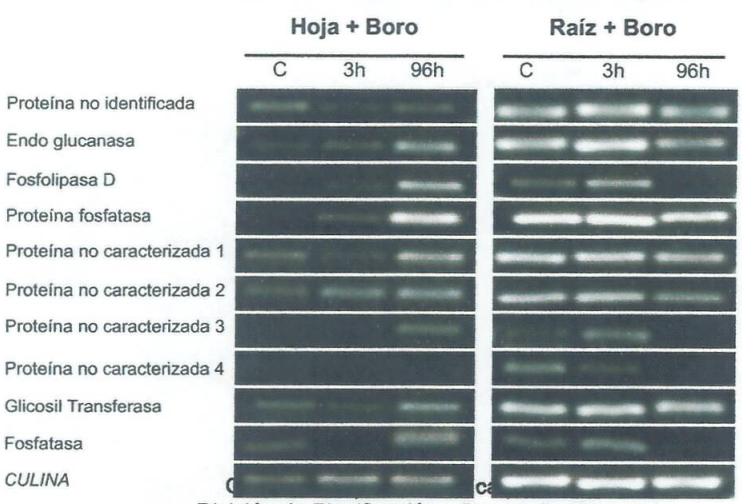
Tabla 4. Listado de los 20 genes con mayor cambio en expresión en hoja de maíz estresadas con Boro

Anotación	Cambio de expresión	
	3 Hrs	96 Hrs
pore protein homolog	[illegible]	5.088
putative LRR receptor-like kinase	[illegible]	3.734
senescence-associated putative protein-like	[illegible]	3.266
Hypothetical protein	4.822	3.030
putative stress related-like protein	[illegible]	2.994
sec14 like protein	[illegible]	2.913
OSJNBa0041M06.6	[illegible]	2.781
putative protein kinase (ADK1)	[illegible]	2.725
putative GTP-binding protein	[illegible]	2.693
hypothetical protein F12E4.320	[illegible]	2.659
unknown protein	0.636	0.468
OSJNBa0038O10.18 }	[illegible]	0.443
putative phosphate transporter 2-1	[illegible]	0.433
putative phospholipase D	0.705	0.428
unknown protein	[illegible]	0.408
hypothetical protein	[illegible]	0.403
glossy1 protein	0.635	0.398
putative cucumisin-like serine protease	0.668	0.279
tyrosine-specific protein phosphatase	[illegible]	0.275
putative phytosulfokine receptor kinase	[illegible]	0.227

2-Análisis de la expresión de genes de maíz lluteño que responden a la salinidad o al exceso de boro a través de RT-PCR.

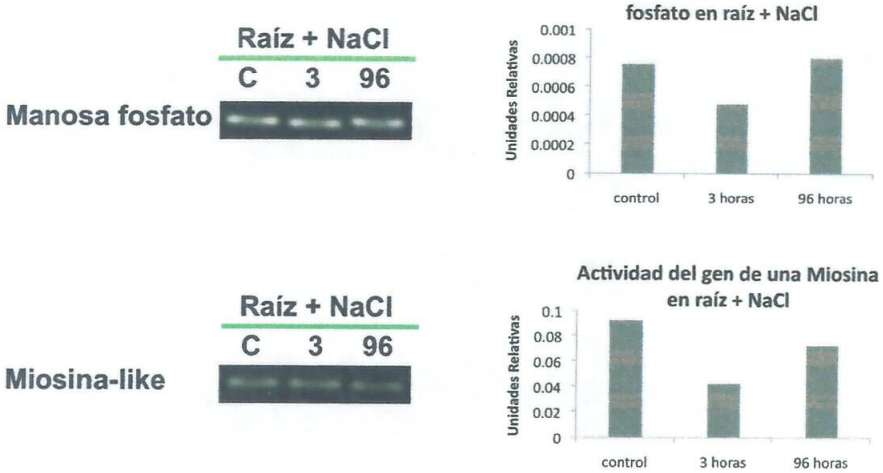
Para confirmar los datos de los microarreglos y validar biologicámente que los genes identificados en las tablas anteriores, realmente responden a la sal o al boro, se diseñaron primers específicos para algunos genes que se activan o inactivan y se realizaron ensayos de RT-PCR, con muestras de maices tratadas con NaCl o boro, como se mencionó anteriormente y visualizados en geles de agarosa al 1,5%. En las siguientes figuras se muestran los resultados de este análisis, en la columna de la izquierda se muestra la función del gen, en la siquientes columnas, se muestra la actividad del gen en hojas o raíces de la muestra control (C, sin estrés), la muestra estresada con NaCl o boro a las 3 o 96 horas luego de haber inducido el estrés, 3h y 96h respectivamente. La intensidad de la banda refleja su actividad, mientras más intensa mayor es la actividad del gen y mientras menos intensa, menor es la activad del gen. Como control, se utilizó el gen *CULINA*, el cual se mantiene constante en todos lo tejidos. Como se puede observar, el gen que codífica para una "proteína no identificada" (segunda fila), en "hojas+NaCl", no está presente en la planta control, sin embargo cuando la planta es sometida a la salinidad, este gen se activa al menos desde las 3horas y aunmenta su expresión a las 96horas. En tejido de "raíz+NaCl", este gen no cambia su actividad.

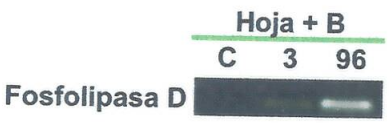


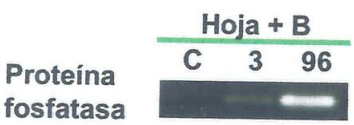


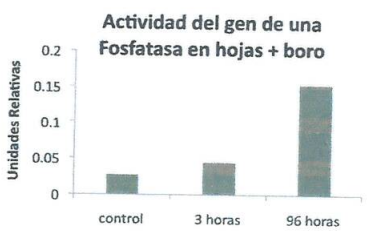
3-Análisis de RT-PCR en Tiempo Real de los genes que resposden a la salinidad y al exceso de boro de la sección anterior.

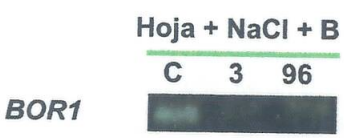
Del resultado anterior, se seleccionaron cuatro genes, más un gen adicional (que nosostros sabíamos que se induce por sal y boro), para cuantificar y confirmar sus actividades por medio de PCR en Tiempo Real. Los genes seleccionados fueron los siguientes: una manosa fosfato, una miosina-like, una proteína fosfatasa, una fosfolipasa-D y *BOR1*. Durante cada ciclo de amplificación, el equipo de PCR en Tiempo Real, cuantifica los productos de amplificación que se van produciendo, a través de la medición de un fluoroforo que se intercala en el nuevo DNA que se va produciendo, una vez que el fluoróforo se une al ADN formado, este emite una señal fluorescente que se procesa en tiempo real. Por lo tanto, un aumento de los productos de PCR conduce a un aumento de la fluorescencia detectada y esto permite que las concentraciones de ADN puedan ser cuantificadas. Estos valores son normalizados con los datos el gen de referencia (*CULINA*) y luego cada tratamiento es visualuzados en una gráfica en relación a las unidades relativas de fluorescencia. El equipo que nosotros adquirimos viene con un software que procesa todos estos valores y genera una gráfica, como la que se observa en las siguiente figura. A la izquierda, se observa el nombre del gen y su expresión a través de RT-PCR y visualizada en un gel de agarosa. A la derecha se observa la actividad del mismo gen, pero cuantificada en un a través de un PCR en Tiempo Real. Para cada muestras, los datos obtenidos confirman los ensayos de expresión por RT-PCR. Estos resultados

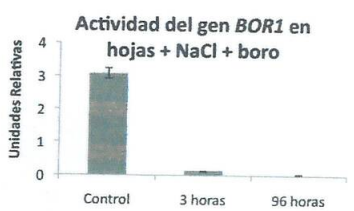












Los resultados aquí mostrados serán presentados en la VII Reunión de Biología Vegetal a celebrarse entre el 3 y 6 de diciembre del presente año en la ciudad de Pucón.

Transferencia tecnológica.

Con el equipamiento obtenido mediante este proyecto, aparte de cuantificar la expresión de genes de interés agrícola, también se puede determinar genéticamente la presencia de patógenos vegetales, como virus y bacterias, en etapas muy tempranas de su infección, cuando las plantas aún no muestran signos de enfermedad. Hasta la fecha la identificación de estos patógenos se realizada a través de métodos histológicos y bioquímicos. La detección genética temprana de estos patógenos, permitiría que los agricultores tomen las medidas necesarias para su control temprano y de esta forma poder disminuir sus pérdidas.

En este sentido nosotros procedimos a estandarizar la detección genética de dos tipos de virus, que se han previemente reportado, atacan al tomate en nuestra región, un Geminivirus y un Potyvirus.

Se colectaron hojas de tomate con síntomas de enfermedad viral, se extrajo su material genético (ADN) y se procedió a realizar la detección de dos virus, mediante un análisis de PCR. No se detectó la presencia de potyvirus, sin embargo la presencia de un Geminivirus fue detectada en todas las muestas analizadas. Para conocer a que grupo específico correspode este virus, su secuencia fue enviada a secuenciar, obteniendo la siguiente secuencia.

Resultado de la secuenciación de una parte del componente A del Geminivirus.

```
   1 GCATCTGCAG GCCCACATCG TCTTCCCGGT ACGACTATCA CCCTCAATTA TAATACTAAT AGGTCTCTCC GGCCGCGCAG CGGCACCCCT CCCGAAATAT
 101 TCGTCAGCCC ACTCTTGCAT CTCGTCAGGA ACATTAGTGA AGGAGGAAAG TTGAAACGGA GAAACCCATG GTTCTGGTGC CTTTGCAAAT ATTCTCTGGA
 201 TATGTGTTCT TATTTTATCC AGATGAAGAA CATAATCTCG AGGTTGCTCT TCTTTTAATA TATTGAGTGC CGTGGATGGA TTATCTGCGT TGAGAACCTT
 301 GGCATAAGTG TTGTTTGCAG ATTGGCAACC TCCTCTAGCT GATCTTCCAT CGATCTGGAA AGTTCCAAAA TCAATGAAGT CTCCGTCTTT CTCCATGTAG
 401 GTCTTGACGT CCGACGAGCT TTTAGCTCCC TGAATGTTTG GATGGAAATG TGCTGATCTG GTTGGGGATA CCAAATCGAA GAATCGTTGA TTGTGGCATT
 501 TGAATTTGCC TTCGAATTGT ATAAGCACGT GGAGATGANG TTCCCCATCT TCGTGAAGTT CTCTGGTTAC GCGAATAAAT TTCTTGTNGG TAGGCGTCTG
 601 AAGTGCCTGT AATTGTGAAA GAGCTTCGTC TTTAGTTAAT GAACAATGAG GATATGTAAG GAAGAAATTT TTTGCATTTA CTGAGAAACG CTTTGGAGGG
 701 GGCATTTTAG TAATATAAAG AGTTGCTCCC CGATAGAGCT CCTTCAAACT TGGCAAATGA ATTGGGGAAA GGGTCTCAAT ATATAGTAGA GTCCATTATA
 801 GAATATATTT GCCACGTGGC GGCCATCCGT TATAATATTA CCGGATGGCC GCGCGATTTT TTTTAGTGGT CCCCCTTTGA ATGGCCAATC AGATTTTGTC
 901 CTGAACGCTT AATTATTTTG AAATTCTTAG GCGCTAAGTT GTTAAAGTTA TATATATTGG ACATTCGTTA GTGGTCGACA TACTTTAATT CAAAATGCCA
1001 AAGCGGGATG CCCCATGGCG TATAATGGCG GGGACCACTA AAGTGTCCCG CTCTTCCAAT TATTCACCTC GTGGAGGTAT GTCCAAGCGG GATGCTTGGG
1101 TTAACAGGCC TATGTACAGG A
```

Al realizar un análisis de homología de secuencia con la base de datos de todas las secuencias de DNA conocidas (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/), se encontro que nuestra secuencia tiene una similitud del 98% con respecto a un virus aislado en Brasil. Estos datos son importantes porque permiten determinar el origen de los patógenos que tenemos en nuestros cultivos.

Con estos resultados nosotros queremos dar el servicio de detección genética de patógenos virales, empezando con la detección de Geminivirus que infectan tomate y la entidad beneficiada corresponderá a la A.G. Agricultores de Arica – ASOAGRO.

A continuación se muestra el resultado de dicho alineamiento.

> gb|U79998.1|TYU79998 Tomato yellow vein streak geminivirus Rep protein (rep) gene, complete cds and coat protein (cp) gene, partial cds Length=1303 Score = 1868 bits (1011), Expect = 0.0 Identities = 1065/1092 (98%), Gaps = 3/1092 (0%) Strand=Plus/Plus

```
Query  31    ACGACTATCACCCTCAATTATAATACTAATAGGTCTCTCCGGCCGCGCAGCGGCACCCCT  90
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     ACGACTATCACCCTCAATTATAATACTAATAGGTCTCTCCGGCCGCGCAGCGGCACCCCT  60

Query  91    CCCGAAATATTCGTCAGCCCACTCTTGCATCTCGTCAGGAACATTAGTGAAGGAGGAAAG  150
             |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    TCCGAAATATTCGTCAGCCCACTCTTGTATCTCGTCAGGAACATTAGTGAAGGAGGAAAG  120

Query  151   TTGAAACGGAGAAACCCATGGTTCTGGTGCCTTTGCAAATATTCTCTGGATATGTGTTCT  210
             |||||||||||||||||| || ||||| |||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  121   TTGAAACGGAGAAACCCACGGCTCTGGAGCCTTTGCAAATATTCTCTGGACATGTGTTCT  180

Query  211   TATTTTATCCAGATGAAGAACATAATCTCGAGGTTGCTCTTCTTTTAATATATTGAGTGC  270
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TATCTTATCCAGATGAAGAACATAATCTCGAGGTTGCTCTTCTTTTAATATATTGAGTGC  240

Query  271   CGTGGATGGATTATCTGCGTTGAGAACCTTGGCATAAGTGTTGTTTGCAGATTGGCAACC  330
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  241   CGTGGATGGATTATCTGCGTTGAGAACCTTGGCATAAGTGTCGTTTGCAGATTGGCAACC  300

Query  331   TCCTCTAGCTGATCTTCCATCGATCTGGAAAGTTCCAAAATCAATGAAGTCTCCGTCTTT  390
             |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   TCCTCTAGCTGATCTTCCATCGATTTGGAAAGTTCCAAAATCAATGAAGTCTCCGTCTTT  360

Query  391   CTCCATGTAGGTCTTGACGTCCGACGAGCTTTTAGCTCCCTGAATGTTTGGATGGAAATG  450
             |||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCCATGTAGGTCTTGA-GTCTGACGAGCTTTTAGCTCCCTGAATGTTTGGATGGAAATG  419

Query  451   TGCTGATCTGGTTGGGGATACCAAATCGAAGAATCGTTGATTGTGGCATTTGAATTTGCC  510
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  420   TGCTGATCTGGTTGGGGATACCAAATCGAAGAATCGTTGATTGTGGCATATGAATTTTCC  479

Query  511   TTCGAATTGTATAAGCACGTGGAGATGANGTTCCCCATCTTCGTGAAGTTCTCTGGTTAC  570
             |||||| |||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  480   TTCGAACTGTATAAGCACATGGAGATGAGGTTCCCCATCTTCGTGAAGTTCTCTGGTTAC  539

Query  571   GCGAATAAATTTCTTGTNGGTAGGCGTCTGAAGTGCCTGTAATTGTGAAAGAGCTTCGTC  630
             |||||||||||||||| |||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  540   GCGAATAAATTTCTTGTTGGTAGGTGTTTGAAGTGCCTGTAATTGTGAAAGAGCTTCGTC  599

Query  631   TTTAGTTAATGAACAATGAGGATATGTAAGGAAGAAATTTTTTGCATTTACTGAGAAACG  690
             |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  600   TTTAGTTAATGAACAATGTGGATATGTAAGGAAGAAATTTTTTGCATTTACTGAGAAACG  659

Query  691   CTTTGGAGGGGGCATTTTAGTAATATAAAGAGTTGCTCCCCGATAGAGCTCCTTCAAACT  750
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  660   CTTTGGAGGGGGCATTTTAGTAATATAAAGAGTTGCTCCCCGATAGAGCTCCTTCAAACT  719

Query  751   TGGCAAATGAATTGGGGAAAGGGTCTCAATATATAGTAGAGTCCATTATAGAATATATTT  810
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  720   TGGCAAATGAATTGGGGAAAGGGTCTCAATATATAGTAGAGTCCATTATAGAATATATTT  779

Query  811   GCCACGTGGCGGCCATCCGTTATAATATTACCGGATGGCCGCGCGAttttttttAGTGGT  870
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
```

```
Sbjct  780   GCCACGTGGCGGCCATCCGTTATAATATTACCGGATGGCCGCGCGATTTTTTT-AGTGGT  838

Query  871   CCCCCTTTGAATGGCCAATCAGATTTTGTCCTGAACGCTTAATTATTTTGAAATTCTTAG  930
              ||||||||||||||||||||| ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  839   CCCCCTTTGAATGGCCAATCATATTTTGTTCTGAACGCTTAATTATTTTGAAATTCTTAG  898

Query  931   GCG-CTAAGTTGTTAAAGTTATATATATTGGACATTCGTTAGTGGTCGACATACTTTAAT  989
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  899   GCGGCTAAGTTGTTAAAGTTATATATATTGGACATTCGTTAGTGGTCGACATACTTTAAG  958

Query  990   TCAAAATGCCAAAGCGGGATGCCCCATGGCGTATAATGGCGGGGACCACTAAAGTGTCCC  1049
              || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  959   TCGAAATGCCAAAGCGGGATGCCCCATGGCGTATAATGGCGGGGACCACTAAAGTGTCCC  1018

Query  1050  GCTCTTCCAATTATTCACCTCGTGGAGGTATGTCCAAGCGGGATGCTTGGGTTAACAGGC  1109
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1019  GCTCTTCCAATTATTCACCTCGTGGAGGTATGTCCAAGCGGGATGCTTGGGTTAACAGGC  1078

Query  1110  CTATGTACAGGA  1121
              | ||||||||||
Sbjct  1079  CCATGTACAGGA  1090
```

Tomato yellow vein streak geminivirus Rep protein (rep) gene, complete cds and coat protein (cp) gene, partial cds

GenBank: U79998.1
FASTA Graphics
Go to:

```
LOCUS       TYU79998               1303 bp    DNA     linear   VRL 13-JAN-1997
DEFINITION  Tomato yellow vein streak geminivirus Rep protein (rep) gene,            complete cds
and coat protein (cp) gene, partial cds.
ACCESSION   U79998
VERSION     U79998.1  GI:1773322 KEYWORDS    .
SOURCE      Tomato yellow vein streak virus
ORGANISM  Tomato yellow vein streak virus
            Viruses; ssDNA viruses; Geminiviridae; Begomovirus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1303)
AUTHORS   Faria,J.C., Souza-Dias,J.A.C., Slack,S.A. and Maxwell,D.P.
TITLE     A new tomato geminivirus detected in the state of Sao Paulo, Brazil
JOURNAL   Unpublished REFERENCE   2  (bases 1 to 1303)
AUTHORS   Faria,J.C., Souza-Dias,J.A.C., Slack,S.A. and Maxwell,D.P.
TITLE     Direct Submission
JOURNAL   Submitted (26-NOV-1996) Plant Pathology, University of Wisconsin,
          1630 Linden Dr., Madison, WI 53706-1598, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
source          1..1303
                     /organism="Tomato yellow vein streak virus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /strain="Brazil 1"
                     /db_xref="taxon:55216"
                     /chromosome="DNA-A"
                     /note="isolated from tomato plant collected near Campinas,
                     Sao Paulo, Brazil in 1995"
gene            complement(225..674)
                     /gene="rep"
CDS             complement(225..674)
                     /gene="rep"
                     /note="AC1; replication associated protein"
                     /codon_start=1
                     /product="Rep protein"
                     /protein_id="AAB40392.1"
                     /db_xref="GI:1773323"
                     /translation="MPPPKRFSVNAKNFFLTYPHCSLTKDEALSQLQALQTPTNKKFI
                     RVTRELHEDGEPHLHVLIQFEGKFICHNQRFFDLVSPTRSAHFHPNIQGAKSSSDSRP
```

```
                     TWRKTETSLILELSKSMEDQLEEVANLQTTLMPRFSTQIIHPRHSIY"

rep_origin      667..850
                   /note="origin of replication; common region"
gene            964..1303
                   /gene="cp"
CDS             964..>1303
                   /gene="cp"
                   /note="AV1; Cp protein"
                   /codon_start=1
                   /product="coat protein"
                   /protein_id="AAB40393.1"
                   /db_xref="GI:1773324"
                   /translation="MPKRDAPWRIMAGTTKVSRSSNYSPRGGMSKRDAWVNRPMYRKP
                   RIYRTLRGPDVPKGCEGPCKVQSYEQRHDISHLGKVMCISDITRGNGITHRVGKRFCV
                   KSVYILGKIWM"

ORIGIN
        1 acgactatca ccctcaatta taatactaat aggtctctcc ggccgcgcag cggcacccct
       61 tccgaaatat tcgtcagccc actcttgtat ctcgtcagga acattagtga aggaggaaag
      121 ttgaaacgga gaaacccacg gctctggagc ctttgcaaat attctctgga catgtgttct
      181 tatcttatcc agatgaagaa cataatctcg aggttgctct tcttttaata tattgagtgc
      241 cgtggatgga ttatctgcgt tgagaacctt ggcataagtg tcgtttgcag attggcaacc
      301 tcctctagct gatcttccat cgatttggaa agttccaaaa tcaatgaagt ctccgtcttt
      361 ctccatgtag gtcttgagtc tgacgagctt ttagctccct gaatgtttgg atggaaatgt
      421 gctgatctgg ttggggatac caaatcgaag aatcgttgat tgtggcatat gaatttcct
      481 tcgaactgta taagcacatg gagatgaggt tccccatctt cgtgaagttc tctggttacg
      541 cgaataaatt tcttgttggt aggtgtttga agtgcctgta attgtgaaag agcttcgtct
      601 ttagttaatg aacaatgtgg atatgtaagg aagaaatttt ttgcatttac tgagaaacgc
      661 tttggagggg gcattttagt aatataaaga gttgctcccc gatagagctc cttcaaactt
      721 ggcaaatgaa ttggggaaag ggtctcaata tatagtagag tccattatag aatatatttg
      781 ccacgtggcg gccatccgtt ataatattac cggatggccg cgcgattttt ttagtggtcc
      841 ccctttgaat ggccaatcat attttgttct gaacgcttaa ttattttgaa attcttaggc
      901 ggctaagttg ttaaagttat atatattgga cattcgttag tggtcgacat actttaagtc
      961 gaaatgccaa agcgggatgc cccatggcgt ataatggcgg ggaccactaa agtgtcccgc
     1021 tcttccaatt attcacctcg tggaggtatg tccaagcggg atgcttgggt taacaggccc
     1081 atgtacagga agcccaggat ttatcgtacg ttgagaggcc ctgatgttcc taaagggtgt
     1141 gaaggcccat gtaaggtcca gtcctacgag cagcgtcatg acatctctca tcttggcaag
     1201 gtgatgtgta tctctgatat cacacgtggt aacggtatta cacaccgtgt tggtaagcgt
     1261 ttttgtgtta agtccgtgta cattttaggg aagatatgga tgg //
```

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

5.1.-Resultados esperados por objetivo e indicadores (ETAPA)

Objetivo Espec. Nº	Resultado	Indicador	Actual	Meta Final	Parcial	
					Meta	Plazo
1	Adquirir equipo de PCR Tiempo Real.	Un equipo de PCR en tiempo real.	1	1		
2	Lista de los primeros genes de tolerancia en maiz y tomate con alto valor biotecnológico.	Genes de maíz.	40	5		

5.2- Resumen de los Resultados logrados:

- ✓ Equipo de "Tiempo Real" licitado y adjudicado.
- ✓ Primer experimento de estrés realizado.
- ✓ Lista preliminar de genes que responden a la salinidad y boro en hojas de maíz.
- ✓ Adquisión de un equipo de PCR en Tiempo Real, un termociclador normal, una cámara de crecimiento para plantas, una máquina fabricadora de hielo, una centrífuga minifuge, un generador de voltage, un estabilizador de voltage y un computador de escritorio.
- ✓ Gestión para la realización de un curso teórico práctico sobre el uso y aplicaciones de la tecnología de PCR en Tiempo Real.
- ✓ Publicación en prensa, a nivel norte grande y chico, de las líneas de investigación de nuestro laboratorio y del apoyo del GORE.
- ✓ Publicación en periódico local sobre las líneas de investigación de nuestro laboratorio y del apoyo del GORE
- ✓ Primeros 5 genes de maíz analizados mediante PCR en Tiempo-Real.
- ✓ Participación XII Reunión de Biología Vegetal.
- ✓ Firma acuerdo de transferencia tecnológica (Pendiente, se encuentra en trámitación)

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

6.-Beneficiarios directos que participaron del proyecto o programa:

-Firma de acuerdo pendiente con la A.G. Agricultores de Arica – ASOAGRO.

7.- Perspectivas de viabilidad/sostenibilidad del proyecto:

-Para poder seguir estudiando alguno de los genes que fueron identificados en este proyecto, se va a postular a concursos de financiamiento científico a nivel nacional.

-Con el equipamiento adquirido, se va a realizar la prestación de servicios para la identificación de patógenos vegetales como virus y bacterias.

8.- Lineamientos Estratégicos[1] Regionales al que se vincula:

Agricultura tecnológica.

9.- *Destino de los recursos según glosa presupuestaria*[2] al que se vincula:

-Ciencia

-Difusión

1 Turismo de Intereses Especiales, Plataforma de Servicios Logísticos, Agricultura Tecnológica, Matriz Energética, Recursos Hídricos, Pesca y Acuicultura, Bienes Públicos para la Competitividad e Innovación.

[2] Ciencia, Investigación aplicada, emprendimiento Innovador, Desarrollo, Difusión y Transferencia Tecnológica, incluida la destinada al fortalecimiento de redes de innovación regional, formación y atracción de recursos humanos especializados, infraestructura y equipamiento de apoyo y promoción de la cultura pro-innovación y emprendimiento.

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

10.- Identificación de las innovaciones[3] generadas, aplicaciones tecnológicas, patentes o generación de nuevos productos y servicios de interés innovativo logrados con el proyecto:

-En relación al equipamiento adquirido, sumado al ya existente, nos permite ir generando las bases de una fútura plataforma tecnológica enfocada a la prospección, estudio y protección legal de los recursos genéticos vegetales de nuestra región.

-Se va desarrollar, por primera vez en la región, una prestación de servicio consistente en la identificación genética de patógenos vegetales.

11.- Identificación de los impactos generados a nivel de clúster o áreas productivas regionales.

[3] Innovación en producto, proceso, gestión, organización, marketing y comercialización.

12.- Conclusiones y Recomendaciones:

-El Laboratorio de Biotegnología Vegetal de la Universidad de Tarapacá, cuenta con un equipamiento innovador, que permite cuantificar la expresión de genes de alto valor biotecnológico y además, forma la base de una futura plataforma tecnológica enfocada al estudio y protección legal de los recursos genéticos vegetales de nuestra región.

-Se obtuvo una listado de genes de maíz que responden a estrés salino o a un exceso de boro.

-Se implementó la tecnología para la identificación genética de patógenos vegetales.

ARICA Y PARINACOTA	PROGRAMAS Y PROYECTOS FINANCIADOS POR EL GOBIERNO REGIONAL DE ARICA Y PARINACOTA
	FORMATO DE RENDICIÓN TÉCNICA FINAL

NOMBRE Y FIRMA

JEFE DE PROYECTO FIC P63

*** Anexos a incorporar (según corresponda)**

- 2 Publicaciones en periódico local y nacional, sobre las líneas de investigación de nuestro laboratorio y del apoyo del GORE
- Participación VII Reunión de Biología Vegetal.
- Firma acuerdo de transferencia tecnológica (Pendiente de respuesta)

LABORATORIO DE BIOLOGÍA MOLECULAR DE PLANTAS:

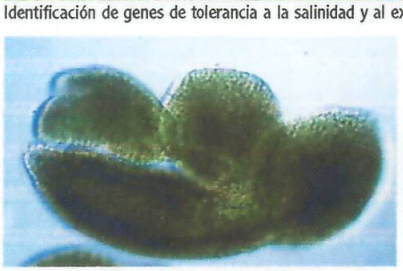
"QUEREMOS SER UNA **REFERENCIA INTERNACIONAL** EN BIOTECNOLOGÍA VEGETAL DE ZONAS ÁRIDAS"

CON UN FUERTE APOYO INSTITUCIONAL Y FINANCIAMIENTO DEL MINISTERIO DE EDUCACIÓN, DE FONDECYT Y DEL GOBIERNO REGIONAL SE HA LOGRADO EL DESARROLLO DE ESTE GRUPO DE INVESTIGACIÓN.

La Universidad de Tarapacá creó el laboratorio de biología molecular de plantas a comienzos del 2002. Sin embargo, el primer gran y sustantivo apoyo se logra el 2008 con la adjudicación del Convenio de Desempeño MECESUP-2 (CD) (un acuerdo suscrito con el Ministerio de Educación el cual tiene por objetivo el desarrollo de planes de mejoramiento institucional en áreas de prioridad nacional).

Este apoyo involucró principalmente la adquisición de equipamiento de última generación y la contratación de recursos humanos especializados. Desde el año 2009, es dirigido por el Dr. Wilson Huanca-Mamani, que con el apoyo inicial del CD, la adjudicación de un proyecto Fondecyt de Iniciación en la Investigación 2010 (código 11100492) y un proyecto FIC-Regional-2011 (BIP 30110588-0), le ha permitido desarrollar y consolidar sus líneas de investigación y la vez soñar en llegar a ser a futuro "una referencia internacional en biotecnología vegetal de zonas áridas". Actualmente en su laboratorio se desarrollan tres líneas de investigación.

Identificación de genes de tolerancia a la salinidad y al exceso de boro en el maíz Lluteño. Wilson Huanca-Mamani.



Estudio mutantes afectadas en desarrollo embrionario.

Variabilidad genética de los maíces de la región.

COMPROMISO CON EL DESARROLLO CIENTÍFICO Y TECNOLÓGICO

El Gobierno Regional ha financiado, a través de un proyecto FIC-Regional (BIP 30110588-0), la compra de nuevo equipamiento que permitirá potenciar el poder de análisis del Laboratorio de Biología Molecular de plantas con la finalidad de generar una plataforma científica y tecnológica regional dedicada a la identificación, caracterización y protección legal de los recursos genéticos vegetales de la región de Arica y Parinacota, con especial énfasis, inicialmente, en aquellos genes de tolerancia a ambientes extremos como los suelos con alta salinidad y exceso de boro.

ESTRÉS ABIÓTICO

El valle de Lluta, ubicado al norte de la ciudad de Arica, es un valle deprimido económicamente, debido a la alta salinidad y al exceso de boro presentes en sus suelos y aguas de riego, haciendo muy difícil el desarrollo de una agricultura próspera y limitando la producción a determinados cultivos. Sin embargo, bajo estas características se han desarrollado variedades vegetales locales únicas, que exitosamente crecen en estos suelos. Ejemplo de ello son el maíz Lluteño y el tomate Poncho Negro. Desde el punto de vista genético, estas variedades albergan una cantidad de genes nuevos y únicos los cuales se pueden identificar, caracterizar y proteger. Desde el punto de vista biotecnológico, representan un desafío y una oportunidad, ya que a partir de ellos se pueden desarrollar nuevas estrategias de mejoramiento genético basados en cruzamientos clásicos o ingeniería genética. En este sentido, el principal objetivo de este grupo es identificar y caracterizar los genes de tolerancia a la salinidad y al exceso de boro en el maíz Lluteño y en el tomate Poncho Negro, utilizando estrategias basadas en genómica funcional.

DIVERSIDAD GENÉTICA

La diversidad genética se entiende como la variación de los genes dentro de una especie, y esta variación constituye el material base que les permite a estas especies responder rápidamente a los cambios que ocurren en el ambiente. En esta segunda línea de investigación el grupo del Dr. Huanca-Mamani quiere conocer la variabilidad y estructura genética, y las relaciones de parentesco que existen entre las diversas variedades locales de maíces presentes en la región. Esto lo realiza a través del estudio de marcadores moleculares tipo microsatélites, los cuales son pequeñas secuencias de ADN, repetidas muchas veces en el genoma, generando variaciones en su longitud.

DESARROLLO REPRODUCTIVO

Determinar las bases genéticas del desarrollo embrionario en las primeras fases de su desarrollo es el tercer objetivo de este grupo y para abordarlo utiliza a la planta Arabidopsis thaliana como un modelo de estudio. Actualmente, se encuentra caracterizando genéticamente a una línea mutante de Arabidopsis denomida Athena, la cual produce semillas con dos embriones. Este nuevo embrión se genera a partir de una estructura llamada suspensor, la cual, en condiciones normales, mantiene unido el embrión con el tejido materno de la semilla, pero en la mutante Athena el suspensor comienza a proliferar organizadamente originando un segundo embrión. ¿Cuál es el gen responsable de producir el desarrollo de un segundo embrión en una semilla? Es una de las preguntas que se busca responder con esta investigación.

Mujeres siguen punteras en el desempleo a nivel regional

Desde hace cinco meses que la cifra tiende a la baja y se mantendría así.

Priscila Duarte R.

Mujeres seguirían marcando la diferencia negativa en el campo laboral, puesto que según último informe trimestral del Instituto Nacional de Estadísticas (INE), doblan a los hombres en índices de desocupación.

Mientras que la desocupación a nivel regional fue de un 5,0%, por debajo del promedio nacional (6,4%), las mujeres entre los meses de mayo y julio marcan un 6,5% respecto de un 3,8% que corresponde a los hombres.

MUJERES DE EN QUE EN ARICA SIEMPRE HAY ABRIDO TRABAJO

TENDENCIA

El seremi(s) del Trabajo, Marcelo Cortés, dijo que la evaluación de la cartera era positiva y que la tendencia es ir a la baja.

"En esta fecha del 2011 las mujeres llegaban al 9,9% y ahora estamos en un 6,4%, por lo tanto, creemos que se ha avanzado en el tema de la cesantía", comparó la autoridad.

También explicó que los rubros que han aumentado en materia de empleabilidad son los relacionados con la autogestión.

"Hemos observado una bajada sostenida en los últimos cinco meses y se puede atribuir al microemprendimiento", agregó Cortés.

DATOS INE

Otro dato importante que se evidenció en el informe INE es que la región ocupa el séptimo lugar en la tasa de desocupación en una tabla comparativa a nivel nacional, después de la XI región y antes de la IV. La tasa de desocupación sólo en Arica, es de un 5,4% (4,1% hombres y 6,9% mujeres).

Sobre el tema fueron consultadas mujeres que dijeron haber buscado trabajo en más de una oportunidad y la percepción de ellas respecto del estudio con la realidad, es que en Arica hay trabajo, aunque no siempre es el mejor se encuentra fácilmente.

"Hay más trabajo para mujeres que para hombres, está claro, pero si te decides a buscar seguro vas a encontrar", dijo la microempresaria Mary Ramos.

Debate presidencial estadounidense se vivió en auditorio de la UTA

UN REPRESENTANTE DE CADA PARTIDO Y UN MEDIADOR

Uno hablaba por Barack Obama y otro por Mitt Romney. Se trata de Eduardo Rodríguez y Omar Franco, estadounidenses representantes de los partidos Demócrata y Republicano respectivamente, quienes se enfrascaron en un particular debate organizado por la Facultad de Ciencias Sociales y Jurídicas de la Universidad de Tarapacá y la Embajada de EE.UU. Todo esto en el contexto de las próximas presidenciales del país del norte que se llevarán a cabo el 6 de noviembre.

"La solución de los demócratas es siempre subir los impuestos", disparó el republicano. En tanto, su contendor no demoró en responder: "el mayor reto es que un republicano entienda lo que pasa en las familias de clase media".

Así continuó el debate, que dio para todo, ronda de preguntas y hasta para comparaciones con nuestra realidad nacional. "desde la economía sube y la popularidad del presidente baja", dijo el moderador.

Punto Reportaje

UNIVERSIDAD DE TARAPACÁ

Laboratorio de Biología Molecular de Plantas de la UTA estudia y busca proteger legalmente los recursos genéticos de nuestros cultivos

ARICA Y PARINACOTA

Un fuerte apoyo institucional y financiamiento del Mineduc, Fondecyt y del Gobierno Regional han logrado el desarrollo de este grupo de investigación

Este moderno laboratorio que está ubicado en el Campus Azapa, inició sus actividades en el año 2002 y desde el 2009 es dirigido por el Dr. Wilson Huanca-Mamani, quien cuenta con estudios de posgrado en México y Estados Unidos.

La principal línea de investigación de su grupo de trabajo está centrada en la identificación, caracterización y protección legal de los factores genéticos o genes, de variedades de cultivos locales que se desarrollan exitosamente en el Valle de Lluta y que son altamente tolerantes a la alta salinidad y al exceso de boro, entre otros elementos, presentes en abundancia en los suelos y en las aguas de riego de este valle.

El Dr. Huanca-Mamani y su grupo de investigación

"Variedades como el maíz liuteño o el tomate poncho negro, por ejemplo, son únicas y desde el punto de vista genético, albergan una cantidad de nuevos y valiosos genes, los cuales le permiten a estas plantas desarrollarse exitosamente bajo estas condiciones. Para el caso del maíz, nosotros ya tenemos identificados un grupo de esos potenciales genes de tolerancia. Desde el punto de vista biotecnológico, representan un desafío y una oportunidad, ya que a partir de ellos se pueden desarrollar nuevas estrategias de mejoramiento genético basados en cruzamientos clásicos o por ingeniería genética" menciona el Dr. Huanca-Mamani.

El Gobierno Regional de Arica y Parinacota, a través de un proyecto FIC Regional (BIP 30110588), denominado "Nueva Tecnología para medir el comportamiento de genes de alto valor biotecnológico. Hacia la protección legal de nuestros recursos genéticos vegetales", ha financiado la compra de un equipo llamado "Eco Real Time PCR", el cual puede realizar diversos tipo de procedimientos, entre ellos medir cómo se comporta un determinado gen en cualquier momento de su análisis. "Los resultados generados por esta clase de equipos son uno de los primeros requisitos al momento de iniciar una solicitud de una protección legal, de ahí la importancia y privilegio de contar con uno de ellos, que dicho de paso, creo es el único en toda la región" agrega el Dr. Huanca-Mamani.

Otras de las potenciales aplicaciones de este equipo es la detección de patógenos vegetales como virus y bacterias en etapas muy tempranas de la infección, es decir, cuando las plantas aún no muestran síntomas de enfermedad. La detección temprana de enfermedades causada por estos patógenos, permitirá tomar medidas de control apropiadas, de tal forma que no se generen pérdidas económicas considerables para el agricultor.

Al respecto, el Dr. Huanca-Mamani menciona que ya ha iniciado los primeros análisis para la detección a nivel genético de distintos tipos de virus que infectan al tomate y de un tipo de bacteria llamada *Erwinia chrysanthemi* que recientemente fue detectada en maíz.

306
397

VII Reunión biología vegetal

VII Reunión de Biología Vegetal
3 al 6 de Diciembre de 2012-09-13
Pucón – Chile

RECIBO Nº 126

En Santiago, con fecha 30 de octubre del año 2012, se deja constancia de la recepción de un depósito a cargo de Steffany Cardenas, por concepto de Inscripción para participar de la VII Reunión de Biología Vegetal.

DETALLE

Inscripciones: 1 Estudiante Pregrado (50.000).

TOTAL: $ 50.000.-

Dr. Gabriel León
Comisión Organizadora
VII Reunión de Biología Vegetal

305
398

VII Reunión biología vegetal

VII Reunión de Biología Vegetal
3 al 6 de Diciembre de 2012-09-13
Pucón – Chile

RECIBO Nº 127

En Santiago, con fecha 30 de octubre del año 2012, se deja constancia de la recepción de un depósito a cargo de Maria Belén Mellado, por concepto de Inscripción para participar de la VII Reunión de Biología Vegetal.

DETALLE

Inscripciones: 1 Estudiante Pregrado (50.000).

TOTAL: $ 50.000.-

Dr. Gabriel León
Comisión Organizadora
VII Reunión de Biología Vegetal

304
(399)

VII Reunión biología vegetal

VII Reunión de Biología Vegetal
3 al 6 de Diciembre de 2012-09-13
Pucón – Chile

RECIBO Nº 128

En Santiago, con fecha 30 de octubre del año 2012, se deja constancia de la recepción de un depósito a cargo de Ester Rojas, por concepto de Inscripción para participar de la VII Reunión de Biología Vegetal.

DETALLE

Inscripciones: 1 Estudiante Pregrado (50.000).

TOTAL: $ 50.000.-

Dr. Gabriel León
Comisión Organizadora
VII Reunión de Biología Vegetal