UNMSM

III CONGRESO NACIONAL SOBRE CIENCIAS DE LA VIDA

XXX REUNIÓN CIENTÍFICA ICBAR 2025

REALIZADO DEL 19 AL 22 AGOSTO

LIBRO DE RESÚMENES

AREAS TEMÁTICAS:

- Biodiversidad y ecología
- Biotecnología
- Salud y sanidad
- Producción y manejo de recursos biológicos

organiza:

UNMSM

Facultad de Ciencias Biológicas

UNMSM ICBAR

Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas "ANTONIO RAIMONDI"

financiado por:

CONCYTEC
CONSEJO NACIONAL DE CIENCIA, TECNOLOGÍA E INNOVACIÓN

Pro CIENCIA

III Congreso Nacional sobre Ciencias de la Vida
XXX Reunión Científica del Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas "Antonio Raimondi" (ICBAR).
Lima, 19 al 22 de agosto de 2025

Universidad Nacional Mayor de San Marcos
III Congreso Nacional sobre Ciencias de la vida y XXX Reunión Científica del Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas "Antonio Raimondi". Libro de resúmenes

Tercera edición digital
Lima, agosto de 2025

Editores:
Mg. Miguel Talledo Rivera
Dr. Jhon Darly Chero de la Cruz
Dr. Yakov Mario Quinteros Gómez

Diseño del logo: Bach. Inés Cáceres Aranda

Diseño y diagramación: Mg. Miguel Ángel Francisco Talledo Rivera, Naylamp Producciones
Editado y diagramado en el Perú

Se permite la reproducción total o parcial con fines académicos citando la fuente

Cómo citar un resumen de este libro de resúmenes:
Apellido(s), inicial del primer nombre(s). Título del resumen en formato de oración. Número de página. En: Talledo, M., Chero, D. J., Quinteros, Y. (Editores). Libro de Resúmenes. III Congreso Nacional sobre Ciencias de la Vida. XXX Reunión Científica del Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas "Antonio Raimondi" (ICBAR). Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú 19 al 22 de agosto de 2025.

AUTORIDADES

Decana: Martha Esther Valdivia Cuya
Vicedecana de Investigación y Posgrado: Dra. Ruth Hortensia García de la Guarda
Director del Instituto de Investigación en Ciencias Biológicas Antonio Raimondi: Dra. Ruth Hortensia García de la Guarda

Comisión Organizadora: UNMSM | ICBAR | Facultad de Ciencias Biológicas
Presidente: Dr. Jhon Darly Chero de la Cruz
Secretario Científico: Dr. Yakov Mario Quinteros Gómez
Tesorera: Mg. Nadia Vera Munárriz
Secretario de Actas: Mg. Irbin Baltazar Llanqui Argollo
Secretario de Difusión: Blgo. Augusto Fernando De la Cruz Calvo

COMITÉ CIENTÍFICO

Yakov Mario Quinteros Gómez (Responsable)
Octavio Monroy-Vilchis (Co-responsable)

COMITÉ DE REVISORES DE RESÚMENES

Ángel Balbuena-Serrano
Ángela Robles Silvana
Aarón Mondragón Martínez
Augusto Fernando De la Cruz Calvo
Betty Millán Salazar
Betty Shiga Oshige
Bruno Padilla Torres
Carmen Pantigoso Flores
Celso Luis Cruces Chancahuaña
Débora Alvarado Iparraguirre
Irbin Baltazar Llanqui Argollo
Iván Luis Fernández de la Cruz
Jaime Roberto Sánchez Venegas
Jhon Darly Chero de la Cruz
José Miguel Pérez Zuñiga
Juan Arguelles Torres
Julio Solis Sarmiento
Lidia Sánchez Pérez
Manuel Marín Bravo
Marco Carbajal Bellido
Marcos Sulca López
Marinoli Rivas Chamorro
Martha Zarco-González
Nadia Vera Munárriz
Nicolas Tarmeño Rojas
Nicole Huamán Collazos
Octavio Monroy-Vilchis
Ricardo Britzke Britzke
Sandro Marcel La Rosa Sánchez Navarro
Susana Gutiérrez Moreno
Wilser García Quispe
Yakov Mario Quinteros Gómez
Zuleyma Zarco-González

COMITÉ DE EXPOSICIÓN Y PANELES

Báslavi Cóndor Luján
Bernabé Luis Alaya
Carmen Pantigoso Flores
Débora Alvarado Iparraguirre
Elena Quillama Polo
Giovana Vadillo Gálvez
Irbin Baltazar Llanqui Argollo
Jefferson Yunis Aguinaga
Jhon Darly Chero de la Cruz
Jorge Peralta Argomeda
José Miguel Pérez Zuñiga
Juan Arguelles Torres
Julio Solis Sarmiento
Lidia Sánchez Pérez
Manuel Marín Bravo
Marcos Sulca López
María Siles Vallejos
Marinoli Rivas Chamorro
Mario Cueva Távara
Nadia Vera Munárriz

Nora Vera Obando
Ricardo Britzke Britzke
Susana Gutiérrez Moreno

Wilser García Quispe
Yakov Mario Quinteros Gómez

COMITÉ DE LOGÍSTICA Y ECONOMÍA

Nadia Vera Munárriz
Jhon Darlyn Chero de la Cruz

COMISIÓN DE APOYO

Coordinadores de colaboradores: Nicole Andrea Huamán Collazos, Yanisseth Rios Niño y Kristhofer Ignacio Bustamante Bustamante

José Fernando Cárdenas Torres
Almudena Camila Andaluz Briceño
Valery Lucero Velásquez Torres
Andrea Josefina Cárdenas Palma
María Claudia Flores Berrospi
Carla Nohely Castañeda Merino
Gianela Maria Villanueva Vargas
Selene Marita Barboza Sutizal
Zamanta Rubi Guzmán Matienzo
Alem Grimaldi Justino Chávez
Ana Karla Valverde Vilcherrez
Marjorie Laura Rodríguez Flores
Dariel Abner Ushñahua Santos
Andrea Sabina Flores Escobar
Piero Jheremies Rojas Mora
Adriana Beatriz García Aguirre
Xiomi Sofia Balcazar Cueva
Luis Alonso Acevedo Reyes
Amy Basurto
José Luis Barnuevo Tuesta
Joshep César Aranda Franco
Lucero del Pilar Yarma Fernández
Gustavo Alexander Mamani Ramos
Freddy Junior Caro Castro
Iván Luis Fernández de la Cruz
Orieta Verenice Hernández Tito
Erik Sarmiento Alfaro
Zinnia Valencia Saavedra
Abel Salinas Inga
Franco Ángeles Álvarez
Sandro Marcel La Rosa Sánchez
Navarro+
José Fernando Zegarra Vigo
Jehoshua Macedo Bedoya
Kevin Rojas Hinojosa
Luis Antonio Kail Carbajal Cuadros

Bruno Breña Luna Victoria
Antonio Doval Herrera Vivas
Yamile Rosana Oré Gálvez
Angela Silvana Robles Pacora
Geraldine Nayeli Martinez Ventura
Nataly Narumi Ramos Grajeda
Claudia Fiorela Mendoza Caro
Miguel Angel Rosas Acosta
Rosa Lucia Higinio Coripuna
Neithan Sebastian Luque Yenque
Isaias Martin Miro Quiroz
Gustavo Elias Ychpas Aguilar
Andrea Nicol Flores Yupton
Jesus Miguel Flores Pinedo
Kristhofer Ignacio Bustamante Bustamante
Ana Paula Mercedes Garcia Lam
Liset Marleny Crisóstomo Casasola
Bruno Andrés Villa Mendez
Ariana Camila Teresa Sánchez Abad
Milly Ida Hurtado Zegarra
Alisson Mariel Montes Villar
Anayka Gojany Cardenas Ormeño
Gyancarlo Rafael Sihuay Salazar
Oscar Daniel Romero Cañola
Andrés Zaid Huerta Meneses
Jorge Miguel Zelaya Salazar
Arelly Jassiel Abril Jijón Espinoza
Flavia Anlas Rosado
Alonso Junco Flores
Sergio Yangua Evangelista

Elena Victoria Huamán Aguilar
Enzo Peralta Alcántara
Marco Carbajal Bellido
Bruno Padilla Torres

Financiadores : Prociencia, Concytec.

Auspiciadores: MIMARQUI, Umbrella Genomics, RPA, Tipsac, EQUANTI, Biolab Scientific EIRL, Nikon Perú, Biotecnomica, MASED, GenLab del Perú, Belomed SRL, NatGen, Indelab, Biotecnology Latina y Novogene.

TABLA DE CONTENIDOS

Contenido	Página
Presentación	7
Programa del Congreso	8
Martes, 19 de agosto	8
Miércoles, 20 de agosto	9
Jueves, 21 de agosto	10
Viernes, 22 de agosto	11
Resúmenes de Conferencias Magistrales	12
Simposio 1	29
Simposio 2	33
Simposio 3	38
Simposio 4	43
Simposio 5	48
Simposio 6	53
Simposio 7	56
Simposio 8	61
Simposio 9	67
Simposio 10	72
Simposio 11	78
Simposio 12	84
Resúmenes de Biodiversidad y Ecología	90
Resúmenes de Biotecnología	210
Resúmenes de Producción y Manejo de Recursos Biológicos	296
Resúmenes de Salud y Sanidad	309

PRESENTACIÓN

El Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas “Antonio Raimondi” (ICBAR), en cumplimiento de su misión de fomentar y difundir los avances en el área de las ciencias biológicas, tiene el honor de presentar el Libro de Resúmenes del III Congreso Nacional sobre Ciencias de la Vida y XXX Reunión Científica del ICBAR, evento que se llevará a cabo del 19 al 22 de agosto de 2025 en el Auditorio "Rosa Alarco Larrabure" de la Biblioteca Central "Pedro Zulen" de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Este Congreso constituye un espacio de encuentro académico y científico que, en esta edición, reúne a investigadores, docentes, estudiantes de pre y posgrado, representantes de organismos estatales y privados, organizaciones no gubernamentales y público interesado en el estudio y la aplicación del conocimiento biológico.

Durante cuatro días se desarrollarán 14 conferencias magistrales, 13 simposios, una mesa redonda, así como exposiciones orales y paneles en torno a ejes temáticos que abarcan Biodiversidad y Ecología, Biotecnología, Salud y Sanidad, y Producción y Manejo de Recursos Biológicos. Estos espacios han sido concebidos para promover la confraternidad, el intercambio de ideas y la colaboración entre especialistas nacionales e internacionales, con el objetivo común de fortalecer la investigación científica y tecnológica.

La presente publicación recoge los resúmenes de los trabajos que serán expuestos en el Congreso, reflejando la diversidad de enfoques y la riqueza de la producción científica que se genera en nuestro país y en la región. Su difusión aspira a convertirse en una herramienta de consulta y un testimonio del compromiso de nuestra comunidad académica con el avance de la ciencia y con la búsqueda de soluciones que contribuyan al desarrollo sostenible del Perú.

Confiamos en que este Libro de Resúmenes será una valiosa contribución al fortalecimiento del conocimiento, al diálogo interdisciplinario y a la consolidación de la comunidad científica que, desde el ICBAR y la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, se proyecta al país y al mundo.

PROGRAMA

Martes, 19 de agosto

HORA	AUDITORIO ELLA DUNBAR TEMPLE	AUDITORIO ROSA ALARCO LARRABURE	SALA DE EXPOSICIONES - BIBLIOTECA CENTRAL	SALA UNIVERSIA - BIBLIOTECA CENTRAL
9:00 a 9:30	INSCRIPCIONES			
9:30 a 10:00	CEREMONIA DE INAUGURACIÓN Y BREAK INAUGURAL			
10:00 a 10:30				
10:30 a 11:00				
11:00 a 11:30	CONFERENCIA MAGISTRAL 1: Dra. Claudia Moreno Ortega (UAEH - México) "Progresos y desafíos para evaluar la biodiversidad en un mundo cambiante"			
11:30 a 12:00				
12:00 a 12:30	CONFERENCIA MAGISTRAL 2: Dr. Ruben Avendaño-Herrera (Universidad Andrés Bello – Chile) "Flavobacterium psychrophilum en cultivos de salmónidos: Uso de herramientas genómicas para la identificación bacteriana, la determinación del potencial patogénico y estrategias biotecnológicas de prevención".	CONFERENCIA MAGISTRAL 3: Dr. Heber Robles Castillo (UNT - Perú) "Biorremediación de residuos peligrosos: avances y desafíos"		
12:30 a 13:00				
13:00 a 13:30	ALMUERZO			
13:30 a 14:00				
14:00 a 14:30	SIMPOSIO 1: III Simposio Peruano sobre Ecosistemas Bentónicos	SIMPOSIO 2: Simposio peruano de biotecnología de las interacciones microorganismo - planta - ambiente	SIMPOSIO 3: Evolución, ecología y diversidad de mamíferos y sus parásitos en los Andes peruanos	SIMPOSIO 4: Llenando los vacíos de información en la flora peruana
14:30 a 15:00				
15:00 a 15:30				
15:30 a 16:00				
16:00 a 16:30	BREAK Y NETWORKING			
16:30 a 17:00	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecología	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biotecnología	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecología	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biotecnología
17:00 a 17:30				
17:30 a 18:00				
18:00 a 18:30				
18:30 a 19:00				

BIODIVERSIDAD Y ECOLOGÍA	BIOTECNOLOGIA	SALUD Y SANIDAD	PRODUCCIÓN Y MANEJO DE RECURSOS BIOLÓGICOS

PROGRAMA

Miércoles, 20 de agosto

HORA	AUDITORIO ROSA ALARCO LARRABURE	SALA DE EXPOSICIONES - BIBLIOTECA CENTRAL	SALA UNIVERSIA - BIBLIOTECA CENTRAL	SALA DE REUNIONES - BIBLIOTECA CENTRAL
9:00 a 9:30	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecología	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biotecnología	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Salud y Sanidad	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Producción y manejo de recursos biológicos
9:30 a 10:00				
10:00 a 10:30	CONFERENCIA MAGISTRAL 4: Dr. Félix Urra Faúndez (UChile - Chile) "Hacia una modulación farmacológica de la bioenergética mitocondrial usando toxinas del veneno de serpientes: nuevas pistas para el descubrimiento de fármacos antitumorales"	CONFERENCIA MAGISTRAL 5: Dr. Nicolás Martínez Román (UNT - Argentina) "Insectos como asesores medio-ambientales: su importancia como bioindicadores y su implicancia en conservación en el contexto de cambio climático"		
10:30 a 11:00				
11:00 a 11:30	BREAK Y NETWORKING			
11:30 a 12:00	EXPOSICIÓN DE POSTERS (EXPLANADA)			
12:00 a 12:30				
12:30 a 13:00				
13:00 a 13:30	ALMUERZO			
13:30 a 14:00				
14:00 a 14:30	SIMPOSIO 5: I Simposio Peruano de Biología Sintética	SIMPOSIO 6: Inmunoterapia y Diagnóstico en Cáncer	SIMPOSIO 7: Aplicación de la vigilancia genómica de patógenos de importancia en salud pública	SIMPOSIO 8: Biodiversidad Marina Peruana: Avances y Desafíos
14:30 a 15:00				
15:00 a 15:30				
15:30 a 16:00				
16:00 a 16:30	BREAK Y NETWORKING			
16:30 a 17:00	CONFERENCIA MAGISTRAL 6: Dra. Mev Domínguez (Oslo University Hospital - Noruega) "Biopsias líquidas en Síndrome de Lynch"	CONFERENCIA MAGISTRAL 7: Dr. Nathan K. Lujan (Royal Ontario Museum - Canada) "New approaches to the study of neotropical fishes: Genomics, eDNA and computed technology"	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biotecnología	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecología
17:00 a 17:30				
17:30 a 18:00	EXPOSICIÓN DE POSTERS (EXPLANADA)			
18:00 a 18:30				
18:30 a 19:00				

BIODIVERSIDAD Y ECOLOGÍA	BIOTECNOLOGIA	SALUD Y SANIDAD	PRODUCCIÓN Y MANEJO DE RECURSOS BIOLÓGICOS

PROGRAMA

Jueves, 21 de agosto

HORA	AUDITORIO ROSA ALARCO LARRABURE	SALA DE EXPOSICIONES - BIBLIOTECA CENTRAL	SALA UNIVERSIA - BIBLIOTECA CENTRAL	SALA DE REUNIONES - BIBLIOTECA CENTRAL
9:00 a 9:30	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biotecnologia	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecologia	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Salud y Sanidad	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecologia
9:30 a 10:00				
10:00 a 10:30	CONFERENCIA MAGISTRAL 8: Dr. Jefferson Yunis Aguinaga (IMARPE -Perú) "Bacterias patógenas en peces de cultivo en Perú: Estrategias de vacunación para su control eficaz"	CONFERENCIA MAGISTRAL 9: Richard Antonio Demetrio (SERNANP, Reserva Comunal Ashaninka - Perú) "Guardianes del bosque: Sabiduría Ashaninka y Conservación de abejas sin aguijón"		
10:30 a 11:00				
11:00 a 11:30	BREAK Y NETWORKING			
11:30 a 12:00	EXPOSICIÓN DE POSTERS (EXPLANADA)			
12:00 a 12:30				
12:30 a 13:00				
13:00 a 13:30	ALMUERZO			
13:30 a 14:00				
14:00 a 14:30	SIMPOSIO 9: II Simposio de Helmintología Neotropical: Explorando la diversidad taxonómica de helmintos en la región neotropical	SIMPOSIO 10: Diversidad y Conservación de Peces Continentales en el Perú: Un enfoque integrativo	SIMPOSIO 11: I Simposio Peruano de Biología Matemática y Teórica	SIMPOSIO 12: Biotecnología azul
14:30 a 15:00				
15:00 a 15:30				
15:30 a 16:00				
16:00 a 16:30	BREAK Y NETWORKING			
16:30 a 17:00	CONFERENCIA MAGISTRAL 10: Dr. Alejandro Oceguera Figueroa (UNAM - México) "Colecciones biológicas con perspectivas al futuro"	CONFERENCIA MAGISTRAL 11: Dr. Afonso Celso Dias Bainy (Universidad Federal de Santa Catarina - Brasil) "Estrategias de evaluación y monitoreo ambiental utilizando biomarcadores bioquímicos y moleculares"	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Biodiversidad y Ecologia	EXPOSICIONES ORALES Área Temática: Salud y Sanidad
17:00 a 17:30				
17:30 a 18:00	EXPOSICIÓN DE POSTERS (EXPLANADA)			
18:00 a 18:30				
18:30 a 19:00				

BIODIVERSIDAD Y ECOLOGÍA	BIOTECNOLOGIA	SALUD Y SANIDAD	PRODUCCIÓN Y MANEJO DE RECURSOS BIOLÓGICOS

PROGRAMA

Viernes, 22 de agosto

HORA	AUDITORIO ROSA ALARCO LARRABURE
9:00 a 9:30	CONFERENCIA MAGISTRAL 12: Dr. Marcelo Oliva Moreno (Universidad de Antofagasta, Chile) "Aclarando aspectos biogeograficos de peces marinos en base a sus parasitos, con enfasis en el genero Merluccius"
9:30 a 10:00	
10:00 a 10:30	CONFERENCIA MAGISTRAL 13: Dr. Kenneth R. Young (University of Texas at Austin - EEUU) "Conservación de la biodiversidad: ¿estamos preparados para los próximos 100 años?"
10:30 a 11:00	
11:00 a 11:30	BREAK Y NETWORKING
11:30 a 12:00	CONFERENCIA MAGISTRAL 14: Dra. Rosa Vásquez Espinoza (Amazon Research Internacional / Exploradora de National Geographic - Reino Unido) "Explorando la biodiversidad de la Amazonia Peruana"
12:00 a 12:30	
12:30 a 13:00	XXX REUNIÓN CIENTÍFICA DEL INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS "ANTONIO RAIMONDI" - ICBAR (Sólo miembros del ICBAR)
13:00 a 13:30	ALMUERZO
13:30 a 14:00	
14:00 a 14:30	SIMPOSIO Y MESA REDONDA: Demandas en investigación científica y bioprospectiva para el desarrollo económico del Perú
14:30 a 15:00	
15:00 a 15:30	
15:30 a 16:00	
16:00 a 16:30	
16:30 a 17:00	
17:00 a 17:30	CEREMONIA DE CLAUSURA Y PREMIACIONES
17:30 a 18:00	
18:00 a 18:30	
18:30 a 19:00	

BIODIVERSIDAD Y ECOLOGÍA	BIOTECNOLOGIA	SALUD Y SANIDAD	PRODUCCIÓN Y MANEJO DE RECURSOS BIOLÓGICOS

Conferencias Magistrales

PROGRESOS Y DESAFÍOS PARA EVALUAR LA BIODIVERSIDAD EN UN MUNDO CAMBIANTE

Claudia E. Moreno[1]

[1]Área Académica de Biología, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca, Hidalgo, México

cmoreno@uaeh.edu.mx (Claudia E. Moreno)

Vivimos en el único planeta en el cual se han registrado seres vivos, y aún seguimos descubriendo especies que no habían sido descritas. ¿Por qué a los seres humanos nos interesa la diversidad biológica? Inicialmente, por necesidad; después, por curiosidad y asombro. Hoy, se reconoce como escencial para el bienestar humano y la salud futura del planeta. ¿Cómo ha progresado la forma en que evaluamos la biodiversidad? En esta conferencia se presentará una línea de tiempo con hitos clave en la evaluación de la biodiversidad, destacando las aportaciones de Ramón Margalef, Robert Whittaker, Mark Hill, Lou Jost, Anne Chao y Andrés Baselga. Se abordarán conceptos básicos de diversidad filogenética y diversidad funcional, para integrar estas dimensiones junto con los análisis de diversidad taxonómica. A continuación, se discutirán los principales ejes del cambio ambiental global y los límites planetarios, como marco para comprender algunos retos en nuestras capacidades para evaluar la biodiversidad. Entre dichos desafíos se incluyen: 1) limitaciones en las métricas existentes, 2) la homogenización biótica y sus consecuencias potenciales, 3) la integración de múltiples dimensiones de la biodiversidad en evaluaciones conjuntas, 4) amenazas emergentes a la biodiversidad, tales como la contaminación lumínica, auditiva y de plásticos, 5) la relación entre biodiversidad y funciones planetarias, 6) el ser humano como generador de nueva diversidad biológica, y 7) opciones individuales y colectivas para un cambio sistémico que revierta la pérdida de biodiversidad. En conjunto, se explorará cómo el conocimiento y la innovación en la evaluación de la biodiversidad son fundamentales para enfrentar los desafíos actuales y futuros, contribuyendo así a generar mejor conocimiento científico para diseñar el manejo ambiental y proponer políticas enfocadas en la conservación biológica.

Palabras clave: diversidad taxonómica, diversidad funcional, homogenización biótica, conservación

Financiamiento: Sistema Nacional de Investigadores e Investigadoras (SNII) de México.

FLAVOBACTERIUM PSYCHROPHILUM EN CULTIVOS DE SALMÓNIDOS: USO DE HERRAMIENTAS GENÓMICAS PARA LA IDENTIFICACIÓN BACTERIANA, LA DETERMINACIÓN DEL POTENCIAL PATOGÉNICO Y EL DESARROLLO DE ESTRATEGIAS BIOTECNOLÓGICAS DE PREVENCIÓN.

Ruben Avendaño Herrera[1,2,3]

[1]Universidad Andrés Bello, Laboratorio de Patología de Organismos Acuáticos y Biotecnología Acuícola, Facultad de Ciencias de la Vida, Viña del Mar, Chile.
[2]Interdisciplinary Center for Aquaculture Research (INCAR), Viña del Mar, Chile.
[3]Centro de Investigación Marina Quintay (CIMARQ), Universidad Andrés Bello, Quintay, Valparaíso, Chile.

ravendano@unab.cl (Ruben Avendaño-Herrera)

Flavobacterium psychrophilum es una bacteria Gram negativa, psicrófila y filamentosa, responsable de la enfermedad bacteriana de agua fría (BCWD) y del síndrome de las crías de trucha arcoíris (RTFS) en salmonídeos. En Chile, ha sido aislada desde 1993 y, históricamente, representa la principal causa del uso de antibióticos en la acuicultura de agua dulce. Estudios basados en distintas técnicas antigénicas, utilizando antisueros producidos en conejos, identificaron en 2009 cuatro grupos serológicos, los cuales se ampliaron a 14 en 2014. Además, el uso de PCR múltiple detectó un serotipo molecular exclusivo de aislados chilenos. A nivel genético, aunque inicialmente se observó homogeneidad entre los aislamientos nacionales de *F. psychrophilum* mediante distintas técnicas de PCR, estudios posteriores basados en tipificación por secuenciación multilocus (MLST) identificaron al menos 15 tipos de secuencia distintos. Bajo condiciones de campo, las diferencias antigénicas y genéticas entre aislamientos de *F. psychrophilum* pueden influir en la infección y mortalidad de los peces, lo que tiene implicancias directas en estrategias de manejo, como la profilaxis, bioseguridad y desarrollo de vacunas. Este trabajo tiene como objetivo compartir la experiencia en la caracterización de la diversidad serológica y genética intraspecífica de aislamientos obtenidos durante brotes en salmones del Atlántico y truchas arcoíris en el sur de Chile. Asimismo, sociar la virulencia de un conjunto de aislados de *F. psychrophilum*, evidenciando la posibilidad de coexistencia de distintos serotipos y grados de patogenicidad en un mismo brote.

Palabras clave: flavobacteriosis, trucha arcoíris, diagnóstico, serotipo, virulencia

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Agencia Nacional del Desarrollo y Tecnología (ANID) a través del subsidio INCAR FONDAP 1523A0007.

BIORREMEDIACIÓN DE RESIDUOS PELIGROSOS (RESPEL): AVANCES Y DESAFÍOS

Dr. Heber Max Robles Castillo[1]

[1]Laboratorio de Biotecnología e Ingeniería Genética - LABIGUNT, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Trujillo (UNT), Trujillo, Perú.

hrobles@unitru.edu.pe (Heber Robles Castillo)

Muchas sustancias químicas son muy útiles para el desarrollo de las industrias, la minería, la construcción, las manufacturas e incluso el uso doméstico; sin embargo, muchos de ellos son Materiales Peligrosas (MatPel). Los MatPel son sustancias liquidas, sólidas o gaseosas que pueden producir daño a las personas, las propiedades y el medio ambiente. Los MatPel si se liberan de su contenedor hacia el suelo, el agua o al ambiente, se convierten en Residuos Peligrosos (ResPel). Muchas industrias eliminan desechos y residuos peligrosos al medio ambiente, en algunos casos sin tratamiento previo alguno. Este trabajo pretende informar sobre los procesos de biorremediación de los ResPel, sus avances y desafíos. Los procesos de biorremediación *in situ* y *ex situ* ya probados con ResPel han sido, muy eficaces y en otros casos lamentablemente todavía ineficaces. Esto se debe fundamentalmente a la disponibilidad de la tecnología, las características químicas de los residuos, los factores abióticos, bióticos y ambientales. Ejemplo de ResPel que han sido biorremediados en suelo y aguas, tenemos los insecticidas organoclorados y organofosforados, hidrocarburos y derivados, detergentes, tintes, etc., Se han usado con éxito microorganismos de los géneros *Pseudomonas, Bacillus, Alcaligenes, Achromobacter, Acinetobacter, Alteromonas, Arthrobacter, Burkholderia*; y plantas no comestibles ni forrajeras como pájaro bobo, cesped, totora, etc. Las regiones del Perú ofrecen una variedad de tipos geológicos y una amplia variedad de climas y microclimas, muy cambiantes con los Fenómenos del Niño y la Niña. La mayoría de procesos de biorremediación eficientes han sido logrados con eliminación de materia orgánica de los cuerpos de agua y suelo, por su carácter nutricional para los microorganismos y plantas, y de su poca o casi nada toxicidad, lo que ha permitido biodegradarlos o convertirlos en sustancias útiles como bioabono, biogas, biosol, biol. Humus, etc. El tema de la biorremediación de ResPel definitivamente genera todo un desafío aplicar técnicas específicas y especiales en cada caso en particular. Sin embargo, con los avances de los descubrimientos de nuevos microrganismos (con genes contenidos en plásmidos o recombinantes) y la búsqueda de plantas cada vez más resistentes a una serie de ResPel se podrán lograr procesos de biorremediación cada vez más eficientes.

Palabras clave: Biorremediación, Materiales Peligrosos (MatPel), Residuos Peligrosos (ResPel).

Financiamiento:

HACIA UNA MODULACIÓN FARMACOLÓGICA DE LA BIOENERGÉTICA MITOCONDRIAL USANDO TOXINAS DEL VENENO DE SERPIENTES: NUEVAS PISTAS PARA EL DESCUBRIMIENTO DE FÁRMACOS ANTITUMORALES

Félix A. Urra[1,2]

[1]Network for Snake Venom Research and Drug Discovery, Santiago, 7810000, Chile.
[2]Laboratorio de Plasticidad Metabólica y Bioenergética, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Chile.

felixurraf@uchile.cl (Félix Urra)

Las mitocondrias cumplen funciones esenciales en la progresión tumoral, contribuyendo a la proliferación, evasión farmacológica, migración y metástasis. En particular, el cáncer de mama triple negativo (CMTN) presenta una alta dependencia del metabolismo mitocondrial y escasas opciones terapéuticas dirigidas. En este contexto, se han identificado toxinas de veneno de serpientes como fuente de compuestos bioactivos con capacidad de modular la función mitocondrial, abriendo una vía innovadora para el desarrollo de fármacos migrastáticos y sensibilizadores terapéuticos. Nuestro grupo ha caracterizado toxinas aisladas de *Bothrops pictus*, como Pictolisina-III (Pic-III) y una fosfolipasa A_2 (Asp49-PLA2), que alteran la respiración mitocondrial, inducen disfunción bioenergética, modifican la morfología mitocondrial y reducen la viabilidad, migración de células CMTN. Adicionalmente, demostramos que Pic-III potencia la eficacia del fármaco aprobado ABT-199 (Venetoclax), apuntando a sinergias con miméticos de BH3. Estas acciones se evaluaron mediante tecnologías de flujo metabólico en tiempo real (Seahorse XF/Cytation5) y plataformas de avanzadas basadas en cambios de impedancia (xCelligence RTCA), permitiendo un análisis funcional dinámico de alta resolución. Además, la disfunción mitocondrial inducida por estas toxinas se asocia a la modulación de vías de señalización no canónicas vinculadas a proteínas sobreexpresadas en CMTN, como integrinas, nucleolina y receptores acoplados a proteína G. Esta interacción revela blancos moleculares alternativos de alto valor terapéutico para un subtipo tumoral con alto riesgo de metástasis y sin tratamientos farmacológicos específicos. Estos hallazgos posicionan a la bioenergética mitocondrial como una plataforma clave para el desarrollo de estrategias antimetastásicas de nueva generación en oncología traslacional.

Palabras clave: Metástasis, Cáncer de mama triple negativo, integrinas, péptidos bioactivos, bioenergética tumoral

Financiamiento: Perú: Programa PROCIENCIA-PERÚ: contrato PE501087970-2024-PROCIENCIA, Vicerrectorado de Investigación y Posgrado –UNMSM: PCONFIGI N° B22100141 (D.V-R.). Chile: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID): FONDECYT #1241547, #UM-03/22, FONDEQUIP #EQM220164, Anillo Grant-ACT210097.

INSECTOS COMO ASESORES MEDIO-AMBIENTALES SU IMPORTANCIA COMO BIOINDICADORES Y SU IMPLICANCIA EN CONSERVACIÓN EN EL CONTEXTO DE CAMBIO CLIMÁTICO

Nicolás Rafael Martínez Román[1] & Richard Tito León[1,2]

[1]Centro de Investigaciones Biomédicas y Medioambientales (CITBM), Lima, Peru
[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Calle German Amezaga 375, Lima 15081, Peru.

martinezroman@comahue-conicet.gob.ar (Nicolás Rafael Martínez Román)

En su definición más amplia, los bioindicadores son especies o grupos de especies que reflejan el estado biótico o abiótico de un ecosistema, representan cambios ambientales en comunidades o hábitats, y/o indican variaciones en la biodiversidad de otros taxones. Su uso constituye una herramienta informativa, de bajo costo, que permite evaluar la salud de los ecosistemas y comprender los factores que controlan su funcionamiento. En este marco, los insectos son excelentes candidatos como bioindicadores: están presentes en todos los ecosistemas, presentan altas abundancias y diversidad, poseen ciclos de vida cortos que permiten monitoreos frecuentes, y su pequeño tamaño los hace sensibles a cambios sutiles en las condiciones ambientales. Además, son relativamente fáciles de recolectar, cumplen funciones ecológicas clave y responden rápidamente a disturbios. Diversos estudios han demostrado su utilidad como indicadores de calidad de agua y suelo, así como de impactos por pastoreo, agricultura, ganadería e incendios. Sin embargo, su uso sigue siendo limitado por el conocimiento taxonómico disponible. En el contexto actual de cambio climático, las respuestas de los insectos ante variaciones de temperatura y transformaciones en sus hábitats aportan información valiosa para orientar decisiones de conservación y manejo. Estos organismos también permiten evaluar la efectividad de estrategias que buscan mitigar los efectos de este fenómeno global. En la presente conferencia se brindará una síntesis del potencial uso de los insectos como indicadores ecológicos en escenarios de cambio climático, resultado de una síntesis de la revisión de literatura y de experiencias empíricas del disertante.

Palabras clave: Hexapoda, conservación, insectos acuáticos, insectos terrestres.

Financiamiento:

IMPROVING EARLY DETECTION OF CANCER IN LYNCH SYNDROME THROUGH LIQUID BIOPSY INNOVATIONS

Mev Dominguez Valentin[1], PhD

[1]Department of Tumor Biology, Institute for Cancer Research, Oslo University Hospital, Oslo, Norway

m.d.valentin@mn.uio.no (Mev Dominguez Valentin)

Lynch Syndrome (LS) is an autosomal dominant cancer syndrome caused by pathogenic germline variants in one of the DNA mismatch repair (MMR) genes, making it the most common hereditary cancer predisposition syndrome worldwide. LS carriers have a high lifetime risk of developing colorectal, gynaecological, and urothelial tract cancers, among others. LS has historically been underfunded and underserved, leading to significant an inequality in access and treatment. As a result, LS carriers have suffered needless cancers and deaths as a result. We propose an ambitious yet well-conceived and deliverable pan-European, pan-cancer, pan-disciplinary, and multiomic approach to address the pressing unmet need for an accurate, non-invasive, acceptable and cost-effective method of detecting precancerous and early-stage cancers in those individuals with Lynch syndrome (LS), the most common monogenetic increased hereditary cancer risk. Our consortium has brought together the leading European experts, biotechnology companies and patient advocates to guarantee deliver practice-changing results that can be rapidly upscaled and adopted across the European Union and globally. Using an innovative clinical trial design, we will evaluate several multiple promising, non-invasive, liquid biopsy-based technologies in the three most common LS cancer types for an early-stage cancers detection. By leveraging Artificial intelligence (AI), we will identify traces of cancer, ensuring applicability to diverse healthcare systems. A comprehensive framework will assess the broader socio-economic and ethical impacts, ensuring that the solutions align with the societal values and healthcare needs. Parterning with leading biomarker companies (GNT, MSInsight, MSICare, MSIPlus and Elypta), we aim to deliver a multi-omic solution for affordable, accessible and effective test to advance the detection of heritable cancer detections in LS.
Palabras clave: Lynch syndrome, liquid biopsy, early detection

Financiamiento: European Union: HORIZON-MISS-2024-CANCER-01-03. Grant: 101213916

NUEVOS ENFOQUES PARA EL ESTUDIO DE PECES NEOTROPICALES: EDNA, TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA, Y GENÓMICA

Nathan K. Lujan[1]

[1]nlujan@rom.on.ca (Nathan Lujan)

Los ríos neotropicales son los ecosistemas de agua dulce con mayor biodiversidad del planeta y se encuentran bajo una creciente amenaza ambiental debido a las represas hidroeléctricas, la minería, la contaminación y la sobrepesca. Para evaluar y monitorear estos impactos, y comprender el alcance y los orígenes de la biodiversidad neotropical, se necesitan nuevas técnicas que mejoren la exactitud, la precisión y la velocidad. Esta charla presenta una nueva base de datos de referencia 12S, respaldada por vales de museo, que contiene 750 secuencias de 303 especies de peces, y compara la eficacia de esta biblioteca de referencia de ADN ambiental (eDNA) de novo con GenBank y el muestreo convencional. La charla también explora la diversidad y la historia evolutiva de la subfamilia hiperdiversa de bagres Loricarioidei, que incluye a los carneros, las corydoras, las preñadillas y las carachamas. Se utilizó tecnología de tomografía computarizada para digitalizar la anatomía craneal de más de 400 bagres loricarioideos y, a partir de estas tomografías computarizadas, se cuantificó la diversidad de formas en algunos elementos clave del cráneo, como el neurocráneo y las mandíbulas. Los datos de este esfuerzo de cuantificación de la forma craneal proporcionaron una prueba robusta de la hipótesis del desacoplamiento anatómico, una importante hipótesis macroevolutiva que explica por qué los carachamas son tan diversos morfológicamente. Los resultados indicaron que el desacoplamiento anatómico probablemente no jugó ningún papel en la diversificación de Loricarioidei, y en cambio apuntaron hacia la diversificación ecológica como un impulsor principal, con la familia de carneros Trichomycteridae desarrollando especializaciones extremas para la alimentación de escala y sangre. Por otro lado, los análisis filogenómicos calibrados con fósiles apuntaron hacia la evolución del paisaje como un impulsor principal. En general, los impulsores evolutivos de la diversificación en este clado son complejos, pero principalmente extrínsecos al organismo, con procesos intrínsecos como el desacoplamiento desempeñando un papel menor o intrascendente.

Palabras clave: morfometria, macroevolucion de siluriformes, biodiversidad de peces, ADN ambiental

Financiamiento:

BACTERIAS PATÓGENAS EN PECES DE CULTIVO EN PERÚ: ESTRATEGIAS DE VACUNACIÓN PARA SU CONTROL EFICAZ

Jefferson Yunis Aguinaga[1,2], Marco Medina-Morillo[1], Carla Fernandez-Espinel[1], Violeta Flores-Dominick[1]

[1]Instituto del Mar del Perú – IMARPE, Callao, Perú.
[2]Universidad Científica del Sur – UCSUR, Lima, Perú.

Jefyunis@gmail.com (Jefferson Yunis-Aguinaga)

La acuicultura peruana enfrenta importantes desafíos sanitarios, donde las infecciones bacterianas emergen como la principal amenaza, ocasionando pérdidas económicas millonarias e incluso el cierre definitivo de operaciones acuícolas. Estas enfermedades afectan a las principales especies de importancia comercial como trucha arcoíris (Oncorhynchus mykiss), tilapia (Oreochromis spp), gamitana (Colossoma macropomum), paco (Piaractus brachypomus), paiche (Arapaima gigas) y peces ornamentales. Entre los patógenos más relevantes se encuentran Yersinia ruckeri (agente causal de la boca roja), Weissella tructae, Aeromonas spp. (incluyendo A. hydrophila y A. veronii) y Streptococcus agalactiae, responsables de altas tasas de mortalidad y morbilidad en diferentes estadios de desarrollo. En este trabajo se presentan: reportes de los principales brotes bacterianos registrados en el país durante el último quinquenio, estudios de patogenia que caracterizan los mecanismos de virulencia de cepas peruanas y avances en el desarrollo de estrategias profilácticas, con énfasis en vacunas inactivadas formuladas con aislamientos autóctonos. Los resultados de ensayos in vivo demuestran eficacias de protección entre 60-85% dependiendo del patógeno y sistema de cultivo. Se discuten los principales desafíos para la implementación de estas vacunas, incluyendo: variabilidad antigénica intraespecífica, diferencias en respuesta inmune entre especies, y el impacto de factores ambientales (calidad de agua, temperatura) en la eficacia vacunal. Finalmente, se proponen protocolos integrados que combinan vacunación con buenas prácticas de manejo, ofreciendo una alternativa sostenible para reducir el uso de antimicrobianos en la acuicultura nacional.

Palabras clave: acuicultura, vacunas, bacterias patógenas, *Yersinia ruckeri*, *Aeromonas hydrophila*

Financiamiento: Instituto del Mar del Perú (IMARPE), PNIPA y PROCIENCIA (fondecyt 128-2020, fondecyt 129-2020).

CONOCIMIENTO ECOLÓGICO TRADICIONAL SOBRE ABEJAS SIN AGUIJÓN EN COMUNIDADES ASHANINKA DE LA AMAZONÍA CENTRAL DEL PERÚ

Richard Antonio Demetrio, David Cárdenas León, Cesar Delgado, Rocio Correa, Rosa V. Espinoza

[1]Reserva Comunal Ashaninka, Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado–SERNANP
[2]Central Ashaninka del Río Ene–CARE
[3]Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana–IIAP, Departamento de Diversidad Biológica Amazónica
[4]Amazon Research Internacional, La Molina, Lima, Perú.

cdelgado@iiap.gob.pe (César Delgado)

Este estudio documenta el conocimiento ecológico tradicional (CET) sobre el manejo de abejas sin aguijón y el uso medicinal de su miel en las comunidades Ashaninka de Marontoari (Cusco) y Pichiquia (Junín), Perú. Entre marzo de 2019 y noviembre de 2022 se realizaron entrevistas semiestructuradas a siete familias dedicadas a la meliponicultura. Se identificaron cuatro especies de abejas utilizadas para la producción de miel: Melipona eburnea, Tetragonisca angustula, Melipona grandis y Trigona amazonensis. Las comunidades valoran la miel por sus propiedades medicinales, especialmente para tratar afecciones respiratorias, y utilizan polen, larvas y propóleo con fines alimenticios y artesanales. Además, se registraron 21 especies vegetales empleadas por las abejas como sitios de anidación, reflejando un profundo conocimiento de la biodiversidad local. Las prácticas de cosecha muestran un enfoque sostenible que evita la tala de árboles, y algunas familias han adoptado colmenas racionales como estrategia de conservación. También se registraron mitos y creencias que resaltan la dimensión espiritual de las abejas en la cosmovisión Ashaninka. Este estudio representa el primer informe publicado por un científico Ashaninka sobre su propio territorio y cultura, y resalta la importancia de integrar el CET en estrategias de conservación biocultural en la Amazonía peruana.

Palabras clave: meliponicultura, saberes ancestrales, biodiversidad amazónica, medicina tradicional

Financiamiento: Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP)

COLECCIONES BIOLÓGICAS CON PERSPECTIVAS AL FUTURO

Alejandro Oceguera-Figueroa[1]

[1]Laboratorio de Helmintología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México.

aoceguera@ib.unam.mx (Alejandro Oceguera-Figueroa)

Los museos de historia natural modernos tienen sus orígenes en el siglo XVII en Europa, en donde se formaron colecciones como “gabinetes de curiosidades” que incluían pequeñas exhibiciones de objetos y especímenes que suscitaban el interés y asombro de los asistentes. Con el paso de los años las colecciones biológicas se han consolidado como entidades de la mayor importancia tanto para la investigación científica como para la sociedad en su conjunto. Se estima que el número de ejemplares depositados en colecciones biológicas a nivel mundial supera los tres mil millones, entre los que se encuentran ejemplares de los cerca de dos millones de especies descritas y a lo que se suman un promedio de veinte mil nuevas especies al año. Si bien la importancia de las colecciones biológicas para la taxonomía y sistemática está ampliamente justificada, su uso se ha revigorizado recientemente, en parte debido al desarrollo de nuevas tecnologías que permiten la generación de secuencias de DNA de ejemplares históricos y por la creciente preocupación por los cambios climáticos globales y el surgimiento de nuevas enfermedades tanto del hombre como de animales domésticos y de vida libre. En este trabajo se presenta un panorama global del uso de colecciones biológicas en ámbitos fuera de la sistemática clásica, particularmente se revisan los recientes desarrollos y aplicaciones de la biología molecular en la investigación biológica, algunos de ellos englobados bajo el término “museómica”. En el futuro próximo, las colecciones biológicas 22eguirán siendo utilizadas como una fuente de información fundamental para la investigación biológica ante los retos ambientales, de salud y climáticos de la actualidad.

Palabras clave: Biología molecular, museómica, acervos biológicos, museos de historia natural.

Financiamiento: Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica, UNAM, México.

ESTRATEGIAS DE EVALUACIÓN Y MONITOREO AMBIENTAL UTILIZANDO BIOMARCADORES BIOQUÍMICOS Y MOLECULARES

Afonso Celso Dias Bainy[1]

[1]Laboratorio de Biomarcadores de Contaminação Aquática e Imunoquímica, Departamento de Bioquímica, CCB, Universidade Federal de Santa Catarina

afonso.bainy@ufsc.br (Afonso C.D, Bainy)

Los ecosistemas acuáticos son considerados ambientes vulnerables por ser los receptores finales de sustancias químicas provenientes de las más diversas fuentes. Los organismos residentes sufren un impacto directo asociado a la exposición a contaminantes. Dependiendo del tipo de contaminante, su efecto puede ser letal o subletal. En este segundo caso, los organismos expuestos responden mediante diversas alteraciones bioquímico-moleculares en sus sistemas, las cuales pueden ser cuantificadas y, con esta información, evaluarse con mayor precisión el impacto ambiental. Estas alteraciones, definidas como biomarcadores, pueden servir como herramienta auxiliar para dilucidar la magnitud del impacto ambiental en diferentes poblaciones del medio acuático. El estudio con biomarcadores puede realizarse mediante biomonitoreos pasivos y activos. En el primer caso, se pueden analizar organismos residentes de una localidad y compararlos con organismos de la misma especie provenientes de localidades diferentes, con distintos grados de contaminación. Asociando los datos de biomarcadores con datos químicos de los mismos individuos, es posible establecer relaciones concentración–efecto y determinar límites considerados como “fluctuaciones naturales o basales” de cada especie, evaluando así la magnitud de los riesgos de exposición sobre una población. En el caso del monitoreo activo, se utilizan animales de un linaje genético conocido, trasplantados a diferentes regiones por tiempos predefinidos. Este tipo de estudio permite una evaluación más precisa de la biodisponibilidad de los contaminantes asociada al tiempo de exposición en condiciones de exposición in situ. Ambas estrategias presentan ventajas y desventajas que serán presentadas.

Palabras clave: Biomarcadores, monitoreo ambiental, monitoreo activo y pasivo, contaminación.

Financiamiento: CNPq, FAPESC, Petrobras, UFSC

ACLARANDO ASPECTOS BIOGEOGRÁFICOS DE PECES MARINOS EN BASE A SUS PARÁSITOS, CON ÉNFASIS EN EL GÉNERO *Merluccius* EN SUD AMÉRICA

Dr. Marcelo E. Oliva[1]

[1]Instituto de Ciencias Naturales Alexander von Humboldt, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile

Parásitos han sido históricamente considerados como un “factor negativo” dada sus implicancias en salud pública y producción animal. Sin embargo, el desarrollo de la parasitología ha demostrado que no solo por su número. mayor que formas de vida libre, son un componente critico de cualquier ecosistema, sino por el rol que juegan regulando poblaciones naturales, (abundancia/densidad) y estabilizando tramas tróficas. Por otro lado, son una útil herramienta, por ejemplo, en ciencias pesqueras, identificando unidades poblacionales, procesos migratorios, así como reclutamiento. Las bases para el uso de parásitos como herramientas biogeográficas pueden encontrarse en los trabajos pioneros de H. von Ihering (1901) que postula que los animales acarrean durante sus migraciones (colonización) a sus parásitos y los de Noble y Noble (1982) que indican que cuando una población se separa en dos o más grupos, entonces la fauna de parásitos de cada nuevo grupo tenderá a una divergencia. Ambos postulados implican diferentes escalas de tiempo: evolutivos y ecológicos. En esta presentación se revisará algunos ejemplos referidos a biogeografía de peces marinos, con una componente de las costas del Pacifico de América del Sur (Chile y Perú). Se evaluará si la identificación de unidades de stock en base al análisis de la fauna de parásitos corresponde al concepto pesquero o en realidad están reflejando patrones biogeográficos. Por otro lado, se evaluará en función de ejemplos locales, el rol del componente ecológico o filogenético en la estructura de comunidades de peces marinos. Finalmente se focalizará en la discusión de hipótesis que tratan de definir las vías migratorias (colonización) de especies del Genero *Merluccius* que explican su actual distribución en América del sur.

Palabras clave: Biomarcadores Parasitológicos, estructura poblacional, pacifico suroriental, stocks pesqueros

Financiamiento:

CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD: ¿ESTAMOS PREPARADOS PARA LOS PRÓXIMOS 100 AÑOS?

Kenneth R. Young[1, 2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
[2]Department of Geography and the Environment, University of Texas at Austin, Austin, TX, EE.UU.

kryoung@austin.utexas.edu (Kenneth R. Young)

Conservar la biodiversidad es uno de los retos grandes de nuestros tiempos. La repuesta al interrogante en el título de esta conferencia de reflexión es "no", aunque se han producido muchos avances en proveer la información necesaria en los últimos dos décadas. Aquí hago contrastes entre la magnitud del reto y la capacidad de la sociedad en tomar las decisiones necesarias para el manejo y la gestión. Como los cambios globales son direccionales, pero producen cambios ecológicos no-lineares, habrá sorpresas para la gestión y dificultades para el manejo de hábitats, especialmente para los altoandinos y de los bosques nublados. En general, se requiere manejo más directo para contrarrestar cambios sucesionales no deseados, como la consideración de programas de rescate o reubicación para las especies de interés particular e incluso incorporación de quemas planificadas. Los hábitats y las especies que no se manejan, representan casos de decisiones frecuentemente pasivas que implican futuras pérdidas. En otros casos, los objetivos pueden incluir adaptación, o incluso diseño, de ecosistemas novedosos en las ciudades o los paisajes posglaciares o antropogénicos. Muchos esfuerzos para el uso sostenible de recursos naturales y servicios ecosistémicos son ventajosos para la sociedad, pero no maximizan la biodiversidad nativa, haciendo aún más crucial la toma de decisiones que requiere una perspectiva de largo plazo. Hay programas de monitoreo con mediciones de reclutamiento y mortalidad que pueden evaluar trayectorias futuras posibles en las poblaciones de los tipos de especies que van a prosperar; hay nuevas formas de hacer experimentos útiles para planificar el manejo. No obstante, es para la gestión de la biodiversidad donde se necesitan establecer y mantener instituciones interdisciplinarias con visiones futurísticas y holísticas.

Palabras clave: conservación, ecosistemas novedosos, gestión, manejo

Financiamiento: CONCYTEC, a través del programa PROCIENCIA "Alianzas interinstitucionales para programas de doctorado" con contracto PE501084299-2023-PROCIENCIA BM.

EXPLORANDO LA BIODIVERSIDAD DE LA AMAZONÍA PERUANA: CIENCIA INDÍGENA Y CONSERVACIÓN BIOCULTURAL

Rosa V. Espinoza[1]

[1]Amazon Research Internacional, Lima, Perú

contact@rosavespinoza.com (Rosa V. Espinoza)

Este trabajo presenta un enfoque integral de conservación biocultural basado en la exploración científica de la Amazonía peruana, desarrollado en alianza con comunidades indígenas. A lo largo de los últimos cinco años, se han impulsado proyectos que combinan la biología química, la ecología, el conocimiento ancestral y la incidencia política. Entre los resultados destacables se encuentran el análisis químico de mieles de abejas sin aguijón con propiedades medicinales (Food and Humanity, 2023), la caracterización ecológica de sus nidos y vulnerabilidad ante la deforestación (Journal of Ecology and Environment, 2025), y la implementación de santuarios liderados por mujeres indígenas. Paralelamente, se han desarrollado iniciativas inéditas como la creación de la primera ruta de monitoreo de tapires mediante cámaras trampa en territorios indígenas, así como estudios sobre etnobotánica para promover la restauración ecológica. Estos esfuerzos tienen en común una metodología de ciencia colaborativa y transdisciplinaria, donde los pueblos originarios son co-investigadores, guardianes del territorio y actores centrales en la generación de datos para políticas públicas. El modelo presentado demuestra que la ciencia puede ser una herramienta de empoderamiento local, recuperación de saberes y acción frente a la crisis climática.

Palabras clave: ciencia indígena, conservación biocultural, Amazonía Peruana

Financiamiento: Amazon Research Internacional, For Nature, National Geographic Society, The Explorers Club, On The Edge

SIMPOSIOS

Simposio 1: III Simposio Peruano sobre Ecosistemas Bentónicos

FILTRACIONES DE GAS EN EL SECTOR CABO BLANCO – EL ÑURO DE LA RESERVA NACIONAL MAR TROPICAL DE GRAU

Oscar Ancco[1,2], Alvaro Manrique[3], Luis Cerpa[4,5]

[1]Centro de Investigaciones para la Industria (Ceindust), Av. Juan Pezet 1441, San Isidro, Lima, Perú

[2]Innovation Development in Engineering & Construction (IDEC), Av. Las Camelias 877, San Isidro, Perú

[3]Dirección de Hidrografía y Navegación (DIHIDRONAV), Marina de Guerra del Perú (MGP), Calle Roca 118, Chucuito, Callao, Perú

[4]Instituto Geológico, Minero y Metalúrgico (INGEMMET), Av. Canadá N° 1470, San Borja, Lima, Lima, Perú

[5]IMDEX-PERÚ, C.C. El Polo II, oficina 501, Av. El Polo 670, Santiago de Surco, Lima, Perú

oscarancco@outlook.com (Oscar Ancco Chota)

Se detectaron cuatro zonas de filtraciones de gas, con un total de 632 anomalías acústicas en el sector Cabo Blanco- El Ñuro, dentro de la Reserva Nacional Mar Tropical de Grau. La primera zona es la más activa con 198 anomalías. En la segunda zona, se identificaron dos volcanes de fango, lo que sugiere una relación entre la filtración de gas y las geoformas submarinas. La variabilidad en las profundidades (~55 a ~118 m) y alturas (~28 a ~52 m) de las anomalías en las zonas tres y cuatro, resalta la influencia geomorfológica en la liberación de gas lo que aporta información relevante para la conservación marina. La adquisición de los datos se realizó durante el crucero INGEMAR I, el cual fue liderado por el Instituto Geológico, Minero y Metalúrgico (INGEMMET) en el año 2016, teniendo como plataforma científica al B.A.P. "Zimic", buque hidrográfico de la Marina de Guerra del Perú equipado con una ecosonda multihaz EM 302 de aguas medias a profundas que permite la recolección de datos multihaz y de columna de agua para el análisis geomorfológico.

Palabras clave: filtración de gas, batimetría multihaz, volcán de fango, Cabo Blanco, El Ñuro, Reserva Nacional Mar Tropical de Grau.

Financiamiento: INGEMMET - Crucero INGEMAR I, 2016.

(PALEO)ECOLOGÍA DE FORAMINÍFEROS BENTÓNICOS EN AMBIENTES DEL MAR PROFUNDO EN EL SISTEMA DE LA CORRIENTE DE HUMBOLDT

Jorge Cardich-Salazar[1], Dennis Romero-Chiquival[2], Lander Merma-Mora[1], María Pérez-Huaranga[1]

1Centro de Investigación para el Desarrollo Integral y Sostenible (CIDIS), Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH), Lima, Perú

2Laboratorio de Bentos Marino, Dirección General de Investigaciones Oceanográficas y Cambio Climático, Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Callao, Perú

jorge.cardich.s@upch.pe (Jorge Cardich-Salazar)

Dentro de la comunidad meiofaunal del bentos, los foraminíferos bentónicos representan un grupo importante en términos de abundancia y biomasa. Los foraminíferos son protistas unicelulares que presentan una conchilla (testa) generalmente basada en carbonato de calcio, y son altamente diversos. En ambientes a lo largo del talud continental (200 - 1000 m), distintas agrupaciones de especies definen una zonación fuertemente asociada a los procesos biogeoquímicos dominantes en el subsistema bentónico, pasando desde zonas anóxicas hasta oxigenadas.

La alta productividad del mar Peruano mantiene una intensa deficiencia de oxígeno en aguas intermedias que afectan a los sedimentos. Esta característica, conocida como Zona de Mínima de Oxígeno (ZMO), es encontrada hasta los 600 m de profundidad. Gracias a que las testas de calcita pueden preservarse en sedimentos no oxidados (como en la ZMO) por largos periodos (como cientos de miles de años), las asociaciones y atributos de especies permiten reconstruir ambientalmente el pasado.

En ambientes más profundos (>2500 m), las asociaciones son completamente distintas, con sólo especies de testas proteicas, dado que el carbonato de calcio se disuelve con facilidad. La ecología de especies en ambientes como la fosa de Atacama (ca. 8000 m) representan líneas de investigación poco exploradas y con alta relevancia ya que permiten evaluar la vida en ambientes extremos (e.g. alta presión).

Los resultados de los estudios llevados a cabo suponen un potencial valioso en términos del conocimiento y entendimiento de procesos biogeoquímicos en el fondo marino y de las variaciones oceanográficas-climáticas a lo largo del tiempo.

Palabras claves: foraminíferos, paleocenografía, rol ecológico, biogeoquímica

Financiamiento: Programa de incorporación de investigadores (E034-2019-02-FONDECYT-BM)

BIODIVERSIDAD, PALEOECOLOGÍA Y HÁBITATS BENTÓNICOS

Victor Aramayo[1,2]

[1] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, P.O. BOX 1898, Lima 100, Peru.

[2]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, P.O. BOX 22, Callao, Peru. [4]Instituto Geológico, Minero y Metalúrgico (INGEMMET), Av. Canadá N° 1470, San Borja, Lima, Lima, Perú

varamayon@unmsm.edu.pe (Victor Aramayo)

Los fondos marinos representan una fuente clave de diversidad de hábitats y especies, especialmente invertebrados pequeños, muchos aún desconocidos para la ciencia. Estos organismos cumplen funciones esenciales en la producción y exportación de materia orgánica, además de actuar como indicadores sensibles de cambios ambientales. El bentos influye en múltiples niveles del ecosistema oceánico, afectando a especies marinas, muchas de ellas de interés comercial, y tiene especial relevancia en zonas costeras con alta diversidad y variedad de hábitats (intermareal, praderas macroalgales, entre otros). Avances recientes en la exploración de la geomorfología bentónica, especialmente en aguas profundas (>200 m), han permitido vislumbrar su enorme potencial ecológico y biotecnológico. Sin embargo, este ecosistema enfrenta múltiples forzantes naturales, como El Niño, y amenazas antrópicas (microplásticos, polución marina), que pueden alterar su estructura, funciones y servicios ecosistémicos.

En esta edición, el Simposio abordará temáticas paleoecológicas en hábitats de la plataforma y el talud profundos, desde la perspectiva de la “pequeña” biodiversidad presente en los sedimentos. Además, se mostrarán hallazgos recientes de hábitats bentónicos, obtenidos en la costa norte peruana, en la Reserva Nacional Mar Tropical de Grau, con discusiones sobre las implicancias biológicas, ecológicas y de aprovechamiento. La finalidad es generar reflexión y análisis, en un contexto colaborativo multidisciplinario, para proponer metas a mediano y largo plazo con relación al estudio y aprovechamiento sostenibles del bentos marino.

Palabras clave: bentos marino, hábitats bentónicos, biodiversidad bentónica, costa peruana

Financiamiento: ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391)

Simposio 2: Simposio Peruano de Biotecnología de Interacciones Microorganismo – Planta – Ambiente

BIOTECNOLOGÍA APLICADA A LA IDENTIFICACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EN CULTIVOS DE INTERÉS AGRÍCOLA

Bernabé Luis-Alaya[1], Alexandra Andrade-Elera[1], Marcos Chuquichanca[1], Jhoel Pantoja[1], Rocio Calsina-Quispecondori[1], Sebastián Roca[2], Abel Pichen[1], Claudio Arca[1]

[1]Facultad de Agronomía, Instituto de Biotecnología (IBT). Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Facultad de Ingeniería Ambiental, Universidad Nacional del Callao (UNAC), Callao, Perú

lbernabes@unmsm.edu.pe (Luis Bernabé)

Los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) establecen asociaciones simbióticas con la mayoría de las plantas cultivadas, favoreciendo la absorción de nutrientes, mejorando la tolerancia a condiciones adversas y, en consecuencia, incrementando el rendimiento agrícola. Nuestro grupo de investigación ha trabajado con la rizosfera de cultivos de interés agrícola como *Theobroma cacao*, *Chenopodium quinoa*, *Phaseolus vulgaris*, *Solanum melongena*, *Medicago sativa* y *Urochloa brizantha*. En nuestras investigaciones usamos enfoques biotecnológicos aplicados a la identificación de HMA, combinando dos perspectivas complementarias. Por un lado, la caracterización morfológica de esporas mediante microscopía óptica y estereoscópica, que permitió identificar morfotipos como Acaulosporoides*,* Glomoides *y* Gigasporoides en función de características como tamaño, forma, conexión hifal, ornamentación y estructura de la pared. Por otro lado, se aplicaron herramientas moleculares que incluyeron la extracción de ADN a partir de esporas aisladas, la amplificación por PCR con cebadores específicos generando fragmentos de aproximadamente 800 pares de bases, y el análisis de secuencias de ADN utilizando plataformas especializadas como MaarjAM para su identificación. Este enfoque integral permite una determinación más precisa y robusta de la diversidad de HMA presentes en diferentes agroecosistemas. La información obtenida constituye un insumo esencial para el desarrollo de estrategias sostenibles de manejo del suelo y para el diseño de biofertilizantes a partir de propágulos micorrízicos nativos, contribuyendo así a una agricultura más productiva y resiliente.

Palabras claves: hongos micorrízicos arbusculares, identificación morfológica, análisis molecular, diversidad microbiana, biofertilizantes.

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI-INV 2023 del Vicerrectorado de Investigación y Posgrado UNMSM, código: B23100091i.

INTERACCIÓN PLANTA-MICROORGANISMOS EN AMBIENTES CONTAMINADOS CON METALES PESADOS: REMOCIÓN VS ESTABILIZACIÓN

Carmen Tamariz-Angeles[1], Percy Olivera-Gonzales[1], Sánchez-Santillán[1], Flormila Vicuña-Perez[1]

[1]Centro de Investigación de la Biodiversidad y Recursos Genéticos de Ancash, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Santiago Antúnez de Mayolo, Huaraz, Perú

ctamariz@unasam.edu.pe (Carmen Tamariz)

La contaminación de ecosistemas con metales pesados es un problema de alto riesgo. En la zona altoandina, proviene de fuentes naturales, pero también de fuentes antropogénicas, por ejemplo, la minería. La remediación de estas áreas contaminadas es indispensable debido a que los metales pueden ser trasladados a los humanos de manera directa o a través de las cadenas tróficas ocasionando graves problemas en la salud. En este panorama, la fitorremediación es una alternativa eco-amigable para la recuperación de ambientes contaminados, pero la técnica limitaciones asociados principalmente a la producción de biomasa y escasa resistencia a los metales. En este sentido, se propone la aplicación de microorganismos promotores de crecimiento vegetal (MPCV) para incrementar la tolerancia, crecimiento y remoción de metales pesados. Los estudios realizados indican que algunos MPCV tolerantes a metales pesados pueden mantener la capacidad de producir ácido indol acético, sideróforos, solubilizar fosfatos bajo condiciones de estrés metálico. En la interacción con las plantas, éstos incrementan la tolerancia a metales pesados de las plantas hospederas, pero la remoción no siempre es positiva, en su defecto algunos la reducen pudiendo estabilizar el metal y proteger al hospedero. Concluyéndose que en la interacción de planta-microorganismo bajo estrés metálico los resultados dependen de los tipos de microorganismos y metabolitos espeçíficos que producen, así mismo la utilidad puede diversificarse en fitoabsorción y fitoestabilización.

Palabras claves: fitorremediación, fitoabsorción, fitoesbilización, bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB).

Financiamiento: VRI-UNASAM

INVESTIGACIÓN EN INTERACCIONES MICROORGANISMO-PLANTA Y SU APLICACIÓN BIOTECNOLÓGICA EN LA AGRICULTURA

Doris Zuñiga-Davila[1], Katty Ogata[1], Bernabé Luis- Alaya[2]

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana y Biotecnología, Dpto. de Biología, Facultad de Ciencias-Universidad Nacional Agraria La Molina. Av. La Molina s/n, Lima, Perú

[21]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

dzuniga@lamolina.edu.pe (Doris Zuñiga)

Las interacciones microorganismo–planta relacionados con el suelo y clima constituyen procesos naturales y dinámicos que, en muchos casos, han sido alterados por el uso indiscriminado de agroquímicos. La comprensión de estas interacciones, mediante estudios fenotípicos y moleculares, complementada con el análisis de las propiedades fisicoquímicas del suelo y las condiciones climáticas, permite desarrollar estrategias para la producción de alimentos sostenibles, orientadas a garantizar una adecuada nutrición de la población. En este trabajo se presentan resultados de investigaciones sobre el efecto de bacterias fijadoras de nitrógeno *Rhizobium* spp. en la nodulación, contenido de nutrientes y rendimiento de dos leguminosas, *Phaseolus vulgaris* y *Lupinus mutabilis*. Asimismo, se evaluó el comportamiento de diferentes bacterias promotoras del crecimiento vegetal, como *Bacillus*, actinobacterias, *Pseudomonas*, en cultivos de papa, tomate, maca, aguaymanto, quinua, café, destacándose la mejora del contenido de glucosinolatos, ácido ascórbico, tolerancia al estrés por frio e inhibición de la germinación de uredinosporas de la roya. Así también cepas de *Bacillus* constituyen agentes de biocontrol muy importantes, frente a hongos fitopatógenos. Por otro lado, se aislaron micorrizas arbusculares de la rizosfera de *Theobroma cacao*, evaluándose en invernadero su capacidad para reducir la acumulación de cadmio en los tejidos vegetales. En un proyecto reciente sobre cacao, el porcentaje de micorrización alcanzó el 86%. y la actividad microbiana de la rizósfera de tres zonas de Tocache, San Martín. El crecimiento bacteriano debe ser optimizado en diferentes medios de cultivo para luego escalar hasta biorreactores. Las características del inoculante deben validarse en laboratorio, invernadero y campo. Finalmente, se desarrolla un paquete biotecnológico para agricultores y empresas, que incluya la capacitación detallada sobre dosis, forma y momentos de aplicación en las distintas etapas fenológicas del cultivo.

Palabras claves: bacterias PGPR, biorreactor, inoculación, cadmio

Financiamiento: Proinnovate, 177-2015-FONDECYT, 007-2016-INIA-PNIA/UPMSI/IE, PE501078272-2022-PROCIENCIA, PE501085501-2023-PROCIENCIA, PNPE501094108-2024-PROCIENCIA-BM

INMOVILIZACIÓN DE MICROORGANISMOS BIOFERTILIZANTES EN BIOCHAR DERIVADO DE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES: UNA ESTRATEGIA SOSTENIBLE PARA LA AGRICULTURA

Richard Solórzano[1]

[1]Dirección de Servicios Estratégicos Agrarios, Instituto Nacional de Innovación Agraria, Av. La Molina 1981, Lima, Perú

investigacion_labsaf@inia.gob.pe (Richard Solórzano)

Los microorganismos biofertilizantes, como rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal y hongos micorrízicos, desempeñan un papel clave en la nutrición de cultivos y la salud del suelo, reduciendo la dependencia de fertilizantes químicos. Sin embargo, su aplicación directa enfrenta desafíos como la baja supervivencia en campo y la vulnerabilidad a condiciones ambientales adversas. Este estudio evaluó la inmovilización de consorcios microbianos en biochar producido a partir de residuos agroindustriales (cáscaras de arroz, estiércol de cuy y otros) como estrategia para mejorar su estabilidad y eficacia. Se caracterizaron las propiedades fisicoquímicas del biochar (porosidad, área superficial, pH) y su capacidad como soporte para la adhesión microbiana mediante microscopía electrónica y ensayos de viabilidad. Además, se comparó la efectividad agronómica del biochar-microorganismos frente a aplicaciones tradicionales (suelo sin enmienda y biochar solo) en el cultivo de maca bajo condiciones controladas. Los resultados demostraron que el biochar presentó la mayor retención microbiana (85% de viabilidad a los 30 días) y promovió un incremento significativo en el crecimiento y desarrollo respecto al control (30%). Estos hallazgos resaltan el potencial del biochar como vehículo sostenible para biofertilizantes, ofreciendo una solución innovadora para la gestión de residuos agroindustriales y la agricultura de bajos insumos. El estudio proporciona bases técnicas para escalar esta tecnología en sistemas reales, contribuyendo a modelos de producción más circulares y resilientes al clima.

Palabras claves: economía circular, valorización, inmovilización microbiana

Financiamiento: Proyecto Suelos Y Aguas CUI 2487112

Simposio 3: Evolución, ecología y diversidad de mamíferos y sus parásitos en los Andes peruanos

UN ENFOQUE INTEGRATIVO DEL ESTADO TAXONÓMICO DE *NEPHELOMYS LEVIPES* (RODENTIA: CRICETIDAE)

Katherine Vera[1], Dennisse Ruelas[1,2], Elizabeth Escobar[1], Pierre-Henri[3]

[1]Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Instituto de Ciencias Biológicas "Antonio Raimondi", Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[3]State Museum of Natural History, Stuttgart, Alemania.

[4]Universidad EAFIT, Medellín, Colombia.

[5]Institut Des Sciences de l'Évolution (ISEM, UMR 5554 CNRS-IRD-UM), Université de Montpellier, Montpellier Cedex 5, Francia.

veraguerrerokatherine@gmail.com (Katherine Vera)

La validez taxonómica de la especie de roedores montanos *Nephelomys levipes* ha sido discutida durante más de un siglo debido a su similitud morfológica con su congénere *N. keaysi*, y la falta de estudios integrativos que incluyan ejemplares de la localidad tipo acrecienta este debate. Este estudio evaluó el estado taxonómico de *N. levipes* mediante análisis morfológicos, morfométricos y moleculares utilizando especímenes de la localidad tipo en Limbani (Puno), incluyendo fotografías en HD del holotipo, y poblaciones cercanas de Cusco. Con fines comparativos, en los análisis se incluyó poblaciones de *N. keaysi*. Nuestros resultados revelaron que *N. levipes* y *N. keaysi* cohabitan en Cusco, lo que refuerza su reconocimiento como entidades taxonómicas distintas. Las poblaciones de *N. levipes* de Puno y Cusco son morfológicamente congruentes, lo que apoya su asignación a una misma especie. Se identificaron nuevos caracteres diagnósticos para distinguir a *N. levipes* de *N. keaysi*, incluyendo caracteres craneales y caracteres externos como la coloración ventral y proporciones corporales. Esto permitió reidentificar diversos especímenes de *N. keaysi* previamente identificados como *N. levipes*. A nivel molecular, se encontró que estos *N. levipes* es un linaje monofilético e independiente de *N. keaysi*, el cual es un complejo de especies. Estos hallazgos proporcionan evidencia sólida para reconocer a *N. levipes* como especie válida y resaltan la importancia de enfoques integrativos en la delimitación de especies. Además, contribuyen a una mejor comprensión de la diversidad y distribución de roedores andinos, fundamentales para futuras evaluaciones de conservación en los bosques montanos del sureste peruano.

Palabras claves: Taxonomía integrativa, Morfología, *Nephelomys levipes,* bosques montanos.

Financiamiento:

EVIDENCIA MORFOLÓGICA Y GENÉTICA DE UN NUEVO LINAJE DE MARSUPIAL DEL CENTRO DE PERÚ

Maria-Angela Pumacajia[1], Dennisse Ruelas[1,2], Victor Pacheco[1]

[1]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Instituto de Ciencias Biológicas "Antonio Raimondi," Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

mangelapumacajia@gmail.com (Maria Angela Pumacajia)

La Marmosa coligruesa de vientre blanco, *T. pallidior*, presenta variabilidad morfológica y genética en el centro de Perú, entre Lima y Arequipa, que ha llevado a sugerir la existencia de una especie no descrita dentro del grupo *elegans*, aquí llamada *Thylamys* sp. "Central". En este estudio se realizó una revisión taxonómica de esta especie candidata mediante un enfoque integrativo e incorporando a *T. pallidior* y *T. tatei* con fines comparativos. Se analizaron caracteres morfológicos de cráneos, pieles y especímenes conservados en alcohol. Se tomaron 21 medidas cráneo-dentales de 27 especímenes adultos de *Thylamys* sp. "Central" (n=13) y poblaciones peruanas de *T. pallidior* (n=9) y *T. tatei* (n=3). Se aplicó la prueba de normalidad de Shapiro-Wilks, dado que no se detectó dimorfismo sexual se combinaron ambos sexos para los análisis posteriores. Se realizaron análisis de componentes principales (PCA) y análisis discriminante (LDA). Para los análisis filogenéticos, se extrajo ADN genómico de tejidos y pieles secas de *Thylamys* sp. "Central" (n=1) y *T. pallidior* (n=3). Se amplificó el gen mitocondrial citocromo b (CYTB) usando primers específicos y se purificaron los amplicones para su secuenciación por Sanger. Se reconstruyeron árboles filogenéticos mediante Maximum Likelihood e Inferencia Bayesiana incluyendo 99 secuencias de GenBank. Se utilizaron dos métodos para la delimitación molecular de especies, PTP y ASAP. Los resultados morfológicos evidencian que *Thylamys* sp. "Central" presenta diferencias cualitativas y cuantitativas respecto a *T. tatei* y *T. pallidior.* Mientras que, los análisis moleculares y la delimitación de especies recuperaron a *Thylamys* sp. "Central" como linaje independiente y una especie putativa. Estos resultados sugieren que *Thylamys* sp. "Central" representa a una nueva especie de marsupial en el centro de Perú.

Palabras claves: taxonomía, marsupiales, endemismo, Arequipa

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 6081-23 con código de proyecto B23100151 y RR N° 7429-24 con código de proyecto B241010890e

AVANCES EN EL ESTUDIO DE LA MORFOLOGÍA DEL ESTÓMAGO DE ROEDORES AKODONTINOS Y FILOTINOS (RODENTIA: CRICETIDAE) DE LOS ANDES CENTRALES DEL PERÚ

Berly Calderon Quispe[1], Dennisse Ruelas[1]

[1]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

berly.calderon@unmsm.edu.pe (Berly Calderon Quispe)

La morfología del estómago ha sido tradicionalmente considerada como un carácter relevante en estudios filogenéticos y funcionales de roedores sigmodontinos. Sin embargo, los estudios comparativos siguen siendo escasos, especialmente en especies andinas. En este estudio, se analizó la estructura estomacal de roedores representantes de las tribus Akodontini (*Akodon*) y Phyllotini (*Auliscomys*, *Calomys* y *Phyllotis*) colectados en los Andes Centrales del Perú (Ayacucho, Huancavelica, Huánuco, Junín y Pasco), con el objetivo de explorar posibles correlaciones entre su morfología digestiva y hábitos alimentarios. Se seleccionaron ejemplares con estómagos llenos y se realizó la extracción, conservación y análisis siguiendo protocolos estandarizados. Se caracterizó la morfología macroscópica del estómago según la tipología descrita en estudios previos. Como resultado, se encontró que todos los géneros presentaban el tipo de estómago unilocular-hemiglandular, caracterizado por la presencia de una región anterior cornificada y una posterior glandular, separadas por un pliegue limítrofe. Se identificaron diferencias sutiles en la coloración entre antro y cuerpo en algunos géneros, lo que podría reflejar variaciones funcionales vinculadas a la dieta. Los resultados sugieren que, aunque todos los géneros compartan el mismo tipo morfológico general, existen patrones específicos que podrían tener implicancias evolutivas y tróficas. Este estudio aporta información valiosa para comprender la diversidad funcional y adaptativa del sistema digestivo en roedores andinos y abre nuevas perspectivas sobre su adaptación ecológica.

Palabras claves: estómago, cricetidae, roedores andinos, morfología comparative, nicho trófico, evolución

Financiamiento: Fondos propios.

DETECCIÓN MOLECULAR DE *BARTONELLA* EN ROEDORES SILVESTRES (RODENTIA: CRICETIDAE) EN LA ECORREGIÓN YUNGAS NORTE, PERÚ

Sánchez, Lidia[1*], Víctor Pacheco[2], Luis A. Gómez-Puerta[3]

[1]Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines- Museo de Historia Natural, UNMSM.

[2]Departamento de Mastozoología- Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3]Laboratorio de Epidemiologia y Economía Veterinaria- Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM

lsanchezp@unmsm.edu.pe (Lidia Sánchez)

Los roedores silvestres de la ecorregión yungas norte pueden actuar como reservorios de diversas especies patógenas como *Bartonella*, una bacteria gramnegativa de forma de bacilo, con potencial zoonótico emergente. Esta ecorregión tiene vacíos de información acerca de la dinámica roedor-vector-humano para *Bartonella*. Por ello, el objetivo de esta investigación fue detectar *Bartonella* en cuatro especies de roedores silvestres Sigmodontinae de las yungas norte de Perú. Para el muestreo se utilizaron trampas Sherman y Víctor, las cuales se distribuyeron en 30 estaciones separadas cada 10 m. La colecta se realizó entre el 22 al 27 de julio en Barro Negro, Piura y del 8 al 15 de setiembre en Santo Toribio Las Palmas, Amazonas. Se capturó un total de 20 roedores de las especies *Microryzomys altissimus*, *M. minutus*, *Nephelomys albigularis* y *N. ricardopalmai.* Para la detección molecular de *Bartonella* se utilizó el corazón de estos roedores, los cuales estaban preservados en alcohol de 96º. Luego de la extracción y purificación del ADN, se realizó la amplificación mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) del gen *gltA* (Citrato sintasa), un marcador estándar altamente conservado, que permite diferenciar las especies de *Bartonella*. El secuenciamiento se realizó mediante un servicio externo. Los resultados presentaron una prevalencia total del 40% de hospederos positivos a *Bartonella*. *Microryzomys altissimus* presentó un 43% (3/7) de ejemplares positivos, seguido de *M. minutus* (50%, 1/2), *Nephelomys albigularis* (33%, 1/3) y *N. ricardoplamai* (38%, 3/8). También se identificó genotipos cercanos a especies de *Bartonella* con carácter zoonótico como *Bartonella grahami*, *B. vinsoni* y *B. alsatica*. Se reporta para el Perú cuatro roedores silvestres como hospederos reservorios de especies de *Bartonella* potencialmente zoonóticas. Continuando con esta línea de investigación se viene evaluando también los ectoparásitos para complementar la dinámica de transmisión de este patógeno en la ecorregión yungas norte del Perú.

Palabras claves: bosques montanos, dieta, contenido estomacal

Financiamiento: Vicerrectorado de investigación y Postgrado (VRIP) UNMSM. Financiamiento a grupos de investigación 2022. Código del Proyecto: B22100801

Simposio 4: Llenando los vacíos de información en la flora peruana

DE TUMBES A TACNA: NOVEDADES SOBRE LA FLORA DE ONCE HUMEDALES COSTEROS PERUANOS

Héctor Aponte[1,2,], Asunción Cano[2,3], Piero Mazzei[2]

[1]Universidad Científica del Sur, Carrera de Biología Marina

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Museo de Historia Natural, Departamento de Dicotiledóneas, Laboratorio de Florística.

[3]UNMSM, Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas Antonio Raimondi

haponte@cientifica.edu.pe (Héctor Aponte)

El género *Vasconcellea* comprende aproximadamente 40 especies distribuidas ampliamente en la región Neotropical, con especial concentración en los Andes. Se encuentran representantes del género en Argentina, Colombia, Brasil, Bolivia, Ecuador, Perú, Paraguay y Uruguay. Perú alberga 13 especies, siendo el segundo país con mayor diversidad de *Vasconcellea*, precedido por Ecuador con 17 especies. Durante la revisión de ejemplares en los herbarios USM y HSCH, se identificaron registros de *Vasconcellea quercifolia* procedentes de la misma localidad (complejo arqueológico Wari, Ayacucho), bajo otras denominaciones como *Carica agustii* y *Vasconcellea lanceolata*. Ante esta ambigüedad, el objetivo de este estudio fue esclarecer la identidad taxonómica correcta mediante trabajo de campo en el sitio mencionado. La exploración se realizó en diciembre de 2024, abarcando 20 hectáreas de la zona B1 del complejo arqueológico. Se censaron 14 árboles, de los cuales tres eran femeninos; algunos individuos habían sido talados. Se recolectaron hojas, flores y frutos para su análisis morfológico. Todos los ejemplares presentaron troncos erguidos de hasta 7 metros, látex y hojas lanceoladas estrechas. Un rasgo distintivo de esta especie fue la venación secundaria casi paralela, poco común dentro del género. Se consultaron colecciones de herbarios nacionales e internacionales para determinar la distribución geográfica, concluyendo que esta especie se encuentra únicamente en Perú y Bolivia, entre los 1700 y 2700 m s.n.m. Además, el Ministerio de Cultura del Perú reconoce a este árbol, localmente conocido como “pati”, como un bioindicador de sitios arqueológicos de la cultura Wari, posiblemente debido al uso ancestral de su látex ya que es encontrado cerca de los restos arqueólogicos de templos ceremoniales o donde vivía la nobleza o el sacerdocio. Tras una exhaustiva revisión bibliográfica y comparativa, se concluyó que la especie presente en los sitios arqueológicos de Wari corresponde a *V. lanceolata*, y no a *V. quercifolia*. Aunque actualmente *V. lanceolata* es considerada sinónimo de *V. quercifolia*, los resultados de este estudio de campo y la revisión de colecciones respaldan la propuesta de una nueva circunscripción taxonómica para *V. lanceolata*. Esta propuesta se encuentra actualmente en desarrollo como parte de un trabajo para su publicación científica.

Palabras claves: Biodiversidad, Carica augusti, Wari, Morfología, Taxonomía.

Financiamiento: Autofinanciado.

VASCONCELLEA LANCEOLATA "PATI – WARMI PASÑACHA" (CARICACEAE), ÁRBOL SAGRADO DE LA CULTURA PREHISPÁNICA WARI

Valeria Iraola-Linares[1,2], José Roque[2], Diego Evangelista-Vargas[3], Asunción Cano[2], Fernanda Antunes Carvalho[4]

[1]Unidad de Posgrado, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Florística, Departamento de Dicotiledóneas, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Av. Arenales 1256, Lima, Perú.

[3]Laboratorio de Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[4]Universidade Federal de Minas Gerais, Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Belo Horizonte, Brasil

valeria.iraola@unmsm.edu.pe (Valeria Iraola)

Los humedales costeros de Perú son ecosistemas esenciales por los servicios ecosistémicos que ofrecen. Un conjunto de recientes expediciones analizó la vegetación en 11 humedales de la costa, desde Tumbes hasta Tacna (excluyendo Lima) en localidades donde no había registros botánicos previos. Se identificaron un total de 150 especies de plantas vasculares pertenecientes a 39 familias, destacando Poaceae (22 spp.), Asteraceae (19 spp.) y Cyperaceae (9 spp.); los humedales con mayor diversidad fueron El Chiflón (Arequipa), la Boca del río Chincha (Ica) y la Boca del río Osmore (Ilo), cada uno con más de 30 especies. Se describieron detalladamente las comunidades vegetales en cada sitio. Estos hallazgos resaltan la biodiversidad que se alberga en estos ecosistemas y la urgencia de su conservación frente a las crecientes presiones humanas y el cambio climático. La información recopilada amplía el conocimiento botánico de la región y sienta bases para futuras investigaciones y estrategias de manejo. Además, proporciona un punto de referencia para evaluar cambios en la diversidad vegetal y el impacto de actividades humanas. Los datos obtenidos pueden ser clave en proyectos de restauración ecológica de humedales degradados, contribuyendo a la recuperación de estos espacios fundamentales para el planeta.

Palabras claves: Vegetación costera, humedales costeros peruanos, diversidad vegetal, Perú.

Financiamiento: Iniciativa Humedales Costeros, Museo de Historia Natural UNMSM.

RIQUEZA Y DISTRIBUCIÓN DEL GÉNERO *NOTOTRICHE* TURCZ. (MALVOIDEAE: MALVACEAE) EN EL PERÚ

Piero Mazzei[1], César Arana[2,3], Asunción Cano[1,3]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Museo de Historia Natural, Departamento de Dicotiledóneas, Laboratorio de Florística. Av. Arenales 1256, Lima, Perú.

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Museo de Historia Natural, Departamento de Ecología, Av. Arenales 1256, Lima 15072, Perú.

[3]Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas Antonio Raimondi (ICBAR), Lima, Perú.

piero.mazzei@unmsm.edu.pe (Piero Mazzei)

El género *Nototriche* Turcz. comprende un grupo diverso de plantas herbáceas endémico de Sudamérica, cuya mayor riqueza específica se encuentra en los ecosistemas de los Andes centrales. A nivel mundial, el Perú alberga la mayor cantidad de especies con cerca de 70 especies, muchas de ellas endémicas y restringidas a áreas geográficas muy específicas. Este estudio tiene como objetivo presentar un análisis actualizado de la riqueza estimada y la distribución geográfica del género *Nototriche* en el Perú, con base en el examen de colecciones de herbario, literatura taxonómica relevante y observaciones de campo recientes. Se identificaron distintas regiones de alta diversidad para el Perú, destacando la elevada concentración de especies en diferentes cordilleras que recorren los departamentos de Puno, Moquegua, Tacna, Áncash y Junín. Asimismo, se discute el estado de conocimiento actual del grupo, incluyendo la existencia de especies no descritas, así como las principales amenazas que enfrentan sus poblaciones, entre ellas el cambio climático, la fragmentación de hábitats y la falta de protección legal en varias zonas de alta diversidad.

Palabras claves: *Nototriche*, flora andina, riqueza de especies, endemismos, Perú.

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación y Posgrado (VRIP) - PCONFIG2023 (B23101281).

EL GÉNERO *ABUTA* AUBLET EN PERÚ

Ricardo A. Zañartu[1]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Museo de Historia Natural, Departamento de Dicotiledóneas, Laboratorio de Florística. Av. Arenales 1256, Lima, Perú.

Abuta Aublet (Menispermaceae, Anomospermeae) es un género de lianas dioicas con distribución estrictamente neotropical, ampliamente diversas en la Amazonía y en las Guyanas. En Perú actualmente se reportan doce especies que ocurren principalmente en la parte amazónica del país, la mayoría con un gran vacío de información debido a la dificultad de muestreo, baja representatividad en herbarios y la naturaleza dioica de las plantas. Varias de las especies poseen importancia cultural y/o medicinal documentada, empleadas en la medicina tradicional amazónica para diversos fines. Se revisaron los herbarios AMAZ, HUT, HOXA, MO, MOL y USM. El conocimiento de *Abuta* en Perú es desigual. Algunas especies, como *A. pahni* o *A. imene*, cuentan con descripciones relativamente detalladas, registros amplios y ejemplares fértiles bien representados en herbarios. En contraste, otras especies presentan muy pocos ejemplares, incluyendo casos con un solo registro, material incompleto o localizaciones puntuales, lo que dificulta entender su distribución, variación morfológica y su delimitación. Además, se han identificado especies morfológicamente muy similares que requieren atención especial para su correcta diferenciación. La integración de muestreos dirigidos, análisis filogenéticos y revisión comparativa con material de países vecinos es fundamental para esclarecer los límites de especies y consolidar el conocimiento del género en Perú. Este trabajo presenta una síntesis de los caracteres generales del género y de las especies registradas en Perú, examina el estado actual del conocimiento y sus principales vacíos, y expone avances recientes en análisis filogenéticos y de códigos de barras de ADN, enfatizando la necesidad de ampliar los esfuerzos de investigación para fortalecer la comprensión de la taxonomía de *Abuta* en el país.

Palabras claves: *Abuta,* Amazo, dioica, liana, taxonomía.

Simposio 5: Simposio peruano de biología sintética

DISEÑO DE NUEVOS BIOMATERIALES Y EMPLEO DE BACTERIÓFAGOS MEDIANTE BIOLOGÍA SINTÉTICA

Daniel Guerra Giraldez[1]

[1]Laboratorio de Moléculas Individuales, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima 15102

En esta presentación ofrezco un resumen de nuestras investigaciones recientes en el contexto de la importancia creciente de la biología sintética en la actualidad y el contexto peruano. La biología sintética se basa en comprender y manipular la expresión genética a través de la interacción de represores, activadores y ligandos, planteando un enfoque modular para diseñar y ensamblar circuitos biológicos.
Uno de los desafíos permanentes de la biología sintética es la compleja interacción entre las funciones nativas de las células y los componentes heterólogos introducidos en ellas. Particularmente, la caracterización de componentes reguladores aún carece de estándares formales para la determinación de curvas de dosis-respuesta, lo que limita severamente su utilización modular como 'piezas' biológicas.
A través del desarrollo de biosensores, implementamos un nuevo formalismo para abordar dicha falta de estándares. Demostramos que, cuando un cultivo mantiene una relación lineal entre su tasa de crecimiento y la tasa de producción de una proteína, entonces se puede determinar con precisión la fracción de la biosíntesis total que la célula dirige hacia la producción de dicha proteína. Aplicamos este formalismo en el análisis de los circuitos más utilizados en la producción de proteínas heterólogas y en el desarrollo de nuevos biosensores de metales pesados, capaces de responder a concentraciones relevantes para la calidad del agua potable.
Estos biosensores constituyen un caso ilustrativo de la aplicación práctica de la biología sintética en la analítica ambiental, un área de importancia social y de alto interés económico en el Perú.

Palabras clave: biosensores, metales pesados, dosis-respuesta, fracción de expresión

Financiamiento:

1. Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados PROCIENCIA, a través del programa EF-041-2024-01 "Proyectos de Investigación aplicada", código de contrato PE501086520-2024-PROCIENCIA.
2. Vlaamse Interuniversitaire Raad - University Development Cooperation (VLIR-UOS), a través del programa TEAM, código de contrato PE2024TEA560A105.

HERRAMIENTAS DE PROTECCIÓN INTELECTUAL ORIENTADO AL ÁREA DE BIOLOGÍA SINTÉTICA

Erik Chuquispuma-Martinez[1]

[1]Dirección de Promoción; Dirección General de Investigación y Transferencia Tecnológica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

erikjonathancm@outlook.com (Erik Chuquispuma-Martinez)

La biología sintética ha impulsado el desarrollo de innovaciones como nuevos fármacos, carne cultivada, variedades resistentes a plagas, biocombustibles, biomateriales, entre otros. Estos avances requieren una inversión significativa de recursos humanos, tecnológicos y financieros, por lo que su protección intelectual es fundamental para recuperar la inversión y garantizar la calidad de los productos. La principal herramienta de protección en este campo son las patentes, que exigen cumplir con los requisitos de novedad, nivel inventivo y aplicación industrial. El nivel inventivo suele ser el criterio más desafiante, ya que implica demostrar que las modificaciones o resultados obtenidos no son evidentes para un experto en la materia, especialmente cuando se logran efectos sinérgicos o inesperados. Durante el desarrollo de un proyecto de biología sintética, es común emplear procesos conocidos, pero las innovaciones introducidas pueden ser clave para la protección intelectual. La protección conferida por una patente es territorial y se obtiene a través de vías nacionales, aunque existen mecanismos regionales e internacionales que facilitan la protección en varios países. Una estrategia adecuada de protección intelectual no solo permite recuperar la inversión y obtener beneficios económicos para los investigadores, sino que también contribuye al bienestar social al facilitar el acceso a nuevas tecnologías y productos derivados de la biología sintética.

Palabras clave: protección intelectual, biología sintética, patentes, transferencia tecnológica

Financiamiento: Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP)

BIOLOGÍA SINTÉTICA EN HONGOS

Gretty K. Villena[1]

[1]Laboratorio de Micología y Biotecnología "Marcel Gutiérrez Correa, Facultad de Ciencias Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú

gkvch@lamolina.edu.pe

El potencial biotecnológico de los hongos filamentosos ha sido ampliamente reconocido por sus aplicaciones en la agricultura, industria alimentaria, textil, nuevos materiales, farmoquímica y biorremediación. Sin embargo, no han tenido una participación remarcable con la biología sintética de forma comparable a otras factorías celulares industriales, principalmente bacterias y levaduras.

La capacidad intrínseca de los hongos para producir y secretar proteínas endógenas, proteínas recombinantes, enzimas y metabolitos los posiciona como fuertes candidatos en el diseño de fatorías celulares de avanzada.

El avance de la biología sintética proporciona nuevas herramientas para crear circuitos genéticos sintéticos modulares en hongos para la activación controlada y/o la expresión inducida o grupos génicos, ampliando enormemente su versatilidad metabólica, y permitiendo optimizar la producción.

Sin embargo, si bien existe abundante información biológica en hongos aspectos como genómica, biosíntesis, catálisis enzimática, regulación genética, bioquímica de nuevos compuestos; etc.; esto no se ha traducido en innovaciones con impacto real.

En este sentido es necesario seguir impulsando el desarrollo de herramientas moleculares en hongos, como transformación genética, edición génica, RNA de interferencia, entre otras, así como la búsqueda de elementos genéticos como promotores, terminadores, factores de transcripción, como factores importantes para el diseño de fatorías celulares fúngicas.

Palabras clave: biología sintética, hongos filamentosos, factorías celulares.

DESARROLLANDO BIOSENSORES Y ESTÁNDARES EN BIOLOGÍA SINTÉTICA

Daniel Guerra Giraldez[1]

[1]Laboratorio de Moléculas Individuales, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima 15102

En esta presentación ofrezco un resumen de nuestras investigaciones recientes en el contexto de la importancia creciente de la biología sintética en la actualidad y el contexto peruano. La biología sintética se basa en comprender y manipular la expresión genética a través de la interacción de represores, activadores y ligandos, planteando un enfoque modular para diseñar y ensamblar circuitos biológicos.

Uno de los desafíos permanentes de la biología sintética es la compleja interacción entre las funciones nativas de las células y los componentes heterólogos introducidos en ellas. Particularmente, la caracterización de componentes reguladores aún carece de estándares formales para la determinación de curvas de dosis-respuesta, lo que limita severamente su utilización modular como 'piezas' biológicas.

A través del desarrollo de biosensores, implementamos un nuevo formalismo para abordar dicha falta de estándares. Demostramos que, cuando un cultivo mantiene una relación lineal entre su tasa de crecimiento y la tasa de producción de una proteína, entonces se puede determinar con precisión la fracción de la biosíntesis total que la célula dirige hacia la producción de dicha proteína. Aplicamos este formalismo en el análisis de los circuitos más utilizados en la producción de proteínas heterólogas y en el desarrollo de nuevos biosensores de metales pesados, capaces de responder a concentraciones relevantes para la calidad del agua potable.

Estos biosensores constituyen un caso ilustrativo de la aplicación práctica de la biología sintética en la analítica ambiental, un área de importancia social y de alto interés económico en el Perú.

Palabras clave: biosensores, metales pesados, dosis-respuesta, fracción de expresión

Financiamiento:

1. Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados PROCIENCIA, a través del programa EF-041-2024-01 "Proyectos de Investigación aplicada", código de contrato PE501086520-2024-PROCIENCIA.
2. Vlaamse Interuniversitaire Raad - University Development Cooperation (VLIR-UOS), a través del programa TEAM, código de contrato PE2024TEA560A105.

Simposio 6: Inmunoterapia y diagnóstico en cáncer

INMUNOMODULACIÓN DEL ANTÍGENO CD19 DURANTE LA INDUCCIÓN EN UNA COHORTE PEDIÁTRICA CON LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUA DE CÉLULAS B.

Blga. Elizabeth Cervantes Aguilar[1], MC. Daniel Enriquez Vera[2].

[1]Unidad de Hematopatología del Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas (INEN) Lima, Perú.

[2]Universidad de Kagoshima, Japón.

elizabeth.cervantes@unmsm.edu.pe (Elizabeth Cervantes Aguilar)

En el Perú, las leucemias son la principal causa de cáncer y mortalidad infantil, siendo la leucemia linfoblástica aguda de células B (LLA-B) el subtipo más frecuente en niños (WHO Classification of Tumours; 2024. 5th ed.). Para su diagnóstico y seguimiento, se utiliza la citometría de flujo (CF), que permite diferenciar células leucémicas de células normales a través de su expresión inmunofenotípica aberrante (LAIP) (Weng et al., 2013). Durante la quimioterapia, estos perfiles pueden alterarse, reflejando subclones con variaciones antigénicas que podrían ser más resistentes. CD19, antígeno presente en todas las etapas del linaje B, es clave en la identificación de LLA-B. Este estudio tuvo como objetivo analizar la modulación de CD19 entre el diagnóstico (día 0) y la post-inducción (día 29), ésta última, etapa crucial para evaluar enfermedad mínima residual (EMR), un potente indicador pronóstico de esta enfermedad (Borowitz et al., 2015). Se incluyeron 97 pacientes pediátricos con LLA-B diagnosticados y tratados en el INEN entre 2017 y 2020, siguiendo el protocolo BFM-2009 modificado. Se recolectaron muestras de médula ósea al diagnóstico y al día 29, y se procesaron empleando técnicas estandarizadas (Euroflow, FACSLyse, FACSCanto II) con el anticuerpo CD19 PE-Cy7 clona J3119 (BD) (Theunissen et al., 2017). Para el análisis, se evaluaron las medianas de intensidad fluorescente media (MFI) del CD19 en células leucémicas, comparando muestras pareadas entre ambos momentos. Se identificaron también células B maduras como control interno. Se observó una modulación positiva significativa de CD19 en células leucémicas al día 29 ($p < 0.001$). Este primer estudio peruano sobre la dinámica de CD19 en EMR pediátrica resalta la importancia de conocer los patrones de expresión antigénica durante la inducción, especialmente para interpretar correctamente la EMR y evitar falsos negativos en la detección de células leucémicas persistentes.

Palabras clave: Leucemia linfoblástica aguda B, citometría de flujo, CD19, inmunomodulación.

INMUNOHISTOQUÍMICA DE BIOMARCADOR PREDICTIVO PD-L1 Y SU RELEVANCIA EN INMUNOTERAPIA.

Mg. María del Rosario Villa Robles[1]

[1]Laboratorio de Inmunohistoquímica Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas (INEN) Lima, Perú

mariadelrosariovillarobles@gmail.com

La inmunohistoquímica es un inmunoensayo cualitativo que utiliza un anticuerpo monoclonal indicado para la detección de una proteína en tejido fijado en formol e incluido en parafina.

Una de las estrategias utilizadas por las células tumorales para evadir la vigilancia inmunológica es la expresión de proteína de muerte programada 1 (PD-1), de tal forma que al unirse con su ligando (PD-L1), se anula la acción de los linfocitos T citotóxicos. Una nueva herramienta para el tratamiento en cáncer es la inmunoterapia, la que está basada en el estímulo de la respuesta de células T citotóxicas, usualmente evitada por las células tumorales en diversos tipos de neoplasias (Kumar et al., 2021).

La estrategia terapéutica para contrarrestar esta evasión inmunitaria o de escape de las células oncológicas consiste en el bloqueo de PD-1 con un anticuerpo anti-PD-1, logrando de esta manera reactivar la función de los linfocitos T citotóxico (Hui, 2019). También se ha demostrado que a mayor expresión de PD-L1 en células neoplásicas, la respuesta a la inmunoterapia es más eficaz (Lantuejoul et al., 2020) (Vargas-Rojas et al., 2008).

La determinación de las proteínas PD-L1 en células neoplásicas y PD-1 en el microambiente tumoral MAT ha demostrado tener impacto pronóstico en algunas neoplasias como por ejemplo en cáncer de pulmón. Más importante aún es el hecho que la presencia de PD-L1 en alto porcentaje en células neoplásicas se ha asociado a buena respuesta a la inmunoterapia con la utilización de una molécula anti-PD-1.

La detección del Ligando de la proteina de muerte programada PD-L1, se viene realizando para la inmunoterapia en cáncer de pulmón de células no pequeñas, cáncer de cuello uterino metastásico, cancer de mama triple negativo y otros en los cuales esté indicado.

Palabras clave: Inmunohistoquímica, biomarcador, PD-L1. Inmunoterapia.

Simposio 7: Aplicación de la vigilancia genómica de patógenos de importancia en salud pública

FACTORES GENÉTICOS VIRALES Y HUMANOS DE LA EPIDEMIA CONCENTRADA DE VIH EN EL PERÚ

Dr. Carlos Augusto Yabar[1]

[1]Laboratorio de Referencia Nacional de Virus de Transmisión Sexual, Instituto Nacional de Salud.

cyabar@ins.gob.pe (Carlos Augusto Yabar)

El estudio de los Factores genéticos virales y humanos en el contexto de la epidemia de VIH en el Perú es importante para la toma de decisiones de salud pública sobre la selección de los antirretrovirales (ARV) más eficaces, medidas de prevención de contagios en poblaciones con comportamiento sexual de riesgo y el tipo de respuesta y seguridad frente al tratamiento antirretroviral (TAR) en la Población Viviendo con el Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH). Para ello, analizamos más de 7000 muestras de VIH, y se determinó que la resistencia molecular del virus se asoció con ser menor de edad, ser de sexo femenino, tener fracaso inmunológico (CD4<200 células/µL), estar infectado con un subtipo de VIH diferente de B y/o recombinante y vivir en Lima y Callao. Al intentar determinar si el tipo de comportamiento sexual podría relacionarse con las características evolutivas del VIH, se observó que en sujetos con comportamiento sexual de alto y bajo riesgo (scsAR y scsBR respectivamente) hubo diferencias significativas no solo en comportamiento sexual sino también a nivel de diversidad genética, eventos de recombinación y perfil de resistencia del VIH. Al comparar los perfiles de genéticos de VIH mediante NGS y el método de Sanger se observó que hubo una alta concordancia entre estas dos metodologías. Además, se detectaron dos casos de infecciones mixtas de VIH de baja frecuencia intra-subtipo B. Sin embargo, no se detectó asociación de la TR entre scsAR y scsBR. Finalmente, el análisis de los genes CCR5-Δ32 y HLA-B*57:01 en sujetos con comportamiento sexual riesgo negativos a VIH reveló una baja prevalencia de estas mutaciones en la población peruana, sugiriendo que existen otros factores genéticos que podrían estar relacionados con la resistencia a la infección por VIH y la baja progresión al SIDA en el Perú.

Palabras clave: VIH, variabilidad genética, farmacorresistencia, HLA/CCR5

Financiamiento:

PERSPECTIVAS DE LA VIGILANCIA GENÓMICA DE LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS EN PERÚ

Dr. Ronnie Gavilán Chávez[1]

[1]Laboratorio de Referencia Nacional de Bacteriología Clínica, Instituto Nacional de Salud.

rgavilan@ins.gob.pe (Ronnie Gavilán Chávez)

La genómica se ha convertido en un pilar fundamental para la vigilancia de la salud pública. En Perú, la vigilancia genómica de la resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una capacidad consolidada que precede a la pandemia de COVID-19. Esta ponencia presenta la evolución de nuestra plataforma nacional, desde la caracterización de patógenos prioritarios hasta su consolidación como un sistema integral bajo el enfoque "Una Salud". El objetivo de esta presentación es presentar los principales hallazgos de nuestra plataforma de vigilancia genómica enfocada en Resistencia a los antimicrobianos en Perú. Un análisis retrospectivo de diversos patógenos comunitarios tales como Salmonella, Campylobacter, E. coli, así como asociados a IAAS como Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii y Pseudomonas aeruginosa mediante secuenciación de genoma completo (WGS) ha sido fundamental tal para revelar la emergencia y establecimiento de los diversos linajes de alto riesgo y multirresistentes en el país. Estos clones multirresistentes portan frecuentemente elementos genéticos móviles y otros factores de virulencia demostrando la utilidad del WGS para identificar amenazas latentes. La Vigilancia genómica de la Resistencia a los Antimicrobianos en Perú opera actualmente bajo un enfoque "Una Salud", integrando la vigilancia de aislados clínicos, sanidad animal, inocuidad alimentaria y muestras ambientales. Esta estrategia permite identificar reservorios y rutas de transmisión de genes de resistencia para patógenos de alta prioridad, incluyendo aquellos asociados a Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS). Los análisis filogenéticos sitúan a estos patógenos multirresistentes en el contexto de los linajes que circulan en Latinoamérica y globalmente. Finalmente, se muestran los principales avances que se viene realizando en el marco de la vigilancia de la resistencia a los antimicrobianos bajo el enfoque Una Salud que busca identificar nuevas variantes genéticas de bacterias multirresistentes y mecanismos de resistencia emergentes proporcionando evidencias robustas para construir intervenciones y políticas de contención de la RAM en el país.

Palabras clave: Epidemiología genómica, resistencia a los antimicrobianos (RAM), Una Salud, secuenciación de genoma completo (WGS).

Financiamiento:

VIGILANCIA GENÓMICA Y ANÁLISIS DE VARIANTES GENÉTICAS DEL VIRUS SARS-COV-2 EN EL PERÚ

Mag. Omar Cáceres Rey[1], Carlos Padilla[1], Henri Bailón, [1] Marco Galarza[1] y Equipo de Vigilancia genómica[1]

[1]Laboratorio de Innovación y Desarrollo, Instituto Nacional de Salud.

ocaceres@ins.gob.pe (Omar Cáceres Rey)

A finales del año 2019, apareció en la ciudad de Wuhan China, una enfermedad respiratoria de origen desconocido que empezó a generar una elevada mortalidad. En las siguientes semanas se identifico al virus SARS-CoV2 como el agente causal, para febrero del 2020 el virus ya se había diseminado a toda Asia y Europa, para marzo el virus alcanzo el continente americano y para esa fecha la OMS declaro a la enfermedad llamada Covid 19 como pandemia. En Perú, el laboratorio de Biotecnología y Biología Molecular (hoy laboratorio de Innovación y Desarrollo) del INS detecto la presencia del virus a inicios del mes de marzo y días después el gobierno declaro cuarentena nacional. Este hallazgo marco el inicio de la vigilancia genómica del virus en el INS y a nivel nacional, a lo largo de este tiempo se han identificado todas las variantes, linajes y sublinajes del virus que han circulado en el Perú, desde las primeras variantes del virus denominado con un código alfanumérico hasta las variantes denominadas utilizando el alfabeto griego. Así se identificaron las Variantes de Interés (VOI) y Variantes de Preocupación (VOC), con criterios que incluyen cambios en la transmisibilidad, severidad clínica o eficacia del diagnóstico. Se describen VOC históricas (Alpha, Beta, Gamma y Delta) así como la transición hacia la variante Ómicron (la más virulenta, de distribución mundial y de actual circulación) y sus sublínajes como por ejemplo BA.1, BA.4/5 y la recombinante XBB y sus derivadas. Estos hallazgos fueron gracias al uso de herramientas de secuenciación y bioinformáticas, los informes fueron reportados al MINSA, al portal web del INS y a la base de datos internacional GISAID. Finalmente, una vez terminada la pandemia la vigilancia genómica de SARS-CoV2 permitió al INS expandir el conocimiento a otros virus como el dengue y la influenza de modo tal que actualmente se tiene una vigilancia genómica integral de los virus de importancia en salud pública.

Palabras clave: Vigilancia genómica, SARS-Cov2, linajes, Perú

Financiamiento:

APLICACIÓN DE TECNOLOGÍAS DE NGS EN TUBERCULOSIS EN EL PERÚ

Dra. Zully Puyén Guerra

[1]Laboratorio de Referencia Nacional de Micobacterias, Instituto Nacional de Salud.

zpuyen@ins.gob.pe (Zully Puyén Guerra)

La tuberculosis (TB) continúa siendo un importante problema de salud pública en el Perú, que presenta una de las tasas de incidencia más altas de la región de las Américas y una carga significativa de tuberculosis resistente a fármacos (TB-DR). En este contexto, la implementación de tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés) ofrece oportunidades sin precedentes para fortalecer la vigilancia, el diagnóstico y el control de la enfermedad. Desde el año 2015, el Laboratorio de Referencia Nacional de Micobacterias (LRNM) del Instituto Nacional de Salud, ha incorporado tecnologías de NGS a través de proyectos de investigación subvencionados con fondos nacionales e internacionales, permitiendo el análisis exhaustivo del genoma completo de las cepas de *Mycobacterium tuberculosis* que circulan en todo el Perú. Esta tecnología ha permitido la identificación de un catálogo de mutaciones nacional asociado a resistencia a los fármacos anti-tuberculosis, así como la evaluación de tecnologías nuevas y ya implementadas para el diagnóstico rutinario de la TB drogorresistente en el país. Además, la NGS ha aportado información clave para los primeros estudios de epidemiología molecular realizados a nivel nacional, al permitir la determinación precisa de linajes, sublinajes y relaciones genómicas entre cepas, lo que contribuye a la detección temprana de brotes, el análisis de cadenas de transmisión y la comprensión de la dinámica de dispersión de cepas resistentes en diferentes regiones del país. En el Perú, la aplicación de tecnologías de NGS en TB ha sido fundamental para caracterizar perfiles genotípicos de resistencia, evaluar la introducción y propagación de cepas de alto riesgo, y apoyar la toma de decisiones clínicas y programáticas. El desafío actual es consolidar su implementación rutinaria mediante el fortalecimiento de capacidades técnicas, bioinformáticas y de gestión de datos, garantizando que la información generada se integre oportunamente a los sistemas de vigilancia y contribuya al control efectivo de la tuberculosis.

Palabras clave: Tuberculosis, secuenciación de nueva generación (NGS), resistencia a fármacos, epidemiología molecular

Financiamiento:

Simposio 8: Biodiversidad marina peruana: avances y desafíos

¿ES EL ZOOPLANCTON EL ESLABÓN OLVIDADO DE LA BIODIVERSIDAD MARINA?

Autor: Patricia Ayón Dejo[1]

[1] Area Funcional de Investigaciones en Oceanografía Biológica, Dirección General de Investigaciones en Oceanografía y Cambio Climático, Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Lima, Perú.

payon@imarpe.gob.pe (Patricia Ayón Dejo)

El zooplancton del mar peruano, integrado por una amplia variedad de organismos tanto microscópico como macroscópicos, constituye un elemento clave en la biodiversidad oceánica, especialmente en la región influencia por la corriente de Humboldt, uno de los mares más productivos en términos de desembarque pesquero del mundo. Sin embargo, a pesar de su importancia, el conocimiento sobre su diversidad específica sigue siendo limitado. Esta presentación intenta abordar los desafíos asociados a la identificación taxonómica del zooplancton, debido a la alta variabilidad morfológica, la presencia de especies crípticas y el número reducido de especialistas en el país. Además, se discuten las dificultades logísticas y técnicas para obtener muestras representativas en zonas profundas, donde la biodiversidad puede ser aún más desconocida. Estas limitaciones afectan la comprensión del rol ecológico del zooplancton, así como la incorporación de éste en el planteamiento de estrategias que ayuden en la conservación marina. Por otro lado, es importante fortalecer los esfuerzos de los pocos especialistas en el tema, así como el uso de herramientas moleculares y tecnológicas que se vienen aplicando y así avanzar con el conocimiento de este grupo crucial pero poco considerado.

Palabras clave: afloramiento, mar peruano, conservación.

Financiamiento:

DIVERSIDAD DE PECES MARINOS DE PERÚ: AVANCES, RETOS Y DESAFÍOS AL 2025

Fabiola Zavalaga Talledo[1]

[1]Área Funcional de Investigaciones en Biodiversidad, Instituto del Mar del Perú – IMARPE, Callao, Lima.

fabiolazavalaga@gmail.com (Fabiola Zavalaga Talledo)

Cuerpo del resumen: Perú alberga una notable diversidad de peces marinos, con más de mil especies registradas, muchas aún escasamente estudiadas o en proceso de descripción. Esta riqueza se explica por la alta productividad de la corriente de Humboldt, la influencia del Pacífico Tropical y la zona de transición que generan. En las últimas décadas, se han logrado avances importantes en el conocimiento taxonómico y biogeográfico, impulsados por instituciones públicas y privadas, universidades y colaboraciones internacionales. Se han documentado nuevas especies, ampliado registros de distribución y mejorado la resolución taxonómica de grupos poco conocidos. Asimismo, se han establecido nuevas áreas marinas protegidas. No obstante, persisten brechas en el conocimiento taxonómico, ecológico y funcional, así como una concentración de estudios en zonas costeras. La regulación pesquera y el manejo de áreas protegidas ameritan mejoras, y el financiamiento para investigaciones, especialmente en ambientes poco explorados, como los profundos, sigue siendo insuficiente. A ello se suman eventos naturales y antropogénicos que modifican la dinámica de los ecosistemas. Esta presentación sintetiza los principales avances en el estudio de la ictiofauna marina de Perú y analiza los retos al 2025, a partir de investigaciones en curso que combinan muestreo en campo, morfología comparada, genética molecular y análisis espacial. Se concluye que se requiere una agenda científica integrada con enfoque ecosistémico; fortalecimiento de capacidades locales; divulgación científica; educación ambiental; fomento de la acuicultura y turismo sostenible; y políticas públicas que articulen esfuerzos interinstitucionales y multisectoriales para conservar este patrimonio y contribuir al desarrollo y la seguridad alimentaria del país.

Palabras clave: conservación, taxonomía, ictiofauna, ecosistemas marinos.

Financiamiento: Instituto del Mar del Perú – IMARPE.

SECCIÓN DE INVERTEBRADOS DE LA COLECCIÓN CIENTÍFICA DEL IMARPE

José Santamaría[1]

[1]Área Funcional de Investigaciones en Biodiversidad, Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Callao, Perú

jsantamaria@imarpe.gob.pe (José Santamaría)

Las colecciones biológicas son fuente invaluable de información y constituyen una parte esencial del patrimonio nacional. Los especímenes que resguardan, ofrecen un importante registro de la biodiversidad. Además, funcionan como centros de conservación ex situ cuya importancia es crítica en países como Perú donde aún existen vacíos de información sobre biodiversidad. En tal sentido, la Colección Científica del IMARPE (CCI), representa el principal centro de referencia de la biodiversidad marina del país. A fin de garantizar la conservación de sus especímenes, se desarrollan actividades curatoriales constantes para su mantenimiento. Los invertebrados que alberga provienen principalmente del mar peruano, y en menor cantidad, de ambientes acuáticos continentales y de la Antártida. Actualmente posee más de 17 000 especímenes sistematizados (ordenados y catalogados) de moluscos, artrópodos, anélidos, equinodermos, cnidarios, briozoos, poríferos, braquiópodos y tunicados. La mayoría de dichos especímenes corresponden a los tres primeros grupos. Además, posee en menor cantidad nemertinos, platelmintos, forónidos, nemátodos y ectoproctos, grupos que aún están por sistematizar. En los últimos años se han publicado siete artículos sobre invertebrados del mar peruano basados en especímenes depositados en la CCI, entre ellos, resalta la descripción de una nueva especie de nudibranquio cuyos especímenes tipo se encuentran resguardados en la CCI. A pesar de que los grupos más estudiados son moluscos y artrópodos, la mayoría de las publicaciones mencionadas son nuevos registros de estos grupos, lo cual refleja los vacíos de información aún existentes y su gran potencial como fuente de nuevas investigaciones, especialmente en los grupos menos estudiados.

Palabras clave: colecciones biológicas, biodiversidad, invrtebrados marinos.

Financiamiento: IMARPE

VALORACIÓN DE LA DIVERSIDAD DE CEPAS EN EL BANCO DE GERMOPLASMA DE ORGANISMOS ACUÁTICOS

[1]Carla Patricia Aguilar Samanamud, Natalia Cristina Arakaki Makishi, Liz Cecil Tenorio García-Blázquez, Hanna Elizabeth Hernández Acevedo, Pedro Pablo Alonso Sánchez Dávila, 2Violeta De Jesús Flores Dominick, Marco Cesar Medina Morillo, Carla Ivonne Fernández Espinel y Jefferson Yunis Aguinaga

[1]. Banco de Germoplasma de Organismos Acuáticos (BGOA),
2. Laboratorio de Patobiología acuática, Área Funcional de Investigaciones en Acuicultura (AFIA), Dirección General de Investigaciones en Acuicultura (DGIA), Instituto del Mar del Perú (IMARPE).

caguilar@imarpe.gob.pe (1Carla Patricia Aguilar)

Los bancos de germoplasma son espacios físicos que cumplen un rol primordial para la conservación, viabilidad y disponibilidad de cepas de organismos o partes de estos, como material vivo. Para el BGOA, la valoración de la biodiversidad, es entender la complementariedad de estudios genéticos, químicos, fisiológicos y morfológicos que permitan poner a disposición material biológico adaptado a condiciones resistentes y resilientes, con la finalidad de contribuir a la conservación de la biodiversidad, brindar servicios a sectores involucrados y a la comunidad en general, basado en el uso de dichas herramientas. Actualmente, el BGOA cuenta con un registro de 800 cepas entre los que figuran; 650 cepas de microalgas tanto marinas como continentales del phylum Chlorophyta, Bacillariophyta, Miozoa, Achrophyta, Haptophyta, Charophyta incluida, Cyanobacteria; 55 cepas de macroalgas marinas del phylum Rhodophyta, Ochrophyta y Chlorophyta; 35 cepas de zooplancton marino y continental del phylum Arthropoda y Rotífera principalmente; 60 cepas de bacterias tanto ambiental como patógenas de las familias Yersiniaceae, Enterobacteriaceae, Lactobacillaceae y Vibrionaceae. Los principales aportes están relacionados al estudio de taxonomía integrativa de microalgas, macroalgas, zooplancton y bacterias; bioquímico de interés alimenticio y ambiental en micro y macroalgas y, de manera indirecta, del potencial de ciertas bacterias patógenas para el desarrollo de vacunas en el sector acuícola. Uno de los principales retos es continuar con la generación del conocimiento de diferentes cepas que son parte del BGOA y el desafío es ser un referente como banco de germoplasma y centro de conservación ex situ de organismos acuáticos para el país.

Palabras clave: Valoración, cepas, Banco de Germoplasma.

Financiamiento: Programa Presupuestal N°094

EVALUACIÓN DE LA CAPTURA INCIDENTAL DEL ALBATROS DE GALÁPAGOS (PHOEBASTRIA IRRORATA) EN LA PESQUERÍA ARTESANAL DE LA COSTA NORTE DE PERÚ

Segura-Cobeña E. [1]; Torrejón-Zegarra R.1; Arrese-Dávila V.1; Custodio-Uribe A.1; Alfaro-Cordova E.1,2; Mangel J. C.1,3 y Alfaro-Shigueto J.1,2

[1] ProDelphinus, Lima, Peru
2 Facultad de Biología Marina, Universidad Científica del Sur, Lima, Peru
3 Centre for Ecology and Conservation, University of Exeter, Penryn, United Kingdom

ruben.torrejon97@gmail.com

El albatros de Galápagos (Phoebastria irrorata) es un ave marina distribuida en el sureste del Océano Pacífico, que visita la costa peruana principalmente por el afloramiento costero, convirtiéndola en una importante zona de alimentación. Actualmente, se encuentra catalogado como una especie en Peligro Crítico de extinción (IUCN), siendo la captura (incidental o directa) por parte de las pesquerías una de sus principales amenazas en el mar. Con el objetivo de evaluar el impacto de la captura incidental del albatros de Galápagos por parte de pesquerías artesanales de Perú, se realizaron entrevistas a pescadores que emplean artes de pesca de: espinel de superficie y fondo, red de enmalle de superficie, y muestra potera, en 10 puertos de la costa peruana. Se entrevistó a un total de 359 pescadores, y se estimó que entre abril del 2022 y junio del 2023 fueron capturados incidentalmente 1291 albatros (± 156). La mayor captura incidental ocurrió con espinel de superficie (639 ± 182), seguido por la red de enmalle de superficie (322 ± 153). Los puertos que registraron la mayor captura incidental promedio anual por embarcación fueron Salaverry (4.95), Talara (3.27) y Máncora (2.69). Se presentó una estacionalidad en la captura de albatros, siendo los meses de verano (enero y febrero) los de mayor incidencia. Nuestros resultados evidencian que, frente a la costa norte de Perú, la pesca artesanal genera un impacto considerable sobre los albatros de Galápagos, lo que resalta la urgencia de promover estrategias de manejo orientadas a la conservación de la especie.

Palabras clave: Ave marina, costa peruana, zona de alimentación, pesquerías artesanales, conservación.

Simposio 9: Simposio de helmintología neotropical: Explorando la diversidad taxonómica de helmintos en la región neotropical

PARÁSITOS DE UN INVASOR RECIENTE, ONCORHYNCHUS MYKISS EN UN ECOSISTEMA ALTIPLÁNICO DEL NORTE DE CHILE (>4500 M).

Luis Ñacari Enciso1, Fabiola Sepúlveda1, Karina González1, Chris Harrod2, Marcelo Oliva1.

(1) Instituto de Ciencias Naturales Alexander von Humboldt, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, Chile.
(2) Scottish Centre for Ecology and the Natural Environment, University of Glasgow, UK

luis.nacari.enciso@ua.cl (Luis Angel Ñacari Enciso)

La trucha arcoíris (Oncorhynchus mykiss) es una de las especies invasoras más reconocidas a nivel mundial. Su distribución natural se extiende desde el mar de Bering (Alaska) hasta Baja California. En Chile, tras su introducción, esta especie ha logrado establecerse desde el lago Chungará (18°S) hasta Tierra del Fuego (51°S). Los estudios parasitológicos son fundamentales en la ecología de invasiones, ya que la introducción de especies exóticas puede modificar las dinámicas parasitarias locales, generando efectos de "Spillback", "Spillover" o dilución. En este estudio se evaluó la composición parasitaria y la dieta de O. mykiss en el lago Chungará, un ecosistema altiplánico situado a más de 4500 m de altitud. Se disectaron 40 truchas durante mayo del 2023. Los parásitos fueron colectados, fijados e identificados mediante técnicas parasitológicas convencionales. Se identificaron cinco taxones parasitarios: dos larvas de cestodos (Ligula intestinalis y Cyclophyllidea gen. sp.), una larva de acantocéfalo (Pseudocorynosoma sp.), una metacercaria de digeneo (Tylodelphis sp.) y un nematodo adulto (Hedruris sp.). Las mayores prevalencias correspondieron a Cyclophyllidea gen. sp. (59%) y L. intestinalis (48%). El análisis del contenido estomacal mostró que los anfípodos (Hyalella sp.), los coleópteros acuáticos (Corixidae) y el pez endémico Orestias chungariensis fueron las principales presas. Análisis de correspondencia canónica evidenciaron asociaciones entre Cyclophyllidea gen. sp. y Hyalella sp., y entre L. intestinalis y Tylodelphis sp. con O. chungariensis, sugiriendo que estos ítems tróficos forman parte del ciclo de vida de los endoparásitos. En conclusión, O. mykiss podría estar alterando las redes locales de transmisión parasitaria, reduciendo la carga parasitaria en especies nativas y favoreciendo un efecto de dilución en este ecosistema altoandino.

Palabras clave: Parásitos, dieta, invasores, Oncorhynchus mykiss.

Financiamiento: ANID Millennium Science Initiative NCN 2021_056: Millennium Nucleus of Austral Invasive Salmonids.

TAXONOMÍA DE TREMATODOS DE PECES MARINOS DEL SURESTE DE BRASIL: UN ENFOQUE INTEGRATIVO.

Arthur Bessi Machado

Programa de Pós-graduação em Biologia Animal. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro -UFRRJ.

arthurbessi@ufrrj.br

La costa brasileña presenta una alta diversidad ictiológica y, en consecuencia, una gran diversidad de parásitos en estos potenciales hospedadores. Gran parte de esta biodiversidad helmintológica permanece desconocida o poco estudiada, lo que, por otro lado, permite cada vez más estudios con diferentes enfoques metodológicos. El estudio taxonómico integrativo permite un enfoque interdisciplinario y complementario de metodologías, que pueden o no correlacionarse. Estudios morfológicos basados en microscopía electrónica de barrido e histología, por ejemplo, corroboran los análisis realizados con preparados enteros en láminas (whole mounted slides) y proporcionan descripciones más detalladas, respectivamente, del tegumento externo y de las características morfológicas internas de estos parásitos. A esto se suman los estudios moleculares, que posibilitan una identificación más precisa de la especie u otros taxones, así como análisis filogenéticos, dependiendo de los datos disponibles. En esta conferencia se presentará cómo la aplicación de la taxonomía integrativa permitió la redescripción, con la adición de nueva información, de dos especies de digeneos trematodos parásitos de peces marinos descritas hace mucho tiempo, permitiendo nuevas discusiones y ampliando las ya existentes en la literatura.

Palabras Clave: Parásitos de peces, SEM, Marcadores moleculares, Histología, Sistemática

PARÁSITOS CON PASAPORTE: CÓMO UN GUSANO DEL TITICACA REVELA UNA HISTORIA GLOBAL DE EVOLUCIÓN

Aarón Mondragón-Martínez1,2,*, Rosa Martínez-Rojas1, Inés Gárate3, Jaime R. Sanchez-Venegas4, Gerald Moreno-Morales5, Lidia Cruz-Neyra6, Celso Luis Cruces6, Enrique Garcia-Candela7,8, Frank Guzman Escudero9, Jhon D. Chero10, Jefferson Yunis-Aguinaga11

1 Research and Development Department, Natural Environment S.A.C., Pedro Benvenuto 381 Street, San Miguel, Lima, Peru
2 Laboratorio de Parasitología en Fauna Silvestre y Zoonosis, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
3 Laboratorio de Parasitología Humana y Animal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
4 Departamento Académico de Biología Celular y Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú
5 Unidad de Biología y Genética Molecular, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
6 Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Av. Alfredo Benavides 5440 Santiago de Surco, Lima, Perú
7 Escuela Profesional de Medicina Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de San Martín (UNSM), Tarapoto, CP 22201, Perú
8 CITE productivo San Martín, Instituto Tecnológico de la Producción, San Martín, Peru.
9 Grupo de Investigación en Epidemiología y Diseminación de la Resistencia a Antimicrobianos “One Health”, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú
10 Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
11 Universidad Científica del Sur (UCSUR), Lima, Perú

aaron72.mondragon@gmail.com (Aarón Mondragón-Martínez)

This study reports the first record and molecular characterisation of Ligula intestinalis (Linnaeus, 1758) (Cestoda: Diphyllobothriidea) in Lake Titicaca, the world's highest navigable lake, located in the Puno Province of Peru. Plerocercoid larvae were isolated from the native fish Orestias agassii (Cyprinodontiformes), and analyzed using next-generation sequencing (Illumina technology) to assemble the complete mitochondrial genome (mitogenome). The assembled mitogenome is a 13,657 bp circular DNA molecule containing 12 protein-coding genes, 22 tRNA genes, two rRNA genes, and two non-coding regions (NCR1 and NCR2). This genomic structure aligns with that of other diphyllobothriidean species. A notable A+T bias (66.32%) with negative AT skew (-0.310) and positive GC skew (0.222) was observed, alongside conventional cloverleaf structures for most tRNAs except trnS1, trnR, and trnC. Over 580 repetitive sequences were detected, including seven simple sequence repeats (SSRs) and several tandem repeats and stem-loop structures in the control region. Comparative analyses of nucleotide diversity and amino acid compositions across global populations (South America, Europe, Asia) showed substantial regional variability, especially in genes atp6, nad5, and nad6. Phylogenetic analyses using Bayesian Inference and Maximum Likelihood methods indicated that the Titicaca specimen represents a distinct lineage closely related to the Nearctic lineage, emphasizing geographical isolation as a key driver of evolutionary diversification.
The characterization of the mitogenome presented here represents a significant step toward elucidating the evolutionary relationships of this cestode and provides a valuable resource for further research on parasitic biodiversity in South America.
Keywords: mitogenome, Ligula intestinalis, novel lineage, Lake Titicaca, Orestias agassii, South America

Financiamiento: PCONFIGI-B22101331

EXPLORANDO LA DIVERSIDAD Y SISTEMÁTICA DE HELMINTOS EN MURCIÉLAGOS DE LA AMAZONIA PERUANA

Edson R. Cacique[1]

[1]Laboratorio de Zoología de Invertebrados. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

robertocaciquemol@gmail.com (Edson R. Cacique)

Los estudios sobre helmintos parásitos de murciélagos en Sudamérica son notablemente escasos si se comparan con la extensa literatura dedicada a otros aspectos de estos mamíferos. A pesar de esta limitación, se han documentado 123 especies de helmintos parasitando 92 especies de murciélagos (aproximadamente el 30% de los hospederos conocidos), una proporción relativamente baja en relación con las 302 especies de quirópteros registradas en la región. Esta disparidad sugiere un alto potencial para el descubrimiento de numerosas especies aún no descritas. En los últimos años, el estudio de los helmintos de murciélagos ha adoptado enfoques integrativos que combinan métodos morfológicos y moleculares, contribuyendo a una caracterización más detallada de su morfología y sistemática. En el Perú, hasta hace poco se reconocían 26 especies de helmintos distribuidas en 11 regiones del país, identificadas principalmente mediante criterios morfológicos, ya que muchas correspondían a especies previamente descritas en otras localidades o presentaban rasgos distintivos evidentes frente a sus congéneres. De manera reciente, se describieron cuatro nuevas especies de digeneos en la región de Madre de Dios, incorporando análisis morfológicos detallados y micrografías electrónicas, lo que elevó a 30 el número de especies conocidas en el país. Aunque esta cifra sigue siendo modesta, se proyecta que en los próximos años podría ascender a aproximadamente 50 especies, gracias a los estudios que actualmente se desarrollan en la Amazonía peruana. Este número podría incrementarse aún más si se consolidan las colaboraciones entre parasitólogos y mastozoólogos, un esfuerzo conjunto que promete develar la vasta diversidad oculta que estos mamíferos transportan sigilosamente mientras surcan los cielos.

Palabras clave: Helmintos, murciélagos, diversidad, sistemática, taxonomía, Amazonia

Financiamiento: Vicerrectorado de investigación y Prociencia.

Simposio 10: Diversidad y conservación de peces continentales en el Perú: un enfoque integrativo

ICTIOLOGÍA EN ÁREAS PROTEGIDAS: ESTADO DEL CONOCIMIENTO Y PRIORIDADES,

Hernán Ortega1 y Max Hidalgo[1]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

hortega.musm@gmail.com (Hernán Ortega)

La ictiología de peces continentales del Perú presenta un desarrollo paralelo a la generación de información relacionada a la diversidad de especies presentes en variados ecosistemas. Por otro lado, esta relación tiene base en la formación de la Colección Ictiológica de peces continentales del Perú, iniciada en el Convenio entre el Ministerio de Pesquería y la UNMSM, realizada en el IVITA - Pucallpa (entre 1971- 1987). Debiendo reconocer el apoyo del Museo de Zoología de la Universidad de Sao Paulo para lograr identificarlas. La colección fue instalada en el Museo de Historia Natural - UNMSM (1973), oficializada (1982). Reconocida internacionalmente (1986) con la publicación de la lista anotada de especies. Con tal experiencia que se logró inventariar 210 especies del Parque Nacional del Manu, vía Programa BIOLAT del Instituto Smithsonian (EUA), con siete expediciones, entre 1987 y 1993. Además, con el Museo Field de Chicago, programa RBI, se logró evaluar la ictiofauna en el Parque Nacional Cordillera Azul en 2001, Casi enseguida expediciones a la Zona Reservada Pacaya-Samiria con auspicio de NSF y colegas de Universidades de Luisiana, Florida y PUCRS, Brasil; registrándose 320 especies y 20 nuevas. Siguiendo intensivamente con RBI, se evaluaron varias áreas amazónicas nunca estudiadas que finalmente se constituyeron en nuevas áreas protegidas del Perú, hallándose especies nuevas en distintos órdenes, familias y géneros. Los ejemplares de cada expedición fueron analizados morfológicamente y finalmente depositados en la Colección de Peces MUSM registrando al presente 78500 lotes que representan más 1100 especies y poco más de 700 mil ejemplares. Por otra parte, permite la formación de nuevos ictiólogos con maestrías y doctorados en el exterior, principalmente en Brasil. Sobre las prioridades: procurar aplicar la taxonomía integrativa, Actualizar inventarios en aquellas ANPs expuestas a las amenazas por deforestación, minería y cambio de uso de suelo. Especial recomendación: investigar la riqueza y abundancia en el Parque Nacional Rio Abiseo, parte baja, porque un trabajo de dos días permitió registrar 60 especies en cinco puntos. Con nuevas nuevos registros y especies

Palabras clave: conservación, Amazonia peruana, colección ictiológica.

Financiamiento: Varios: NSF, Conservación Internacional, Smithsonian Institution

AMENAZAS A LA TAXONOMÍA INTEGRATIVA DE PECES NEOTROPICALES DESDE LA PERSPECTIVA POLÍTICA

Max Hidalgo[1]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM, Lima, Perú

mhidalgod@unmsm.edu.pe

Perú es un país megadiverso ictiológicamente, y constitucionalmente (artículo 68) está obligado a promover la conservación de la biodiversidad y de las ANPs. Sin embargo, la ictiofauna peruana enfrenta múltiples amenazas que en muchos casos su gestión en diversos niveles están legalmente no alineadas con este objetivo: sobreexplotación pesquera por falta de un marco normativo adecuado o al menos existente; contaminación de hábitats acuáticos por falta de normativas apropiadas y de supervisiones estrictas por la emisión de sustancias tóxicas que llegan a los cuerpos de agua; falta de adecuados y actualizados estudios de caso en territorio peruano que determinen los valores de LMP y ECAs para cada ambiente acuático; agricultura intensiva -que incluye el cambio de tipo uso de la tierra- y el uso de químicos que generan contaminación y alteración de tributarios y franjas ribereñas naturales que son muy importantes en algunas regiones para procesos biológicos claves de muchas especies de peces -áreas inundables-; destrucción o transformación de los hábitats acuáticos por deforestación, expansión urbana y construcción de infraestructura, como carreteras y puertos fluviales, hidrovías, fragmentación ecosistemas, construcción y operación de hidroeléctricas que generan bloqueos de rutas migratorias de especies entre otras alteraciones; la introducción de especies exóticas sin un marco regulatorio apropiado que contemple los potenciales impactos que estas producen sobre la ictiofauna nativa; y la exclusión legal de los peces de la definición de "fauna silvestre" que conlleva una serie de eventos sinérgicos con influencia directa en conservación. Recientemente, se ha propuesto un proyecto de ley para modificar las ANPs con el fin de promover la explotación de hidrocarburos en estas áreas. La taxonomía integrativa – combinación de evidencias moleculares, morfológicas, ecológicas, geográficas, entre otras para describir la diversidad biológica en distintos niveles— enfrenta amenazas políticas severas como falta de un entendimiento de su importancia, falta de financiamiento, trabas burocráticas, marcos legales débiles o contradictorios y desinterés gubernamental, limitando la investigación y acciones de conservación.

Palabras clave: ictiofauna peruana, legislación, áreas protegidas, amenazas

Financiamiento: RECURSOS PROPIOS

DESENTRAÑANDO LA DIVERSIDAD OCULTA EN TRICHOMYCTERINAE DEL PERÚ USANDO MÉTODOS DE DELIMITACIÓN DE ESPECIES.

Dario R. Faustino Fuster[1]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

dfaustinof@unmsm.edu.pe (Dario Faustino)

La familia Trichomycteridae abarca un grupo diverso de bagres que se encuentran en América del Sur y Central y dentro de este el género Trichomycterus es el más rico en especies (con más de 250 spp.) y taxonómicamente complejo dentro de la subfamilia Trichomycterinae. Estas especies tienen una distribución amplia que va desde la Patagonia hasta Costa Rica, y a altitudes que van desde el nivel del mar hasta más de 4000 metros (aproximadamente 60 especies endémicas de las cuencas andinas). Este género representa un rompecabezas sistemático en la ictiofauna neotropical y la falta de caracteres diagnósticos para las especies presentes en el Perú, limita conocer la actual distribución y diversidad dentro de Trichomycterus. Para ello se colectaron especímenes de Trichomycterus en las localidades tipo y los principales ríos a lo largo de las principales cuencas del Perú (costa sierra y selva), que con el fin de disminuir las incertidumbres taxonómicas y conocer las vías evolutivas en Trichomycterus, se realizó un análisis de datos moleculares basado en el gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (COI) y se compararon con datos moleculares disponibles de otras regiones de Sudamérica para este género. Se aplicaron los métodos de código de barras y delimitación de especies como Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD), Assemble Species by Automatic Partitioning (ASAP), Generalized Mixed Yule Coalescent (GMYC), Poisson Tree Processes (PTP), Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP), Multi-rate Poisson Tree Processes (mPTP) y al final se realizó un consenso de estos métodos. Estos métodos de delimitación de especies recuperaron por primera vez 19 Unidades Taxonómicas Operacionales Moleculares distintas dentro de Trichomycterus para Perú, triplicando la diversidad conocida hasta ahora para Perú basado en un análisis molecular, permitiéndonos de esta forma actualizar la distribución de las especies descritas para Perú y aquellas que podría ser nuevas para la ciencia.

Palabras clave: molecular, MOTUs, peces altoandinos, Trichomycterus.

Financiamiento: CONCYTEC - Incorporación de Investigadores Postdoctorales en Instituciones Peruanas 2023" [PE501085130-2023-PROCIENCIA]

CATEGORIZACIÓN DE PECES PARA LA CONSERVACIÓN EN EL PERÚ: UN ENFOQUE INTEGRAL

Autores: Vanessa Meza-Vargas 1

1 Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

smezav@unmsm.edu.pe (Vanessa Meza)

Los ecosistemas acuáticos del Perú albergan una notable diversidad de peces (1141 especies), muchas de ellas endémicos y esenciales para el equilibrio ecológico y el bienestar humano. Sin embargo, enfrentan crecientes amenazas como la contaminación hídrica, la sobrepesca, la pérdida de hábitats, la introducción de especies exóticas y los efectos del cambio climático. Estas presiones han provocado la disminución de poblaciones y la alteración de comunidades acuáticas, comprometiendo su resiliencia. En este contexto, la categorización de especies se convierte en una herramienta clave para la conservación. Siguiendo los criterios de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN), se evalúa el riesgo de extinción de cada especie considerando factores como distribución, tamaño poblacional, tendencias y amenazas. Actualmente, Perú ha avanzado en la categorización de sus especies de peces donde el 63% ha sido evaluada (hasta 2024) resultando el 48% en Preocupación Menor (LC), 9% en Datos Insuficientes (DD), el 2% Casi Amenazada (NT) y el 4% están bajo amenaza. Sin embargo, el 37% de las especies aun no han sido evaluadas. En Perú, avanzar hacia una categorización integral implica fortalecer la articulación entre instituciones, academia y tomadores de decisiones. A partir de esto, se busca priorizar acciones de manejo, orientar políticas públicas y fomentar la investigación científica para contribuir a la protección efectiva de los ecosistemas acuáticos.

Palabras clave: amenazas, contaminación, ecosistemas acuáticos, peces, riesgo de extinción.

Financiamiento: MINAM, WWF y “Alianzas interinstitucionales para programas de doctorado” PE501084299-2023-PROCIENCIA-BM

DESENMASCARANDO LAS ESPECIES CRÍPTICAS DEL PERÚ: ESTUDIANDO Y CONSERVANDO LA ICTIOFAUNA MEDIANTE CÓDIGO DE BARRAS DE ADN

Ricardo Britzke[1,2]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM, Lima, Perú.
[2]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

rbritzke@gmail.com (Ricardo Britzke)

El ADN barcoding se ha consolidado como una herramienta esencial para revelar la diversidad oculta y detectar especies crípticas en la ictiofauna neotropical. Estudios recientes en especies de amplia distribución, como Abramites hypselonotus y Hoplias malabaricus, así como géneros neotropicales ampliamente distribuidos, como Mesonauta y Pimelodus, han demostrado su eficacia para delimitar taxones, identificar linajes genéticos no descritos y refinar el conocimiento sobre sus rangos de distribución. Investigaciones realizadas en la cuenca del Alto Madre de Dios, que integran análisis moleculares y datos morfológicos, evidencian una notable diversidad taxonómica y la presencia de posibles nuevos registros para la región. Estos resultados confirman que el enfoque integrativo basado en ADN barcoding constituye una herramienta estratégica para el diseño de planes de conservación y manejo, particularmente ante amenazas como la pérdida y fragmentación del hábitat, la contaminación y la introducción de especies invasoras.

Palabras clave: peces, especies crípticas, DNA, código de barras

Financiamiento: PCONFIGI 2025, 2023, PROCTIE 2024.

Simposio 11: Simposio peruano de biología matemática y teórica

LAS ECUACIONES DIFERENCIALES Y LAS CIENCIAS DE LA VIDA

Roxana López-Cruz[1]

[1]Grupo de Investigación "Ciencias Matemáticas en Ciencias de la Vida", Facultad de Ciencias Matemáticas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

rlopezc@unmsm.edu.pe (Roxana López-Cruz)

La aplicación de modelos matemáticos es cada vez más usada en las diferentes disciplinas del conocimiento. Una de las razones del uso de los modelos matemáticos es que permiten visualizar diferentes escenarios de la dinámica de fenómenos diversos. Las matemáticas con su conocida complejidad tienen medios que permiten establecer una sinergia del lenguaje entre los profesionales de diversas áreas y los matemáticos. Esto nos permite diseñar, en forma conjunta, las medidas eficaces de control para los principales fenómenos de ocurrencia como por ejemplo en las Ciencias de la Vida. En este trabajo, daremos un paseo entre las diferentes versiones de las ecuaciones diferenciales en un mismo fenómeno de la Ecología y la Epidemiología, tratando siempre de contestar a las preguntas del especialista.

Palabras clave: dinámica, modelo, ecuaciones diferenciales, aplicaciones.

Financiamiento: Dirección General de Epidemiología, PCONFIGI 2023

CONECTANDO EL MICRO-CONECTOMA ESTRUCTURAL CON EL COMPORTAMIENTO A TRAVÉS DE MÉTODOS TEÓRICOS Y COMPUTACIONALES

Marco Pena-Garcia[1,2]

[1] Devineni's lab, Emory University, Atlanta, US.
[2] Group of Natural Structures and Theoretical Research, Universidad Nacional Mayor de San Marcos Lima, Peru

mapenag@emory.edu (Marco Pena-Garcia)

Un micro-conectoma estructural es un mapa de todas las conexiones neuronales del cerebro. Actualmente, se tiene el conectoma completo de invertebrados como la mosca de la fruta (*Drosophila melanogaster*) y el nematodo *Caenorhabditis elegans*. Ademas, también se cuenta con conectomas de volúmenes de corteza somatosensorial de la rata de laboratorio *Rattus norvegicus*. Vincular el conectoma con comportamiento ha sido un problema por mucho tiempo. Parte este problema podría deberse a no considerar las conexiones con astrocitos que son importantes para procesos cognitivos como la memoria espacial. Para abordar este problema, a nivel teórico, se tiene el nuevo objeto matemático llamado Y-graph. Este objeto matemático es una representación tipo red del conectoma que incluye las conexiones que se dan entre neuronas y astrocitos. A pesar de que las representaciones de tipo red son importantes para estudiar los conectomas, su interpretación funcional depende de los estímulos a los que la red responda. Por ejemplo, sería difícil estudiar las redes de procesamiento gustativo sin considerar el tipo de señal que procesa. Dentro del procesamiento gustativo, la valencia del estímulo (sustancia atractiva o repulsiva) es de suma importancia para entender la respuesta comportamental. Tomando esto en cuenta, se logró caracterizar las distintas capas de procesamiento del sentido del gusto en el conectoma de *Drosophila melanogaster.* Se encontró que las señales con distintas valencias convergen para poder interpretar la naturaleza del estímulo. Sin embargo, como los estímulos son guardados en la memoria para brindar un contexto temporal a la experiencia queda como una pregunta abierta.

Palabras claves: Conectoma, grafos, procesamiento sensorial.

INFLUENCIA DE LA TASA DE GIRO CON VARIACIÓN LIMITADA SOBRE LA DISTRIBUCIÓN ANGULAR DE PECES EN UNA AGREGACIÓN

John Medina-Diaz[1]

[1]Departamento de Matemáticas, Facultad de Ciencias Matemáticas, UNMSM.

medinadiazmeyor@gmail.com (John Medina-Diaz)

El movimiento grupal de peces, e.g., el pez borrachito *Hemigrammus rhodostomus*, surge de interacciones intrincadas entre los individuos, que abarcan fuerzas de atracción, repulsión y alineamiento. El análisis de estos comportamientos colectivos no sólo resulta relevante en ecología, sino que también encuentra aplicaciones en ámbitos tan diversos como la coordinación de enjambres de drones o la comprensión de patrones de conducta humana, abarcando desde fenómenos celulares hasta fenómenos sociales. En este trabajo, se exploró cómo una variación moderada en la tasa de giro (β) afecta la forma en que los peces se distribuyen angularmente, empleando un modelo matemático fundamentado en ecuaciones integro-diferenciales parciales.
Para resolverlo numéricamente, se recurrió a dos enfoques computacionales: el método de diferencias finitas y el de elementos finitos, cuyos resultados se compararon cualitativamente con datos experimentales. Al incrementar el parámetro β —que controla la velocidad de giro— se detectó una respuesta no lineal en la densidad angular: aparecieron picos más pronunciados concentrados en ciertos rangos de ángulos, tanto en las simulaciones como en las mediciones reales. Estos hallazgos apuntan a que, para reproducir con mayor fidelidad las dinámicas observadas en sistemas biológicos, podría ser conveniente desarrollar modelos de mayor complejidad o bien híbridos.

Palabras clave: agregación, no-autónomo, tasa de giro, distribución angular.

Financiamiento: -

ACERCA DEL ÁLGEBRA Y ORDEN QUE EXISTE DENTRO DE LAS ESTRUCTURAS NATURALES

F. Peña-Garcia[1,2]

[1]Facultad de Ciencias Matemáticas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
[2]Ensemble for the Fundamental Study of Nature and Mathematics, Lima, Perú.

francesco.pena@unmsm.edu.pe (F. Peña-Garcia)

La teoría de las estructuras naturales (teoría de NEs) es un marco de unificación de la ciencia que nos permite dilucidar patrones dentro de *todos distribuidos producidos por procesos naturales*. Entre estos patrones encontramos las ideas de álgebra y orden que residen en las NEs. Esto es logrado mediante la formalización de algunas de sus propiedades matemáticas. Así mismo, desarrollamos la idea de generación de NEs. Se demuestra que toda NE finita es generada por una colección "disjunta" de elementos y que tomando como cierta una conjetura acerca de la divisibilidad de NEs, encontramos que las NEs infinitas no pueden ser algebraicamente generadas por colecciones "disjuntas" de elementos de dicha NE. Finalmente se pone en perspectiva el desarrollo de teorías matemáticas de NEs y su rol en el desarrollo de la ciencia.

Palabras clave: Biomatemática, teoría de semigrupos.

Financiamiento: Ninguno.

¿Y SI TE DIJERA QUE LAS EPIDEMIAS TAMBIÉN SE ESCRIBEN CON ECUACIONES?

Elmith Cattelin Alva Vidal[1]

[1]Facultad de Ciencias de la Computación, Universidad de Ingeniería y Tecnología (UTEC), Lima, Perú

elmithalvav@gmail.com

Las epidemias no solo se manifiestan en hospitales o laboratorios, también pueden ser descritas, anticipadas y comprendidas a través de modelos matemáticos. Esta charla es una invitación a mirar las enfermedades desde otra perspectiva: la que ofrecen las ecuaciones. Exploraremos cómo herramientas como las ecuaciones diferenciales y los modelos compartimentales permiten representar el comportamiento dinámico de una epidemia. Veremos cómo estas aproximaciones ayudan a responder preguntas clave sobre la propagación de enfermedades y el impacto de distintas estrategias de control. Además, abordaremos el rol de la simulación computacional como un puente entre la teoría y la realidad. Hablar de epidemias en términos matemáticos no es quitarles humanidad, sino dotarlas de una forma distinta de entendimiento, una que permite actuar con mayor claridad, anticipación y eficacia. Porque sí: las epidemias también se escriben con ecuaciones.

Palabras clave: Biomatemática, modelamiento matemático, epidemiología.

Simposio 12: Biotecnología Azul en el Perú: innovación y sostenibilidad para el aprovechamiento de los ecosistemas marinos

EVALUACIÓN DE MACROALGAS Y ESPONJAS MARINAS DEL LITORAL PERUANO COMO FUENTES DE BIOINSUMOS AGRÍCOLAS Y COMPUESTOS BIOACTIVOS CON POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

Juan C. Francia-Quiroz[1*], Báslavi Cóndor Luján[2], Paul Martin Baltazar Guerrero[1], Óscar Reategui Arévalo[1], María Pons Casellas[1] Aldo Indacochea Mejía[1], Erin Villanueva Coronado[1], Christian Polo Paytan[1], Alessandra Cardoza Ramirez[1], Cristina Chapilliquén[1], Paul Guillén[3]

[1]Universidad Científica del Sur, Villa El Salvador, Lima, Perú
[2]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú
[3]Centro Nacional de Acuicultura e Investigaciones Marinas (CENAIM), Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), Guayaquil, Ecuador

*jfrancia@cientifica.edu.pe

La biotecnología azul ofrece oportunidades para aprovechar sosteniblemente la biodiversidad marina. En este contexto, se desarrollaron tres investigaciones complementarias en la costa centro-sur del Perú, enfocadas en la valorización de macroalgas y esponjas marinas (Ica, Perú). En el ámbito agrícola, se formularon biofertilizantes líquidos a partir de mezclas fermentadas de macroalgas verdes (*Ulva lactuca*), rojas (*Chondracanthus chamissoi*) y pardas (*Macrocystis pyrifera* y *Lessonia trabeculata*), combinadas con microorganismos eficientes. Estos productos fueron aplicados en cultivos de maíz (*Zea mays*), mostrando mejoras significativas en el crecimiento de tallos y hojas, especialmente con mezclas al 30% de algas. Paralelamente, se desarrollaron bioestimulantes orgánicos para cultivo *in vitro* de fresa (*Fragaria* sp.), utilizando extractos acuosos de las mismas especies. Se establecieron protocolos de micropropagación, donde *C. chamissoi* al 25% mostró la mayor tasa de multiplicación (2.5%), y *Ulva* sp. promovió la mayor elongación sin contaminación microbiana. En el campo farmacológico, se ejecutó una bioprospección de esponjas marinas en Paracas y San Juan de Marcona, identificando 20 especies, incluidas algunas nuevas para la ciencia. Se evaluaron 133 fracciones de extractos, de las cuales el 78.9% mostró actividad antibacteriana frente a patógenos como *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*. Destacaron los géneros *Haliclona*, *Suberites* y *Cliona* por su potencial bioactivo. Estos hallazgos evidencian el valor científico y biotecnológico de los recursos marinos peruanos, promoviendo su conservación y uso sostenible, y abriendo nuevas oportunidades para el desarrollo de bioinsumos agrícolas y compuestos con aplicaciones en salud humana.

Palabras clave: actividad antibacteriana, agroindustria, bioprospección, sostenibilidad marina

Financiamiento: Programa Nacional de Innovación en Pesca y Acuicultura (PNIPA) y Universidad Científica del Sur

MICROALGAS EN BIOTECNOLOGÍA AZUL: DESDE LA OBTENCIÓN HASTA LA CARACTERIZACIÓN DE CEPAS CON APLICACIONES INDUSTRIALES

Hanna Elizabeth Hernández Acevedo*, Carla Patricia Aguilar Samanamud

Banco de Germoplasma de Organismos Acuáticos (BGOA), Área Funcional de Investigaciones en Acuicultura (AFIA), Dirección General de Investigaciones en Acuicultura (DGIA), Instituto del Mar del Perú (IMARPE).

hhernandez@imarpe.gob.pe (Elizabeth Hernández)

Las microalgas representan un recurso fundamental en biotecnología azul debido a su versatilidad metabólica y rápido crecimiento, permitiendo la producción sostenible de compuestos de alto valor como β-caroteno, ácidos grasos poliinsaturados y proteínas. Los estudios del Banco de Germoplasma de Organismos Acuáticos (BGOA) del IMARPE demostraron el potencial de cepas microalgales peruanas: *Dunaliella* (IMP-BG-001) produjo 8.64 pg β-caroteno/célula bajo estrés salino, *Prorocentrum micans* (IMP-BG-036) alcanzó 63 mg DHA/g, y *Skeletonema costatum* presentó 30% de proteínas. El BGOA identificó estas cepas, entre otras, mediante bioprospección, cultivos optimizados en sistemas abiertos y cerrados, y análisis moleculares (filogenéticos). Estas investigaciones destacan desafíos como los altos costos de producción y la necesidad de mejorar la eficiencia en los procesos. Como alternativa, se propone implementar modelos de economía circular, utilizando aguas residuales y CO_2 industrial para hacer más sostenible la producción. Las cepas caracterizadas tienen aplicaciones en tres áreas estratégicas: (1) nutracéuticos (antioxidantes como β-caroteno), (2) biocombustibles (por su alto contenido lipídico) y (3) acuicultura (como alimento enriquecido con EPA y proteínas). Para su escalamiento industrial, se recomienda optimizar los protocolos de cultivo, establecer marcos regulatorios claros bajo el Protocolo de Nagoya y desarrollar políticas que promuevan la sostenibilidad ambiental. Estos recursos representan una oportunidad para el desarrollo de la economía azul en Perú, con potencial para contribuir a la seguridad alimentaria mediante dietas acuícolas mejoradas y a la mitigación ambiental a través de la biorremediación. Su implementación exitosa requerirá la articulación entre la investigación científica, el sector productivo y las políticas públicas.

Palabras clave: bioactivos, metabolitos, potenciales, valorización

Financiamiento: Presupuesto por Resultados: PpR "Ordenamiento y Desarrollo de la Acuicultura" (DGIA/IMARPE).

CULTIVO DE MACROALGAS MARINAS Y BIOTECNOLOGÍA AZUL EN EL PERÚ: INNOVACIÓN PARA LA SOSTENIBILIDAD Y EL DESARROLLO COSTERO

Paul Martin Baltazar Guerrero[1,2*], Arturo Mires Reyes[2], Max Castañeda Franco[2]

[1]Carrera de Biología Marina, Facultad de Ciencias Veterinarias y Biológicas, Universidad Científica del Sur, Lima 15067, Perú.
[2]Grupo de Investigación en Acuicultura Sostenible (GIAS); Laboratorio de Investigación en Cultivos Marinos (LICMA), Dirección General de Investigación, Desarrollo e Innovación, Universidad Científica del Sur, Lima 15067, Perú.

pbaltazar@cientifica.edu.pe (Paul Martin Baltazar)

El cultivo de macroalgas en el Perú ha cobrado relevancia dentro de la biotecnología azul ante el aumento de la demanda industrial y la sobreexplotación de praderas naturales. En este marco, se desarrollaron investigaciones para establecer técnicas de cultivo para dos especies de macroalgas rojas (*Chondracanthus chamissoi* y *Gracilariopsis lemaneiformis*) y una parda (*Macrocystis pyrifera*). El objetivo fue optimizar los métodos de producción de plántulas y evaluar diferentes sistemas de cultivo en el mar. La metodología incluyó técnicas de propagación vegetativa y esporulación inducida, combinando condiciones controladas en laboratorio con sistemas de cultivo en campo. Se generaron unidades de cultivos inoculados con frondas vegetativas y plántulas juveniles, fueron germinadas y mantenidas en laboratorio y luego sembradas en mar (líneas suspendidas y semifondo). Los resultados muestran rendimientos de 980 ± 180 g por metro lineal para *C. chamissoi* y 1,250 ± 220 g para *G. lemaneiformis* tras tres meses de cultivo por propagación vegetativa. En el caso de *M. pyrifera*, se alcanzaron pesos promedio por individuo de 1,535 ± 208 g posterior al año de su siembra. Las técnicas empleadas son replicables, escalables y con potencial para reducir la presión sobre bancos naturales. Se destaca la importancia de promover la innovación tecnológica en el cultivo y desarrollo de productos de valor agregado a partir de macroalgas, aplicables en sectores como la agricultura, la farmacéutica, la cosmética y la nutrición. Estas experiencias demuestran que el cultivo sostenible de macroalgas es una alternativa viable dentro del desarrollo azul del Perú.

Palabras clave: biofertilizantes, maricultura, sostenibilidad ecológica, valor agregado.

Financiamiento: diversos proyectos del INNOVATE, PNIPA, FAO y Universidad Científica del Sur

ENFOQUE POLIFÁSICO EN LA TAXONOMÍA DE ESTREPTOMICETOS MARINOS PRODUCTORES DE COMPUESTOS BIOACTIVOS: AVANCES Y LECCIONES APRENDIDAS

Raul Olaechea Alejo1*, Ulrike Tarazona Janampa2, Wilbert Serrano Huiñocana

1 Universidad Científica del Sur, Grupo de investigación: Comunidades acuáticas, Laboratorio de investigación Húmedo Experimental, Lima, Perú.
2 Leibniz Institute DSMZ - German Collection of Microorganisms and Cell Cultures GmbH, Braunschweig, Germany.

rolaecheaa@cientifica.edu.pe (Raul Olaechea)

Los estreptomicetos marinos, un grupo diverso dentro del phylum Actinomycetota, destacan por su capacidad para producir metabolitos secundarios de alto valor biotecnológico. A diferencia de sus contrapartes terrestres, estos microorganismos habitan ambientes marinos con condiciones extremas y variables, lo que impulsa adaptaciones metabólicas únicas y la generación de compuestos bioactivos novedosos. La identificación y clasificación precisa de estos estreptomicetos requiere un enfoque taxonómico polifásico que combine análisis fenotípicos, fisiológicos, bioquímicos y quimiotaxonómicos, junto con técnicas de bioprospección orientadas a detectar metabolitos con potencial biotecnológico. En el ámbito genotípico, la taxonomía moderna integra el análisis del gen 16S ARNr y la secuenciación del genoma completo (WGS), con énfasis en la identificación y anotación de clústeres de genes biosintéticos (BGCs) responsables de la biosíntesis de metabolitos secundarios. Este enfoque integral facilita una clasificación robusta y reproducible, además de permitir la exploración eficiente de la diversidad genética y metabólica. Se discuten los principales desafíos enfrentados, como la variabilidad fenotípica, la interpretación de datos genómicos y la integración multidisciplinaria de resultados, junto con las estrategias implementadas para superarlos. Este trabajo ofrece una visión actualizada y aplicable sobre la clasificación de estreptomicetos marinos, subrayando su importancia en la búsqueda de nuevos recursos biotecnológicos para la ciencia y la industria.

Palabras clave: Actinomicetos, caracterización fenotípica, caracterización genotípica, clasificación taxonómica, metabolitos secundarios

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIBIOPELÍCULA DE LAS BACTERIAS ASOCIADAS A *SUBERITES* AFF. *LATUS* (PORIFERA, DEMOSPONGIAE) DE LA PLAYA LOS YUYOS, LIMA-PERÚ

Alison Martina Boulangger Rumiche[1*], Grace Brenda Sophie Eslava Salazar[1+], Báslavi Cóndor Luján[2], María Elena Salazar Salvatierra[1]

[1]Grupo de investigación BIOBACT, Departamento Académico de Microbiología y Parasitología Básica, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.
[2]Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

alison.boulangger@unmsm.edu.pe, +grace.eslava@unmsm.edu.pe

La formación de biopelículas en superficies hospitalarias representa un desafío significativo en el ámbito de la salud, ya que estas confieren resistencia a diversos desinfectantes y facilitan la persistencia de infecciones nosocomiales. En ese contexto, las bacterias asociadas a invertebrados marinos, como las esponjas, se han posicionado como una fuente prometedora de compuestos con actividad antibiopelícula. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antibiopelícula de las bacterias asociadas a la esponja *Suberites* aff. *latus* de la playa Los Yuyos (Barranco, Lima) mediante un enfoque descriptivo, transversal y prospectivo. La metodología incluyó el aislamiento bacteriano a partir de muestras de esponja, la caracterización microbiológica, la evaluación de actividad antibacteriana mediante difusión en pozos de agar, y la determinación de actividad antibiopelícula mediante microtitulación en placa. Se aislaron 91 cepas, todas crecieron a 25, 28 y 37 °C, excepto a 4 y 45 °C a las 24 horas. Además, su crecimiento fue inhibido a pH 4 y 10, así como a una adición de salinidad del 20 y 30%. No se halló actividad antibacteriana frente a *Bacillus cereus* ATCC 14579, *Escherichia coli* ATCC 25922, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 y *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853, resultado también reportado para bacterias asociadas a esponjas antárticas [1]. Sin embargo, 31 aislados mostraron inhibición superior a 80% en la formación de biopelículas de *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 y *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853, destacando su potencial como agentes anti-biofilm. Se evidencia que existen bacterias asociadas a *Suberites* aff. *latus* con potencial biotecnológico para el desarrollo de nuevas estrategias preventivas y de tratamiento relacionadas a biopelículas en entornos hospitalarios e industriales.

Palabras clave: bioactividad, esponja, invertebrados marinos, recursos marinos

[1] Rizzo C, Zammuto V, Lo Giudice A, Rizzo MG, Spanò A, Laganà P, et al. Antibiofilm Activity of Antarctic Sponge-Associated Bacteria against *Pseudomonas aeruginosa* and *Staphylococcus aureus*. J Mar Sci Eng. 2021 Feb; 9(3):243. doi: 10.3390/jmse9030243

Biodiversidad y Ecología

CARACTERÍSTICAS FISICOQUÍMICAS Y MICROBIOLÓGICAS DE LAS TURBERAS DE AGUAJALES DEL HÁBITAT DE *Vanilla pompona* EN SAN MARTIN

Silvia Agüero-Aguilar [1,2], Raúl Blas Sevillano[1], Mario Alaluna Agüero[2]

[1]Facultad de Agronomía, Instituto de Biotecnología (IBT). Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú

[2]Instituto de Biología del Suelo SAC (IBS), Lima Perú

agueroaguilarsilvia@gmail.com (Silvia Aguero Aguilar)

Los bosques inundados de la amazonia peruana son sumideros de carbono, caso turberas, hábitat de *Mauritia flexuosa* "aguaje" tutor para *Vanilla pompona* , que aprovecha la toma de nutrientes en sus raíces terrestres. El objetivo de la investigación fue identificar propiedades fisicoquímicas y microbiológicas de las turberas en la que crece y desarrolla *V. pompona*. Se eligieron dos localidades: Yantaló (5º58'9.4"S, 77º1'24.9"E) y Tingana (5º53'52"S, 77º7'39"E), departamento San Martin. En Setiembre del 2023, se muestrearon cinco puntos por localidad, siendo de 0-20 cm de profundidad al pie del aguaje. En el Laboratorio del Instituto Valle Grande (Cañete) se realizaron los análisis fisicoquímicos de pH, Conductividad eléctrica, P ppm, %materia orgánica, capacidad de intercambio catiónico (CIC), K ppm, microelementos Cu, Zn, Mn, Fe y B. En el IBS las muestras se procesaron para determinar %Humedad gravimétrica (H.G) y la población microbiana (UFC/g suelo seco) cultivándose según el pH y peso seco de turbera. Los resultados para Yantaló y Tingana respectivamente fueron: pH 4.84 y 4.41, C.E. 0.57 y 0.43 dS/m, P 116.44 y 72.06 ppm, K 1426 y 689 ppm, materia orgánica 57.85 – 89.86%, CIC 33.44 y 26.53 meq/100 g, Cu 1.83 y 0.97 ppm, Zn 23.02 y 22.65 ppm, Mn 96.22 y 113.65 ppm, Fe 870.55 y 701.81 ppm, B 10.85 y 11.24 ppm, H.G 254 y 662%, bacterias totales 1.8×10^7 y 1.4×10^7 UFC/g.s.s, hongos totales 2.1×10^5 y 1.9×10^5 UFC/g. s.s. Las condiciones de alta materia orgánica y pH fuertemente acido, son característicos de turberas amazónicas limitando la disponibilidad de fosforo y microelementos para la nutrición de la vainilla. En futuras investigaciones se pueden relacionar como la población microbiana de las turberas influyen en la relación C/N, carbono microbiano al suelo (C-BMS kg-1C) y ciclaje de nutrientes (N, P, K y S) respecto a *V. pompona*.

Palabras claves: Materia orgánica; nutrición mineral, suelos, microbiología del suelo

Financiamiento: Instituto de Biología del Suelo SAC

CONTRIBUCIÓN AL CONOCIMIENTO SISTEMÁTICO DE LAS ESPECIES PERUANAS DE *Microlophus* (REPTILIA: SQUAMATA)

César Aguilar-Puntriano[1,2], Ernesto Alvarado[1,2], Ernesto Castillo[1,2], Alicia Diestro[3], Esther Salazar[1,2,3],

[1]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[2]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3]Laboratorio de Entomología Médica & Veterinaria, Facultad de Biología, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú

caguilarp@unmsm.edu.pe (César Aguilar Puntriano)

Las lagartijas del género *Microlophus* se dividen en dos grupos de especies, *occipitalis* y *peruvianus.* El grupo "*peruvianus*" se distribuye desde Ecuador hasta Chile, mientras que el grupo *occipitalis* desde Ecuador hasta el departamento de Ancash en Perú. Los límites entre especies y poblaciones en el grupo *peruvianus* son relativamente claros en el norte y centro de Perú; sin embargo, en el departamento de Arequipa resultan ambiguos, asignándose algunas poblaciones a *M.* cf. *tigris* o *M. peruvianus*. Los objetivos del presente estudio son realizar un análisis preliminar de delimitación de especies del grupo *peruvianus* y reportar un nuevo registro geográfico de *M. occipitalis*. Se llevó a cabo un análisis filogenético de Máxima Verosimilitud (ML) y de delimitación de especies basadas en secuencias del gen cyt-b, complementando con una comparación del patrón de coloración. Se registró a *M. occipitalis* para el departamento de Ica, extendiendo su distribución sur de la especie en 477 Km en línea recta. El árbol de ML muestra a los individuos de Arequipa formando un clado más estrechamente relacionado con *M. heterolepis* que con *M. peruvianus* o *M. tigris*. Los resultados de ASAP reconocen al clado de Arequipa como una partición separada, con un patrón de coloración distinto en comparación con otras especies del grupo *peruvianus*. Este estudio aporta nuevo conocimiento sistemático sobre *Microlophus* que se asumía bastante conocida.

Palabras clave: saurios, costa del Pacífico, taxonomía integrativa,

Financiamiento: PCONFIGI 2023-2025

IDENTIFICANDO LA PROCEDENCIA DE UNA ESPECIE ALTAMENTE MIGRATORIA USANDO ADNMT: DIVERSIDAD HAPLOTÍPICA DE LA TORTUGA VERDE EN VIRRILÁ, PIURA

Valery Alcantara-Cabrera[1,3], Deivis Cueva[1], Paul Guarnizo[1], Bryan Llatance-Salazar[3], Javier Quiñones-Dávila[2], Giovanna Sotil[1,3]

[1]Laboratorio de Genética Molecular, Instituto del Mar del Perú (IMARPE). Callao, Perú.

[2]Oficina de Depredadores Superiores, Instituto del Mar del Perú (IMARPE). Callao, Perú.

[3]Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú.

valery.alcantara@unmsm.edu.pe (Valery Alcantara-Cabrera)

La tortuga verde del Pacífico Este *Chelonia mydas agassizii* es una especie marina longeva, predominantemente herbívora, pero en fases juveniles omnívora, altamente migratoria, que habita en aguas tropicales y templadas. Las hembras presentan filopatría, lo que origina linajes maternos diferenciados entre zonas de anidación y permite definir distintos stocks reproductivos. En su etapa juvenil, las tortugas recorren miles de kilómetros hacia zonas de alimentación, generando poblaciones mixtas cuyo origen resulta difícil de rastrear. Además, está clasificada como En Peligro por la UICN, siendo importante la implementación de herramientas moleculares para entender su conectividad y apoyar su conservación. En este estudio, se presenta el procedimiento para la identificación de haplotipos mitocondriales (ADNmt) en *C. mydas* del estuario de Virrilá (Piura), importante sitio de alimentación en el Perú. A partir de muestras de piel (~0.2 cm^3), obtenidas durante monitoreos de campo (2019-2025), se extrajo el ADN y amplificó la región control del ADNmt. Las secuencias obtenidas (n=156) fueron comparadas con un repositorio local (Laboratorio de Genética Molecular del IMARPE), y con bases de datos internacionales (NOAA y GenBank). Los haplotipos identificados fueron nombrados y asignados a zonas de anidación siguiendo un sistema estandarizado para el Pacífico. Los haplotipos de mayor frecuencia fueron CmP 4.6, CmP 4.7 y CmP 4.1, con procedencia reportada en islas Revillagigedo y Michoacán en el Pacífico Mexicano, Costa Rica y Galápagos (Pacífico Oriental). Además, se identificaron haplotipos provenientes del Pacífico Central y Occidental (Polinesia y Micronesia), pero en menor frecuencia. Esto se correspondió con una discriminación por la coloración de caparazón. Así se establece un procedimiento estandarizado, útil para determinar la procedencia de tortugas, y realizar monitoreo migratorio a largo plazo.

Palabras clave: genética poblacional, migración, conservación, UICN

Financiamiento: PpR Ordenamiento y desarrollo de la acuicultura. Ministerio de la Producción, 2024-2025

ECOMORFOLOGÍA DEL APARATO LOCOMOTOR DE SEIS ESPECIES DE LAGARTIJAS (SQUAMATA) DEL GÉNERO *Microlophus* (DUMÉRIL Y BIBRON, 1837)

Ernesto Alvarado[1,2], Ernesto Castillo[1,2], Esther Salazar[1,2], César Aguilar-Puntriano[1,2]

[1]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias

Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[2]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

wensslao@gmail.com (Ernesto Alvarado)

El género *Microlophus* (Tropiduridae) agrupa lagartijas ampliamente distribuidas en la costa del Pacífico sudamericano, caracterizadas por variaciones interespecíficasen el uso de hábitats y sustratos. El objetivo de este estudio fue comparar características de las extremidades y la forma de las garras entre poblaciones de seis especies de *Microlophus* (*M. occipitalis*, *M. quadrivittatus, M. peruvianus*, *M. thoracicus*, *M. theresiae* y *M. tigris*), y asociarlos con el uso relativo de hábitats (Playa, Quebrada, Desierto, Loma y Bosque) y sustratos (Arena, Tierra, Roca, Tronco, Ramas y Grava) registrados para las poblaciones evaluadas por la literatura científica o en campo a partir de avistamientos. Las medidas de las extremidades se registraron con calibrador digital, y las garras se fotografiaron para digitalizar landmarks y semilandmarks. Los análisis de morfometría lineal y geométrica se realizaron en Past y R, incluyendo análisis generalizado de Procrustes, alometría, varianza por distancias Procrustes y mínimos cuadrados parciales. Los resultados muestran que las especies con mayor similitud ecológica también muestran patrones morfológicos similares. *Microlophus occipitalis*, *M. quadrivittatus,* y *M. tigris* presentaron un mayor uso relativo del sustrato de Roca que covaría con una mayor longitud de los antebrazos, brazos y muslos; así como garras más cortas, altas y curvadas. Mientras que *M. peruvianus*, *M. thoracicus*, y *M. theresiae* mostraron mayor uso relativo del sustrato de Arena que covaría con una mayor longitud de pies, canillas y manos, así como garras alargadas y con poca curvatura. Estos patrones morfológicos observados son consistentes con adaptaciones ecológicas descritas previamente en saurios.

Palabras clave: Morfología, locomoción, adaptación, Tropiduridae

Financiamiento: PCONFIGI 2023-2024

ESTUDIO DE LA MORFOLOGÍA GEOMÉTRICA TRIDIMENSIONAL DEL CRÁNEO EN CUATRO ESPECIES DE LAGARTIJAS DEL GÉNERO *Microlophus* (DUMÉRIL Y BIBRON, 1837)

Ernesto Alvarado[1,2], Ernesto Castillo[1,2], Esther Salazar[1,2], César Aguilar-Puntriano[1,2]

[1]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[2]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

wensslao@gmail.com (Ernesto Alvarado)

Las lagartijas del género *Microlophus* (Tropiduridae) se distribuyen desde Ecuador hasta Chile. Dentro del grupo *peruvianus*, cuatro especies simpátridas muestran diferencias en la proporción de materia vegetal consumida según la literatura: *M. thoracicus*, *M. theresiae*, *M. peruvianus* y *M. tigris*. El presente estudio compara la forma de la cabeza y del cráneo de machos mediante morfometría geométrica tridimensional (3D), con el objetivo de inferir si las diferencias morfológicas están relacionadas con la dieta. Además, se evaluó la modularidad del cráneo para determinar si las fenestras supratemporales (por donde pasan los músculos del complejo abductor mandibular, asociados a la fuerza de mordida) constituyen una unidad independiente del resto del cráneo. Los modelos 3D fueron generados mediante escaneos de superficie con un TranscanC (Shining 3D) y procesados en 3DSlicer. Se colocaron landmarks fijos y semilandmarks siguiendo curvas relevantes. El análisis morfométrico incluyó GPA, alometría, distancias de Procrustes y Mahalanobis, análisis de componentes principales y pruebas de modularidad, implementados en R mediante los paquetes geomorph y Morpho. Los resultados indican que *M. thoracicus* presenta una forma craneal y de las fenestras diferenciada respecto a las otras especies, consistente con su dieta predominantemente herbívora. Esta divergencia se refleja tanto en la forma del cráneo completo como en la cabeza y es congruente con los resultados de estudios ecomorfologícos en otros saurios. Las fenestras supratemporales y el cráneo son estructuras modulares con baja integración, cada uno podría responder a la dieta o la fuerza de mordida como presión selectiva de forma independiente entre sí.

Palabras clave: Ecomorfología, dieta, integración y modularidad, Tropiduridae

Financiamiento: PCONFIGI 2023-2024

AVISPAS DE DARWIN (HYMENOPTERA: ICHNEUMONIDAE) DE LIMA METROPOLITANA, UNA VISTA AL PASADO Y PRESENTE

Mabel Alvarado, Iran Urdanegui-Rodriguez, Luis Figueroa, Lita Inga, Meiss Lozano-Trelles, Emmy Fiorella Medina-Espinoza, Nilver Zenteno, Fernando Paz.

Departamento de Entomología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Jesús María 15072, Lima, Perú.

malvaradog@unmsm.edu.pe

Lima metropolitana (LM) ha cambiado en las últimas décadas, el casco urbano ha reemplazado las antiguas zonas de cultivo, esto podría haber causado cambios en la comunidad Ichneumonidae. Para determinar si estas avispas cambiaron su composición al pasar de los años, se revisó: (1) datos bibliográficos; (2) muestras depositadas en el Museo de Historia Natural (MUSM), colectadas desde la década de 1930 hasta 2020; y, (3) muestras colectadas en siete distritos (marzo 2021 a febrero 2022). En la bibliografía solo se registra a *Compsocryptus fuscofasciatus* (Bulle) con localidad tipo Callao, *Itoplectis phoenogaster* Porter de Miraflores, en campos de algodón y *Anomalon sinuatum* (Morley) de Lima y Jesús María; de las otras seis especies solo mencionan a Lima, pero carecen de detalles de distritos y elevación por lo que podrían o no haber ocurrido en LM. En las muestras depositas en el MUSM se revisó 108 especímenes en 17 especies. Durante el muestreo reciente se colectó a 289 especímenes en 19 especies. En total se revisaron 397 especímenes, correspondientes a 36 especies/morfoespecies: once especies fueron identificadas hasta especie, tres son nuevos registros para Perú (*Leurus caeruliventris* (Cresson, 1868), *Pristomerus spinator* (Fabricius, 1804), *Temelucha hilux* Gauld, 2000) y cuatro son especies nuevas en los géneros *Clistopyga, Cymodusa, Pimpla* y *Zagryphus*. LM alberga numerosas especies de Ichneumonidae, la mayoría se registra por primera vez para la ciudad, varias son nuevas para la ciencia y a pesar del esfuerzo de muestreo reciente, no se colectaron en las últimas décadas a *C. fuscofasciatus* y *I. phoenogaster*, que podría sugerir una extinción local.

Palabras clave: Parasitoides, especies urbanas, biodiversidad

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación y Posgrado de la UNMSM, R.R.005753-2021-R/UNMSM, B21101661

ESTRUCTURA COMUNITARIA DE LA MEIOFAUNA EN HÁBITATS BENTÓNICOS PROFUNDOS DEL MARGEN NORESTE DE LA PENÍNSULA ANTÁRTICA

Víctor Aramayo[1,2] Luis Quipúzcoa[2] Robert Marquina[2] Dennis Romero[2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, P.O. BOX 1898, Lima 100, Perú.

[2]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, P.O. BOX 22, Callao, Perú.

varamayon@unmsm.edu.pe

Durante la campaña ANTAR XXV del Perú (enero de 2017, verano austral), se recolectaron núcleos de sedimento en tres estaciones a lo largo del margen noreste de la Península Antártica (talud medio: 325.2 y 357.1 m; talud profundo: 492.7 m). Los núcleos fueron seccionados en intervalos de 1 cm hasta una profundidad de 5 cm, y se evaluó la biodiversidad de la meiofauna (organismos retenidos en 63 µm). La riqueza taxonómica total alcanzó su punto máximo en las estaciones del talud medio (76 y 72 taxa), pero disminuyó a 37 taxa en la estación del talud profundo. Las abundancias de meiofauna oscilaron entre 537 y 1013 individuos por 10 cm², con nemátodos de vida libre representando más del 70 % del total de individuos, seguidos por artrópodos y anélidos. Los perfiles verticales revelaron mayores abundancias en las secciones subsuperficiales, y los artrópodos (ostrácodos, copépodos harpacticoides), quinorrincos y moluscos contribuyeron notablemente en profundidad, aunque no explicaron los cambios generales en la composición de la comunidad. El análisis de los modos alimentarios de los nemátodos demostró la coexistencia de detritívoros selectivos y no selectivos, depredadores y raspadores epistratos a lo largo de la columna sedimentaria y entre estaciones, lo que sugiere un reparto efectivo del microhábitat y variabilidad trófica en este grupo. El marcado predominio y la diversidad funcional de los nemátodos subrayan su adaptabilidad ecológica frente a condiciones variables de oxígeno. Este estudio establece una línea base cuantitativa de la biodiversidad de la meiofauna en el talud continental de la Península Antártica y proporciona un marco para futuras investigaciones sobre los factores ambientales que regulan la dinámica de las comunidades bentónicas.

Palabras clave: Biodiversidad bentónica, nemátodos de vida libre, modos alimentarios, distribución vertical, ambientes de talud.

Financiamiento: (1) ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391). (2) Comunidades bentónicas y geoquímica del sedimento: diversidad, ecología y aplicaciones - IMARPE

VARIACIÓN GEOGRÁFICA DE LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE COMUNIDADES DE AVES EN LA AMAZONÍA PERUANA

Alejandra Arana[1,2,3,8] Letty Salinas[1,2], César Arana[2,4], Mrinalini Watsa[5], Mathias Tobler[5], Victor R. Pacheco[2,6], Jose Luis Mena[7], Jorge L. Ramirez[8]

[1]Departamento de Ornitología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[3]Royal (Dick) School of Veterinary Studies and the Roslin Institute, University of Edinburgh, UK

[4]Departamento de Ecología, Museo de Historia Natural, UNMSM, Lima, Perú

[5]San Diego Zoo Wildlife Alliance, Conservation Science and Wildlife Health, USA

[6]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, UNMSM, Lima, Perú

[7]San Diego Zoo Wildlife Alliance Peru, Cusco, Perú

[8]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

A.D.Arana-Salinas@sms.ed.ac.uk

La Amazonía peruana es una región altamente biodiversa que enfrenta graves amenazas antropogénicas, por lo que es clave analizar la variación geográfica de la diversidad filogenética de aves ya que esta refleja su potencial evolutivo. Este estudio analizó cómo varía la diversidad filogenética de las comunidades de aves amazónicas peruanas a lo largo de gradientes latitudinales y altitudinales, y cómo factores ambientales influyen en esta variación. Se consideraron variables como temperatura promedio anual, precipitación promedio anual, cercanía a centros poblados, heterogeneidad de ecosistemas y estructura del bosque. La riqueza y abundancia relativa de aves en 22 zonas repartidas en once departamentos de Perú se estimó mediante conteo de puntos no limitado a la distancia. Además, se analizó la diversidad filogenética en la familia Thraupidae, incorporando información genética obtenida mediante códigos de barras de ADN (COI) de muestras colectadas en Perú. Los resultados muestran que la diversidad filogenética disminuye con la altitud y aumenta hacia latitudes menores. Asimismo, se registró un aumento de la diversidad filogenética relacionado a temperaturas mayores y a mayores distancias de centros poblados. Para la familia Thraupidae se detectó mayor riqueza taxonómica y diversidad filogenética en áreas a mayor altitud, con menor temperatura, precipitación y altura del dosel. Se detectó que la temperatura, la altura del dosel del bosque y la heterogeneidad de la estructura del bosque son factores ambientales importantes que determinan la composición de la avifauna. La influencia de la distancia del área al centro poblado más cercano sobre la composición de las comunidades enfatiza la importancia de la protección de áreas prístinas. El presente estudio representa el análisis más completo a la fecha de la influencia de factores ambientales sobre los patrones geográficos de diversidad filogenética en aves del Perú.

Palabras clave: Bosque amazónico, gradiente altitudinal, gradiente latitudinal, riqueza

Financiamiento: VRIP-UNMSM B21100921, B24100351, PROCIENCIA/Concytec 039-2021, NORPART BiGTREE

REDUCIENDO EL DÉFICIT HAECKELIANO DE LOS RENACUAJOS (AMPHIBIA: ANURA) EXOTRÓFICOS EN PERÚ

Aranda, J.[2], Caro, F.[2], Hernández, O.[2], Huamaní, M.[2], Salazar, E.[1,2], Aguilar-Puntriano, C.[1,2,*]

[1]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias

Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[2]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

caguilarp@unmsm.edu.pe (César Aguilar Puntriano)

El déficit Hackeliano se define como la relativa escasez de conocimiento sobre los distintos semaforontes de una fracción sustancial de todas las especies conocidas. Los semaforontes son organismos que exhiben diferentes caracteres en distintas etapas del desarrollo. Los renacuajos o larvas de anuros presentan caracteres divergentes a los estadios adultos y pueden dividirse en endotróficos y exótroficos (cuya energía para el desarrollo deriva del alimento ingerido como larva libre nadadora). Este trabajo tiene como objetivo identificar y dar a conocer los tipos ecomorfológicos de renacuajos exotróficos del Perú presentes en la colección científica del Departamento de Herpetología del Museo de Historia Natural (DH-MUSM), analizando su distribución taxonómica por familias, así como su distribución geográfica por departamentos y ecorregiones. Se clasificaron los ecomorfotipos utilizando un microscopio con cámara incorporada, y la información sobre distribución se obtuvo de base de datos del DH-MUSM. Los renacuajos de Hemiphractidae, Leptodactylidae y Microphylidae son solamente del gremio Léntico-Lótico, y Centrolenidae solamente Fosorial. Bufonidae, Hylidae y Telmatobiidae presentan también especies del gremio Lótico Especializado mientras que Dendrobatidae también del gremio Terrestre. El gremio Léntico-Lótico está más distribuido en el territorio peruano tanto en ecorregiones como en departamentos que los otros gremios de renacuajos. Este trabajo es el primero en documentar los tipos ecomorfológicos larvales a nivel nacional y de esta forma contribuye a reducir el déficit Hackeliano de las larvas de anuros.

Palabras clave: Renacuajos, ecomorfología, distribución, Perú, colección herpetológica.

Financiamiento: PICV-UNMSM 2025

HÁBITOS ALIMENTARIOS DEL PEZ GUITARRA DEL PACÍFICO (*Pseudobatos planiceps* [GARMAN, 1880]), CHORRILLOS, LIMA-PERÚ

Solís, Ariana A.[1]; & Palomino Ramos, Alfredo. R.[1], Coasaca- Céspedes, Javier J. [2]

[1]Facultad de Ciencias Veterinarias y Biológicas, Carrera de Biología Marina, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú

[2] Facultad de Biología, Escuela de Posgrado, Maestría de Ecología Aplicada, Universidad Nacional Agraria La Molina

arisolist@gmail.com (Ariana Andrea Solís Torres)

El pez guitarra del Pacífico (*Pseudobatos planiceps*) es una especie clasificada como vulnerable debido a la presión ejercida por la pesca y la captura incidental. Este proyecto de investigación parte de la necesidad de analizar los hábitos alimentarios de esta especie para entender sus interacciones tróficas. Para ello, se recolectarán muestras de desembarques en el terminal de Chorrillos en temporada fría y cálida, las cuales serán procesadas en laboratorio mediante análisis de contenido estomacal y técnicas de identificación taxonómica de las presas. Posteriormente, estos datos se analizarán para identificar la dieta principal y su variación estacional, así como la posición trófica de la especie. Este estudio es relevante no solo para la comprensión ecológica de la especie, sino también para su gestión sostenible, contribuyendo a la conservación de los ecosistemas marinos del Perú.

Palabras clave: Análisis estomacal, Dieta estacional, Conservación marina, Interacciones tróficas.

Financiamiento: No especificado.

MOSCAS INVISIBLES: PRIMEROS DATOS MOLECULARES DE STREBLIDAE (DIPTERA) ASOCIADOS A MURCIÉLAGOS EN EL PERÚ

Edith Arias[1], Aaron Mondagron[1], David López[1], Anthony Almeyda[2,3], Jhon Chero de la Cruz[1]

[1]Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Bioacoustic Analysis Team SAC.

[3]Asociación Neotropical Primate Conservation Perú.

edith.arias@unmsm.edu.pe (Edith Arias Arone)

Las moscas estreblidas (Diptera: Streblidae) son ectoparásitos obligados de murciélagos, altamente especializados y con patrones de especificidad hospedatoria. En el Perú, su diversidad ha sido poco explorada, especialmente en zonas de bosque premontano, y la mayoría de los estudios se han basado únicamente en características morfológicas. Con el objetivo de evaluar su diversidad molecular, se recolectaron 45 estreblidos asociados a cinco especies de murciélagos filostómidos: *Carollia perspicillata, C. brevicauda, Artibeus lituratus, A. planirostris* y *Phyllostomus hastatus*, en la Concesión de Conservación Yantaló (San Martín). Las muestras fueron preservadas en alcohol al 96% para su posterior análisis molecular mediante el gen COI. A través del enfoque de ADN barcoding, se identificaron seis especies con alta confiabilidad (100%): *Paratrichobius longicrus, Strebla guajiro, Aspidoptera phyllostomatis, Megistopoda aranea, Speiseria ambigua* y *Trichobius longipes*, además de otros ejemplares determinados solo a nivel genérico. El análisis filogenético por el método de Maximum Likelihood (ML) reveló nueve MOTUs, lo que sugiere una diversidad genética subestimada. Estos resultados resaltan el valor de las herramientas moleculares para profundizar en el conocimiento de la diversidad de Streblidae en ecosistemas neotropicales.

Palabras claves: DNA barcoding, ectoparásitos, diversidad genética, bosques premontanos.

Financiamiento: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, bajo el número de subvención (PE501090933-2024) y del Concurso E033-2023-01-BM “Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado”, bajo el número de subvención (PE501084299-2023).

ANÁLISIS DE PATRONES ESPACIALES EN POBLACIONES DE *Tillandsia latifolia* MEYEN DEL ECOSISTEMA SEMIDESÉRTICO DE CERRO PIEDRA CAMPANA, CAÑETE, LIMA

Jack Barboza Saldaña[1], Cesar Arana Bustamante[1], Irbin B. Llanqui[2]

[1]Departamento de Ecología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[2]Escuela Profesional de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

jack.barboza@unmsm.edu.pe

En ecosistemas áridos, la vegetación puede organizarse en patrones espaciales como bandas o parches separados por suelo desnudo. Con el fin de identificar los factores abióticos que influyen en la formación de los patrones de vegetación se realizó un análisis de estos en poblaciones de *Tillandsia latifolia* que se encuentran en la localidad de Cerro Piedra Campana, Cañete, Lima. Para ello se evaluaron 30 parcelas aleatorias de 10 x 10 m, 15 en una zona con presencia de patrones y 15 con ausencia de patrones. Se tomaron medidas de temperatura y humedad (dentro y fuera del tillandsial), pendiente, abundancia, tamaño y número de parches. Con los datos obtenidos se construyó una matriz con variables abióticas y bióticas, a partir de la cual se realizaron análisis de regresión de Poisson y logística, tomando como variables dependientes al número de plantas/parches y presencia/ausencia de plantas respectivamente. El modelo de Poisson mostró que humedad y pendiente ($p<0.001$, $R^2 = 0.3258$) se relacionan con el número de parches solo en zonas sin patrones. Por su parte, el modelo de regresión logística evidenció que la temperatura dentro y fuera del tillandsial; y la pendiente están relacionadas significativamente con la presencia de patrones ($p<0.001$, $R^2=0.3961$). En suma, nuestros hallazgos nos dan indicios que el cambio climático jugaría un rol importante en la formación de estos patrones puesto que la temperatura resultó ser un factor significativo en la autoorganización y formación de patrones de *Tillandsia latifolia*.

Palabras clave: pendiente, cambio climático, patrones de vegetación, tillandsial

Financiamiento: PCONFIGI 2023 B23100261

EVALUACIÓN DEL CIERRE TEMPORAL DE LAS ISLAS GRUPO DE PESCADORES ANCÓN, DIRIGIDO AL RECURSO *PULPO,* REALIZADO POR MARISQUEROS MEDIANTE AUTOGESTIÓN

Mariana Barros Dunning[1], Juan Arguelles Torres[2], Matias Caillaux Campbell [3]

[1]Puerto Inca 250, Santiago de Surco, Lima, Perú

[2]Departamento de Hidrobiología y Pesquería, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM

[3]The Nature Conservancy, Lima, Perú

jarguellest@unmsm.edu.pe

Octopus mimus se distribuye en el infralitoral desde Tumbes (Perú) hasta la Bahía San Vicente en Chile. Sus abundancias altamente variables, generan frecuentemente altos pulsos de reclutamiento, los cuales generalmente son desaprovechados por incumplimiento de normativas pesqueras, generando desembarques de ejemplares con pesos menores al mínimo de extracción (1kg), ocasionado daños bioecológicos y una disminución de su rentabilidad. Para evitar estos perjuicios, han surgido acciones de autogestión. El presente estudio analiza la iniciativa de autogestión (prohibición de extracción) realizada por marisqueros de Ancón-Lima durante diciembre 2019-febrero 2020, con el objetivo de determinar los sobre la estructura poblacional. Durante este período se efectuaron tres monitoreos en las Islas Grupo de Pescadores. Mediante buceo semiautónomo en transectos (20 m²), se determinó la densidad y presencia de hembras en postura en 34 estaciones de muestreo. Además, abordo se determinó la talla y peso (excepto hembras en postura), regresándose posteriormente los ejemplares vivos al mar. Los resultados evidenciaron un aumento de la abundancia y biomasa del pulpo. Durante los dos primeros monitoreos se registraron una alta presencia de ejemplares menores al kg (96% y 85% respectivamente); mientras que, en el tercero el 50% presentaron pesos iguales o mayores al kg de peso, de los cuales el 41% pesaron más de 1,2 kilos. Además, a diferencia de los monitoreos anteriores, se registraron 30 hembras en postura. La autogestión posibilitó el incremento en peso debido a la reducción significativa de la pesca incrementando la posibilidad de alcanzar mayores tamaños e incluso aumentar la biomasa desovante. Dada la disminución de muchos recursos bentónicos a nivel nacional debido a la extracción excesiva e incumplimiento normativo, este estudio destaca la importancia de la autogestión realizada por los pescadores, destinadas a optimizar la abundancia del recurso pulpo. Se recomienda reforzar estas actividades y ampliarlas a otros recursos en recuperación.

Palabras clave: *Octopus mimus*, crecimiento, densidad, co-manejo.

Financiamiento: No especificado.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DEL COMPLEJO *Hoplias malabaricus* EN CUENCAS HIDROGRÁFICAS DEL PERÚ

Amy Basurto-Collantes[1,3], Angela Alarcon-Guerrero[1,3], Jimena Ovalle-Rojas[2,3], Ricardo Britzke[2,3], Jorge L. Ramirez[1,3]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad acuática, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[3]Evolución Molecular de la Biota en el Perú, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

jramirezma@unmsm.edu.pe (Jorge Ramirez Malaver)

El género *Hoplias* comprende 13 especies de peces distribuidas en la región Neotropical. *Hoplias malabaricus*, ampliamente presente en las cuencas cisandinas de Sudamérica, ha sido considerada tradicionalmente una sola especie. Sin embargo, estudios recientes sugieren que corresponde a un complejo de especies, lo que resalta la necesidad de caracterizar su diversidad genética. El objetivo de estudio fue evaluar la variabilidad genética y estructura filogenética de *H. malabaricus* en cuencas peruanas. Se analizaron 30 muestras de los ríos Pachitea, Madre de Dios, Ucayali, Purús, Huallaga y Amazonas. Se amplificó el gen COI por PCR y se secuenció mediante Sanger. Las secuencias se compararon con 77 registros de BOLD Systems de países neotropicales. El análisis por Máxima Verosimilitud reveló agrupamientos y linajes diferenciados, mientras que ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning) estimó unidades evolutivamente independientes. Los resultados evidencian agrupamientos consistentes entre individuos de una misma región. Se identificaron tres grupos principales: el primero, con muestras de Puerto Bermúdez (Pachitea), Aucayacu (Marañón) y Yarinacocha (Ucayali), forma un clado con alto soporte; dentro de este, Aucayacu y Puerto Bermúdez se agrupan de manera diferenciada, mientras que Yarinacocha presenta mayor diversidad genética interna. El segundo, incluye secuencias de Yarinacocha e Iquitos (Amazonas), sin separación clara, lo que sugiere cierta conectividad genética entre poblaciones amazónicas del centro y norte del país. El tercero, reúne muestras de Madre de Dios (Madeira) y Purús, junto con secuencias de Brasil y Bolivia, reflejando similitudes regionales y señales de diferenciación local. El análisis de delimitación de especies estimó la presencia de 14 unidades evolutivamente independientes, lo que refuerza que *H. malabaricus* no constituye un único linaje en Perú. Estos resultados respaldan la diferenciación genética regional y destacan la relevancia de profundizar en estudios filogeográficos que esclarezcan su historia evolutiva.

Palabras clave: estructura filogenética, especies crípticas, delimitación de especies, cuencas cisandinas

Financiamiento: Autofinanciamiento

BIODIVERSIDAD DE HIDROMEDUSAS EN LA COSTA PERUANA (VERANO 2022 - 2023)

Yilmer Benito[1], Maribel Baylón Coritoma[1], Patricia Ayón[2].

[1]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas,

Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Instituto del Mar del Perú, Callao, Perú.

yilmerbnito.14@outlook.com

Las hidromedusas son organismos del zooplancton marino, incluidas en la clase Hydrozoa, caraterizadas por su alta riqueza específica y abundancia en los oceanos. A pesar de su importancia ecológica han sido poco estudiados en el ecosistema del mar peruano, debido a su fragil estructura corporal y la dificultad que implica ser reconocida taxonómicamente, lo que ha limitado su inclusión en estudios sistemáticos del zooplancton. Por ello, este estudio se planteó determinar la diversidad y distribución de este grupo en dos veranos bajo condiciones diferentes (verano 2022 y 2023) a lo largo del mar peruano desde las 2 hasta las 100 mn de costa. Se analizaron 437 muestras de zooplancton, que fueron recolectadas durante cruceros de evaluación de recursos pelágicos con una red Hensen de 300 µm. Las muestras fueron cuantificadas en su totalidad e identificadas hasta el nivel taxonómico mas bajo posible con ayuda de bibliografía especializada. Estos resultados preliminares revelan la presencia de 38 especies dentro de 32 géneros, siendo las especies mas abundantes *Aglaura hemistoma*, *Rhopalonema velatum, Liriope tetraphylla y Solmundella bitentaculata*. Al comparar los dos veranos, se observa que el año 2023 presentó mayor diversidad, con valores más altos en los índices de diversidad de Shannon (1.886) y Simpson (0.798) más altos y equitatibilidad de Pielou (0.560). En contraste, la abundancia total fue ligeramente mayor en 2022 (5126 individuos). Estos resultados representan una contribución importante al conocimiento de la biodiversidad del zooplancton para el mar peruano.

Palabras clave: Cnidaria, zooplancton marino, biodiversidad, taxonomía.

Financiamiento: Instituto del Mar del Perú - IMARPE

DISTRIBUCIÓN Y DIVERSIDAD DE MOLUSCOS BENTÓNICOS EN LA PLATAFORMA CONTINENTAL DE YUCATÁN, MÉXICO

Jimmy Cabrera-Flores[1], Víctor Aramayo[1,3], Daniel Pech[2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, P.O. BOX 1898, Lima 100, Perú.

[2]Laboratorio de Biodiversidad Marina y Cambio Climático (BIOMARCCA), El Colegio de La Frontera Sur, Unidad Campeche, 24500, Lerma, Campeche, México.

[3]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, P.O. BOX 22, Callao, Perú.

jcabreraf@outlook.com

Se analizó la diversidad, estructura y distribución de las comunidades de moluscos bentónicos en la plataforma continental de Yucatán; a partir de muestreos realizados durante seis años en 75 estaciones distribuidas en siete estratos de profundidad (desde 50 m hasta >300 m). Para analizar la distribución de especies se agruparon las observaciones en estratos de profundidad y se aplicaron análisis de similitud basados en la distancia Bray-Curtis utilizando el software Primer 6 para calcular porcentajes de contribución de cada especie mediante SIMPER. Se evaluaron patrones espaciales y temporales en la comunidad, con el análisis de escalamiento multidimensional (MDS), para identificar similitudes entre hábitats en función de la abundancia de especies. Además, se realizó un análisis de similitudes (ANOSIM). Finalmente, se aplicó un PERMANOVA para evaluar posibles diferencias en las abundancias de moluscos según los años y los estratos de profundidad. Bivalvia fue la clase más abundante con 691 individuos (51 %), seguida de Gastropoda con 602 (44 %), Polyplacophora con 38 (3 %) y Scaphopoda con 27 (2 %). *Corbula operculata* fue una de las especies recurrentes y dominantes durante el período de estudio. Se concluye que los moluscos bentónicos en la plataforma presentan una estructura heterogénea influenciada principalmente por la profundidad. Además, exhiben alta riqueza de especies, especialmente distribuidas en los estratos someros, junto a la dominancia de pocas especies en los estratos profundos.

Palabras clave: malacofauna, plataforma continental, Yucatán, biodiversidad.

Financiamiento: ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391)

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF *Neodiplostomum vaucheri* DUBOIS, 1983 (DIGENEA: DIPLOSTOMIDAE) FROM *Trachops cirrhosus* (SPIX, 1823) (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) IN THE SOUTHERN PERUVIAN AMAZON USING THIRD-GENERATION SEQUENCING (OXFORD NANOPORE)

Edson R. Cacique[1], Nick Barriga[2], Raul Bello[3], José Pino[4], Luis Salcedo-Mejia[5], Luis A. Ñacari[6], Celso Luis Cruces[7], Aarón Mondragón-Martínez[8], Jhon Darly Chero[1*]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de San Antonio de Abad del Cusco (UNSAAC), Av. De la Cultura, N° 733, Cusco, Perú

[3]Kawsay Biological Station, Madre de Dios, Perú

[4]Laboratorio de Reproducción y Biología de Desarrollo. Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[5]Umbrella Genomic Company, Lima, Perú

[6]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile

[7]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Lima, Perú

[8]Research and Development Department, Natural Environment S.A.C., Lima, Perú

edson.cacique@unmsm.edu.pe (Edson Cacique Molero)

Neodiplostomum vaucheri Dubois, 1983 is a digenean trematode originally described from the intestine of the woolly false vampire bat, *Chrotopterus auritus* (Peters, 1856), in the northwestern Peruvian Amazon. Decades later, it was also reported from the fringe-lipped bat, *Trachops cirrhosus* (Spix, 1823), in Ecuador. During a helminthological survey of phyllostomid bats at the Kawsay Biological Station in Madre de Dios, southeastern Peruvian Amazonia, specimens of *Neodiplostomum* Railliet, 1919 were recovered from the intestine of *T. cirrhosus*. Morphological comparisons with the holotype confirmed these specimens as conspecific with *N. vaucheri*. Phylogenetic inference supported the morphological identification, recovering the Peruvian isolate with an *N. vaucheri* isolate from another South American region within the same clade, with strong support (ML = 90; BI = 0.9587). The observed genetic divergence (4.47% under the Kimura two-parameter model and 4.27% based on uncorrected p-distances) in the partial cox1 sequence may indicate cryptic diversity, as previously noted in congeners. This represents the first integrative characterization of a digenean from a bat host in Peru, contributing to our understanding of parasite diversity in neotropical chiropterans. Furthermore, the use of third-generation sequencing technology (Oxford Nanopore) proved effective for generating reliable partial gene sequences, underscoring its applicability in molecular helminthology.

Palabras clave: Nanopore sequencing, Neodiplostomum, Fringe-lipped bat, Peruvian Amazon.

Financiamiento: Financial support from Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM) through internal resources, under R.R. 006081-R-23 and code B23100321. Edson Cacique Was supported by CONCYTEC- PROCIENCIA for the project through the 'Tesis de Postgrado y Pregrado' competition E073-2023-01, under contract No. PE501085512-2023-PROCIENCIA.

EVALUACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE ESPECIES DE *Anenterotrema* (TREMATODA, DIGENEA) QUE INFECTAN MURCIÉLAGOS FILOSTÓMIDOS EN EL SUR-ESTE DE LA AMAZONÍA PERUANA, CON LA DESCRIPCIÓN DE DOS ESPECIES NUEVAS

Edson R. Cacique[1], Luis A. Ñacari[2], Celso Luis Cruces[3], Aarón Mondragón- Martínez[4], Jhon Darly Chero[1*]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile

[3]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Lima, Perú

[4]Research and Development Department, Natural Environment S.A.C., Lima, Perú

edson.cacique@unmsm.edu.pe

El género *Anenterotrema* actualmente se encuentra incluido dentro de la familia Dicrocoeliidae (anteriormente Anenterotrematidae), comprende un total de 12 especies que parasitan exclusivamente a murciélagos neotropicales y se caracterizan por la ausencia de un sistema digestivo, lo que limita las características morfológicas disponibles para su identificación. Además, debido a que actualmente solo se cuenta con las secuencias parciales de tres especies de *Anenterotrema* (*A*. auritum, *A*. *stunkardi* y *A*. *freitasi*) de Brasil, Ecuador y Panamá, nos planteamos como objetivo evaluar morfológica y molecularmente las especies de Anenterotremas en el sur-este de la Amazonía peruana. El estudio se llevó a cabo en la estación biológica Kawsay en Madre de Dios, se colectaron un total de 35 murciélagos de los cuales siete individuos de los géneros *Carollia* y *Phyllostomus* estuvieron parasitados con alguna especie de *Anenterotrema*. Para el análisis morfológico los digeneos fueron coloreados con Acetocarmin Férrico, deshidratados en una batería de alcoholes y diafanizados con eugenol. Para la identificación molecular se usó el gen Cox1de ADNmt con secuenciamiento de tercera generación (Oxford Nanopore). Los resultados obtenidos demostraron que los digeneos eran dos nuevas especies de *Anenterotrema* y *A*. *eduardocaballeroi*. Además, se incrementa a 14 el número de especies validas de *Anenterotrema*, de las cuales seis especies han sido registradas en el Perú, se incrementa dos nuevas secuencias para el género y se confirma que *A*. *eduardocaballeroi* es morfológica y molecularmente diferente de *A*. *freitasi*. En conclusión, la diversidad de *Anenterotremas* en murciélagos neotropicales es muy basta pero poco conocida y el Perú siendo un país megadiverso, puede ocultar muchas más especies de *Anenterotrema* que necesitan ser estudiadas.

Palabras clave: Anenterotrema, murciélago, Nanopore, Perú

Financiamiento: Apoyo Financiero de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM) con recursos internos, bajo R.R. 006081-R-23 y código B23100321. Edson Cacique fue apoyado por CONCYTEC- PROCIENCIA por el financiamiento de 'Tesis de Postgrado y Pregrado' de código E073-2023-01, bajo el contrato No. PE501085512-2023-PROCIENCIA.

EVALUACIÓN DE LA PRESENCIA DE MICORRIZAS ARBUSCULARES ASOCIADAS A LA RIZOSFERA DE *Chenopodium Quinoa* WILLD. EN SEIS COMUNIDADES DE AYACUCHO

Rocío Calsina-Quispecondori[1], Germán De la Cruz-Lapa[2], Bernabé Luis-Alaya[1]

[1]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional San Cristobal de Huamanga (UNSCH), Ayacucho, Perú.

rociocq.1710@gmail.com (Rocío Calsina-Quispecondori)

La "quinua" *Chenopodium quinoa*, es un cultivo altoandino valioso por su alto contenido proteico y su adaptabilidad. Sin embargo, enfrenta serias amenazas por plagas y enfermedades, siendo el mildiu una de las más agresivas. Aunque es combatido con fosetil, este genera residuos los cuales están cerrando las puertas a la agroexportación. Por ello, se está dando importancia a las investigaciones sobre los hongos micorrízicos arbusculares (HMA), los cuales destacan como una solución prometedora, a pesar de que antes se creía que la familia Chenopodiaceae no formaba este tipo de simbiosis. Se evaluó la presencia de micorrizas en seis comunidades de Ayacucho. Tres comunidades poseen un manejo orgánico (Manallasaq, Chupas, Muruncancha) y las otras tres comunidades poseen un manejo convencional (Maraysera, Rayan, Canaan). Para ello, se evaluó las raíces de quinua de las seis comunidades para obtener el porcentaje de colonización micorrízica y el suelo de estas para la extracción de esporas. Recopilamos datos del porcentaje de colonización y la cuantificación de esporas. Se identificó presencia de micorrizas en las 6 comunidades, siendo las comunidades con manejo orgánico (Muruncancha, Chupas) las que mostraron mayor colonización micorrízica en comparación con las de manejo convencional, destacando Canaan con la menor presencia. Asimismo, mediante análisis morfológico de las esporas se destacó la presencia o ausencia de hifa de conexión, el tamaño y color de la espora además de características de la pared, estos criterios permitieron identificar los morfotipos Glomoides, Acaulosporoides y Gigasporoides. Se concluye que la quinua cultivada en Ayacucho presenta asociación con micorrizas arbusculares, lo cual representa una oportunidad para promover el uso de biofertilizantes y reducir la dependencia de fungicidas químicos como el fosetil, además esta investigación aportará conocimiento científico significativo para futuros estudios en esta línea de investigación creando nuevas alianzas que contribuyan a la protección del ambiente mediante el uso de biofertilizantes.

Palabras clave: Quinua, glomeromycota, agricultura orgánica, biofertilizante

Financiamiento: FOCAM- UNSCH 2023

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS CON POTENCIAL PGPR AISLADAS DE SUELO RIZOSFÉRICO DE *Coffea arabica* L. Y *Theobroma cacao* L.

Carla Campos Gómez[1], Ana Carranza-Ramirez[1], Miriam Hanco Chero[1], Joselyn Huashuayo Espadin[1], Jackeline Ruiz-Palian[1], Elias Lizarraga Condorhuacho[1], Gustavo Lopez Huaytalla[1], Marco Mory Zacarias[1], Nora Vera-Obando[12]

[1]Escuela Profesional de Microbiología y Parasitología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Lima, Perú

[2]Departamento Académico de Microbiología y Parasitología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Lima, Perú

nveraob@unmsm.edu.pe (Nora Vera-Obando)

La producción de café y cacao son actividades importantes para el desarrollo económico del sector agropecuario en el Perú. No obstante, estos cultivos enfrentan desafíos como el uso indiscriminado de agroquímicos para el manejo de plagas y fertilización, lo que afecta directamente al ambiente e indirectamente a agricultores y consumidores. Frente a esta problemática, la agricultura sostenible impulsa alternativas ecológicas como el uso de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR). El presente trabajo tuvo como objetivo aislar bacterias de la rizósfera de café y cacao proveniente de Amazonas y Villa Rica, y evaluar su potencial como PGPR mediante: fijación biológica de nitrógeno (medio Ashby), solubilización de fosfato (medio NBRIP con fosfato dicálcico y tricálcico) y antagonismo frente a *Colletotrichum* spp. aislado de café, mediante la determinación del Porcentaje de Inhibición del Crecimiento Radial (PICR). Se seleccionaron 11 aislamientos, de los cuales 10 fueron diazótrofos, respecto a la capacidad de solubilizar fosfato destacaron CFA9 (IS-dicálcico: 4.88±0.22) y CCA1 (IS-dicálcico: 1.78±0.1) en la solubilización de fosfato dicálcico, mientras que CFA10 (IS-tricálcico: 2.08±0.16) y CFA14 (IS-tricálcico: 2.08±0.27) mostraron los mayores valores de solubilización de fosfato tricálcico. Con respecto al antagonismo, el PICR de los aislamientos CB03 (23,21±0.96%) y CFA9 (21.43±1.14%) mostraron los valores más altos con tasas de crecimiento del fitopatógeno de 5.31±0.16 y 5.50±0.29 $mm.hora^{-1}$ respectivamente. En adición, el aislamiento CFA9 fue el más versátil, presentando valores destacados en la determinación de las características PGPR evaluadas, sugiriendo su potencial multifuncional. Se concluye que, los aislamientos evaluados exhibieron características PGPR promisorias mediante la acción conjunta o no de diferentes mecanismos lo que respalda alternativas biológicas para el manejo integrado de cultivos y el desarrollo de bioinsumos microbianos, promoviendo la sostenibilidad agrícola y reduciendo la dependencia de insumos químicos.

Palabras clave: Rizósfera, solubilización, antagonismo, diazótrofo

Financiamiento: Autofinanciamiento

CICLO REPRODUCTIVO Y DINÁMICA MORFOMÉTRICA ANUAL DE *Arbacia nigra* (MOLINA, 1782) EN LA COSTA CENTRAL DEL PERÚ

Leonardo Cárdenas Angulo[1], Betty Shiga Oshige[1,2], Gabriela Cazorla Cazorla[1], Christian Herrera Flores[1], Marvel Palacios Escobar[1], Gabriel Revilla Chirinos[1], Mery Rivas Yopan[1], José Pino-Gaviño[1,2]

[1]Laboratorio de Reproducción y Biología del Desarrollo; G.I. Biotoxic; Departamento Académico de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima - Perú.

[2]Centro de Investigación de Recursos Naturales (CIRNA), Vicerrectorado de Investigación y Posgrado. UNMSM

bshigao@unmsm.edu.pe

El calentamiento global afecta críticamente la reproducción marina, incidiendo en procesos como el desarrollo sexual y la calidad de la descendencia. Se estudió la dinámica morfométrica, reproductiva y poblacional de Arbacia nigra en la costa central del Perú entre mayo 2024 y abril 2025. Se analizaron 452 individuos, midiendo índice gonadosomático (IGS), talla, pesos total y gonadal, proporción de sexos y temperatura ambiental. El análisis mediante modelos lineales generalizados y correlaciones reveló una marcada estacionalidad reproductiva, con máximos de IGS en invierno austral (15.8–17.2 %), coincidiendo con temperaturas superficiales más bajas (15–17 °C). En hembras, el IGS mostró una correlación negativa significativa con la temperatura ($p < 0.001$), evidenciando una mayor sensibilidad térmica. Además, el diámetro y el peso total aumentaron durante el invierno, y se identificó una correlación positiva entre talla corporal e IGS en ciertas fases del ciclo reproductivo. La proporción sexual fluctuó mensualmente, con dominancia femenina en mayo (62 %) y diciembre (58 %) y dominancia masculina en junio (57 %) y febrero (55 %). Estos resultados sugieren que A. nigra sigue una estrategia reproductiva invernal, probablemente adaptada a condiciones térmicas frías, y que el aumento de temperatura asociado al cambio climático podría comprometer su éxito reproductivo.

Palabras clave: Índice gonadosomático, temperatura superficial, reproducción estacional, cambio climático

Financiamiento: Recursos propios

DEL HUEVO A LA ZOEA: ONTOGENIA COMPARADA DE *Emerita analoga* (STIMPSON, 1857)

Leonardo Cárdenas Angulo[1], Betty Shiga Oshige[1,2], Stefano Campos Carrasco, Andrea Cárdenas Palma, María Flores Berrospi, Edinson Gervacio Villarreal, Alejandro Príncipe Chipana, Yanisseth Ríos Niño, Fernando Retuerto Prieto[3], José Pino-Gaviño[1,2]

[1]Laboratorio de Reproducción y Biología del Desarrollo; G.I. Biotoxic; Departamento Académico de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima – Perú.

[2]Centro de Investigación de Recursos Naturales (CIRNA), Vicerrectorado de Investigación y Posgrado. UNMSM

[3]Laboratorio de Biología Celular; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima – Perú.

bshigao@unmsm.edu.pe (Betty E. Shiga Oshige)

El conocimiento del desarrollo embrionario es clave para comprender la biología reproductiva y las adaptaciones morfológicas de los crustáceos a ambientes extremos. En este estudio se describieron y compararon los estadios embrionarios de *Emerita análoga* (Stimpson, 1857) (Decapoda: Hippoidea), especie emblemática de playas arenosas del Pacífico suroriental, con los patrones reportados para *Penaeus monodon* (Fabricius, 1798). Se muestrearon hembras ovígeras en la zona intermareal de Chorrillos, Perú, extrayéndose los huevos para su observación directa en microscopía óptica. Se identificaron diez estadios morfológicos a lo largo de un ciclo de incubación de 27–32 días, definidos por la reducción del vitelo, la aparición y distribución de cromatóforos, y la diferenciación secuencial de antenas, anténulas, maxilípedos, abdomen y telson hasta alcanzar la morfología de zoea. En comparación con *P. monodon*, los maxilípedos, el abdomen y el telson aparecen precozmente en *E. analoga*, mientras que las antenas se retrasan, reflejando posibles adaptaciones al hábitat de fuerte oleaje y al comportamiento de enterramiento propio de Hippoidea. Este estudio constituye la primera síntesis embriológica ilustrada para la especie en el litoral peruano y aporta bases para futuras investigaciones sobre plasticidad del desarrollo y estrategias reproductivas en decápodos de importancia pesquera.

Palabras clave: Hippoidea, embriogénesis comparada, decápodos, adaptaciones reproductivas.

Financiamiento: Recursos propios.

ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA DE *Perumytilus purpuratus* LAMARCK, PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GENES BIOMARCADORES DE CONTAMINACIÓN MARINO-COSTERA DEL PERÚ

Sara Cárdenas-Farfán[1], Pedro E. Romero[2], María Eguiluz[3], Arturo Aguirre-Velarde[4], María Rivera-Ch[5], Jorge Cardich[1,5], Diana Ochoa[5,6], Edgar Cruz-Acevedo[7].

[1]Universidad Peruana Cayetano Heredia, Laboratorio de Biología Marina, Facultad de Ciencias e Ingeniería.

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas.

[3]Universidad Peruana Cayetano Heredia, Facultad de Ciencias e Ingeniería.

[4]Universidad Nacional Agraria La Molina, Facultad de Pesquería.

[5]Universidad Peruana Cayetano Heredia, Centro de Investigación para el Desarrollo Integral y Sostenible (CIDIS).

[6]Universidad de Salamanca, Departamento de Geología.

[7]Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Departamento de Ciencias Exactas y Desarrollo Humano.

sara.cardenas.f@upch.pe (Sara Cárdenas Farfán)

Los bivalvos son organismos que habitan la zona litoral y submareal, y son frecuentemente utilizados como biomonitores de contaminación, gracias a las respuestas fisiológicas que presentan ante diversas perturbaciones ambientales. En ellos, se mide la expresión genética de biomarcadores, buscando alteraciones a nivel molecular que tendrán repercusiones en su fisiología, en su ciclo de vida y, posteriormente, en el equilibrio del ecosistema. Con el objetivo de identificar una nueva especie biomonitor y genes biomarcadores que sirvan de herramienta para los monitoreos de la zona marino-costera de Perú, se seleccionó al "chorito" *Perumytilus purpuratus* (Lamarck, 1819), un bivalvo que cumple con los criterios para usarse como biomonitor (e.g. distribución conocida, taxonómicamente documentado, abundante, entre otros). Se colectaron choritos en la playa Santa Rosa (11.80°S, 77.17°W), al norte de Lima, y se extrajo ARN del tejido branquial usando el kit Direct-zol RNA (Zymo Research, USA) para secuenciarse. En total, se ensamblaron 29,314 unigenes (N50 = 486 pb) a partir del transcriptoma de *P. purpuratus*, de los cuales el 38.07% (11,161 unigenes) fueron anotados en al menos una base de datos funcional. Mediante una búsqueda de similitud de secuencias en las bases de datos públicas GO y KEGG, se anotaron un total de 4763 y 4231 contigs, respectivamente. La base de datos KEGG mostró que los genes están principalmente relacionados con el procesamiento de la información genética, señalización, procesos celulares y metabolismo. El análisis permitió identificar genes candidatos asociados con procesos de respuesta al estrés ambiental por contaminación marina, tales como metalotioneínas (MT), ampliamente conocidas por su rol de detoxificación de metales, citocromo P450 3A (CYP3A) componente del sistema de metabolismo de xenobióticos y las enzimas antioxidante catalasas (CAT). Estos resultados ofrecen una nueva base molecular para desarrollar biomarcadores de exposición a contaminantes en ambientes marino-costeros a partir del uso del *P. purpuratus*.

Palabras clave: Catalasa, metalotioneínas, citocromo P450, moluscos bivalvos.

Financiamiento: PROCIENCIA - Contrato PE501079372-2022

BIODIVERSIDAD DE PULPOS (MOLLUSCA: OCTOPODA) EN EL MAR PERUANO

Franz Cardoso Pacheco[1], Frederick G. Hochberg[2]

[1]Laboratorio de Biología y Sistemática de Invertebrados Marinos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Departament of Invertebrate Zoology, Santa Barbara Museum of Natural History, California, USA.

fcardosop@unmsm.edu.pe

Los pulpos son importantes en el ecosistema marino y como recurso en la economía peruana. Sin embargo, la taxonomía, sistemática y biogeografía de los pulpos de aguas costeras y profundas en el Perú ha sido un problema en los últimos 20 años por los escasos estudios taxonómicos y la falta de especialistas. El objetivo de este estudio es actualizar la taxonomía y sistemática de los pulpos del mar peruano. Se revisó la literatura y el material depositado en las colecciones del Museo Nacional de Historia Natural del Instituto Smithsoniano-USA, Museo de Historia Natural de Santa Barbara-USA, Instituto del Mar del Perú, y Laboratorio de Biología y Sistemática de Invertebrados Marinos de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UNMSM. Se identificaron unas 20 especies distribuidas en 8 familias. La familia Octopodidae representa el 35% de los pulpos y solo la especie *Octopus mimus* es un recurso pesquero. Las familias Opisthoteuthidae, Ocythoidae y Tremoctopodidae están representados por una especie mientras que las familias Argonautidae, Megaleledonidae, Amphitredidae y Enteroctopodidae por dos o tres especies. Los resultados son preliminares ya que se han examinado ejemplares inmaduros de pulpos de profundidad que no ha permitido incrementar el número de especies.

Palabras clave: Octopoda, taxonomía, sistemática, Perú.

Financiamiento: USNM, SBMNH, UNMSM, Proyectos VRIP 131001111, 141001181, B20101531

DELIMITACIÓN INTEGRATIVA DE UNA NUEVA ESPECIE DEL GÉNERO *Telmatobius* (ANURA: TELMATOBIIDAE) EN LA REGIÓN DE APURÍMAC

Ernesto Castillo-Urbina[1,2], Ernesto Alvarado[1,2], Miguel Vences[3], Luis Castillo[4], Vladimir Diaz[5], César Aguilar-Puntriano[1,2]

[1]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[2]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM (DH-MUSM).

[3]Zoological Institute, Technische Universität Braunschweig, Alemania.

[4]Asociación Grupo RANA, Lima, Perú

[5]Asociación Pro Fauna Silvestre, Ayacucho, Perú

ernesto.cas.95@gmail.com (Ernesto Castillo Urbina)

Telmatobius es un género de ranas altoandinas con diversos grados de adaptación acuática. La delimitación de especies dentro del grupo es compleja debido a convergencias morfológicas y escasa información genética en Perú. El objetivo de este estudio es evaluar el estado taxonómico de individuos de *Telmatobius* de la región de Apurímac integrando datos fenotípicos y moleculares. Se analizaron caracteres externos y morfometría lineal en ejemplares del DH-MUSM, tanto de los individuos de Apurímac como de otras especies de *Telmatobius*. Se realizó un análisis tridimensional del cráneo mediante morfometría geométrica basado en modelos 3D generados por escaneo láser, un análisis filogenético de Máxima Verosimilitud usando secuencias de los genes cyt-b y RAG1, así como análisis de delimitación molecular unilocus (ASAP, PTP, bPTP) con cyt-b. Los análisis morfológicos revelaron una combinación diagnóstica de caracteres morfológicos distintivos (textura de la piel, coloración ventral y dentición). La morfometría lineal mostró diferenciación marginal, con solapamiento con *T. jelskii* y *T. marmoratus*, mientras que la morfometría craneal reveló una separación significativa ($p < 0.05$, 10000 permutaciones) respecto a *T. jelskii*, *T. marmoratus* y *T. culeus*, a partir de distancias de Procrustes y Mahalanobis. La filogenia ubicó a la población como un linaje monofilético con alto soporte, relacionado basalmente al clado de *T. marmoratus*. Los métodos de delimitación molecular la reconocen como una unidad evolutiva independiente. La congruencia entre las distintas líneas de evidencia respalda su reconocimiento como un linaje independiente dentro de *Telmatobius*, resaltando el valor de enfoques integrativos en la identificación de especies crípticas.

Palabras clave: Taxonomía, morfometría geométrica, filogenética, especie críptica

Financiamiento: UNMSM CONFIGI 2021 – 2025

PRIMER REGISTRO DE *Amblyomma* (ACARI: IXODIDAE) EN *Liolaemus signifer* EN EL ALTIPLANO DE PERÚ

Diego Castro-Mendoza[1], Alicia Diestro[1], Juan Gamboa[2,3], Ling Huamaní[2,3], Esther Salazar[1,2,3], César Aguilar-Puntriano[2,3], Ricardo Paredes-León[4]

[1]Laboratorio de Entomología Médica & Veterinaria, Facultad de Biología, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú

[2]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú

[3]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[4]Colección Nacional de Ácaros, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad de México, México.

diegoarturo.castro@unmsm.edu.pe (Diego CastroMendoza)

El conocimiento sobre ectoparásitos asociados a lagartijas en Perú es aún incipiente, especialmente en especies altoandinas de la familia Liolaemidae del Altiplano. Con el objetivo de contribuir al conocimiento de la diversidad de ectoparásitos en el género *Liolaemus*, se examinaron lagartijas de *Liolaemus signifer* depositados en el Departamento de Herpetología y especímenes colectados el 2023 y 2024 en los departamentos de Moquegua, Tacna y Puno entre los 3700 y 4657 m.s.n.m. Los ácaros fueron colectados con hisopos embebidos en etanol al 96%, pinzas y estiletes de punta fina, priorizando áreas de las patas, pliegues corporales, contorno de oídos y ojos. Los ectoparásitos se fijaron en etanol al 96% en tubos Eppendorf y se trasladaron al Laboratorio de Entomología Médica & Veterinaria FCB-UNMSM y a la Colección Nacional de Ácaros del IB-UNAM para el respectivo proceso de aclarado, montaje e identificación con el apoyo de claves taxonómicas especializadas. De las 143 lagartijas examinadas, se recuperaron 125 garrapatas del género *Amblyomma* en 29 individuos de *L. signifer* provenientes de los departamentos de Moquegua y Tacna. Se registraron larvas y ninfas que fueron tentativamente asignadas a *Amblyomma* cf. *parvitarsum*. De confirmarse esta identificación, constituiría el decimotercer registro de especie de garrapata en el género *Liolaemus,* y el segundo en una especie de *Liolaemus* reportada en Perú. Consistentemente con estudios previos, se observó una asociación entre la presencia de camélidos altoandinos, *Amblyomma* cf. *parvitarsum* y *L. signifer*, lo que sugiere que esta última podría actuar como hospedero de los estadios inmaduros de dicha garrapata.

Palabras clave: Garrapatas, ectoparásitos, lagartijas, altiplano.

Financiamiento: PCONFIGI 2024 y 2025

TAXONOMÍA Y DISTRIBUCIÓN DE SOLANACEAE EN LAS LOMAS DE QUILCA, AREQUIPA, 2024

Maricielo Ccallo-Huamaní[1], Aracelli Johana Coayla-Murillo[1], Andy David Jimenez-Jimenez[1], María Milagros Quispe-Ala[1], Marily Vanesa Quispe-Cuba[1], Ashly Danitza Mestas-Fernandez[1], Karen Miranda Pamo-Coaquira[1], Katherin Condori-Guzmán[1]

[1]Escuela de Biología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional de San Agustín (UNSA), Arequipa, Perú.

acoaylam@unsa.edu.pe (Aracelli Coayla-Murillo)

Se presenta el estudio taxonómico y de distribución de nueve especies de la familia Solanaceae: *Lycium stenophyllum* J.Rémy*, Nicotiana glauca* Graham, *Nolana cerrateana* Ferreyra, *Nolana latipes* I.M. Johnst., *Nolana spathulata* Ruiz & Pav., *Nolana tricotiflora* Quip. & M.O. Dillon*, Solanum montanum* L.*., Solanum multifidum* Ruiz & Pav.*, Solanum peruvianum* L., procedentes de la formación de Lomas de Quilca de la provincia de Camaná, Arequipa, realizado en el periodo setiembre - diciembre del 2024. Se programaron salidas de campo para el registro fotográfico, toma de datos y recolección de muestras, la herborizaron se realizó mediante el método clásico; los datos cuantitativos y cualitativos se tomaron tanto en campo como en laboratorio. Se tratan de hierbas en su mayoría, sufrútices (*N. cerrateana* y *N. tricotiflora*) y arbustos (*L. stenophylum* y *N. glauca*), de 0,2 m (*S. multifidum*) hasta 1,5 m de alto (*N. glauca*), hojas glabras (*N. paniculata, N. latipes*) o con indumento variable, hojas simples o compuestas (*S. multifidum, S. peruvianum*); flores de color blanco (*L. stenophylum,),* lila o morado (*N. spathulata, N. cerrateana, N. latipes, N. tricotiflora, S. montanum, S. multifidum*), verde-amarillentas (*N. paniculata*) y amarillas (*S. peruvianum);* hermafroditas, pentámeras y tetrámeras (*L. stenophylum*), corola tubular (*Licyum* y *Nicotiana*) infundibuliforme (*Nolana*) y rotáceas (*Solanum*); frutos bayas (*Lycium, Solanum*), esquizocarpos (*Nolana)* y cápsulas (*Nicotiana*). Se distribuyen desde 300 hasta 900 m de elevación; *N. spathulata* es la especie con mayor distribución altitudinal y *S. multifidum* con distribución restringida hacia las partes bajas. Estas especies florecen y fructifican durante la época de formación de lomas y se encuentran asociadas a las demás especies de este ecosistema.

Palabras clave: diversidad, Camaná, Perú.

Financiamiento: autofinanciado

INTEGRATIVE TAXONOMY UNCOVERS TWO DISTINCT LINEAGES OF *Clinostomum* METACERCARIAE INFECTING *Hoplosternum littorale* (SILURIFORMES: CALLICHTHYIDAE) IN THE PERUVIAN AMAZON BASIN

Jhon Chero[1], Luis Ñacari[2], Jefferson Yunis-Aguinaga[3,4], Germán Murrieta Morey[5], Celso Cruces[6], Edson Cacique[1], Nicol Huaman[1], David Lopez[1], Aarón Mondragón-Martínez[7], Rosa Martínez-Rojas[7]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
[2]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile
[3]Laboratorio de Patobiología Acuática, Instituto del Mar del Perú, Callao, Perú
[4]Universidad Científica del Sur, Lima, Perú
[5]Laboratorio de Parasitología y Sanidad Acuícola, Instituto de Investigaciones de la Amazonia Peruana (IIAP), Iquitos, Loreto 0784, Perú
[6]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Santiago de Surco, Lima, Perú
[7]Laboratorio de Parasitología en Fauna Silvestre y Zoonosis, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
jcherod@unmsm.edu.pe (Jhon Darly Chero)

Clinostomum Leidy, 1856 is a cosmopolitan genus of digenean trematodes whose metacercariae commonly infect freshwater fishes and amphibians as second intermediate hosts. In South America, the diversity and taxonomy of *Clinostomum* metacercariae remain poorly understood, due in part to the morphological similarity of larval stages and the scarcity of molecular data. In this study, we investigated metacercariae of *Clinostomum* infecting *Hoplosternum littorale* (Hancock, 1828) (Siluriformes: Callichthyidae), from two regions of the Peruvian Amazon, Loreto and Ucayali. We combined morphological analyses (light and scanning electron microscopy) with phylogenetic inference based on partial sequences of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (cox1) and nuclear 28S rDNA genes. Our results revealed two morphologically and genetically distinct lineages of *Clinostomum* metacercariae. Morphologically, our Loreto specimens (*Clinostomum* sp. LR) differ from the Ucayali specimens (*Clinostomum* sp. UR) by having a more robust body, thicker intestinal caeca without distal diverticula, and deeply lobed testes. Specimens from Loreto were closely related to *Clinostomum chaacci*, *Clinostomum caffarae*, and other three Neotropical lineages, *Clinostomum* sp. PLA, CVI, and L3, with low genetic divergence (0.09–1.37%). In contrast, specimens from Ucayali formed a separate clade, most closely related to *Clinostomum* L1, and showed high mitochondrial divergence (11.9–12.7%), suggesting a previously unrecognized species. Comparisons with *Clinostomum* metacercariae previously reported from *H. littorale* in Argentina revealed morphometric distinctions, although genetic data from those specimens remain unavailable. The detection of *Clinostomum* metacercariae in fish muscle tissue raises potential zoonotic concerns, especially in regions where raw or undercooked fish is consumed. These findings underscore the need for integrative taxonomic approaches to unravel hidden diversity in Clinostomum and emphasize the need for broader parasitological surveys and public health awareness in Amazonian communities.

Palabras clave: molecular phylogenetics, digenean trematodes, freshwater fish, larval morphology, zoonosis.

Financiamiento: This work was funded by the Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) and the Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) under the call “E041-2024-03 Proyectos de Investigación Básica” [PE501087644-2024].

THE PHYLOGENETIC POSITION OF *Megacoelium spinicavum* THATCHER & VARELLA, 1981 (DIGENEA: HAPLOPORIDAE) FOUND IN *PTERYGOPLICHTHYS PARDALIS* (SILURIFORMES: LORICARIIDAE) FROM PERU

Jhon Chero[1], Luis Ñacari[2], Jefferson Yunis-Aguinaga[3,4], Germán Murrieta Morey[5], Celso Cruces[6], Edson Cacique[1], Nicol Huaman[1], David Lopez[1], Aarón Mondragón-Martínez[7], Rosa Martínez-Rojas[7]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
[2]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile
[3]Laboratorio de Patobiología Acuática, Instituto del Mar del Perú, Callao, Perú
[4]Universidad Científica del Sur, Lima, Perú
[5]Laboratorio de Parasitología y Sanidad Acuícola, Instituto de Investigaciones de la Amazonia Peruana (IIAP), Iquitos, Loreto 0784, Perú
[6]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Lima, Perú
[7]Laboratorio de Parasitología en Fauna Silvestre y Zoonosis, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú
jcherod@unmsm.edu.pe (Jhon Darly Chero)

The digenean genus *Megacoelium* (Haploporidae: Chalcinotrematinae) comprises two species parasitizing loricariid catfishes in South America, yet its phylogenetic position remains unresolved due to the lack of molecular data. This study presents the first molecular characterization of *Megacoelium spinicavum* Thatcher & Varella, 1981, based on specimens collected from the intestine of *Pterygoplichthys pardalis* in the Peruvian Amazon. Using an integrative taxonomic approach combining morphological analysis (light and scanning electron microscopy) and molecular phylogenetics (partial 28S rDNA and *cox1* sequences), we clarify the phylogenetic placement of *Megacoelium* within the Haploporidae. Morphological observations corroborate previous descriptions while providing new taxonomic details. Phylogenetic reconstructions strongly support the inclusion of *M. spinicavum* within the Chalcinotrematinae, closely related to *Saccocoelioides* and *Intramugil*. Our findings expand knowledge of haploporid diversity in Neotropical freshwater ecosystems and underscore the importance of molecular data in resolving systematic relationships within this understudied digenean group. Additionally, we provide a redescription of *M. spinicavum* to facilitate future taxonomic comparisons.

Palabras clave: fish parasites, haploporids, integrative taxonomy, systematics, Peruvian Amazon

Financiamiento: This work was funded by the Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) and the Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) under the call “E041-2024-03 Proyectos de Investigación Básica” [PE501087644-2024].

MÁS ALLÁ DEL MURCIÉLAGO: REVALORANDO EL PODER DE LAS LÁMINAS PLÁSTICAS EN ESTUDIOS TRÓFICOS NO INVASIVOS EN EL PERÚ

Bálder Choza[1], Anthony Almeyda[3, 4], **Tony Oscco[2]**, Edith Arias[2]

[1] Universidad Nacional San Luis Gonzaga.

[2] Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[3] Bioacoustic Analysis Team SAC.

[4] Asociación Neotropical Primate Conservation Perú.

Bálder Choza (balderchoza@gmail.com)

La dieta de los murciélagos se estudia tradicionalmente mediante la recolección de heces depositadas en bolsas de tela de especímenes capturados con redes de neblina. Las láminas plásticas representan un método complementario para recolectar heces en estudios de dieta, principalmente en murciélagos frugívoros; sin embargo, su uso sigue siendo poco convencional en países sudamericanos, especialmente en Perú. En este estudio se comparó la eficacia de dos métodos: láminas plásticas bajo redes de neblina y método tradicional, en un bosque premontano ubicado en la Concesión de Conservación Tres Quebradas, San Martín. Se instalaron 16 redes, ocho de ellas con láminas plásticas, obteniéndose 76 muestras fecales positivas con semillas: 39 mediante láminas plásticas y 37 con bolsas de tela. El método con láminas detectó un 50% más de morfoespecies que el método tradicional. Las curvas de acumulación mostraron una pendiente más pronunciada para el método con láminas, que alcanzó 18 morfoespecies acumuladas frente a las 12 del método tradicional. Además, su curva no se estabilizó por completo, lo que sugiere que un mayor esfuerzo de muestreo podría revelar una diversidad aún mayor. Los índices de similitud de Jaccard (30.4%) y Sorensen (46.7%) sugieren que los métodos de recolecta de heces presentan diferentes conjuntos de morfoespecies. Entre las semillas recolectadas se registraron familias como Cucurbitaceae, Clusiaceae, Melastomataceae, Cyclanthaceae, Moraceae, Solanaceae y Piperaceae, evidenciando la frugivoría de 17 especies de murciélagos filostómidos. Además, se registraron heces de murciélagos insectívoros lo que resalta la utilidad del método más allá de las especies frugívoras. De manera inusual, se recolectaron pellets en *Carollia perspicillata*, lo que sugiere, además de su frugivoría, un posible comportamiento folivoro. Nuestros resultados respaldan estudios previos y muestran que el método de láminas plásticas mejora la eficacia y reduce el tiempo de manipulación de los murciélagos en campo.

Palabras clave: dietas de murciélagos, láminas plásticas, frugivoría, bosque premontano.

Financiamiento: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, bajo el número de subvención (PE501090933-2024) y del Concurso E033-2023-01-BM “Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado”, bajo el número de subvención (PE501084299-2023).

METABARCODING DE LAS COSTRAS BIOLÓGICAS DEL SUELO: UNA VENTANA A LA BIODIVERSIDAD DEL ECOSISTEMA DE LOMAS DE LACHAY, PERÚ

Pierr Cisneros[1], Glenn Dunshea[2], Michael D. Martin[2], César Arana[1]

[1]Departamento de Ecología, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la UNMSM, (BIOECONE) Lima, Perú

[2]Department of Natural History, NTNU, Norway.

spcisnerosj@gmail.com

Los ecosistemas de lomas se desarrollan a lo largo de la costa del Pacífico de Perú y Chile, donde destacan por su alta biodiversidad y endemismo. Estos ecosistemas incluyen extensas costras biológicas del suelo (CBS) vitales para la conservación de especies y servicios ecosistémicos. El presente estudio explora la ecología y diversidad de las CBS presentes en la Reserva Nacional Lomas de Lachay. Con este fin se colectaron muestras en una gradiente de altitud, distancia al mar, tipos de biocostras y vegetación, mediante un diseño sistematizado. La diversidad se evaluó con el método de secuenciación de amplicones o metabarcoding. El análisis de la diversidad microbiana en CBS de Lachay reveló un total de 1048 OTUS de eucariotas, 128 de cianobacterias y 36 de algas verdes en un transecto de ~5km. El marcador eucariota universal 18S, muestra comunidades dominadas por organismos fotosintéticos como *Chlorophyta*, *Stramenopiles* y *Alveolata*, con estructuras significativamente distintas entre estratos (PERMANOVA, $p < 0.01$, $R^2 = 0.44$). La diversidad alfa (Shannon) no difirió a lo largo de la gradiente, pero la diversidad beta reveló claras agrupaciones según condiciones ambientales. El análisis funcional muestra en los grupos fotosintéticos patrones particulares de ensamblaje y composición. La comunidad de algas verdes (ITS-1-5.8S-ITS-2) muestra predominio de la clase *Trebouxiophyceae*, con diferencias en composición asociadas a altitud y distancia al mar. Por otro lado, en la comunidad de cianobacterias (16S rRNA) se observó dominancia de filamentosas (*Nostocales* y *Oscillatoriales*), con cambios en abundancia relativa y diversidad entre puntos de la gradiente. En conjunto, los tres marcadores mostraron una respuesta diferencial a los factores ambientales y bióticos, evidenciando que el ensamblaje microbiano está fuertemente estructurado por gradientes ecológicos. Estas diferencias sugieren una influencia funcional relevante en la formación y dinámica de las CBS, contribuyendo al entendimiento del funcionamiento de los ecosistemas de lomas.

Palabras clave: biocostras, ecosistemas áridos, oasis de neblina, ensamblajes comunitarios.

Financiamiento: NORPART BiGTREE, VRIP-UNMSM B24100061

CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA BACTERIANO DEL SUELO ASOCIADO AL ALGARROBO *NELTUMA PALLIDA* EN EL SANTUARIO HISTÓRICO BOSQUE DE PÓMAC, LAMBAYEQUE

Stephany Rose Collins Delgado, Manuel Saucedo, Manuel Alain Ramírez Saenz, María Gisella Orjeda Fernández

Laboratorio Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

morjedaf@unmsm.edu.pe (María Gisella Orjeda Fernández)

Los microorganismos del suelo participan en procesos ecológicos fundamentales para la salud vegetal, especialmente en ecosistemas perturbados como los bosques secos de la costa norte del Perú. Comprender su diversidad y funciones aporta pistas valiosas sobre el declive de especies forestales amenazadas, como el algarrobo *Neltuma pallida*, especie emblemática del bosque seco del norte peruano, reconocida como vulnerable en el país desde el 2006. Este estudio tiene como objetivo caracterizar el microbioma bacteriano del suelo asociado a individuos de *N. pallida* en el Santuario Histórico Bosque de Pómac (Lambayeque, Perú). Para ello, se empleó un enfoque de metabarcoding del gen ARNr 16S mediante secuenciación Nanopore. Se trabajó con muestras de suelo recolectadas durante la estación seca, correspondientes a 6 individuos de algarrobo (3 sanos y 3 enfermos). Por cada árbol se generó una muestra compuesta de 4 puntos del suelo, con 3 réplicas. El ADN fue extraído con el kit DNeasy PowerSoil Pro (Qiagen), luego se amplificó y secuenció el gen ARNr 16S usando el kit 16S Barcoding Kit 1-24 (SQK-16S024) en un dispositivo MinION MK1c de ONT. El análisis bioinformático incluyó basecalling y demultiplexación con Dorado, recorte de adaptadores con Porechop, filtrado de calidad y longitud con Chopper, y eliminación de contaminantes por alineamiento con el genoma nuclear de *N. pallida*. Finalmente, se agruparon y clasificaron con NanoCLUST. Se obtuvieron secuencias de alta calidad y perfiles bacterianos diversos entre muestras. Los resultados preliminares revelan la presencia de taxones asociados a funciones ecológicas clave, como fijación de nitrógeno y solubilización de fósforo. Asimismo, se presentan los análisis de diversidad alfa, beta y composición taxonómica por condición sanitaria de los algarrobos. Los hallazgos contribuirán a una mejor comprensión del papel del microbioma en el declive de los algarrobos y contribuirá al fortalecimiento de estrategias de conservación del bosque seco del norte peruano.

Palabras claves: diversidad bacteriana, metabarcoding, bosque seco, conservación

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Vicerrectorado de Investigación. Programa de Proyectos Interdisciplinarios para el fomento de la Cooperación Interinstitucional en Investigación e Innovación - Política Nacional de Educación Superior Técnico Productiva (PNESTP-MINEDU) (Año - 2021)

DISTRIBUCIÓN ALTITUDINAL DE ELMIDAE (COLEOPTERA: POLYPHAGA) EN LA VERTIENTE ORIENTAL DE LOS ANDES AL SUR DE PERÚ

Carolina Córdova-Tello[1,3], Jorge Luis Peralta-Argomeda[1,2,3]

[1]Laboratorio de Invertebrados Acuáticos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[2]Laboratorio de Ecología de Invertebrados Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[3]Grupo de investigación Biodiversidad y Ecología de Ambientes Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

carolina.cordova@unmsm.edu.pe (Carolina Córdova-Tello)

La familia Elmidae es una de las más diversas y abundantes del orden Coleoptera en ecosistemas acuáticos lóticos, y su distribución está fuertemente influenciada por la altitud. Conocer la distribución altitudinal es de gran ayuda para realizar identificaciones taxonómicas, búsquedas bibliográficas y evaluaciones ecológicas, ya que muchas de sus adaptaciones tanto morfológicas como tróficas están relacionadas al tipo de sustrato, niveles de oxígeno y disponibilidad del alimento. El objetivo fue determinar la distribución de los élmidos a lo largo de un gradiente altitudinal desde los 200 hasta los 4000 msnm. Durante julio del 2024, se evaluaron quebradas y ríos de las provincias de Tambopata (Madre de Dios) y Quispicanchi (Cusco), considerando 20 puntos de muestreo con tres réplicas cada uno. La colecta se realizó con una red Surber de 500 µm de abertura de malla y marco cuadrado de 30 cm x 30 cm, en sustrato de piedras medianas. El análisis taxonómico se realizó con literatura especializada para el Neotrópico y Sudamérica. Se identificaron 15 géneros de Elmidae: 13 Elminae y dos Larainae. El género *Neoelmis* fue el más abundante. Los géneros distribuidos en rangos más amplios fueron *Macrelmis, Heterelmis, Hexacylloepus* y *Neoelmis* (200 a 2500 msnm). *Gyrelmis*, *Neolimnius* y *Stegoelmis* se limitaron a zonas bajas (200 msnm); mientras que, sobre los 2500 msnm solo se registró a *Austrelmis*. La riqueza específica de Elmidae disminuyó progresivamente con el aumento de la altitud. Los resultados sugieren que los Elmidae pueden ser indicadores biológicos para evaluar la conservación de los ambientes acuáticos andino-amazónicos de Perú.

Palabras Clave: Ecosistemas andino-amazónicos, escarabajos acuáticos, gradiente altitudinal.

Financiamiento: Nacional Mayor de San Marcos – RR N°004305-2024-R/UNMSM con código de proyecto B24101711.

EFECTOS DE LA CARRETERA INTEROCEÁNICA SUR SOBRE LA COMUNIDAD DE MACROINVERTEBRADOS ACUÁTICOS EN QUEBRADAS DE CUSCO Y MADRE DE DIOS, PERÚ

Carolina Córdova-Tello[1,2], Jorge Peralta-Argomeda[1,2], Ana Huamantinco-Araujo[1,2]

[1]Laboratorio de invertebrados acuáticos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Grupo de investigación Biodiversidad y Ecología de Ambientes Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM.

carolina.cordova@unmsm.edu.pe

La carretera Interoceánica Sur es una importante vía que conecta Brasil y Perú. El tramo peruano se construyó del 2005 al 2011. Más de 10 años después, en julio de 2024, esta investigación evaluó 11 quebradas para identificar posibles efectos de esta importante carretera sobre la comunidad de macroinvertebrados acuáticos. Se tomaron muestras biológicas con red Surber aguas arriba y aguas abajo del cruce con la carretera, además de mediciones *in situ* de parámetros hidrológicos y fisicoquímicos del agua; también se tomaron muestras de agua y sedimentos para, posteriormente, realizar ensayos de textura y analitos químicos en laboratorio. Se identificaron 24 466 individuos, distribuidos en 14 taxones de no-insecta y 49 familias de insectos acuáticos, entre los que destaca la familia Chironomidae por ser la más abundante en todas las estaciones. Se observó que la estructura de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos está definida por la altitud y la temperatura del agua; además, las estaciones con menor abundancia y riqueza, evidenciaron influencia antropogénica (lavado de vehículos dentro de la quebrada, huellas de neumáticos y crianza de aves domésticas dentro de estas). En cuanto a los parámetros abióticos, la textura de los sedimentos se vuelve más fina conforme disminuye el gradiente altitudinal y aunque no se encontraron diferencias significativas entre los puntos de muestreo aguas arriba y aguas abajo del cruce en las quebradas evaluadas, estas exceden los niveles de fósforo total indicados en los Estándares de Calidad Ambiental (ECA) para agua. Los resultados demuestran que, en menor o mayor grado, las actividades antropogénicas como transporte y ganadería, aún a pequeña escala, generan cambios en la comunidad de macroinvertebrados acuáticos.

Palabras clave: Infraestructura vial, calidad del agua, insectos acuáticos, gradiente altitudinal.

Financiamiento: Nacional Mayor de San Marcos – RR N°004305-2024-R/UNMSM con código de proyecto B24101711.

Pione muscoides (HANCOCK, 1849) (CLIONAIDA), EL VIAJE DE UNA ESPONJA

Oswaldo Cornejo Gonzales[1], Baslavi Cóndor Lujan[1]

[1]Laboratorio de Ecología, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

ocornejog@unmsm.edu.pe (Oswaldo Cornejo)

En 1849, Albany Hancock describió a *Cliona muscoides* a partir de un ejemplar recolectado en Tierra del Fuego, asociado a una concha de *Monoceros fusoides* (hoy *Chorus giganteus*), que se hallaba intensamente perforada. En su descripción original, Hancock reportó dos tipos de espículas: tilóstilos, caracterizados por tener una cabeza terminal y otra secundaria cercana, y oxeas, espículas rectas con extremos agudos, de menor longitud, con una curvatura central y una leve hinchazón nodular. Años más tarde, DeVries (1997) revisó el género *Chorus* en el Pacífico sudamericano y concluyó que *C. giganteus* es la única especie válida del grupo, con una distribución restringida entre Antofagasta y Chiloé (Chile). En vista de que Hancock (1849) no menciona el lugar de colecta, se asume que *Cliona muscoides* fue colectada en Chile. Rützler & Stone (1986), al revisar láminas originales del Hancock Museum montadas en 1858, identificaron tres tipos de espículas en *Cliona muscoides*: tilóstilos (180 µm), oxeas centrotilotes (110 µm) y microrabditos microespinados (13 µm). Más adelante, Rützler (2002) propuso una clave taxonómica para Clionaidae, en la que distingue los géneros *Pione* y *Volzia* según la presencia o ausencia de microscleras, considerando a *Pione* como portador de microrabditos. En la revisión de 1304 conchas de *Fissurella latimarginata* de Bahía Independencia, tres mostraron ampollas en la capa nacarada y perforaciones en el periostraco. Mediante microscopía óptica se identificaron tilóstilos y oxeas, similares a los descritos por Hancock (1849). El análisis posterior con microscopía electrónica reveló también microrabditos, con medidas consistentes con Rützler & Stone (1986): tilóstilos (135–235 µm; promedio 190 µm), oxeas (85–123 µm; promedio 112 µm) y microrabditos (18–20 µm; promedio 19.4 µm). Estos resultados permiten confirmar la presencia de *Pione muscoides* en el litoral peruano, ampliando su distribución geográfica previamente restringida a Chile.

Palabras clave: Bahía Independencia, Clionaidae, esponjas perforadoras, espículas.

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI 2025: B25100771(GI: Biodiversidad y Taxonomía de Invertebrados Marinos para Conservación y Manejo de Ambientes Marinos)

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF *Chauhanellus* N. SP. (DACTYLOGYRIDEA, DACTYLOGYRIDAE) FROM *Galeichthys peruvianus* (SILURIFORMES, ARIIDAE) IN THE SOUTHERN PACIFIC OCEAN

Celso Cruces[1], Luis Ñacari[2], Aarón Mondragón-Martínez[3], Raquel Simões[4], José Luque[4], Jhon Chero[3]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Santiago de Surco, Lima, Perú

[2]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile

[3]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[4]Departamento de Parasitologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, Brazil, CEP 23851-970.

jcherod@unmsm.edu.pe

Monopisthocotylids of the family Dactylogyridae Bychowsky, 1933 are common gill parasites of both freshwater and marine fishes, exhibiting notable diversification among catfishes (Siluriformes) in the Neotropical region. Within this group, species of the genus *Chauhanellus* Bychowsky & Nagibina, 1969 are primarily known to parasitize marine ariids. In this study, a new species of *Chauhanellus* is described from the gills of the Peruvian sea catfish, *Galeichthys peruvianus* Lütken (Siluriformes, Ariidae), collected from the Southern Pacific Ocean off the coast of Peru. The description of the new species is based on an integrative taxonomic approach, incorporating morphological data, 28S rDNA sequencing, and phylogenetic analysis. *Chauhanellus* n. sp. can be distinguished from all its congeners by possessing a tubular MCO with proximal and distal curvatures and a spear-shaped distal extremity, as well as an elongated, grooved accessory piece that is proximally expanded and distally hook-shaped. Phylogenetic analyses based on 28S rDNA sequences recovered *Chauhanellus* n. sp. in a clade with *C. boegeri* Domingues & Fehlauer, 2006 and an unidentified *Chauhanellus* species from *Genidens genidens* (Cuvier), forming a well-supported Neotropical lineage. However, the genus *Chauhanellus* was recovered as non-monophyletic, with a separate Indo-Malayan lineage comprising seven species. The description of *Chauhanellus* n. sp. represents the first record of *Chauhanellus* in the Southeastern Pacific and raises the number of species reported from South America and globally to eight and 32, respectively.

Palabras clave: Dactylogyrids, Integrative taxonomy, 28S rDNA, Gill parasites, Ariids

Financiamiento: This research was supported by the Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 010238-2024-R/UNM and project number B241011pro.

PREDICCIÓN DE ESPECIES EN PECES CON APRENDIZAJE AUTOMÁTICO A PARTIR DE IMÁGENES DE OTOLITOS

Diego Joaquin Cuentas Ferreñan[1], Wilser Andrés García-Quispes[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

diego.cuentas@unmsm.edu.pe (Diego Joaquin Cuentas Ferreñan)

Los otolitos, estructuras encargadas del equilibrio, son utilizados para la identificación taxonómica de los peces cartilaginosos. Los métodos tradicionales de identificación de especies mediante otolitos se basan en su inspección visual. Esto consume tiempo y depende de la experiencia individual, por lo que el resultado está sujeto al sesgo humano y errores de interpretación. Automatizar el proceso de determinación de la especie puede ayudar a mejorar la precisión y disminuir los costos y el tiempo de trabajo. El objetivo de este trabajo es predecir seis especies de peces a partir de sus otolitos mediante técnicas de aprendizaje automático. En este estudio, con el lenguaje de programación Python, un total de 710 fotografías de otolitos fueron convertidas a escala de grises y difuminadas para facilitar la extracción de cinco variables cuantificables por fotografía. A partir de los datos extraídos, cuatro modelos de aprendizaje automático fueron entrenados con el lenguaje de programación R: Random Forest (rf), Support Vector Machine (svm), k-nearest Neighbors (knn) y Multilayer Perceptron (mlp). Para la evaluación de la capacidad predictiva de los modelos se utilizaron medidas como sensibilidad, especificidad y área bajo la curva ROC (AUC). Los valores de AUC obtenidos, cercanos a 1 (rf = 0.95; svm = 0.81; knn = 0.94; mlp = 0.95), evidencian una capacidad predictiva robusta de los cuatro modelos evaluados. Asimismo, estos resultados promueven el desarrollo tecnológico y respaldan la creación de un clasificador que se presenta como una herramienta valiosa para profesionales en diversas disciplinas, facilitando la identificación de especies de peces y optimizando el trabajo en investigaciones relacionadas con la biodiversidad y la conservación.

Palabras clave: otolito, aprendizaje automático, automatización, capacidad predictiva.

Financiamiento: Este trabajo no ha recibido financiamiento de ninguna entidad pública ni privada.

ECOLOGÍA POBLACIONAL DEL *Dicrodon guttulatum* DUMÉRIL & BIBRON COMO INDICADOR BIOLÓGICO EN LA RESTAURACIÓN DE BOSQUES SECOS EN EL ACP BOSQUE NATURAL EL CAÑONCILLO

Alex Cuestas-Umasi[1], Andy Guardia-Espinoza[2], Brenda Marroquín-Ortega[3]

[1]Escuela de Ingeniería Ambiental, Facultad de Ingeniería Geológica, Minera, Metalúrgica y Geográfica (FIGMMG), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Escuela de Ingeniería Ambiental, FIGMMG, UNMSM.

[3]Escuela de Ingeniería Ambiental, FIGMMG, UNMSM.

andy.guardia@unmsm.edu.pe (Andy Guardia-Espinoza)

Dicrodon guttulatum, endémica del norte de Perú, juega un papel crucial en la regeneración de ecosistemas áridos como dispersor de semillas. Sin embargo, sus poblaciones enfrentan amenazas debido a la alteración de su hábitat, la caza indiscriminada y la explotación comercial. Este estudio tiene como objetivo observar el comportamiento reproductivo de *D. guttulatum* en el Área de Conservación Privada Bosque Natural El Cañoncillo durante enero de 2025. Se empleó un enfoque mixto de observación directa, fototrampeo y análisis de literatura especializada. Se registraron características reproductivas en cuatro individuos, observándose una baja fecundidad con un promedio de dos a tres folículos por hembra, lo cual es indicativo de una estrategia reproductiva adaptada a las condiciones del bosque seco. Además, la presencia de semillas en el estómago de un ejemplar reafirma su rol como dispersor de especies como *Prosopis* spp. Las cámaras trampa documentaron la actividad diurna y los patrones de uso del hábitat, mostrando una fuerte dependencia de la vegetación arbustiva para la termorregulación. El estudio revela que la especie depende estrechamente de la disponibilidad de recursos hídricos y alimenticios durante la temporada húmeda para su reproducción. Sin embargo, las amenazas como la destrucción del hábitat y la explotación comercial siguen representando riesgos significativos. En conclusión, *D. guttulatum* es un bioindicador clave para la salud ecológica de los bosques secos, y se recomienda la implementación de programas de monitoreo poblacional continuo y manejo sostenible para mitigar las amenazas que enfrenta la especie.

Palabras clave: Fototrampeo, dispersión de semillas, conservación, hábitat.

Financiamiento: Propia

ANÁLISIS DE LAS RELACIONES FILOGENÉTICAS Y DIVERSIDAD GENÉTICA DEL GÉNERO *Chrysaora* (CNIDARIA: SCYPHOZOA: PELAGIIDAE) BASADO EN EL MARCADOR MITOCONDRIAL 16S RRNA

Angel Duplex[1,2], Mauricio Roque[1,2], Sandra Huaman[1,2], Xiomi Balcazar[1,2], Selene Barboza[1,2], Alejandro Mendivil[1,2] y Rina Ramírez[1,2]

[1]Laboratorio de Sistemática Molecular y Filogeografía, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Malacología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

angel.duplex@unmsm.edu.pe

El género *Chrysaora* agrupa medusas grandes y urticantes cuya taxonomía es confusa debido a su variabilidad morfológica. Este estudio analiza la diversidad genética y las relaciones filogenéticas de sus especies para aportar evidencia molecular sobre su evolución. En el GenBank, mediante BLAST al único haplotipo peruano (dos secuencias) (C. plocamia, 16S rRNA, KT371520.1, KT371521.1), se seleccionaron secuencias de >500 nucleótidos, que fueron 96 de *Chrysaora* y 4 de *Sanderia malayensis* utilizadas como grupo externo. Tras alinear las secuencias y recortar extremos desiguales con ClustalX v2.1, se obtuvo un alineamiento final de 546 sitios. Se realizó un análisis filogenético con el método de Neighbor Joining en MEGA 12, empleando *Sanderia malayensis* como grupo externo, y 1000 réplicas de bootstrap para evaluar la robustez de los clados. Los resultados revelaron siete clados bien definidos correspondientes a *C. chesapeakei*, *C. fulgida*, *C. plocamia*, *C. hysoscella*, *C. lactea*, *C. quinquecirrha* y un clado compartido por *C. melanaster* y *C. africana*. Cinco secuencias de *C. quinquecirrha* se agruparon con *C. chesapeakei*. De las 12 secuencias sin identificación específica, tres se agruparon con *C. chesapeakei*, ocho formaron un clado independiente, y la restante se posicionó basal a este. Se identificaron 51 haplotipos, particulares por especie, excepto para *C. quinquecirrha*, que comparte dos haplotipos con *C. chesapeakei*. La diversidad nucleotídica osciló entre 0.004 y 0.007, con una anomalía notable para *C. quinquecirrha* (0.05). Estos resultados sugieren que la diversidad genética del género *Chrysaora* está subestimada, probablemente debido a errores de identificación y la presencia de especies aún no descritas.

Palabras clave: Malagua, *Chrysaora plocamia*, Perú, Filogenia.

Financiamiento: Laboratorio de Sistemática Molecular y Filogeografía, GI-EMBPE.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE ISÓPODOS (*PARADELLA*) DE LA PLAYA LOS PAVOS, BARRANCO, LIMA

Dayana Espinoza-Mera[1], Celia Solis-Acuña[1], Tiffany Merino-Chávez[1], Silvana Huayhua-Santa Cruz[1], Niria Salizar-Prado[1], Lidia Sánchez-Pérez[1] , Luis Gomez-Puerta[2]

[1]Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[2]Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

dayana.espinoza@unmsm.edu.pe

Los isópodos marinos de la Clase Malacostraca presentan cuerpo deprimido dorso-ventralmente; dividido en cephalon, pereón, pleón y pleotelson. Actualmente, en el Global Biodiversity Information Facility (GBIF) son reportadas más de 11 mil especies en todo el mundo. En el Perú, existen reportes de isópodos terrestres, parásitos y de los isópodos marinos, Hay un solo registro confirmado de *Paradella dianae* en Lagunillas, Paracas, Ica; y un registro no verificado de *Paradella bakeri* en Salaverry, La Libertad. El objetivo del presente trabajo de investigación es la caracterización morfológica de los isópodos marinos de la playa Los Pavos, del distrito de Barranco, recolectados en marea baja (febrero 2025). Se contabilizó un total de 20 ejemplares de isópodos, 6 machos y 14 hembras, en la playa rocosa - zona supralitoral y en la comunidad de mitílidos asociados a algas. Todos los especímenes fueron fijados en alcohol de 96° y preservados en viales de manera individual. Se observaron las estructuras presentes en el pleotelson, la forma de los artejos de las antenas, anténulas y pereiópodos, la variedad de pleópodos y conformación de los urópodos. Nuestras observaciones fueron comparadas con las descripciones de especies de los géneros *Dynamenella*, *Ischyromene* y *Paradella*. Las diferencias del género fueron esclarecidas por la forma de los urópodos articulados y la presencia de los osteguitos abdominales; a nivel de especie se consideró la estructura del segundo par de pleópodos, la morfología de los apéndices masculinos, así como las variaciones en los artejos de los pereiópodos 1, 2 y 7. Estos caracteres nos permitieron determinar en machos solo la especie *Paradella dianae* (Menzies, 1962) y a *Paradella* sp., representando el primer registro de esta especie en esta localidad y complementando su redescripción morfológica externa e interna.

Palabras clave: Paradella, Isopoda, Intermareal, Descripción comparativa.

Financiamiento: Recursos propios.

DIVERSIDAD ICTIOLÓGICA DE LA ESTACIÓN BIOLÓGICA "JOSÉ ÁLVAREZ ALONSO" EN LA RESERVA NACIONAL ALLPAHUAYO-MISHANA

Yuli Espinoza-Rojas[1], Isabella Febres-Contreras[1], Alicia Marreros-Herrera[1], Jhosue Zevallos-Lopez[1], Kassandra Urbina-Sanchez[1], Max Hidalgo[1]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

yulidulcinaespinozarojas@gmail.com (Yuli Espinoza-Rojas)

La Reserva Nacional Allpahuayo-Mishana (RNAM) (Loreto, Perú) alberga ecosistemas únicos como bosques de varillales y bosques inundables de aguas negras. Su hidrografía, conformada por quebradas y lagunas de la cuenca del río Nanay, constituye hábitats importantes para peces amazónicos. La Estación Biológica "José Álvarez Alonso" (EBJAA) tiene como objetivo la protección de la RNAM, enfocándose en la conservación y caracterización de sus ecosistemas, flora y fauna. Se estudió la composición y diversidad de la ictiofauna en cuatro estaciones ubicadas en dos quebradas y una laguna dentro de la RNAM. El muestreo se realizó en octubre de 2023, empleando redes de arrastre y atarrayas. Los ejemplares recolectados fueron identificados taxonómicamente, preservados y analizados para determinar su riqueza, abundancia y diversidad, y las especies identificadas fueron clasificadas según su importancia, su estado de conservación (UICN) y origen biogeográfico. Se identificaron 77 especies de peces, distribuidas en 5 órdenes, 23 familias y 54 géneros. El orden Characiformes presentó la mayor riqueza y abundancia. Las familias más representativas fueron Stevardiidae, Sternopygidae, Acestrorhamphidae y Cichlidae. Las especies que tienen uso ornamental fueron las más frecuentes (14 especies), mientras que la mayoría (58) no presentó registros conocidos de uso. No se reportaron especies con alguna categoría de amenaza según la UICN. Se identificó *Corydoras iiap* como especie endémica, mientras que no se encontraron especies introducidas ni exóticas. Finalmente, las estaciones de ambientes lóticos presentaron una mayor similitud entre sí en la composición de especies, diferenciándose de la estación de ambiente léntico. Los resultados evidencian una alta diversidad de peces en un área reducida de la RNAM, vinculada a la heterogeneidad de los microhábitats acuáticos. Estos hallazgos refuerzan el valor ecológico de la reserva como refugio clave para la conservación de peces en la cuenca del Nanay.

Palabras clave: Amazonía peruana, Nanay, endemismos, conservación.

Financiamiento: No especificado.

DIVERSIDAD TRÓFICA DE LA ICTIOFAUNA DE RÍOS DE LA COSTA CENTRAL Y NORTE DEL PERÚ

Lourdes Figueroa[1, 2], Luzmila Rodriguez[1]

[1] Universidad Científica del Sur, Lima, Perú. Carrera de Biología Marina, Panamericana Sur, Km. 19 -Villa El Salvador. Lima 15842.

[2]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

lfigueroae@cientifica.edu.pe

La ictiofauna de aguas continentales del Perú se encuentra entre las más diversas del mundo; sin embargo, su ecología sigue siendo poco conocida. Aunque existen esfuerzos crecientes por documentarla, la mayoría de estudios se enfocan en especies de interés comercial o acuícola, dejando de lado aspectos ecológicos clave como la dinámica trófica. Esta situación es aún más crítica en los ríos de la costa peruana, donde, pese a la importancia de los ríos para las comunidades locales, se conoce poco sobre las características ecológicas de sus especies. Este estudio tuvo como objetivo identificar las principales fuentes alimenticias de peces en ríos costeros y analizar sus estrategias tróficas ante ambientes altamente variables. Se realizaron colectas en 12 ríos de la costa norte y centro del Perú, utilizando redes de arrastre (5 m, 5 mm de abertura de malla) y pesca eléctrica. Se analizaron 65 contenidos estomacales de cuatro especies: *Lebiasina bimaculata*, *Eretmobrycon peruanus*, *Trichomycterus punctulatus* y *Andinoacara stalsbergi*. Se registraron 25 ítems alimentarios, predominando larvas de dípteros, coleópteros, tricópteros y algas. Se evidenció variación en las dietas entre ríos, aunque en un mismo río las especies compartían tipos de alimento. *L. bimaculata* y *E. peruanus* mostraron mayor plasticidad trófica que *A. stalsbergi* y *T. punctulatus*, alimentándose de un mayor número de ítems. No se observó una alta diversidad de gremios tróficos, lo que sugiere una dominancia de estrategias generalistas. Esta amplitud trófica permite a las especies aprovechar los recursos más abundantes con menor costo energético, lo cual resulta fundamental en ecosistemas sujetos a condiciones cambiantes. Este trabajo aporta nueva información sobre la ecología trófica de peces costeros y destaca la necesidad de ampliar estudios en estos ecosistemas poco explorados.

Palabras clave: Biodiversidad, dieta, ictiofauna, hábitos alimenticios.

Financiamiento: Beca Cabieses de Posgrado – Universidad Científica del Sur: 079-2023-PRO99

Proyecto Prociencia: PE501091875-2024.

ESTUDIO PRELIMINAR DE ÁCAROS PRESENTES EN ROEDORES Y MURCIÉLAGOS EN EL DEPARTAMENTO DE SAN MARTÍN.

Alexander Ferroa[1], Alicia Diestro[1], Gisella Orjeda[2], Manuel Saucedo[2], Alexandra Cabrera[2], Sue Barreda[2], Edgardo Rengifo[3], Jaime Pacheco[4]

[1]Laboratorio de Entomología Médica & Veterinaria, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú.

[3] BioS. Centro de Investigación Biodiversidad Sostenible.

[4]Bioacoustic Analysis Team. Callao, Perú.

alexander.ferroa@unmsm.edu.pe (Alexander Alberto Ferroa Rodriguez)

En Perú, la diversidad de murciélagos y roedores contrasta con el conocimiento sobre sus ectoparásitos, particularmente los ácaros. Esta carencia limita nuestra comprensión de las interacciones huésped-parásito. Con el propósito de aportar nuevos datos sobre estas asociaciones, se examinaron ejemplares de 4 especies de murciélagos (*Gardnerycteris crenulatum, Artibeus lituratus, Glossophaga soricina, Dermanura gnoma*) y de 2 especies de roedores (*Neacomys* sp. y *Proechimys* sp.) colectados empleando redes de neblina y trampas sherman respectivamente durante dos evaluaciones en las temporadas húmeda (febrero-marzo) y seca (setiembre-octubre) del año 2024 en la localidad de Bosque Guardián del distrito de La Banda de Shilcayo, departamento de San Martín. Los ácaros fueron extraídos con pinzas finas, preservados en tubos Eppendorf con alcohol al 96% y llevados al Laboratorio de Entomología Médica & Veterinaria FCB-UNMSM para el proceso de aclarado e identificación con el apoyo de claves taxonómicas correspondientes. Respecto a los murciélagos, en 7 hospederos examinados se hallaron 26 ácaros del género *Periglischrus*; resaltando el registro de *Periglischrus micronycteridis* en *Gardnerycteris crenulatum* como el primer registro para el departamento de San Martín. En el caso de los roedores, a partir de 4 hospederos examinados se recuperaron 29 ácaros del género *Gigantolaelaps* y 18 ácaros del género *Laelaps*, ambos géneros presentes en *Neacomys* y *Proechimys*. Estos hallazgos confirman asociaciones huésped-parásito previamente reportadas, como la de *Periglischrus* con murciélagos de la familia Phyllostomidae, y aportan nuevos registros que amplían el conocimiento sobre la diversidad de ácaros ectoparásitos en la Amazonía peruana. Mientras que en roedores es necesario mayores evaluaciones.

Palabras clave: Ectoparásitos, huésped-parásito, mamíferos, Amazonía.

Financiamiento: PE501082777-PROCIENCIA

GRUPOS MORFOLÓGICOS DE LOS DINOFLAGELADOS DE LA BAHÍA DE PARACAS, PERÚ

Max Galán-Asencios[1], Maribel Baylon-Coritoma[1]

[1]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

mbaylonc@unmsm.edu.pe

Los dinoflagelados marinos constituyen un grupo diverso de microalgas que desempeñan múltiples funciones ecológicas clave en los ecosistemas marinos. Sin embargo su alta variabilidad morfológica y trófica dificulta su estudio. Una alternativa es agruparlos a a través de grupos funcionales. La Bahía de Paracas, ubicada al Norte del Ecosistema de la Corriente de Humboldt (NECH), es una de las zonas con mayor productividad del mundo, su diversidad funcional y dinámica temporal han sido escasamente estudiados. Por ello el objetivo de esta investigación fue caracterizar la diversidad funcional y la dinámica interanual de los grupos funcionales de dinoflagelados, según el modelo de Reynolds (colonizadoras (C), ruderales (R) y tolerantes al estrés (S)), a partir de un monitoreo de largo plazo. Se colectaron un total de 1137 muestras en 116 muestreos, entre enero de 2010 y agosto de 2019, a 0.5 metros de profundidad, preservadas con formalina (0.4%). La identificación y el recuento se realizaron mediante sedimentación y microscopía invertida, expresando la densidad en células por litro. Se identificaron 109 especies: 68 del grupo funcional S, 26 del grupo R, 5 del grupo C y 10 no clasificadas. El grupo S fue consistentemente más diverso durante el periodo de estudio. En cuanto a la abundancia, se observó una sucesión interanual de la dominancia entre el grupo S y C, con episodios excepcionales de dominancia del grupo R en 2011 y 2018. Estos resultados proporcionan información relevante sobre la diversidad funcional de los dinoflagelados en un ecosistema de alta variabilidad ambiental como la Bahía de Paracas, un área representativa del NECH.

Palabras clave: dinoflagelados, grupos funcionales, C-S-R, Bahía Paracas, NECH.

Financiamiento: No aplica.

DIVERSIDAD DE LA FAUNA FÓSIL DE CERRO CASCAJAL, CASUARINAS, SURCO, LIMA

Rodrigo Galarza [1], Andrea Villaseca [2], José Solis [3]

[1] Facultad de Ingeniería Geológica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2] Asociación Científica para la Conservación de la Biodiversidad, Ayacucho, Perú.

[3] Independiente.

rodrigo.galarza@unmsm.edu.pe (Rodrigo Steven Galarza Avilés)

El Cerro Cascajal, ubicado en Casuarinas, distrito de Surco, Lima, forma parte de la Formación Pamplona del Hauteriviano Inferior y constituye un sitio paleontológico de importancia significativa por su diversidad de fósiles marinos. Actualmente, los yacimientos paleontológicos de Lima se encuentran bajo una gran presión de ser investigados debido a la inminente expansión urbana y su riesgo de desaparecer. Se visitó y se recolectaron ejemplares fósiles además de elaborar una columna estratigráfica para el área de estudio. Los ejemplares de cada estrato geológico fueron recolectados y etiquetados para fines de identificación taxonómica. El género más abundante fue el ammonite *Olcostephanus* (Neumayr, 1875) con las especies *Olcostephanus sp. Neumayr, 1875* y de *Olcostephanus Jeannoticeras sp. Thieuloy, 1965*. Además se reportó en menor cantidad especímenes como *Capeloites larozai* Lissón, 1937.Aunque los ammonites han sido los fósiles más estudiados de esta formación, debido a su importancia como fósiles guías, existen otros grupos de invertebrados, como *Hemiaster (Macraster) cascajalensis* Cook, 1949, un equinoideo endémico reportado en esta localidad. Se encontraron otra fauna no identificada como escamas cicloideas y también bivalvos. El presente estudio tiene como objetivo una mejor comprensión del registro fósil de la zona y su implicancia paleoecológica así como realizar correlaciones biostratigráficas. El ensamblaje faunístico de la Formación Pamplona aún necesita ser estudiado por medio de colecciones científicas antes de su inminente desaparición.

Palabras clave: Ammonite, erizo, bivalvo, Cretácico.

Financiamiento: Propio.

MORFOLOGÍA Y GENÉTICA REVELAN NUEVAS ESPECIES DE *Proctoporus* (SQUAMATA: GYMNOPHTHALMIDAE) EN LA REGIÓN AYACUCHO

Juan Gamboa[1,2], Ling Huamani-Valderrama[1], César Aguilar-Puntriano[1,3]

[1]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM, Lima.

[2]Museo de Historia Natural de la Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga, Ayacucho.

[3]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima.

juanrgy2017@hotmail.com (Juan Gamboa)

La riqueza de especies de microteiidos del género *Proctoporus* de la región Ayacucho está poco estudiada y sólo se reportan tres especies para esta región (*P. chasqui, P. guentheri* y *P. sucullucu*). La región Ayacucho cuenta con diversas coberturas vegetales como bosques de montaña basimontano, bosques montanos y pajonales andinos, así como también valles interandinos y áreas remotas en las cuales su exploración podría devenir en el descubrimiento de nuevas especies. Además, dos especies reportadas para la región Ayacucho tienen como localidades tipo Cusco en Perú (*P. sucullucu*) y Sorata en Bolivia (*P. guentheri*). Estos registros sugieren que las poblaciones asignadas a estas especies y las presentes en áreas poco exploradas en Ayacucho pueden representar linajes evolutivamente independientes. El objetivo del presente estudio fue evaluar el estado taxonómico de las poblaciones asignadas a *P. guentheri* y *P. sucullucu*, y de una población no asignada a alguna especie conocida en la región Ayacucho. Se realizó trabajo de campo y se revisaron especímenes de varias colecciones científicas de Perú. Se llevaron a cabo análisis morfológicos (cualitativos, de morfometría lineal y geométrica) y moleculares de secuencias de genes mitocondriales y nucleares. La evidencia molecular y morfológica fue concordante al hipotetizar tres especies nuevas, dos de las cuales estaban bajo el nombre de *P. sucullucu* y *P. guentheri*. Con este trabajo incrementamos a cuatro especies la riqueza de *Proctoporus* y cubrimos en parte los vacíos de información sobre los microteeidos en particular y reptiles en general para la región Ayacucho.

Palabras clave: Gymnophthalmidae, lagartija, especie, barreras geográficas y filogenia.

Financiamiento: PCONFIGI 2024 (B24101931)

PRIMER REGISTRO DE *Trichuris* SP. ROEDERER 1761, EN *Marmosa* SP. GRAY 1821, REGIÓN SAN MARTÍN-PERÚ

Inés Gárate-Camacho[1], Julio Menéndez-Contreras[1], Djamel Dámaso-Sulca[1], Samira Mamani-Gonzales[1], Melanie Colca[1], Alexandra Cabrera[2], Sue Barreda[2], Manuel Saucedo[2], Edgardo Rengifo[3], Jaime Pacheco[4], Gisella Orjeda[2].

[1]Laboratorio de Parasitología y Paleoparasitología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú.

[3]BioS. Centro de Investigación Biodiversidad Sostenible.

[4]Bioacoustic Analysis Team. Callao, Perú.

igaratec@unmsm.edu.pe (Inés Gárate-Camacho)

Para comprender el papel ecológico de los marsupiales, es fundamental estudiar no solo sus características biológicas, sino también los endoparásitos que albergan, los cuales pueden impactar significativamente en sus hospederos. Los marsupiales del género *Marmosa* (Familia Didelphidae), constituyen un grupo particularmente pequeño que aloja digeneos, acantocéfalos, nematodos y cestodos. Entre los nematodos identificados en especímenes de otros países, destacan especies de las familias Trichuridae, Aspidoderidae, Rictulariidae, Trichostrongylidae, Viannaiidae, Metastrongylidae, Spiruridae, Onchocercidae y Subuluridae. Con el objetivo de identificar los endoparásitos del tracto intestinal en individuos de *Marmosa* sp. (Didelphimorphia: Didelphidae), procedente de la localidad Asociación Bosque Guardian Lodge, en el distrito La Banda de Shilcayo del departamento de San Martín, se llevó a cabo la disección y la extracción del contenido intestinal en placa de Petri con solución salina al 0.89%. Los parásitos se identificaron mediante inspección simple y técnica de sedimentación. Los nematodos encontrados fueron fotografiados y medidos utilizando un microscopio compuesto Nikon Eclipse Si, con cámara Sony Exmor CMOS sensor y el programa Toupview. Se identificaron huevos de *Trichuris* sp. que midieron entre 62,18 y 74.44 µm de largo × 33,36 a 33,52 µm de ancho. Estos nemátodos, conocidos como “gusanos látigo”, se localizan en el intestino grueso del hospedador, causándole graves perjuicios. Este hallazgo constituye el primer registro de un nemátodo trichuroideo en marsupiales del género *Marmosa* en el departamento de San Martin, Perú.

Palabras clave: Marsupial, endoparásito, Shilcayo, nemátodo.

Financiamiento: PCONFIGI 2025

DIVERSIDAD DE INVERTEBRADOS MARINOS DEL INTERMAREAL ROCOSO EN PUERTO CHICO, LIMA, PERÚ

Angenella Garrido-Soto[1,2,3], Dani Paytan-Rivero[1], Víctor Aramayo[1,4]

[1]Laboratorio de Ecología Acuática, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3]Escuela Académica de Biología Pesquera, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Trujillo (UNT), Trujillo, Perú.

[4]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, P.O. BOX 22, Callao, Perú.

agarridos@unitru.edu.pe (Angenella Garrido-Soto)

Los ecosistemas intermareales rocosos son uno de los hábitats más complejos en términos de diversidad y estructura comunitaria en áreas costeras. En ellos se desarrollan condiciones ambientales particulares, a las cuales se han adaptado invertebrados de diferentes grupos. En este contexto, el objetivo de esta investigación es analizar la diversidad taxonómica de invertebrados del intermareal rocoso de la playa Puerto Chico, Barranca (10°45'). Se establecieron tres transectos perpendiculares a la línea de costa, estratificados en: I (franja supralitoral - FS), II (zona mediolitoral - ZM) y III (franja infralitoral - FI). En cada estrato se colectaron tres réplicas de muestras biológicas, empleando un cuadrante de $1m^2$. Se identificaron grupos característicos del intermareal rocoso como Annelida, Amphipoda, Patellogastropoda, Gastropoda, Bivalvia, incluyendo grupos poco estudiados como los nemátodos (p.ej. Chromadoridae). Preliminarmente, los bivalvos alcanzaron una cobertura aproximada del 50% del cuadrante, con mayor densidad en los estratos I y II. A nivel de especie, *Perumytilus purpuratus* presentó la mayor densidad relativa (48%), a diferencia de otras especies como *Ophiactis croyeri*, *Scurria* sp., entre otras, cuya densidad fue mínima (<1%). Los estratos superiores exhibieron menores densidades, mientras que los inferiores mostraron mayor densidad y cobertura (>50%, principalmente mitílidos). Este enfoque de muestreo exhaustivo permitió caracterizar un mayor número de taxones que los reportados anteriormente, además de actualizar la lista taxonómica de especies en esta área. Así mismo, sirve como base para estudios sobre dinámica intermareal y cambios en la riqueza a mediano y largo plazo.

Palabras clave: taxonomía, bentos marino, estructura comunitaria, zona litoral.

Financiamiento: ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391).

DETECCIÓN MOLECULAR DE PARÁSITOS EN EL GECKO *Phyllodactylus microphyllus* (COPE, 1875) EN PERÚ

Luis A. Gómez-Puerta[4], Oscar Machuca [2], José Pérez Z.[2,3] Lidia Sánchez[1]

[1] Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines. Museo de Historia Natural. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2] Laboratorio de Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[3] Laboratorio de Estudios en Biodiversidad. Facultad de Ciencias y Filosofía. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

[4] Laboratorio de Epidemiologia y Economía Veterinaria- Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM

lsanchezp@unmsm.edu.pe (Lidia Sánchez)

La interacción hospedero-parásito es una de las fuerzas ecológicas más importante al definir las comunidades biológicas. No obstante, este tipo de interacciones no han sido evaluadas adecuadamente para la comunidad de saurios del Desierto Costero peruano. El gecko *Phyllodactylus microphyllus* es una especie de gecko endémica del Perú, de amplia distribución en el Desierto Costero peruano, que presenta una dieta basada en artrópodos, principalmente insectos. Como parte de estudios ecológicos de los geckos del desierto de nuestro país, durante el 2024, en el departamento de Ancash, se colectaron cuatro individuos de *P. microphyllus* y sus heces, con la finalidad de identificar sus endoparásitos. Los individuos y heces fueron preservados en alcohol al 70%. Se realizaron análisis convencionales para la búsqueda de parásitos del tracto digestivo. Para la detección molecular de parásitos, el ADN fue extraído de heces y del hígado de los geckos, utilizando el kit comercial PureLink Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen). Luego se utilizaron protocolos de reacción en cadena polimerasa (PCR) para amplificar parcialmente el gen 18S ARN ribosomal de *Cryptosporidium* spp., Piroplasmidos y hemogregarinas, y el gen b-giardina para Giardia. Dos de los cuatro geckos resultaron positivos al análisis molecular para hemogregarinas, indicando la presencia de *Hepatozoon* sp. en el hígado de *P. microphyllus*. Este resultado representa el primer reporte de *Hepatozoon* para el género *Phyllodactylus* para el Perú. Se recomienda continuar con estos estudios para determinar la especie del parásito intracelular, así como evaluar el potencial efecto negativo sobre las poblaciones de *P. microphyllus* y las consecuencias sobre la conservación de esta especie endémica de gecko.

Palabras clave: *Hepatozoon*, protozoo, hígado, Desierto Costero.

Financiamiento: PCONFIGI 2022

IDENTIFICACIÓN MORFOLÓGICA-MOLECULAR DE DOS ESPECIES DE SANGUIJUELAS REGISTRADAS EN LA AMAZONÍA PERUANA: *Barbronia weberi* (BLANCHARD) Y *Semiscolex similis* (WEYENBERGH)

Elthon Thomas Hinojosa Enciso[1,2,3], Rina Lastenia Ramirez Mesías[1,2,3]

[1]Laboratorio de Sistemática Molecular y Filogeografía; Departamento Académico de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[2]Departamento de Malacología; División de Zoología; Museo de Historia Natural; Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[3]Grupo de Investigación Evolución Molecular de la Biota en el Perú; Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

elthon.hinojosa@gmail.com

Las comunidades de sanguijuelas constituyen un componente importante de las redes tróficas. Con la finalidad de incrementar la disponibilidad de la información de este taxón en el Perú, se realizaron colectas en algunos cuerpos de agua cercanos a zonas urbanizadas de la ciudad de Tarapoto, departamento San Martín, y de la ciudad de Iquitos, departamento Loreto. Los ejemplares fueron anestesiados y sacrificados mediante la adición gradual de etanol. Se hizo un diagnóstico preliminar mediante la evaluación de caracteres morfológicos externos, lo cual fue confirmado mediante código de barras de ADN empleando el marcador mitocondrial COI y contrastadas en el GenBank. Como resultado, se valida la presencia de la especie *Barbronia weberi* (Blanchard) en un canal de regadío en arrozal cerca de Tarapoto, y la especie *Semiscolex similis* (Weyenbergh) en un área de una casa inundada por el río Nanay en Iquitos. *B. weberi* es una especie macrófaga de supuesto origen sudasiático la cual ha sido introducida en diversas partes del mundo, lo cual se ve reflejado en un mismo haplotipo para todo el continente americano, a diferencia de otras partes del mundo. Mientras que el género *Semiscolex* (Kinberg) es Neotropical. El presente es el segundo registro de *S. similis* para Perú. Como conclusión, se confirma la presencia de dos especies de Arhynchobdellida de amplia distribución: el primer registro de *Barbronia weberi* para Perú, en los alrededores de la ciudad de Tarapoto, y de *Semiscolex similis* en la ciudad de Iquitos, previamente reportada en la Reserva Nacional Pacaya-Samiria.

Palabras clave: Arrhynchobdellida, *DNA Barcoding*, *Neotropical biodiversity*, *Species distribution*.

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Vicerrectorado de Investigación y Posgrado, PCONFIGI B19100031 y PCONFIGI B21100471.

DELIMITACIÓN DE ESPECIES EN *Liolaemus signifer* DUMÉRIL & BIBRON (1837) Y *L. ANNECTENS* BOULENGER (1901)

Ling Huamaní-Valderrama [1,2], Juan Gamboa [1,2], Jack.W Sites Jr.[3,4], Ignacio De la Riva[5], César Aguilar-Puntriano, [1,2]

[1]Laboratorio de Sistemática y Ecología de Vertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3]Department of Biology and M.L. Bean Life Science Museum, Brigham Young University, Provo, Utah, USA.

[4]Department of Biology, Austin Peay State University, Clarksville, Tennessee, USA.

[5]Museo Nacional de Ciencias Naturales -CSIC, Madrid, España.

lingdorishuamanivalderrama@gmail.com (Ling Huamani Valderrama)

La delimitación de especies permite proponer hipótesis sobre si diferentes poblaciones corresponden a una misma especie o a linajes aún no descritos. En ocasiones y cuando se utilizan diferentes métodos o fuentes de evidencia, las hipótesis pueden ser contradictorias. Existen diferentes métodos para delimitar especies utilizando la evidencia molecular, principalmente si se trata de grupos donde la evidencia morfológica muestra un alto polimorfismo y pocos caracteres diagnósticos, como es el caso de algunos complejos de especies dentro del género *Liolaemus*. Este estudio tiene por objetivo evaluar los límites de especies en los complejos de *Liolaemus signifer* y *L. annectens,* que incluye poblaciones distribuidas en los departamentos de Arequipa, Cusco, Puno, Moquegua y Tacna. Para lo cual, se utilizaron secuencias de 02 genes mitocondriales (Cytb y 12S) y 02 nucleares (KIF24 y c-mos), que fueron alineadas y analizadas a través de métodos unilocus (ASAP, mPTP) y métodos filogenéticos multilocus (ML). Los resultados obtenidos muestran 15 linajes entre los complejos de *L. signifer* y *L. annectens*, de las cuales diez especies son candidatas. Estos resultados aclaran la situación taxonómica de *L. signifer* y *L. annectens,* y nos muestra que existe una riqueza oculta no descrita de este género en nuestro país.

Palabras clave: filogenia molecular, lagartijas, subgénero *Liolaemus*, grupo *montanus*, Altiplano, Perú.

Financiamiento: PCONFIGI 2024 (B24101931)

UNA NUEVA ESPECIE DE *Encotyllabe* (DIESING, 1850) (MONOPISTHOCOTYLA: CAPSALIDAE) DE *Sciaena deliciosa* (EUPERCARIA: SCIAENIDAE) EN LA COSTA PERUANA

Andrés Huerta Meneses[1], Carlos Villena López[1], Moisés Ramos Estica[1], Joanna Rojas Ampuero[1], Kelly Milla Cabracancha[1], Aarón Mondragón-Martínez[1], Luis Ñacari Enciso[2], Celso Cruces Chancahuaña[3], Jhon Chero de la Cruz[1]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados; Departamento Académico de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas (FCB); Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima; Perú.

[2]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos; Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos; Universidad de Antofagasta; Chile.

[3]Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Ricardo Palma (URP); Lima; Perú.

andres.huerta@unmsm.edu.pe (Andrés Huerta)

El género *Encotyllabe* Diesing, 1850 (Monopisthocotylea: Capsalidae) agrupa ectoparásitos que infectan peces teleósteos marinos distribuidos en los océanos Atlántico, Índico y Pacífico. En este estudio se describe una nueva especie hallada parasitando las placas faríngeas de la lorna, *Sciaena deliciosa* (Tschudi, 1846) (Eupercaria: Sciaenidae), recolectada en dos localidades de la costa peruana. Esta especie fue propuesta originalmente como *Encotyllabe callaoensis* Tantaleán, 1974 en una tesis doctoral no publicada y se reconoce aquí como un *nomen nudum* conforme al Código Internacional de Nomenclatura Zoológica (ICZN). *Encotyllabe* n. sp. se distingue de sus congéneres por la combinación de los siguientes rasgos morfológicos: un cuerpo que se estrecha anteriormente, testículos ligeramente lobulados notablemente más grandes que el ovario, folículos vitelinos que inician a nivel del órgano copulador masculino (MCO) y ausentes en la región de los órganos reproductores, un poro genital ubicado en posición posterolateral respecto a la faringe y un MCO de forma oblonga. El análisis filogenético basado en secuencias del gen cox1 situó a la nueva especie en un clado junto a *Encotyllabe percussa* Morales-Ávila, Jufaili & Ogawa, 2024, descrita en *Lethrinus nebulosus* (Forsskål, 1775) (Eupercaria: Lethrinidae) del Golfo Arábigo. Las distancias genéticas por pares respaldan su diferenciación respecto de los congéneres más cercanos. *Encotyllabe* n. sp. constituye la primera especie del género descrita en un hospedador de la familia Sciaenidae.

Palabras clave: monogeneos, esciénidos marinos, filogenia, taxonomía integradora.

Financiamiento: Proyectos de investigación para grupos de investigación (PCONFIGI) Universidad Nacional Mayor de San Marcos - RR N° 005446-R-25 y número de proyecto B25100031.

EVALUACION DE RIESGO ECOLÓGICO DE LAS ESPECIES ASOCIADAS A LA PESCA ARTESANAL Y DE MEDIANA ESCALA CON REDES DE CERCO EN LA BAHÍA DE PISCO (-13.5 °S), COSTA SUR DEL PERÚ

Angela Incio[1], Víctor Aramayo[1,2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Av. Carlos Germán Amezaga 375, Lima 15081, Peru

[2]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Esquina Gamarra y General Valle S/N Chucuito, Callao 07021

angela.incio@gmail.com

La pesca artesanal y de mediana escala enfrenta múltiples desafíos ambientales (desde polución hasta eventos climatatológicos de gran escala como El Niño Oscilación Sur), sociales (engloba al mayor número de familias dedicadas a la pesca) y de gestión, tanto local como regional. Esta actividad ejerce presión sobre un gran número de especies (peces, invertebrados, macroalgas) y se ha expandido notablemente en las últimas décadas; por ejemplo, en la costa sur de Perú, en áreas como Pisco, que en 2019 se posicionó como la tercera zona con mayor volumen de desembarque para consumo humano directo a nivel nacional (8,2%) y cuya pesquería se caracteriza por ser multiespecífica y de alta diversidad biológica. Analizamos la variabilidad temporal de las capturas (2010-2020) y aplicamos una Evaluación de Riesgo Ecológico para sistematizar toda la información disponible sobre la pesca de cerco artesanal y de mediana escala. De las más de 160 especies desembarcadas, se identificaron 49 especies vulnerables a esta pesquería (93,9% vertebrados y 6,1% invertebrados), clasificadas en: 9 especies objetivo (ej. *Engraulis ringens*, *Sarda chiliensis chiliensis*, *Scomber japonicus*), 19 especies incidentales (ej. *Odontesthes regia regia*, *Cheilodactylus variegatus*, *Dosidicus gigas*) y 21 especies protegidas, amenazadas o en peligro, incluyendo 10 especies de elasmobranquios, 6 aves marinas, 3 mamíferos marinos y 2 tortugas marinas. Las especies objetivo presentaron un riesgo ecológico bajo (a pesar de su alta capturabilidad local y baja selectividad del arte de pesca), principalmente debido a su elevada productividad biológica, lo que les confiere una mayor capacidad de recuperación. En contraste, las especies incidentales, particularmente las aves marinas *(Phalacrocorax gaimardi*, *P. bougainvillii*, *P. brasilianus*, *Pelecanus thagus*, *Sula variegata* y *Spheniscus humboldti)* fueron identificadas como el grupo más vulnerable debido a su baja productividad biológica y alta susceptibilidad a las interacciones pesqueras, lo que incrementa su riesgo ecológico.

Palabras clave: pesquería artesanal, biodiversidad explotada, sur de Perú, sostenibilidad pesquera, impacto.

Financiamiento: ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391)

CARACTERÍSTICAS HISTOLÓGICAS DEL CORDONCILLO A NIVEL CAULINAR Y FOLIAR

Domingo Iparraguirre León[1], Rosa Antonia Gonzales Gonzales[2], Christian Jair Cerazo Huapaya[1]

[1]Laboratorio de Anatomía y Farmacognosia Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Citogenética y Bioensayos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

diparraguirrel@unmsm.edu.pe (Domingo Iparraguirre)

La especie *Piper peltatum* L., de la familia Piperaceae, es una planta medicinal conocida como cordoncillo, usada en la amazonia peruana para el tratamiento de dolor, empleándose específicamente la hoja para el tratamiento de las dolencias. La planta fue colectada en Iquitos-Loreto, en la Reserva Nacional Allpahuayo-Mishana, estación biológica del Instituto de Investigación de la Amazonia Peruana (IIAP). La hoja es descrita morfológicamente como ligeramente orbicular, cordada, peltada. Las muestras fueron fijadas in situ con solución Formol, alcohol ácido acético (FAA). A partir del tallo y las hojas, se realizaron cortes a mano alzada, se prepararon láminas sin coloración y con coloración utilizando Azul de cresilo y azul de toluidina 0.5%. Se revisaron los cortes en un microscopio binocular Leica. El tallo presenta una estructura primaria con tejido de protección primario la epidermis, debajo dos capas de tejido parenquimático seguido de colénquima laminar discontinuo, interiormente presenta una disposición de haces vasculares similar a una planta monocotiledónea que se aproxima a una atactostela, cada paquete vascular es del tipo haz colateral abierto; en el caso del peciolo presenta similitud a lo observado en el tallo pero con la ligera diferencia en el tipo de colénquima que se observa de tipo angular y los haces vasculares con fibras de esclérenquima. La hoja presenta una forma cordada pero con base peltada, con nerviación peltinervia y corresponde histológicamente a una estructura bifacial, siendo las epidermis uniestratificadas en la cara adaxial y la cara abaxial, el mesófilo está diferenciado en una hilera de células de parénquima clorofiliano en empalizada y un parénquima esponjoso con dos o tres hileras de células con espacios intercelulares muy marcados y cavidades secretoras; los estomas son anomocíticos y presenta tricomas pluricelulares a nivel de la nervadura central de la cara abaxial. La estructura interna se corresponde a una dicotiledónea basal.

Palabras clave: *Piper peltatum*, dicotiledónea basal, Piperaceae, estructura interna

Financiamiento: PCONFIGI B24103081-UNMSM

REVALIDACIÓN TAXONÓMICA DE *Kudoa peruvianus* (MYXOSPOREA: MULTIVALVULIDA) EN *Merluccius gayi peruanus* MEDIANTE CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y FILOGENÉTICA

Alonso Izquierdo Villegas1, Jhon Chero de la Cruz[2], Angel Ramirez-Lifonzo[1], Raquel Siccha-Ramirez[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática de la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

luis.izquierdo1@unmsm.edu.pe (Luis Alonso Vilmar Izquierdo Villegas)

Los Multivalvulida constituyen un orden de parásitos histozoicos capaces de causar daños en sus hospederos. Dentro de este grupo, el género *Kudoa* Meglitsch, 1947 se localiza típicamente en el tejido muscular, donde induce procesos de licuefacción muscular. Además, algunas especies son responsables de intoxicaciones alimentarias en humanos cuando el pescado infectado es consumido crudo o incorrectamente cocido. *Merluccius gayi peruanus* Ginsburg, 1954 (Gadiformes: Merlucciidae), conocida como merluza peruana, es una especie bentónica que sostiene la pesquería industrial de arrastre en el Perú y suele estar infectada por *Kudoa peruvianus* Mateo, 1972 (Multivalvulida: Kudoidae). Para este estudio, se analizaron 20 ejemplares de *M. gayi peruanus* adquiridos en el terminal pesquero de Ventanilla, Callao, Perú. Se examinó su tejido muscular y se detectó infección por *K. peruvianus* en 15 de los especímenes. Los mixosporidios fueron extraídos y caracterizados morfológicamente. Asimismo, se realizó un análisis filogenético basado en una secuencia parcial del gen 18S ARNr. Los resultados revelaron una identidad máxima del 99.09% con *Kudoa paniformis* Kabata & Whitaker, 1981, un parásito mielolicuefactivo reportado en la merluza del Pacífico Norte, *Merluccius productus*(Ayres, 1855). Esta alta similitud sugiere una estrecha relación filogenética entre *K. peruvianus* y *K. paniformis*. El presente estudio constituye el primer registro molecular y filogenético de *K. peruviana*, proporcionando evidencia que respalda su validez taxonómica.

Palabras clave: *Kudoa peruvianus*, *Myxosporea*, *Merluccius gayi peruanus*, Revalidación taxonómica.

Financiamiento: Recursos propios, Grupo de investigación Evolución molecular de la biota en el Perú y Grupo de investigación Reproducción, biología del desarrollo y ecotoxicología.

NICHO TEMPORAL Y ESPACIAL DE TRES DEPREDADORES TOPE EN DOS ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS DE PERÚ

Sandro Marcel La Rosa Sánchez Navarro[1], Yakov Quinteros Gómez[1], Jorge Icaro Condado Jauregui[1], Franco Angeles Alvarez[1], Jehoshua Macedo Bedoya[1], Abel Arturo Salinas Inga[1], Sergio Daniel Yangua Evangelista[1], Flavia Andrea Anlas Rosado[1] y Olga Lidia Solano Davila[2].

[1]Laboratorio de Ecología Tropical y Análisis de Datos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento Académico de Estadística, Facultad de Ciencias Matemáticas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima 15081, Peru

sandro.larosasanchez@unmsm.edu.pe (Sandro Marcel La Rosa Sánchez Navarro)

Este estudio evalúa el nicho temporal, espacial y la abundancia relativa del jaguar (*Panthera onca*), puma (*Puma concolor*) y oso andino (*Tremarctos ornatus*) en dos Áreas Naturales Protegidas amazónicas del Perú: el Parque Nacional Cordillera Azul (PNCAZ) y el Bosque de Protección Alto Mayo (BPAM), las cuales representan un gradiente de perturbación antrópica debido a sus distintas categorías de manejo. El monitoreo se llevó a cabo durante el primer semestre del 2025 mediante cámaras trampa distribuidas sistemáticamente (24 por área), y los datos obtenidos fueron analizados en función de patrones circadianos, solapamiento y ocupación. Los resultados del semestre revelan diferencias marcadas entre especies y sitios. En el BPAM se registraron cuatro eventos de oso andino: uno en crepúsculo matutino (06:12 h), dos en horario diurno (15:23 y 15:39 h) y uno en crepúsculo vespertino (18:24 h), lo que indica un patrón de actividad principalmente diurno, pero con incursiones en ambos crepúsculos. El único registro de puma fue nocturno (20:54 h) y ocurrió en el mismo punto donde previamente se registró un oso andino (06:12 h), con una diferencia de 46 días, sugiriendo posible solapamiento espacial con segregación temporal. En el PNCAZ, los tres registros de jaguar mostraron flexibilidad horaria: uno en crepúsculo vespertino (17:51 h), otro nocturno (22:50 h) y otro diurno (14:51 h). El oso andino mostró actividad mayormente diurna (10:38 y 13:12 h), con un evento adicional en crepúsculo matutino (05:50 h). El puma fue detectado en horarios diurnos (15:07 h) y nocturnos (20:05 h). No se documentaron registros de diferentes especies en un mismo punto con menos de 30 días de diferencia. Estos hallazgos sugieren una partición espacio-temporal del nicho entre estos depredadores tope, posiblemente mediada por la presión antrópica.

Palabras clave: Cámaras trampa, Amazonía, monitoreo ecológico, presión antrópica.

Financiamiento: "Áreas Naturales Protegidas y su vulnerabilidad ante el cambio climático: almacenamiento de carbono y conservación de los 3 grandes depredadores terrestres de Perú", Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Contrato N° PE501087942 - 2024.

EFICIENCIA DE ALGORITMOS DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO PARA LA PREDICCIÓN DEL CRECIMIENTO DE *Lemna minuta* KUNTH SEGÚN LA TEMPERATURA

Angela Lama-Vargas[1,2], Wilser Andrés García-Quispes[1], Giovana Patricia Vadillo-Gálvez[2]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

angela.lama@unmsm.edu.pe

Las especies del género *Lemna* han sido ampliamente estudiadas debido a su rápido crecimiento y sensibilidad a factores ambientales. Su importancia agronómica radica en su alto valor nutricional para el consumo animal, su capacidad de biorremediación y su uso como indicador de la calidad del agua. Factores como la luz, la salinidad y la temperatura pueden afectar su crecimiento, por lo que es necesario conocer sus condiciones de cultivo para optimizar su producción. Este estudio evaluó la eficiencia de algoritmos de aprendizaje automático para predecir el crecimiento de *Lemna minuta* Kunth en función de la temperatura de cultivo. Se recolectaron muestras de *Lemna minuta* del mercado de Flores (Lima) y se realizó su identificación taxonómica en el Museo de Historia Natural. Asimismo, se cultivaron en condiciones controladas: un grupo a temperatura ambiente (20 °C) y otro en una incubadora (25 °C). Después de dos semanas, se midió el área foliar y la longitud de raíz; además se entrenó tres modelos de aprendizaje automático en R y se evaluó su desempeño con curvas ROC y el área bajo la curva (AUC). La regresión logística obtuvo el mejor desempeño predictivo con un AUC de 0,71, seguido por el Bosque aleatorio (AUC=0,686) y el Árbol de decisiones (AUC=0,673). Esto sugiere que la regresión logística es más robusta ante valores extremos y ofrece mejor generalización. Se concluye que los algoritmos de aprendizaje automático pueden predecir el rendimiento de *Lemna minuta* Kunth, pero se recomienda optimizar el manejo de datos atípicos para mejorar la precisión de futuras predicciones. Este estudio destaca la aplicación de herramientas de aprendizaje automático para predecir el crecimiento de *Lemna sp.*, lo que podría agilizar los procesos de cultivo a gran escala para diversos fines en la industria agropecuaria y acuícola.

Palabras clave: modelos predictivos, área foliar, longitud de raíz, lenteja de agua.

Financiamiento: Esta investigación fue financiada con recursos propios de la autora y con el apoyo de los asesores. Los equipos utilizados fueron prestados por el laboratorio correspondiente, sin financiamiento externo específico.

PATRÓN BIOGEOGRÁFICO Y DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE UN ROEDOR ENIGMÁTICO: *Oreoryzomys balneator* (RODENTIA: CRICETIDAE)

Daniel Llancachahua-Tarqui[1], Dennisse Ruelas[1,2], Víctor Pacheco[1]

[1]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Lima-11, Perú

[2]Instituto de Ciencias Biológicas "Antonio Raimondi", Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

daniel.llt10@gmail.com

Oreoryzomys balneator es un roedor oryzomino poco conocido, sin una revisión taxonómica moderna. Su distribución apenas se conoce a partir de pocos especímenes de museos procedentes de bosques montanos del norte de Perú y Ecuador. En este estudio, revisamos colecciones biológicas, literatura y repositorios abiertos para actualizar su distribución geográfica y explorar su rango potencial. Compilamos la información de 73 localidades a lo largo de su distribución actual, 13 de las cuales son nuevos registros para las Yungas del noroeste peruano (departamentos de Piura y Cajamarca), ampliando su rango hacia el sur en 75 km. Usamos 53 registros independientes y seis variables bioclimáticas de WorldClim para construir un modelo de distribución potencial con el algoritmo Maxent en la plataforma Wallace. El modelo predice una distribución más extensa de lo previamente conocido hacia el norte de Ecuador, sugiriendo su presencia en la frontera con Colombia, y hacia el sur del Perú, pero restringido al norte de la depresión de Huancabamba. Las zonas de mayor idoneidad coinciden con ecosistemas frágiles como bosques montanos y páramos entre 1200 y 3000 m. Asimismo, el modelo sugiere poblaciones potencialmente aisladas a ambos lados de la cordillera de los Andes, separadas por áreas de baja idoneidad correspondientes a valles interandinos secos (<1000 m) y puna altoandina (>3500 m), que podrían actuar como barreras geográficas. La presencia de poblaciones aisladas sugiere una posible estructuración poblacional o que la especie sea un complejo de varias formas aún no reportadas. Recomendamos estudios genéticos y una evaluación de su estado de conservación ante la fragmentación continua de sus ecosistemas.

Palabras clave: Yungas, modelamiento de nicho ecológico, Oryzomyini, bosque montano, páramo.

Financiamiento: PROCIENCIA (PE501089853-2024, PE501078825 010401-2022-R), PCONFIGI (B21100031 5753-21, B22100081 5557-22)

LAS EVALUACIONES CON CÁMARAS TRAMPA REVELAN LA DIVERSIDAD OCULTA DE MAMÍFEROS EN AFLORAMIENTOS ROCOSOS DEL ALTIPLANO SURESTE PERUANO

Daniel Llancachahua-Tarqui[1], Sánchez-Vendizú Pamela[1,2], Monzón-Tapia César A.[3], Bishop Joseph A.[4], Pacheco Víctor[1], Mahan Carolyn G.[5]

[1]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Lima-11, Perú

[2]Programa de Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Campus Isla Teja s/n, Valdivia, Los Rios 5090000, Chile

Investigador independiente, Jirón Pedro Vilcapaza N° 167 Barrio Independencia 21001, Puno, Perú

[4]Department of Geography (Retirado), The Pennsylvania State University, University Park, PA 16802, Estados Unidos

[5]Division of Mathematics and Natural Sciences, The Pennsylvania State University, 3000 Ivyside Drive, 209 Hawthorn Building, Altoona, PA16601, Estados Unidos

daniel.llt10@gmail.com (Daniel Llancachahua-Tarqui)

Los afloramientos rocosos del Altiplano peruano son formaciones clave para la fauna que habita por encima de los 3,500 m, pero su biodiversidad sigue estando poco documentada. Por ello, en este trabajo determinamos la diversidad alfa y beta, y patrones de abundancia de mamíferos asociados a afloramientos rocosos en el Altiplano peruano. Utilizamos cámaras trampa para muestrear siete localidades en los departamentos de Moquegua, Puno y Tacna entre 2012 y 2022, acumulando un esfuerzo de muestreo total de 15,946 cámaras-día. Registramos 15 especies de mamíferos (14 nativas y una exótica: *Lepus europaeus*). Los roedores dominaron la comunidad, destacando *Abrocoma cinerea*, *Lagidium viscacia* y *Abrothrix jelskii*, que constituyeron el 75 % de las detecciones. Se identificaron variaciones estacionales en la abundancia: *Abrothrix jelskii* y *L. viscacia* incrementaron su índice de abundancia relativa (RAI) durante la estación seca, mientras que *Abrocoma cinerea* se mantuvo como especie dominante durante todo el año. La diversidad alfa mostró una riqueza similar entre estaciones, aunque con mayor diversidad de especies comunes y dominantes en época seca. La diversidad beta indicó alta similitud entre roquedales peruanos, pero menor semejanza con roquedales distantes (Argentina) o hábitats abiertos, lo que sugiere un recambio de especies. Este estudio presenta el primer inventario de mamíferos en afloramientos rocosos del Perú mediante cámaras trampa. Además, se generaron nuevos registros de la especie rara *Galictis cuja* y se discute la ausencia de *Chinchilla chinchilla*, sin reportes en vida silvestre en el país durante más de 80 años. Resaltamos el valor de los roquedales como refugios clave y la importancia de las cámaras trampa para el monitoreo de hábitats altiplánicos, el impacto potencial de las especies exóticas, y la urgente necesidad de investigaciones adicionales en estos hábitats amenazados.

Palabras claves: *Abrocoma cinerea*, ecorregión puna, geodiversidad, números de Hill

Financiamiento: Penn State Altoona Advisory Board Research Award y Huck Institute of Life Sciences Research

DIVERSIDAD DE COMUNIDADES MICROBIANAS UTILIZANDO *ADN METABARCODING*: UN ENFOQUE BIOINFORMÁTICO PARA LA CARACTERIZACIÓN DE LA CUENCA DEL LAGO TITICACA

Bryan Llatance-Salazar[1,3], Deivis Cueva[1], Marcos Espinel-Duda[1], Paul Guarnizo[1], Cesar Gamarra[2], Humberto Siguayro[2], Valery Alcantara-Cabrera[1], Jonathan Maldonado-Soto[4], Giovanna Sotil[1,3]

[1]Laboratorio de Genética Molecular, Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Callao, Perú.

[2]Laboratorio Continental de Puno. Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Puno, Perú.

[3]Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú.

[4]Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile, Chile.

bryan.llatance@unmsm.edu.pe (Bryan Llatance-Salazar)

La diversidad bacteriana en cuerpos de agua es esencial para la estabilidad de los ecosistemas acuáticos y el monitoreo de su salud ambiental. El uso de herramientas bioinformáticas combinadas con técnicas de secuenciación masiva para el estudio del ADN ambiental (eDNA), no solo ha transformado el estudio de diversidad comunitaria sino que también permite la detección de especies sin la necesidad de su aislamiento ni cultivo. En este estudio, se presenta un flujo de trabajo aplicado a la caracterización de la diversidad bacteriana en diversas zonas de la cuenca hidrográfica del Lago Titicaca a partir de la extracción del eDNA en muestras de agua. Se realizó la amplificación de la región V3-V4 del gen ARNr 16S y la secuenciación por Illumina (MiSeq). Las secuencias obtenidas fueron analizadas usando un pipeline bioinformático basado en el programa QIIME2. Se obtuvieron 96,277 reads filtrados tras el control de calidad. Se identificaron 875 variantes de secuencia de amplicón (ASVs), que permitieron la asignación taxonómica de las bacterias. La comparación entre estaciones (lluviosa y seca) y localidades se realizó mediante análisis de diversidad, empleando una rarefacción estandarizada a 5000 reads/muestra. Se identificaron variaciones en la composición bacteriana entre las estaciones lluviosa y seca, lo que sugiere una influencia estacional en la estructura de las comunidades bacterianas del lago. La construcción del pipeline proporcionó una ventaja significativa en el procesamiento e interpretación de los datos, facilitando la detección de patrones espaciales y temporales en la diversidad bacteriana. Se resalta la importancia de la bioinformática en el análisis de grandes volúmenes de datos, contribuyendo al entendimiento de los procesos ecológicos en el Lago Titicaca, así como en otros ecosistemas.

Palabras clave: comunidades bacterianas, eDNA, NGS, QIIME2.

Financiamiento: PpR Ordenamiento y desarrollo de la acuicultura. Ministerio de la Producción, 2023-2025

ESTUDIO PRELIMINAR DE LA DIVERSIDAD DE MAMÍFEROS PEQUEÑOS DEL REFUGIO DE VIDA SILVESTRE BOSQUES NUBLADOS DE UDIMA, CAJAMARCA

Mirella Lozano Salazar[1], Klauss Cervantes[2], Pamela Sánchez-Vendizú[2,3]

[1]Museo de Historia Natural "Víctor F. Baca Aguinaga", Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo

[2] Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima 15072, Perú

[3] Programa de Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

mlozanos@unprg.edu.pe (Mirella Lozano Salazar)

Los bosques montanos del Perú son predominantes a lo largo de la vertiente oriental de los Andes, sin embargo, también ocupan un pequeño territorio en la vertiente occidental donde son conocidos como bosques relictos. Muchos de estos bosques se encuentran en áreas naturales protegidas y poseen una biodiversidad singular pero aún poco conocida para los mamíferos. Para llenar este vacío de información, este trabajo reporta la riqueza y diversidad de los mamíferos pequeños del refugio de Vida Silvestre "Bosques Nublados de Udima" (RVSBNU). El muestreo se realizó de febrero a noviembre de 2023 en el sector sur del RVSBNU y en tres ecosistemas: Bosque estacionalmente seco (BES), Bosque montano (BM) y Jalca (J), usando métodos de capturas para mamíferos pequeños terrestres (TN) y redes de neblina para los voladores (RN). El esfuerzo de muestreo total fue de 3136 TN y 350 RN. Se registraron 18 especies: ocho roedores, 7 murciélagos, 3 marsupiales y 1 carnívoro. Entre los roedores, *Thomasomys taczanowskii* y *Akodon mollis* fueron las especies más abundantes, en el caso de los murciélagos la especie más abundante fue *Sturnira erythromos*. Además, se encontró que el BM alberga especies endémicas importantes para la conservación como, *Thomasomys pyrrhonot*us y *Thomasomys cinereus*. Los análisis de diversidad verdadera indican que el BM es más diverso que los ecosistemas de BES y J. Aunque este estudio documenta una gran parte de la diversidad de mamíferos del RVSBNU, se recomienda el uso de otras metodologías adicionales para complementar la diversidad real.

Palabras clave: roedores, marsupiales, conservación, áreas naturales protegidas

Financiamiento: SERNANP, PROFONANPE, DIMAPA.

ESTUDIO ANATÓMICO E HISTOQUÍMICO DE *Psidium guajava* L.

Manuel Marín-Bravo[2,3], Mirella Clavo-Peralta[1], Lucya Lanchipa[2,3], María Pala[2,3] y Betty Millán-Salazar[2,3]

[1]Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.Lima.

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima.

[3]Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima.

mmarinb@unmsm.edu.pe

Psidium guajava, "guayaba" (Mirtaceae) es una especie arbórea de interés medicinal por su actividad antinflamatoria, digestiva y con potencial nutraceútico. El objetivo del presente estudio busca caracterizar la anatomía foliar y caulinar a través de la examinación de caracteres histológicos, microquímicos y análisis morfométricos. Hojas y tallos adultos de la especie cultivada en las zonas rurales de Pucallpa (Ucayali) fueron fijados en FAA para el estudio histológico consistente en cortes a mano alzada, así como diafanizados foliares en hidróxido de sodio 2,5%, aplicando tinciones de safranina y azul de toluidina, ambos al 1%. Una parte del material fresco fue examinado con pruebas microquímicas para la identificación metabolitos secundarios. Se realizó la descripción de la estructura interna de los órganos, así como la caracterización del patrón de nervaduras y mediciones morfométricas de parámetros anatómicos foliares y caulinares, con microfotografías a 100 y 400 aumentos. Los resultados muestran a nivel foliar una estructura bifacial escasamente pubescente, con presencia de una hipodermis biestratificada, siendo la hoja altamente densa en estomas de tipo paracítico. El patrón de nervaduras primario es pinnado de tipo eucamptodromo, con ramificaciones de primer a tercer orden y formación de areolas poligonales. El tallo, de estructura secundaria en transición, pero sin formación de peridermis, presenta un amplio desarrollo del xilema y una zona medular estrecha, con cavidades secretoras esquizógenas en la corteza primaria. Las pruebas microquímicas revelaron la presencia de compuestos fenólicos, taninos, quinonas y esteroles triterpénicos. Se discuten estos y otros detalles anatómicos de valor diagnóstico para la especie.

Palabras clave: Guayaba, histología, microquímica, morfometría.

Financiamiento: PCONFIG 2021 A21081221

CARACTERIZACIÓN DE LA SIMBIOSIS MICORRÍZICA EN *Solanum melongena* L. Y *Phaseolus vulgaris* L. EN UN SISTEMA DE CULTIVO ASOCIADO EN CIENEGUILLA, LIMA

Vivian Martinez-Avalos, Gianella A. Ramírez-Morales, Favio Cisneros-Vargas, Miriam R. Hanco-Chero, Marco A. Mory-Zacarías, Bernabé Luis-Alaya

[1]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

vivian.martinez@unmsm.edu.pe

Los cultivos asociados promueven prácticas agrícolas sostenibles al mejorar el uso de recursos y favorecer interacciones beneficiosas en el suelo. En este contexto, los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) son aliados clave al facilitar la absorción de nutrientes y mejorar la tolerancia al estrés. Caracterizar la micorrización en estos sistemas permite optimizar el uso de inóculos nativos. Este estudio evaluó la simbiosis micorrízica en *Solanum melongena* L. y *Phaseolus vulgaris* L. en cultivo asociado, como base para la producción de inóculos micorrízicos. En esta investigación se colectaron cinco muestras de suelo rizosférico de *P. vulgaris* y tres de *S. melongena* usando un diseño en zigzag. La propagación de HMA se realizó en *Brachiaria brizantha* cv. Marandú bajo estrés hídrico. Se cuantificaron esporas por 100 g de suelo, se describió la morfología de las esporas y se evaluó la colonización micorrízica mediante tinción con azul de tripán. Las muestras rizosféricas mostraron en promedio 181.4 esporas/100 g en *P. vulgaris* y 170 esporas/100 g en *S. melongena*. Tras la propagación, estos valores se incrementaron a 662.7 y 175.3 esporas/100 g, respectivamente. La colonización micorrízica fue mayor en *S. melongena* (70.6%) frente a *P. vulgaris* (48%). Además, mediante análisis morfológico de las esporas se destacó la presencia o ausencia de conexión hifal, el tamaño de la espora, color y características de la pared. Estos criterios permitieron identificar los morfotipos Glomoides, Acaulosporoides y Gigasporaides. La diferencia en colonización sugiere variabilidad en la compatibilidad planta-hongo. Además, la variabilidad en el número de esporas indica que no siempre hay una relación directa entre abundancia de esporas y colonización. La identificación morfológica respalda la diversidad funcional, lo cual es clave para diseñar estrategias de biofertilización adaptadas a contextos locales. Se concluyó que ambas especies muestran potencial para la producción de inóculos micorrízicos, especialmente *S. melongena*.

Palabras clave: Cultivos asociados, Micorrización, Hongos micorrízicos arbusculares, Simbiosis micorrízica, glomeromycota.

Financiamiento: Proyecto PRO-CTIE2024 del Vicerrectorado de Investigación y Posgrado UNMSM, código: B241002pro.

LA REGIÓN CONTROL EN EL MITOGENOMA DEL CARACOL DE AGUA DULCE *Pomacea columellaris* (GOULD, 1848) (GASTROPODA: AMPULLARIIDAE)

Alejandro Mendivil[1,2], Rina Ramírez[1,2], Jaime Morin[1,2,3], Elthon Hinojosa[1,2], Jorge L. Ramirez[1,2], Pedro E. Romero[1], Nilda Oliveros[1], Carlos Congrains[4,5]

[1]Laboratorio de Sistemática Molecular y Filogeografía, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Carlos Germán Amezaga 375, Lima 15081, Perú.

[2]Departamento de Malacología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Lima 15046, Perú.

[3]Department of Natural History, NTNU University Museum, Norwegian University of Science and Technology, Erlings Skakkes gate 47B, 7012 Trondheim, Norway.

[4]Department of Plant and Environmental Protection Services, University of Hawaii at Manoa, Honolulu, HI 96822, USA.

[5]U.S. Department of Agriculture-Agricultural Research Service, Daniel K. Inouye U.S. Pacific Basin Agricultural Research Center, Tropical Pest Genetics and Molecular Biology Research Unit, Hilo, HI 96720, USA.

rramirezm@unmsm.edu.pe (Rina Lastenia Ramírez Mesías)

Los caracoles del género *Pomacea*, nativos de América, presentan una diversidad notable y aún no suficientemente investigada. Nuestro grupo de investigación, EMBPE, ha descrito recientemente nuevas especies y generado filogenias moleculares que confirman la presencia en Perú de tres de los cuatro clados, *Pomacea canaliculata*, *P. bridgesii* y *P. effusa*, aunque las especies del grupo *Limnopomus* aún no han sido evaluadas. En este trabajo utilizamos tecnologías de *Next-Generation Sequencing* (NGS) para obtener información genómica de una especie de este grupo, *Pomacea columellaris* (Gould) y estudiar la estructura de la región control mitocondrial, conocida por su alta variabilidad y potencial utilidad para estudios poblacionales. Este segmento fue ensamblado, anotado y su estructura secundaria inferida a partir de secuencias de fragmentos cortos. La región control de *P. columellaris*, ubicada entre *tRNA-Phe* y *COIII*, tiene un tamaño de 262 pb, con un alto contenido de A+T y sin los motivos repetidos típicos de otros clados, como TAAGATATAAAGAAACTAAGAGA en *P. canaliculata*. En cuanto a su estructura secundaria, destaca por su sencillez, con un tallo extremadamente largo sin presencia de bucles notorios. Esta simpleza estructural contrasta con lo encontrado en otras especies de *Pomacea*, en donde se ha observado una gran abundancia y complejidad de tallos-bucles. La ausencia de motivos repetidos y la estructura secundaria simple de la región control de *P. columellaris* resaltan la singularidad de esta especie y sugieren la necesidad de continuar explorando la estructura y organización de su mitogenoma completo como herramienta para comprender la evolución y diversidad de los linajes del género *Pomacea*.

Palabras clave: Mollusca, *Limnopomus*, Genoma mitocondrial, NGS.

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Vicerrectorado de Investigación y Posgrado, PCONFIGI B24100481.

PRIMER REGISTRO Y CARACTERIZACIÓN POLIFÁSICA DE *Nodosilinea* (CYANOBACTERIA) EN LOS ANDES TROPICALES DEL PERÚ

Leonardo Humberto Mendoza-Carbajal[1,2], Raquel Siccha-Ramirez[3], Watson Arantes Gama Jr.[4], Cecil Tenorio García Blasquez[5]

[1]Departamento de Limnología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[3]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[4]Departamento de Biología, Universidad Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife, Brasil

[5]Banco de Germoplasma de Organismos Acuáticos (BGOA), Instituto del Mar del Perú (IMARPE), La Punta, Callao

lmendozaca@unmsm.edu.pe (Leonardo Humberto Mendoza-Carbajal)

Las cianobacterias son microorganismos clave a nivel evolutivo y ecológico. En las últimas décadas, el uso del enfoque polifásico (análisis morfológicos, ecológicos y moleculares) ha permitido descubrir numerosas especies nuevas, especialmente en regiones tropicales. En Perú, si bien existen diversos registros de cianobacterias, aún no se han estudiado empleando este enfoque. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar una cepa del género *Nodosilinea*, aislada de la laguna Pampamarca (Cusco), siendo este el primer registro del género para el país. La muestra fue recolectada raspando perifiton de *Typha* en la zona litoral sur de la laguna. En laboratorio se utilizó medio BG11 con agar al 4 % y cicloheximida para el aislamiento. Tras semanas de cultivo se obtuvo la cepa L029 (*Nodosilinea* sp.), la cual presentó tricomas solitarios. El ADN fue extraído (fenol-cloroformo) y se amplificó una región del operón ribosomal (16S + ITS) mediante PCR con polimerasa Phusion®. El producto fue clonado en vector pGEM usando la enzima USER® y transformado en *E. coli* DH5α. Tres clones positivos fueron secuenciados en la Universidade Federal de Pernambuco (Brasil). Las secuencias fueron editadas en BioEdit, alineadas con MAFFT y analizadas filogenéticamente mediante MrBayes (análisis bayesiano) y RAxML (máxima verosimilitud). La estructura secundaria del ITS se obtuvo con UNAFold. El análisis morfológico se realizó mediante microscopia óptica, donde la cepa presentó características típicas del género con excepción de la formación de nódulos en los tricomas. Filogenéticamente, forma parte del clado de *Nodosilinea*, siendo el primer registro del género en Perú. Ecológicamente, es la cuarta especie del género encontrada en ambientes acuáticos y asociada a plantas. La estructura secundaria del ITS muestra similitudes con otras especies, aunque con diferencias puntuales. Se concluye que la cepa L029 representa una potencial nueva especie. Se recomienda estudios adicionales en ambientes altoandinos para descubrir más cianobacterias novedosas.

Palabras clave : Cianobacterias; *Nodosilinea*; Andes Tropicales; Enfoque polifásico; ITS ribosomal.

Financiamiento: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, número de subvención (N° proyecto estudiante) y del Concurso E033-2023-01-BM “Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado”, número de subvención (PE501084299-2023). Así también, L.H. Mendoza-Carbajal agradece a CAPES (Brasil) por el financiamiento a través del programa “Move La América” en la movilidad hacia la UFRPE (Recife, Pernambuco), donde se realizó el análisis molecular de la cepa.

NUEVOS REGISTROS DE *Trachelomonas* (EUGLENOPHYCEAE) EN ECOSISTEMAS ACUÁTICOS DE LA AMAZONÍA PERUANA

Leonardo Humberto Mendoza-Carbajal[1,2], Monica Socola[3], Anderson Dominguez-Villanueva[1]

[1]Departamento de Limnología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[3]Facultad de Ciencias Ambientales y Matemática, Universidad Nacional Federico Villareal (UNFV), Lima, Perú

lmendozaca@unmsm.edu.pe (Leonardo Humberto Mendoza-Carbajal)

Trachelomonas Ehrenberg es un género de microalgas euglenoides loricadas, fotosintéticas y planctónicas, común en aguas continentales con pH ácido a neutro. Actualmente se reconocen más de 400 especies aceptadas a nivel global, siendo uno de los géneros más diversos y ampliamente distribuidos en ambientes acuáticos continentales. En Sudamérica, algunas especies de *Trachelomonas* han sido propuestas como taxones indicativos por su morfología distintiva, aunque su diversidad en regiones tropicales sigue siendo poco conocida. En el Perú, diversas especies han sido reportadas en ecosistemas andinos y amazónicos, sin embargo, aún existen cuerpos de agua donde el conocimiento del fitoplancton es escaso o inexistente. El objetivo de este estudio fue describir morfológicamente cuatro especies de *Trachelomonas* recolectadas en las lagunas Imiría y Chauya (Ucayali). Se colectó usando una red de plancton de 20 µm y filtrando entre 20 a 40 litros, fijándose con formol al 4%, en marzo del 2024. La identificación taxonómica se realizó con microscopia óptica a partir de caracteres morfológicos externos: forma, dimensiones y ornamentación de la loriga, longitud del cuello, presencia y distribución de espinas, y coloración general. Las especies identificadas fueron: *Trachelomonas acanthophora*, *T. amphoriformis*, *T. dastuguei* y *T. magdaleniana*. Estas especies no habían sido reportadas previamente en Perú, ampliando así el conocimiento florístico del fitoplancton de la Amazonía occidental. En particular, *T. magdaleniana* es considerada un taxón de importancia biogeográfica, siendo una "especie bandera" ("flag-ship"). Los resultados destacan la necesidad de continuar los estudios sobre euglenófitas loricadas en ecosistemas acuáticos de la región tropical andino-amazónica, donde podrían encontrarse otras especies aún no registradas o potencialmente nuevas para la ciencia.

Palabras clave: *Trachelomonas*, Euglenophyta, fitoplancton, Amazonia

Financiamiento: Este trabajo fue autofinanciado.

LA MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA: UNA HERRAMIENTA PARA EXPLICAR LA DIVERSIDAD Y VARIABILIDAD FLORAL DE *Astrocaryum* SECCIÓN *HUICUNGO* F. KAHN

Betty Millán[1,2], Gabriel Moreno[1], Marcelo Daza[1], Valeria Meza[1], Miguel Machahua[1,2]

[1]Departamento de Gimnospermas y Monocotiledóneas, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM.

bmillans@unmsm.edu.pe

El complejo de especies de *Astrocaryum* sect. *Huicungo* representa un desafío actual para la taxonomía debido a la alta variabilidad morfológica de sus especies y la falta de concordancia entre el sistema taxonómico tradicional y la evidencia filogenética. Por ello, se usó la morfometría geométrica para caracterizar la variabilidad en las formas de las flores pistiladas de las especies de la Sección *Huicungo* presentes en Perú, así como el nivel de diferenciación a nivel interespecífico. Las muestras fueron obtenidas de ejemplares herborizados depositados en el Herbario San Marcos (USM). Se analizaron los contornos del cáliz y la corola de las flores pistiladas, que fueron representados mediante landmarks y semilandmarks en dos dimensiones. Para explorar los patrones de variación de la forma se empleó el análisis de componentes principales (PCA), mientras que para evaluar el nivel de discriminación y la significancia de las diferencias entre especies se utilizó el análisis de variables canónicas (CVA) y pruebas de permutación. En total, se analizó la forma de 549 flores pistiladas. Se encontró que tanto el cáliz como la corola exhiben una alta variabilidad en sus formas, lo que complica la diferenciación entre las especies y demuestra que la forma es un rasgo de variación continua en la sección. Así también, las formas promedio estimadas para cada especie difieren en muchos casos de la forma reportada en sus descripciones. Por otro lado, la prueba de permutación mostró que existen diferencias significativas entre la mayoría de las especies. Particularmente, el análisis conjunto de la forma del cáliz y corola mejoró el nivel de discriminación entre las especies, que de manera independiente.

Palabras clave: landmarks, cáliz, corola, Arecaceae

Financiamiento: PCONFIGI 2024 - B24100911

NEMÁTODOS PARÁSITOS DE *Leptodactylus bolivianus* (ANURA: LEPTODACTYLIDAE) COLECTADOS EN LA ESTACIÓN BIOLOGÍA KAWSAY, INCLUYENDO LA DESCRIPCIÓN DE UNA NUEVA ESPECIE DE *Aplectana* RAILLIET & HENRY, 1916

Noemí Miranda, Jhon D. Chero

Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

noemi.miranda@unmsm.edu.pe (Noemí Miranda)

La familia Leptodactylidae representa uno de los grupos de anuros más diversos y ecológicamente relevantes de la Amazonía, con especies adaptadas a una amplia variedad de hábitats. *Leptodactylus bolivianus* es una especie generalista que habita tanto ecosistemas naturales como ambientes antropizados en la Amazonía peruana. El presente estudio tuvo como objetivo describir la nematofauna del tracto digestivo de *L. bolivianus* y describir una nueva especie del género *Aplectana* Railliet & Henry, 1916 (Rhabditida: Cosmocercidae). Se colectaron 71 individuos mediante búsqueda visual estandarizada (VES) entre julio y agosto de 2024 en la Concesión de Conservación Kawsay, ubicada en la zona de amortiguamiento de la Reserva Nacional Tambopata, Madre de Dios, Perú. Los tractos digestivos fueron extraídos y analizados bajo un estereomicroscopio. Los nematodos fueron colectados en solución salina, preservados en alcohol al 70 %, aclarados con lactofenol y analizados mediante microscopía óptica y electrónica para observar detalles morfológicos. Se identificaron 1218 nematodos pertenecientes a los géneros *Aplectana*; *Oswaldocruzia* Travassos, 1917 (Molineidae); *Cosmocerca* Diesing, 1861 (Cosmocercidae); *Cosmocercoides* Wilkie, 1930 (Cosmocercidae); *Physaloptera* Rudolphi, 1819 (Physalopteridae) y tres morfotipos adicionales, siendo *Aplectana* el género más abundante. Dentro de este género, el análisis morfológico reveló diferencias notables en la espícula, tanto en su tamaño como en la presencia de una bifurcación en su extremo, observada gracias a la microscopía electrónica de Barrido, lo que sugiere la existencia de una especie aún no descrita aún para la ciencia. Estos resultados evidencian la existencia de una comunidad parasitaria diversa y estructuralmente compleja asociada a *L. bolivianus*, y resaltan la necesidad de estudios integrativos que combinen datos morfológicos y moleculares para una adecuada identificación taxonómica. Este trabajo contribuye al conocimiento de la biodiversidad parasitaria de anuros amazónicos y sugiere la presencia de nemátodos aún no descritos en la región.

Palabras clave: nematodos de anfibios, biodiversidad, taxonomía integrativa, Amazonia peruana

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N.º 005446-2025-R y el proyecto número B25100271.

UNA MIRADA A LA DIVERSIDAD DE NEMATODOS PARÁSITOS DE ANUROS EN LA ESTACIÓN BIOLÓGICA KAWSAY, MADRE DE DIOS, PERÚ

Noemí Miranda, Edith Arias, Eduardo Almora, Carlos Villena, Johanna Gómez, Jhon D. Chero

Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

noemi.miranda@unmsm.edu.pe (Noemí Miranda)

Los anuros son componentes claves de los ecosistemas tropicales, porque desempeñan funciones ecológicas fundamentales como el control de insectos y la transferencia de energía entre niveles tróficos, y albergan una gran diversidad de parásitos metazoos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la diversidad de helmintos en anuros recolectados en la Estación Biológica Kawsay. El muestreo fue realizado en un bosque primario y un área de cultivo de plátano entre julio y agosto del 2024; estación seca. Mediante una búsqueda visual estandarizada (VES) se capturaron 344 anuros distribuidos en 39 especies, 18 géneros y 8 familias. La especie de anuro con mayor diversidad parasitaria fue *Leptodactylus bolivianus*, al presentar tres morfotipos diferentes de parásitos. Más del 50% de anuros fueron hospederos de nematodos. En total, se registraron 1375 nematodos en el bosque primario, distribuidas en nueve morfotipos, siendo *Aplectana* sp. la especie más abundante. En el área de cultivo, se hallaron 822 nematodos perteneciente a once morfotipos, también dominado por *Aplectana* sp. Otras especies frecuentes fueron *Oswaldocruzia* sp., *Cosmocerca* sp., *Cosmocercoides* sp., y *Physaloptera* sp., además de varios morfotipos no identificados, lo que sugiere la presencia de especies potencialmente nuevas para la ciencia. Dos morfotipos (Nematoda sp10. y Nematoda sp11.) fueron exclusivos del bosque primario. Las diferencias en la composición y abundancia de la nematofauna entre los dos ambientes indican que los hábitats más conservados albergan comunidades parasitarias más complejas y diversas. Este estudio aporta evidencia sobre la diversidad parasitaria aún oculta en los anuros amazónicos, resaltando la importancia de estos organismos en el conocimiento de la biota regional.

Palabras clave: biodiversidad, hospederos, anfibios, nematodos, amazonia.

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 004305-R-24 con código de proyecto B24100211.

ANÁLISIS DE MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA EN LOS CANGREJOS VIOLINISTAS DE LOS GÉNEROS *Leptuca* BOTT, 1973 Y *Minuca* BOTT, 1954 (BRACHYURA, OCYPODIDAE)

Víctor Jesús Moscoso Villacorta[1], Roberto Carlos Lombardo González[2,3], Báslavi Cóndor-Luján[1]

[1]Grupo de Investigación "Biodiversidad y Taxonomía de invertebrados marinos para conservación y manejo de ambientes marinos" (BIOTINV), Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Universidad de Panamá. Centro Regional Universitario de Veraguas – Centro de Capacitación, Investigación y Monitoreo de la Biodiversidad en el Parque Nacional Coiba (CCIMBIO)

[3]Sistema Nacional de Investigación, Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación, Panamá

victor.moscoso1@unmsm.edu.pe (Víctor Jesús Moscoso Villacorta)

Los géneros *Leptuca*, *Minuca* y *Petruca* incluyen 30, 18 y 1 especies de cangrejos violinistas, respectivamente, distribuidas en los fondos blandos de las zonas intermareales del Pacífico Oriental y Atlántico Occidental. Estos tres géneros han sido agrupados en un único clado por análisis filogenéticos basados en ADN (COI); sin embargo, su correspondencia morfológica ha sido poco explorada. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la variabilidad morfológica del caparazón en especies de estos géneros, con el fin de analizar si las diferencias estructurales son consistentes con su separación taxonómica. Para ello, se realizaron análisis de discriminante, seguido de una validación cruzada con exclusión por grupo y un análisis de componentes principales (ACP) sobre puntos de referencia en el caparazón de los cangrejos. Las muestras se recolectaron en Puerto Pizarro (Tumbes, 3°30′7.07″ S - 80°23′33.46″ W), Eten (Chiclayo, 6°45'18"S - 79° 58'04"W) y playa Santo Domingo (Ica, 13°51'27"S - 76°15'11"W) en Perú; y en varias localidades de la península de Azuero en Panamá 7°40'S - 80°35'W). Además, se emplearon muestras previamente obtenidas de otras localidades del norte de Perú. Para las otras especies del Atlántico, se utilizaron fotografías en alta resolución del material tipo, obteniéndose un total de 151 especímenes. Los machos y hembras fueron separados para el análisis debido al dimorfismo sexual, estableciéndose 23 puntos morfológicos de referencia. Los análisis indicaron una disimilaridad morfológica entre los géneros *Leptuca* y *Minuca*. El ACP mostró que el género *Leptuca* se distingue claramente de *Minuca* y *Petruca*, pues muestra una forma más rectangular, en tanto los otros dos géneros presentan un caparazón más trapezoidal con el borde anterior más ancho que el posterior. Los resultados obtenidos a través del análisis de morfometría geométrica refuerzan la separación de los géneros *Leptuca* y *Minuca*, contribuyendo al entendimiento de las relaciones filogenéticas en la familia Ocypodidae.

Palabras clave: análisis de componentes principales, caparazón, dimorfismo sexual, Panamá, Perú.

ESTRATEGIAS DE SOBREVIVENCIA DE ORGANISMOS FOTOTRÓFICOS Y DISTRIBUCIÓN EN ECOSISTEMAS HIDROTERRESTRES DEL DEPARTAMENTO DE LIMA, PERÚ

Haydee Montoya Terreros[1,2,3], Enoc Jara Peña[1,2], José Gómez Carrión [1,2], Miguel Davila Robles[3], Severo Baldeón Malpartida[2], Miguer Vela Arce[1,2]

[1]Laboratorio de Taxonomía Vegetal, Laboratorio de Fitología Aplicada. Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM.
[2]Departamento de Simbiosis Vegetal, Museo de Historia Natural, UNMSM.
[3]Departamento de Botánica, Universidad Ricardo Palma. URP. Lima.

haydmon@yahoo.com (Haydee Montoya T.)

Las algas y cianobacterias constituyen un grupo fotosintético que ha evolucionado con varios linajes independientes que colonizan diversos ecosistemas continentales acuáticos y terrestres. Es necesaria la comprensión de las estrategias de adaptación que ha desarrollado este grupo para su distribución en ambientes extremos, potencial de colonización y sobrevivencia. Colecciones estándar de comunidades de organismos fototróficos de humedales andinos como el rio Chillón, Canta y costeros como Chilca, Puerto Viejo y Ventanilla del departamento de Lima, así como el registro de parámetros físico químicos fueron realizados irregularmente entre el 2001 y 2020. La hidrodinámica de fluctuación anual en los humedales someros del área de estudio evidenció periodos de inundación y sequía conducentes a ecosistemas hidroterrestres. Se establecieron cultivos estacionarios prolongados (limitación de nutrientes) de muestras originales de algunas especies, posterior adición de medio de cultivo (f/2) en condiciones de laboratorio y se evaluaron de los cambios eco-morfológicos y los estados del ciclo de vida. El proceso de formación de células resistentes (acinetos, quistes, aplanosporas) en respuesta a condiciones de estrés osmótico, desecación y congelamiento es reportado en poblaciones de Chlorophyta (*Ctenocladus circinnatus, Tetraselmis contracta, Oedogonium pringsheimii*), Streptophyta (*Zygnema sp*.), Dinophyta (*Prorocentrum cassubicum*) y cianobacterias (*Nostoc commune,* entre otras). El proceso de germinación e inoculación de acinetos y quistes en los hábitats evidenció etapas de transición, reactivación, regulación fisiológica, así como su plasticidad fenotípica durante el ciclo de vida de las especies. El desarrollo de estrategias de sobrevivencia ha permitido la colonización y versatilidad de las poblaciones de especies planctónicas, bénticas y terrestres contribuyendo a su distribución exitosa.

Palabras clave: acineto, ciclo de vida, extremófilo, germinación, regulación

Financiamiento: Proyecto FONDECYT N°117-2017-DE, CONCYTEC.

DELIMITACIÓN DE *Abramites hypselonotus* (GÜNTHER, 1868) (ANOSTOMIDAE: CHARACIFORMES) EN LA REGIÓN NEOTROPICAL

Alessandra Neira Ramirez[1], Katia Aylas Hernández[3], Jorge Ramirez Malaver[2], Ricardo Britzke[1,2]

[1]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.
[3]Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, Universidade Federal de São Carlos, Brasil

nicollenr09@gmail.com (Alessandra Neira Ramirez)

La región neotropical alberga una vasta diversidad ictiológica, con aproximadamente 5,160 especies descritas. Dentro de esta riqueza, la familia Anostomidae incluye 16 géneros y 50 especies, entre ellas el género *Abramites*. En estudios previos, se ha evidenciado que *Abramites hypselonotus*, ampliamente distribuido en cuencas de Perú, Brasil, Paraguay, Venezuela y Ecuador, presenta variaciones morfológicas en la forma de la cabeza, las aletas pélvicas y los patrones de coloración lo que sugiere la posible existencia de morfotipos diferenciados o especies crípticas. El presente estudio tuvo como objetivo caracterizar molecularmente las poblaciones de *A. hypselonotus* (Anostomidae: Characiformes) mediante la técnica de DNA barcoding. Para ello, se analizaron individuos recolectados en distintos puntos de la cuenca del río Amazonas, incluyendo los ríos Madeira, Abujao, Tapajós y Mamoré así como en la cuenca del río de la Plata, específicamente los ríos Cuiaba y Paraguay. Además, se incorporaron secuencias disponibles en bases de datos públicas como GenBank correspondientes a la cuenca del Amazonas y Orinoco. El ADN fue extraído utilizando el kit Tiangen y empleando la técnica DNA barcoding mediante la amplificación del gen mitocondrial COI, utilizando los primers FishF1 y FishR1. Se obtuvieron 37 secuencias: 17 muestras procesadas y 20 secuencias obtenidas de Genbank. Las secuencias alineadas presentaron 602/650 sitios conservados (7.38% de sitios variables). Las distancias genéticas por pares calculadas por el método de K2P, revelaron 3% de divergencia entre la secuencia proveniente de Venezuela y las de los ríos Cuiabá y Paraguay. En el análisis filogenético Neighbor-Joining, revelo la formación de 3 clados claramente diferenciados. Así mismo, el método de delimitación de especies mediante los métodos PTP, bBTP y el consenso identificó 3 MOTUs, correspondientes a las cuenca del Orinoco, Amazonas y Paraguay. Estos resultados podrían indicar la existencia de un complejo de especies crípticas, como consecuencia de procesos de divergencia genética.

Palabras clave: Filogenia, especies cripticas, DNA Barcoding, gen COI, Fish.

Financiamiento: PRO-CTIE 2024, VRIP-UNMSM

AVANCES EN LA COMPRENSIÓN DEL IMPACTO DE LAS PLANTACIONES DE PINO EN EL FLUJO HÍDRICO: UNA MIRADA SOBRE LA CRECIENTE FORESTACIÓN EN LOS ANDES TROPICALES

Zulema G. Ninanya-Parra[1,2], Richard Tito[1,3]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Programa de Doctorado de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[3]Centro de Investigaciones Tecnológicas, Biomédicas y Medioambientales (CITBM), Lima, Perú

zulema.ninanyap@unmsm.edu.pe (Zulema G. Ninanya-Parra)

Existen sólidas evidencias de que el calentamiento global y los disturbios ambientales están modificando el régimen de precipitaciones en los Andes. Esta alteración climática causa consecuencias negativas en la provisión de distintos servicios ecosistémicos, como la reducción de la provisión hídrica. Por otro lado, se vienen estableciendo extensas plantaciones de pino en los pajonales altoandinos para aprovechar los beneficios ecológicos (captura y almacenamiento de carbono) y económicos (madera y hongos comestibles simbióticos) que brindan. Sin embargo, las consecuencias de estas plantaciones sobre los procesos ecológicos clave, como la regulación hídrica, son en gran medida desconocidas. Debido a la necesidad urgente de conocer los posibles impactos de las plantaciones de pino en los pajonales altoandinos, se realizó una revisión de literatura complementado con resultados preliminares de monitoreo continuo en campo de componentes hidrológicos (p.ej., precipitación, contenido volumétrico de agua, humedad relativa y variación diamétrica del árbol como proxy de consumo de agua) dentro de las plantaciones de pino y pajonal nativo próximo, ubicados en ecosistemas altoandinos de puna húmeda. Nuestra revisión de literatura muestra que las plantaciones de pino reducen el rendimiento hídrico y la retención de agua en el suelo de hasta aproximadamente la mitad comparado con los pajonales nativos próximos. Por otro lado, el monitoreo de parámetros climáticos relacionados a la hidrología viene mostrando que la capacidad de almacenamiento de agua en el suelo dentro de las plantaciones de pino se reduce fuertemente en una capa mayor (de 20 a 50 cm de profundidad) comparado con los pajonales próximos, en donde esta reducción se limita a 20 cm de profundidad. Se observa también que la dinámica del cambio diamétrico de los árboles de pino se correlaciona con la evapotranspiración. Estos resultados muestran indicios sobre el papel ecológico de las plantaciones de pino, información crucial para la toma de decisiones.

Palabras clave: precipitación; humedad del suelo; evapotranspiración, traspiración

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI 2025 (RR N°005446-2025-R/UNMSM); Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, bajo el número de subvención (PE501084299-2023) y del Concurso E033-2023-01-BM “Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado”, bajo el número de subvención (PE501093138-2024), y Proyecto PROCIENCIA (Contrato N° PE501082995-2023-PROCIENCIA).

COMPOSICIÓN DE LA AVIFAUNA EN UN PAISAJE FRAGMENTADO DEL ÁREA DE CONSERVACIÓN PRIVADA SHIMBILLO, CUENCA DEL RÍO TONCHIMA, SAN MARTÍN

Natalie Nuevo Espinoza[1,2], Diego Evangelista-Vargas[1,2].

[1] Laboratorio de Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2] Grupo de investigación: Diversidad de mamíferos y sus parásitos y su implicancia en enfermedades zoonóticas emergentes.

oevangelistav@unmsm.edu.pe

La región nororiental del Perú enfrenta un proceso acelerado de pérdida de cobertura boscosa a causa de la expansión agrícola, especialmente en zonas productoras de arroz como el departamento de San Martín. En este contexto, los remanentes de bosque y áreas protegidas privadas cobran importancia para la conservación de la biodiversidad. El presente estudio tuvo como objetivo caracterizar la avifauna presente en el Área de Conservación Privada (ACP) Shimbillo, ubicada en la cuenca del río Tonchima (6°03'46.4"S 77°08'55.4"W; 825 m s.n.m.), distrito de Habana, provincia de Moyobamba, región San Martín. El trabajo de campo se realizó entre el 24 y 28 de septiembre de 2023 y empleó una combinación de puntos de conteo, redes de niebla y observaciones directas para registrar la diversidad de aves. Se identificaron 49 especies distribuidas en 14 órdenes y 22 familias. La vegetación de la zona corresponde a parches de bosque secundario de terraza baja, con pocos árboles de gran porte, sotobosque abierto y sustrato cubierto de materia orgánica, intercalados con cultivos de arroz, caña de azúcar, cacao y frutales como plátano y coco. El paisaje altamente fragmentado no impidió la presencia de especies propias de ecosistemas conservados, lo que resalta la importancia del ACP Shimbillo como refugio para la avifauna local. La diversidad registrada evidencia el valor ecológico de estos relictos de vegetación en un entorno dominado por la matriz agrícola. Se recomienda continuar el monitoreo y promover la conectividad ecológica en la zona, con miras a conservar la integridad funcional de las comunidades de aves en paisajes alterados.

Palabras claves: Aves neotropicales, fragmentación de hábitat, monitoreo ecológico, selva alta.

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI 2023 (código B23100151), aprobado con RR N° 06081-R-23.

INNOVACIÓN TECNOLÓGICA EN NIDOS ARTIFICIALES PARA LA CONSERVACIÓN DE GUACAMAYOS EN LA AMAZONÍA PERUANA

Eduardo Nycander[1], Jaemy Romero-Herrada[1,2], Hugo Cliff[1], Zadaan Caihuari[1], Alejandra Arana[3], Jannet Benavides[1], César Arana[2] & Letty Salinas[3]

[1]Programa Wired Amazon, Rainforest Expeditions S.A.C., Madre de Dios, Perú

[2]Departamento de Ecología, GI Biodiversidad de Ecosistemas Neotropicales – BIOECONE, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[3]Departamento de Ornitología, GI Biodiversidad de Ecosistemas Neotropicales – BIOECONE, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

enycander@rainforest.com.pe (Eduardo Nycander)

La pérdida de árboles emergentes con cavidades naturales, como el shihuahuaco (*Dipteryx charapilla*), representa una seria amenaza para la reproducción de guacamayos como *Ara macao*, *A. chloropterus* y *A. ararauna* en la Amazonía peruana. Para contrarrestar esta problemática, se implementó un modelo de nidos artificiales optimizados en la Reserva Nacional Tambopata y su zona de amortiguamiento, en Madre de Dios, Perú. Durante las temporadas 2023–2025, se instalaron 47 nidos construidos con tubos de PVC de alto rendimiento, con diámetros entre 16 y 27 pulgadas y longitudes de 2 a 2.5 metros. Estos nidos fueron diseñados para resistir condiciones ambientales extremas, como la exposición prolongada al sol y la lluvia, y poseen una durabilidad estimada de hasta 300 años a la intemperie. Cada estructura fue equipada con cámaras marca BIRDFY instaladas en el interior y el exterior, alimentadas por paneles solares, lo que permitió un monitoreo continuo, autónomo y de bajo impacto. El sistema registró datos clave sobre ocupación, comportamiento reproductivo, desarrollo de los pichones y permitió la recolección de plumas de muda para futuros estudios genéticos. En 2024, se obtuvo una tasa de ocupación del 83.3 % y un éxito reproductivo del 66.7 %, con siete volantones: seis de *A. macao* y uno de *A. chloropterus*. En 2025, la ocupación fue más limitada, posiblemente debido a una menor disponibilidad de recursos alimenticios en el bosque, y se registraron solo dos volantones de *A. macao*. Estos resultados representan una oportunidad concreta para fortalecer estrategias de conservación, demostrando que los nidos artificiales bien diseñados pueden compensar la pérdida de cavidades naturales. Su diseño replicable, eficiente y de bajo mantenimiento ofrece una solución aplicable en otras regiones con paisajes fragmentados y desafíos similares para la conservación de grandes psitácidos.

Palabras clave: *Ara*, Psittacidae, Conservación de aves, Madre de Dios, Tambopata.

Financiamiento: Gordon & Betty Moore Foundation.

EDUCACIÓN BOTÁNICA, CONSERVACIÓN Y GESTIÓN DE COLECCIONES *EX SITU*: CARTOGRAFÍA PARTICIPATIVA EN EL JARDÍN BOTÁNICO HISTÓRICO DE LIMA SAN FERNANDO

Elizabeth Ortega Romero[1]; Eva Ramos Llica[2]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Grupo de Investigación Biolifs; Departamento de Farmacología, Bromatología y Toxicología; Laboratorio de Botánica; Facultad de Farmacia y Bioquímica.

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Grupo de Investigación Plantas Medicinales, Alimenticias y con potencial Toxicológico. Departamento de Farmacología, Bromatología y Toxicología; Laboratorio de Botánica; Facultad de Farmacia y Bioquímica.

eortegar@unmsm.edu.pe

El Jardín Botánico Histórico de Lima San Fernando, gestionado por la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la UNMSM, alberga una valiosa colección viva de especies nativas e introducidas. En el marco del curso de Botánica, se implementó una experiencia educativa centrada en la cartografía participativa como herramienta de aprendizaje, conservación y gestión. Se tuvo por objetivo fortalecer las competencias botánicas del estudiantado mediante el diseño y ejecución de una cartografía participativa que permita georreferenciar las unidades botánicas del jardín, con enfoque en conservación ex situ y uso educativo. La metodología incluyo el uso de herramientas libres como GPS de campo y Google MyMaps, integrando el estándar Darwin Core para el registro de datos. Los estudiantes realizaron levantamiento de información, identificación botánica bajo la asesoría de un biólogo taxónomo y posicionamiento geográfico de las especies, articulando conocimientos teóricos y habilidades técnicas. Como resultado se georreferenciaron más de 120 unidades botánicas, destacando especies medicinales, nativas amenazadas e introducidas de interés farmacéutico. El proceso fortaleció el vínculo entre el alumnado y el jardín, evidenciando su potencial como aula viva. En ese contexto, la cartografía participativa demostró ser una estrategia efectiva para integrar docencia, investigación y conservación. Permitió a los estudiantes comprender la utilidad de los sistemas de información geográfica y los estándares de datos en biodiversidad, al tiempo que se identificaron brechas en la infraestructura, señalización y gobernanza del jardín. En conclusión, esta experiencia plantea un modelo replicable en jardines botánicos universitarios de bajo presupuesto, promoviendo educación botánica práctica, conservación urbana y gestión colaborativa de colecciones vivas. Asimismo, sienta las bases para desarrollar una plataforma abierta de monitoreo, investigación y educación ambiental desde espacios académicos públicos.

Palabras clave: biodiversidad urbana, Darwin Core, georreferenciación

Financiamiento: Autofinanciado; proyecto desarrollado en el marco del curso de Botánica de la Facultad de Farmacia y Bioquímica (UNMSM)

AN INTEGRATIVE STUDY OF *Lobatostoma anisotremum* OLIVA & CARVAJAL, 1984 (TREMATODA: ASPIDOGASTREA), AN ENDOPARASITE OF *Anisotremus scapularis* (TSCHUDI, 1864) FROM THE PERUVIAN COAST

Alex Oscco[1], Jhon Chero[1]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

alexoscco01@gmail.com (Alex Oscco)

Aspidogastrean trematodes are an ancient and poorly studied group of parasites, distinguished by their unique ventral adhesive disc and direct life cycles. Among them, the genus *Lobatostoma* is known to parasitize marine fish, yet many of its species remain under-characterized both morphologically and molecularly. In Peru, *Lobatostoma anisotremum* (Oliva & Carvajal, 1984) was originally described based on morphological traits, but until now, no detailed ultrastructural or genetic data had been available to support its taxonomic status. The aim of this study was to perform an integrative characterization of *L. anisotremum*, combining morphological, ultrastructural, and molecular data to improve the systematic resolution of this species and its phylogenetic placement within Aspidogastrea. Sixty specimens of *Anisotremus scapularis* (Tschudi, 1864) were acquired from the Callao fishing terminal, Lima, Peru and examined for aspidogastrid infections. From these, 12 adult specimens of *L. anisotremum* were collected and used for morphological analysis, 3 for scanning electron microscopy (SEM), and 3 for molecular characterization. Light microscopy confirmed diagnostic traits consistent with *Lobatostoma*, while SEM provided novel ultrastructural details, including the cirrus, tegumental papillae, marginal bodies, and the architecture of the ventral disc. Phylogenetic analyses based on 28S rDNA sequences placed *L. anisotremum* in a well-supported clade with *L. manteri* (Rohde, 1973), both of which belong to a morphological group defined by a short tail and a well-developed ventral disc. In contrast, *L. kemostoma* (MacCallum & MacCallum, 1913), recovered in a distinct Atlantic lineage, features a long tail and a reduced ventral disc, and its position renders the genus *Lobatostoma* non-monophyletic. These results provide the first molecular and ultrastructural insights into *L. anisotremum*, contributing to the refinement of aspidogastrean systematics. The combined use of morphological and molecular tools underscores the need for taxonomic reassessment within *Lobatostoma* and highlights the broader potential of integrative approaches for clarifying the phylogeny of neglected trematode groups.

Palabras clave: Integrative taxonomy, Molecular markers, Ultrastructure, Phylogeny, *Lobatostoma anisotremum*, Aspidogastrea.

Financiamiento: Internal funds.

DIVERSIDAD TAXONÓMICA Y *ADN BARCODING* DE LA ICTIOFAUNA DE LA CUENCA ALTO MADRE DE DIOS

Jimena Ovalle Rojas[1,2], Alejandro Lopera Toro[3], Jorge Ramirez Malaver[2], Ricardo Britzke[1,2]

[1]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3] Estación Biológica del Manu, Conservación Amazónica (ACCA), Pilcopata, Perú.

jimena.ovalle21@gmail.com

El Perú cuenta actualmente con 1141 especies de peces de agua dulce, de los cuales aproximadamente el 12 % se encuentran en la cuenca del Madre de Dios. La cuenca de Alto Madre de Dios está ubicada en una zona de piedemonte, la cual se caracteriza por ser un ecosistema de transición entre una zona andina y una zona de llanura amazónica, esta cuenca también se encuentra dentro de la Reserva de Biosfera del Manu, la cual es considerada como uno de los lugares con mayor biodiversidad del planeta. A pesar de la alta biodiversidad que presenta la zona, existe un vacío de información en cuanto al conocimiento de la diversidad de peces, debido a ello el objetivo del presente trabajo fue describir la ictiofauna de la cuenca de Alto Madre de Dios aplicando la metodología de taxonomía integrativa, basada en la revisión taxonómica y el uso de código de barras de ADN (ADN barcoding). El método taxonómico consistió en la identificación de las especies mediante la evaluación de los caracteres morfológicos y merísticos y la revisión de claves taxonómicas y descripciones de las especies; así mismo, el método molecular se basó en la amplificación y secuenciación del gen mitocondrial COI, el cual es altamente conservado y adecuado para la identificación de especies. Se registraron 50 especies pertenecientes a 4 órdenes, 12 familias y 40 géneros. El orden Characiformes fue el más representativo con 62%, seguido del orden Siluriformes con 30% y la familia más representativa fue Characidae con 51%. El proceso molecular se realizó a través de la extracción de 500 muestras de tejido mediante la técnica de extracción salina. Para la amplificación del gen COI se utilizó los primers Fish1 (Ward et al., 2005) y AnosCOI (Ramirez y Galetti, 2015). Las secuencias obtenidas se compararon con las bases de datos del sistema Bold Systems y NCBI, y se obtuvo 33 especies, de las cuales 4 de ellas no estuvieron registradas en las bases de datos. El enfoque integrativo resultó útil, ya que permitió la identificación hasta el menor taxon posible para algunas especies y para otras especies logró separarlas en unidades taxonómicas. El presente trabajo representa el primer estudio de diversidad con un enfoque integrativo para la cuenca de Alto Madre de Dios.

Palabras claves: peces continentales, COI, taxonomía integrativa

Financiamiento: PCONFIG, VRIP-UNMSM

BAGRES FUERA DE LA LEY: IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Brachyplatystoma* COMO EVIDENCIA DEL TRÁFICO ORNAMENTAL EN PERÚ

Micaela Paricahua-Maucaylle[1], Ricardo Britzke[2,3], Liliana Tapia[4], Jorge Ramirez[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[4]Laboratorio de Acuicultura, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

micaela.paricahua@gmail.com (Micaela Paricahua-Maucaylle)

El tráfico ilegal de fauna representa una grave amenaza para la biodiversidad de la Amazonía. El género *Brachyplatystoma* pertenece al grupo de los bagres o "peces gato", se distribuye ampliamente en Sudamérica y está presente en los ríos de la cuenca amazónica peruana. Varias especies del género, altamente valoradas en el comercio ornamental, están sujetas a regulaciones nacionales que prohíben su captura con ese propósito. Sin embargo, la identificación morfológica de individuos juveniles o especies crípticas puede ser poco fiable, lo que dificulta la fiscalización efectiva. Por otro lado, la identificación molecular permite detectar fraudes, rastrear el origen geográfico y distinguir especies, incluso en productos procesados. Este estudio tuvo como objetivo identificar molecularmente individuos del género *Brachyplatystoma* decomisados, mediante el análisis del gen mitocondrial COI. Se procesaron 14 individuos juveniles (longitud estándar promedio: 12 cm) mediante extracción de ADN, PCR y secuenciamiento Sanger. La identificación se realizó mediante BLASTn (criterios: ≥ 99% identidad y cobertura; ≥ 3 % divergencia genética entre especies), delimitación de especies (ABGD y ASAP) y redes de haplotipos (DnaSP y Network). Se identificaron 10 individuos como *Brachyplatystoma tigrinum* y 4 como *Brachyplatystoma juruense*, ambas especies con restricción de captura ornamental. El análisis genético evidenció un barcode gap robusto (0.00–0.01 intraespecífico, 0.12–0.13 interespecífico), 57 pasos mutacionales entre especies, ASAP score mínimo de ≈1.5 y un Threshold distance < 0.01. Se concluye que la integración de herramientas moleculares permite identificar con precisión especies protegidas, mostrando potencial para la trazabilidad genética y el fortalecimiento de acciones de fiscalización ambiental.

Palabras clave: COI, *Brachyplatystoma tigrinum*, *Brachyplatystoma juruense*, decomiso.

Financiamiento: Recursos del Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, FCB, UNMSM.

ESPECTRO DE TAMAÑOS DE POLIPLACÓFOROS EN EL INTERMAREAL ROCOSO DE LA COSTA CENTRAL DE PERÚ

Dani Paytán-Rivero[1], Angenella Garrido-Soto[1,2,3], Víctor Aramayo[1,4]

[1]Laboratorio de Ecología Acuática, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[3]Escuela Académica de Biología Pesquera, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Trujillo (UNT), Trujillo, Perú.

[4]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, P.O. BOX 22, Callao, Perú.

daniella.paytan@unmsm.edu.pe (Dani Paytán-Rivero)

Los poliplacóforos regulan la cobertura macroalgal en el intermareal rocoso; no obstante, sus diferentes funciones ecológicas han sido poco estudiadas en este hábitat. Este estudio presenta una evaluación preliminar de los rangos de tamaño de estos organismos en tres zonas representativas de la costa central peruana, Puerto Chico (PC, Barranca, 10°45'), Hornillos (HN, Huacho, 10°08') y Boquerón (BQ, Pucusana, 12°28'). Se aplicó un muestreo combinado empleando transectos y colectas puntuales, en la zona mediolitoral (ZM) y la franja infralitoral (FI). Se midieron un total de 72 ejemplares: 14 en PC, 52 en HN y 6 en BQ. Los individuos fueron clasificados en estadios de acuerdo con los rangos de tamaño determinados: larvas recién asentadas (350–800 µm), juveniles tempranos (800-1000 µm), juveniles intermedios (1000–20000 µm), juveniles tardíos (20000–30000 µm) y adultos (>30000 µm). Los tamaños registrados fluctuaron entre 380 µm y 85000 µm (0.38-85 mm). En PC se registraron tamaños de 970 µm a 45000 µm (0.97-45 mm), con 12 juveniles y 2 adultos, todos en la FI. En HN se registraron tamaños de 380 µm a 36000 µm (0.38–36 mm), con 46 juveniles y 3 larvas, en su mayoría en la FI, y 3 adultos distribuidos entre la ZM y la FI. En BQ, los ejemplares medidos oscilaron entre 74000 µm y 85000 µm (74-85 mm); todos fueron adultos colectados en la FI. Estos resultados fueron consistentes con la presencia de sustratos más heterogéneos y la cobertura de organismos sésiles. En HN, donde se registraron más juveniles y larvas, se observó un sustrato más complejo, con coberturas mixtas de macroalgas, cirrípedos y mitílidos. Esta estructura probablemente facilita el asentamiento y desarrollo de los estadios tempranos. Este trabajo abre camino para comprender mejor la diversidad funcional de poliplacóforos y su papel en el ecosistema intermareal.

Palabras clave: bentos, taxonomía, diversidad bentónica, Mollusca.

Financiamiento: ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391).

UN NUEVO HORIZONTE PARA EL "MUY MUY": EL PRIMER MAPA GEOREFERENCIADO DE DISTRIBUCIÓN MUNDIAL PARA *Emerita Analoga*

Enzo Peralta-Alcantara[1]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

enzo.peralta@unmsm.edu.pe

Emerita analoga, conocido comúnmente como "Muy Muy" o cangrejo topo es un crustáceo pequeño que habita en zonas de rompiente de playas arenosas del Pacífico, desde el sur de Canadá hasta el centro de Chile. A pesar de que *E. analoga* ha sido foco de diversos estudios y cuenta con un gran número de registros, a la fecha no existe un mapa de distribución de la especie que exhiba de forma detallada las localizaciones en las que la especie ha sido documentada. Se obtuvieron 7919 ocurrencias georreferenciadas de *Emerita analoga* a partir de la base de datos del Sistema Global de Información sobre Biodiversidad (GBIF). De este conjunto, se validaron 1606 registros mediante un proceso de depuración en Excel, el cual excluyó ocurrencias sin imágenes de respaldo, con coordenadas incompletas o ausentes, y aquellas cuya incertidumbre espacial superaba los 100 metros. Las inconsistencias identificadas fueron corregidas utilizando los programas QGIS (versión 3.40.7) y Google Earth Pro. Con los datos curados, se construyó el mapa de distribución mundial para *E. analoga* utilizando QGIS, y se realizaron mapas adicionales que muestran la distribución de la especie en ambos hemisferios; los cuales revelaron que el decápodo exhibe una distribución discontinua a lo largo de las costas occidentales de todo el continente americano, habitando costas de Canadá, Estados Unidos, México, Perú y Chile. Este trabajo representa un aporte importante para estudios de ecología marina y puede contribuir de manera significativa a la toma de decisiones en la conservación de ecosistemas costeros.

Palabras clave: Muy-muy, *Emerita analoga*, distribución, mapa, Pacífico.

Financiamiento: Autofinanciamiento.

NUEVOS REGISTROS Y DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE ÉLMIDOS (COLEOPTERA: ELMIDAE) PARA EL PERÚ

Jorge Luis Peralta-Argomeda[1], Raul Bismarck Pinedo-Garcia[2], Neusa Hamada[2], William D. Shepard[3], Cheryl B. Barr[3], Ronald Fernández-Ordoñez[1], Ana Huamantinco-Araujo[1], Carol M. Sánchez Vela[4], Lessy Liceth Malca-Flores[4], Cesar J. Benetti[5] & Jeane Marcelle Cavalcante do Nascimento[6]

[1]Laboratorio de Invertebrados Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Coordinación de Biodiversidad-CoBio, Programa de Posgrado en Entomología (PPGEnt), Instituto Nacional de Investigaciones de la Amazonía, Manaus, AM, Brasil.

[3]University of California Berkeley, Essig Museum of Entomology, EE.UU.

[4]Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP), Loreto, Perú.

[5]Departamento de Biodiversidad y Gestión Ambiental, Facultad de Ciencias Biológicas Ambientales, Universidad de León, Campus de Vegazana, 24071, León, España.

[6]Universidad Federal de Pará, Programa de Posgrado en Zoología, Belém, PA, Brasil.

jperaltaa@unmsm.edu.pe (Jorge Luis Peralta-Argomeda)

El orden Coleoptera (escarabajos) constituye el grupo más diverso del reino Animal, con aproximadamente 400 000 especies descritas. La familia Elmidae tiene distribución mundial, con cerca de 1500 especies agrupadas en 150 géneros. Los adultos y larvas habitan en quebradas y ríos, se clasifican como herbívoros; según su categoría funcional trófica Actualmente, Perú cuenta con 52 especies distribuidas en 18 géneros. El objetivo del trabajo fue presentar nuevas ocurrencias y ampliar el conocimiento de la distribución de Elmidae en Perú. El material utilizado proviene de la Universidad de California (UC), del Laboratorio de Citotaxonomía e Insectos Acuáticos (INPA), del Laboratorio de Invertebrados Acuáticos Continentales (UNMSM), de la Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP) y del Museo de Historia Natural de Viena (NHM). El material fue colectado en diferentes regiones del Perú entre el 2011 y 2025. En campo, las colectas se realizaron con redes entomológicas acuáticas, muestreando diversos sustratos en cuerpos de agua. Además, se instalaron trampas luminosas. Como resultado, se obtuvieron 11 nuevos registros para el Perú: *Austrolimnius archidonanus* Delève, 1968; *Austrolimnius musgravei* Hinton, 1939; *Cylloepus sculpticollis* Delève, 1968; *Neolimnius palpalis* Hinton, 1939; *Elachistelmis sipaliwiniensis* Maier, 2012; *Gyrelmis brunnea* Hinton, 1940; *Gyrelmis longipes* Hinton, 1940; *Gyrelmis maculata* Hinton, 1940; *Heterelmis obscura* (Sharp, 1882); *Hintonelmis opis* Hinton, 1971; y *Portelmis gurneyi* Spangler, 1980. Los géneros *Gyrelmis* Hinton, 1940; *Neolimnius* Hinton, 1939; *Portelmis* Spangler, 1980 y *Elachistelmis* Maier, 2012 se registran por primera vez para el país. Este estudio representa una contribución importante al conocimiento de la diversidad de este grupo en la región, revelando la riqueza y complejidad de los ecosistemas peruanos, desde las selvas tropicales húmedas de la Amazonía hasta los ambientes montanos de los Andes. Los nuevos registros destacan el potencial poco explorado de los Elmidae en Perú y refuerzan la importancia de continuar con investigaciones taxonómicas.

Palabras clave: insectos acuáticos, escarabajos de corrientes, región amazónica, distribución.

Financiamiento: INPA, CNPq, CAPES, FAPEAM, LACIA, ADAPTA II

ANATOMÍA FOLIAR DE ESPECIES PERUANAS *Passiflora* SECT. *LOBBII* KUETHE & WETTGES (PASSIFLORACEAE)

Manuel Pérez-Mozombite[1], Gonzalo Chávez-Corcuera[3], María Quiroz-Sierra[2], Sanyori Tovalino-Alvarado[1], Manuel Marín-Bravo[1,2]

[1]Departamento de Gimnospermas y Monocotiledóneas, Museo de historia natural, UNMSM.

[2]Laboratorio de Anatomía y Farmacognosia Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[3]Herbario del Departamento de Biología (MOL), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Agraria La Molina. Av. La Molina s/n, La Molina, Lima, Perú.

manuelantonio.perez@unmsm.edu.pe (Manuel Pérez-Mozombite)

Passiflora sect. *Lobbii* Kuethe & Wettges, del subgénero *Decaloba* (DC.) Rchb. (Passifloraceae) es un grupo de especies con distribución restringida en los Andes y bosques montanos de Perú, Ecuador y Bolivia. Para este grupo se han propuesto varios taxa entre especies e infraespecies, diferenciados principalmente por caracteres florales y foliares; sin embargo, se requieren estudios anatómicos detallados para una adecuada delimitación taxonómica. El presente estudio tuvo como objetivo caracterizar la anatomía foliar de especímenes de *Passiflora sagasteguii*, *P. inca*, *P. lobbii* subsp. *lobbii* y *P. lobbii* subsp. *limensis* para la búsqueda de caracteres diagnósticos. Se analizaron ejemplares recolectados y herborizados provenientes de los departamentos de Cajamarca, Junín, Áncash y Lima. Se aplicaron técnicas de diafanización, análisis anatómico y evaluación morfométrica de los principales caracteres histológicos foliares. Los resultados muestran una variabilidad en los patrones de venación, ángulos de inserción del nervio primario y secundario, número y área de areolas, índice de empalizada y el índice estomático. Estas diferencias respaldan la validez de las actuales delimitaciones taxonómicas a nivel de especie y subespecie. Además, se identificaron caracteres anatómicos con potencial diagnóstico para la identificación de los taxa estudiados. Este trabajo constituye una contribución al conocimiento anatómico foliar de las especies de la sección *lobbii* en Perú, aportando criterios útiles para la delimitación taxonómica y el desarrollo de herramientas de identificación aplicables en estudios sistemáticos y de conservación.

Palabras clave: *Passiflora lobbii*, venación, anatomía vegetal, histología.

Financiamiento: Laboratorio de monocotiledóneas del museo de historia natural, UNMSM.

DISTRIBUCIÓN ESPACIAL Y TEMPORAL DE *Pomacea* SPP. (GASTROPODA: AMPULLARIIDAE) EN LA ISLA BONITA, IQUITOS, PERÚ

Rina Ramírez[1,2], Elthon Hinojosa[1,2], Mauricio Roque, Adrian Duplex, Alejandro Mendivil[1,2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Carlos Germán Amezaga 375, Lima 15081, Peru.

[2]Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Lima 15046, Perú.

rramirezm@unmsm.edu.pe

Los caracoles de agua dulce del género *Pomacea* son utilizados en alimentación y medicina tradicional por el poblador amazónico. Con el objetivo de evidenciar la eventual expansión de las especies de *Pomacea* siguiendo los espacios ganados por los ríos, se realizaron visitas a diez puntos en los ríos Nanay e Itaya, en Iquitos, entre el 2017 y 2025. Se obtuvieron 66 secuencias mitocondriales COI de ejemplares colectados para certificar las especies encontradas, así como para evidenciar posibles diferencias entre individuos procedentes de distintos ríos. El análisis de la extensión de terreno cubierto por los ríos durante las crecientes se evaluó con Google Earth. Como resultado, se registraron cuatro especies; la de más amplia distribución fue *Pomacea* sp., seguida por *P. aulanieri.* Las otras dos, *P. nobilis* y *P. penai*, que son las de conchas de mayor tamaño, tuvieron distribución más restringida. En época de creciente se encontraron a las cuatro especies, llegando a la zona de las viviendas sumergidas, mientras que, durante el estiaje, cuando quedaban apenas unos cañitos de agua, prácticamente la única especie encontrada fue *Pomacea* sp. El marcador COI diferenció bien a las 4 especies, permitiendo distinguir algunos morfotipos similares entre *P. penai* y *Pomacea* sp. No se encontró estructura poblacional en las especies. La expansión de la distribución de las especies siguiendo la inundación por los ríos, estaría propiciado por los pilares de las viviendas que quedan sumergidas, que crearían los lugares propicios para su asentamiento, en particular para *P. penai*, *P. aulanieri* y *Pomacea* sp.

Palabras clave: Mollusca, churo, *apple snail*, COI.

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Vicerrectorado de Investigación y Posgrado, PCONFIGI B17101011, B18100781, B19100031, B20100341, B21100471, B22100301, B23100671, B24100481.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE UNA NUEVA ESPECIE DE *Kudoa* MEGLITSCH, 1947 (CNIDARIA: KUDOIDAE), UN HISTOPARÁSITO DE *Odontesthes regia* (HUMBOLDT, 1821) EN LA COSTA PERUANA

Angel Ramirez-Lifonzo[1], Jhon Chero de la Cruz[2], Alonso Izquierdo Villegas[1] , Raquel Siccha-Ramirez[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

angelisau.ramirez@unmsm.edu.pe

El género *Kudoa* (Cnidaria: Kudoidae) agrupa especies que infectan peces, principalmente marinos, algunos de relevancia económica. Algunas especies pueden ocasionar una licuefacción muscular *post-mortem*. El pejerrey, *Odontesthes regia* (Humboldt, 1821) (Atheriniformes: Atherinopsidae) es un recurso pesquero importante en la costa peruana. Durante un estudio parasitológico para explorar la diversidad de mixosporidios en peces de la costa central del Perú, se identificó una nueva especie de *Kudoa* infectando la musculatura del pejerrey. El objetivo de este estudio fue caracterizar, empleando herramientas morfológicas y moleculares, de esta especie y determinar su posición filogenética entre los mixosporidios. Se examinaron 95 especímenes de *O. regia*, adquiridos en el Terminal Pesquero de Ventanilla, Callao, Lima, Perú. La caracterización morfológica de las mixosporas se realizó mediante microscopía óptica (100X) y microscopía electrónica de barrido (MEB). Para el análisis molecular, se extrajo ADN genómico y se amplificó un fragmento de ~1500 pb del marcador ribosomal 18S utilizando cebadores específicos diseñados en este estudio. Las secuencias obtenidas se emplearon para construir árboles filogenéticos y comparar con secuencias de *Kudoa* spp. depositadas en GenBank. Se registró una prevalencia de 4.2%. Las mixosporas presentaron características morfológicas distintivas, particularmente en la estructura de las valvas, que las diferencian de especies cercanas como *Kudoa thyrsites* (Gilchrist, 1923), una especie cosmopolita. El análisis filogenético basado en Máxima Verosimilitud reveló que el aislado peruano forma un linaje hermano con el clado que contiene a *K. thyrsites*, mostrando una clara separación y un fuerte soporte estadístico con un valor de *bootstrap* del 80%. La integración de los datos morfológicos y moleculares sugieren que este mixosporidio corresponde a una nueva especie de *Kudoa*. Este hallazgo contribuye al conocimiento de la biodiversidad de mixosporidios en peces de importancia comercial en el Perú y subraya la necesidad de aplicar enfoques taxonómicos integradores.

Palabras clave: Cnidarios parásitos, filogenia, histoparásito , taxonomía integrativa.

Financiamiento: Recursos propios

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS CON POTENCIAL LIGNINOLÍTICO A PARTIR DE COMPOST DE RESIDUOS DE CAFÉ (*Coffea arabica* L.) DE VILLA RICA, PERÚ

Angel Ramirez-Lifonzo, Mario Alcarraz Curi

[1]Laboratorio de Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

angelisau.ramirez@unmsm.edu.pe

La valorización de residuos lignocelulósicos del café, un reto por su difícil degradación, es fundamental para una economía circular. El compostaje, acelerado por consorcios microbianos nativos, es una estrategia sostenible para su aprovechamiento. El objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar bacterias con potencial para degradar lignina a partir de compost de residuos de café de Villa Rica, una de las principales zonas cafetaleras del Perú. Las bacterias se aislaron mediante un cultivo de enriquecimiento en medio de sales mínimas (MSM) utilizando lignina kraft (1 g/L) como única fuente de carbono, incubado a 140 rpm por siete días. A partir del cultivo de enriquecimiento se realizaron diluciones seriadas y se sembraron las diluciones 10^{-5} y 10^{-6} en agar MSM-L para obtener colonias aisladas. Para la evaluación semicuantitativa, se depositaron 10 µL de cada aislado, previamente reactivado en caldo TSB, sobre la superficie del agar MSM-Guayacol y se incubó por 48 horas a 37 grados. La actividad se determinó midiendo los halos de degradación revelados con yodo de Gram y calculando la masa de sustrato degradado. Se identificaron siete aislados positivos, entre los cuales destacó un aislado superior con una capacidad de degradación de 6502,2 mg de lignina, siendo seleccionado como el candidato principal. La identificación preliminar basada en morfología y tinción Gram, indicó que los aislados eran bacilos gram positivos. Lo cual sugiere su pertenencia al género *Bacillus*. Los resultados confirman que el compost de café de Villa Rica es una fuente valiosa de bacterias ligninolíticas. Los aislados seleccionados, particularmente el de mayor actividad enzimática, son candidatos prometedores para el desarrollo de un starter microbiano que optimice el compostaje de subproductos agrícolas en el Perú.

Palabras clave: Bacterias ligninolíticas, compostaje, residuos de café, starter microbiano.

Financiamiento: Autofinanciamiento.

DIVERSIDAD, DISTRIBUCIÓN ALTITUDINAL Y HÁBITOS ALIMENTARIOS DE LA ICTIOFAUNA EN LA CUENCA DEL RÍO JEQUETEPEQUE, PERÚ

Giulia Raunelli[1], Ricardo Britzke[1], Lourdes Figueroa[1,2], Jerry Arana[3], Diana López[3], Angenella Garrido-Soto[1], Hernán Ortega[1]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, UNMSN

[2]Universidad Científica del Sur, Lima Perú, Carrera de Biología Marina, UCSUR

[3]Departamento de Limnología, Museo de Historia Natural, UNMSN

giulia.raunelli.m@upch.pe (Giulia Raunelli)

El río Jequetepeque, en el norte del Perú, atraviesa los departamentos de Cajamarca y La Libertad. El estudio tiene el objetivo de analizar la variación espacial, distribución altitudinal, hábitos alimenticios, y la diversidad ictiológica, durante la época húmeda de 2025. La investigación se desarrollo en ocho estaciones de muestreo a lo largo del gradiente altitudinal del río. Se recolectaron muestras de peces, perifiton y macroinvertebrados acuáticos, con metodología estandarizada. Siendo las dos últimas comunidades los componentes principales en la dieta de los peces, se enfatiza su análisis. Los resultados preliminares indicaron diferencias altitudinales en la composición de especies, con mayor diversidad en los tramos medios y bajos, logrando identificarse 16 especies de peces, 13 nativas y tres introducidas. Se registraron 28 especies de macroinvertebrados, registrándose mayor abundancia en zonas bajas, y 31 especies de perifiton, con mayor abundancia en zonas de menor altitud. Sobre aspectos alimenticios de los peces, la especie *Eretmobrycon peruanus* se alimenta principalmente de larvas de insectos acuáticos (Elmidae, Simuliidae, Baetidae) incluyendo macrófitas y semillas. Por otro lado, la especie *Rhamdia sp.* tiene una dieta piscívora. Sin embargo, *Awaous trasandeanus* e *Hypostomus sp.* Incluyen algas filamentosas en su dieta. El análisis del contenido estomacal mostró que las especies presentan dietas particulares según tipo de hábitat y disponibilidad de presas mostrando una relación entre la abundancia de macroinvertebrados, perifiton y la selección alimenticia según el hábitat y hábitos de cada especie.

Palabras clave: comunidades hidrobiológicas, análisis trófico, río costero, gradiente altitudinal

Financiamiento: No especificado.

ESPECIES DE MOSCA DE LA FRUTA (DIPTERA:TEPHRITIDAE) Y SUS HOSPEDEROS ASOCIADOS EN LA PROVINCIA DE LUYA, REGIÓN AMAZONAS

Enistein Roosvelt Reyna-Rivera[1,2*], Santos Triunfo Leiva-Espinoza[1,2]

[1]Grupo de Investigación de Control Biológico de Plagas y Enfermedades de las Plantas, Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva (INDES-CES), Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Amazonas.

[2]Facultad de Ingeniería y Ciencias Agrarias, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Amazonas

7485589391@untrm.edu.pe (Enistein Roosvelt Reyna-Rivera)

Las moscas de la fruta, pertenecientes a la familia Tephritidae, constituyen un grupo de plagas de alta importancia para los sectores hortícola y frutícola a nivel mundial. Con más de 4,000 especies descritas y una distribución global, especialmente diversa en regiones tropicales y subtropicales, estas plagas causan daños significativos en cultivos frutales, generando considerables pérdidas económicas. En Perú, la provincia de Luya, ubicada en la región Amazonas, presenta condiciones ambientales y una diversidad de hospederos que favorecen su proliferación. Se estudió la diversidad de especies de mosca de la fruta (Diptera: Tephritidae) presentes en hospederos estacionales en dicha provincia. Los adultos fueron recuperados mediante trampeo y crianza en laboratorio, utilizando frutos recolectados entre el 10 de enero y el 15 de junio de 2025. Se identificaron morfológicamente nueve especies: ocho del género *Anastrepha* (*A. fraterculus*, *A. striata*, *A. distincta*, *A. obliqua*, *A. grandis*, *A. sacha*, *A. ornata*, *A. leptozona*) y una del género *Ceratitis* (*C. capitata*). Los hospederos pertenecen a 11 familias botánicas, entre ellas Rutaceae (*Citrus sinensis*, *C. reticulata*, *C. limettioides*, *C. limonia*, *C. aurantiifolia*), Rosaceae (*Prunus domestica*, *Eriobotrya japonica*, *P. persica*), Anacardiaceae (*Mangifera indica*), Fabaceae (*Inga edulis*), Myrtaceae (*Psidium guajava*, *Campomanesia lineatifolia*), Malvaceae (*Matisia cordata*), Sapotaceae (*Chrysophyllum cainito*), Annonaceae (*Annona cherimola*, *A. squamosa*), Rubiaceae (*Coffea arabica*), Cucurbitaceae (*Cucurbita moschata*, *Citrullus lanatus*) y Lauraceae (*Persea americana*). Los resultados representan nuevos registros de especies y hospederos a nivel regional y nacional, fortaleciendo el conocimiento científico y contribuyendo al desarrollo de estrategias integradas para mitigar el impacto económico de estas plagas.

Palabras clave: Diversidad, Tephritidae, *Anastrepha, Ceratitis*

Financiamiento: CONTRATO N° PE501090366-2024 -PROCIENCIA

DIVERSIDAD DE VERTEBRADOS EN MURUCANCHA, AREQUIPA

Fabiana Rivas-Málaga, Danna Choque-Paredes, Noemí Enriques-Alccahuaman, Diego Pérez-Mamani, Shande Zevallos-Taco

Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Santa Catalina N° 117, Arequipa, Perú.

fabirm0304@gmail.com

Murucancha es una zona ubicada en el distrito de Characato, al sureste de la ciudad de Arequipa, Perú, entre los anexos de Mosopuquio y Tuctumpaya. Esta área alberga ecosistemas altoandinos como pajonales de puna seca, matorrales andinos y bosques relictos de queñua (*Polylepis* sp.), los cuales sustentan una biodiversidad significativa. No obstante, existe un escaso conocimiento científico sobre la diversidad de fauna y flora presente en esta región, lo que limita su valoración ecológica y dificulta la implementación de estrategias de conservación efectivas. Ante ello, el presente estudio tuvo como objetivo caracterizar la diversidad de la fauna de vertebrados en Murucancha, mediante un inventario de especies, análisis de diversidad y evaluación del estado de conservación. Se realizaron evaluaciones de campo entre septiembre y noviembre de 2023, aplicando metodologías especializadas: redes de niebla y puntos de conteo para aves, trampas Sherman y Victor para mamíferos pequeños, y captura directa para reptiles. Se registraron 19 especies de vertebrados, incluyendo aves (como *Geospizopsis plebejus*, *Octhoeca leucophrys* y *Rhopospina fruticeti*), roedores (*Akodon subfuscus*, *Phyllotis xanthopygus*) y lagartos del género *Liolaemus*. El índice de Shannon-Wiener arrojó un valor de H = 1.951, indicando una diversidad baja a media, con una dominancia del 30.2%. Todas las especies identificadas se encuentran actualmente en la categoría de "Preocupación Menor" según la UICN, sin registro en los apéndices de CITES. El registro de especies endémicas como *Xenodacnis parina* (azulito andino), *Conirostrum binghami* (ave del queñual) y *Metallura phoebe* (colibrí negro) resalta la importancia ecológica del ecosistema de Murucancha, ya que estas especies poseen una distribución geográfica restringida y su presencia actúa como indicador de salud ambiental y conservación del hábitat. Estos registros contribuyen a comprender la dinámica ecológica local y a generar bases para estrategias de manejo y conservación en los ecosistemas altoandinos de Arequipa.

Palabras clave: endemismo, conservación, biodiversidad, ecosistemas altoandinos.

Financiamiento: Financiamiento propio.

PRIMER REGISTRO DE ALOPECIA EN *Artibeus planirostris* (SPIX, 1823) (CHIROPTERA: PHYLLOSTOMIDAE) EN PERÚ

Grisel Rojas[1,2], Silvia Diaz[1], Moises Diaz-Guerrero[1], J. Raúl Lazon-Salcedo[1], Daniel Llancachahua-Tarqui[1], Víctor Ramos-Ascue[1,2,3], Víctor Pacheco[1]

[1]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Programa de Conservación de Murciélagos de Perú, Lima, Perú

[3]Asociación Pro Fauna Silvestre Ayacucho, Ayacucho, Perú

grisel.rojas@unmsm.edu.pe (Grisel Rojas)

Una estructura corporal distintiva en mamíferos es el pelo, cuyas funciones vitales incluyen la sensitiva, regulación térmica, protección y camuflaje. Una de las condiciones que afecta esta estructura es la alopecia, provocando la caída de pelo en el cuerpo en distintos grados de manifestación, afectando la salud de las poblaciones de grupos taxonómicos como los murciélagos. Las causas son atribuidas a factores endocrinos relacionados con la reproducción y la lactancia, ectoparásitos, la ingestión de toxinas o el estrés ambiental. Muchos registros se conocen para países vecinos; no obstante, en Perú solo se conoce un registro para un murciélago embalonúrido. Aquí se reporta el primer caso de alopecia para el murciélago frutero de rostro plano *Artibeus planirostris* en un bosque de tierra firme en Madre de Dios. El hallazgo se realizó en una concesión forestal de castaña *Bertholletia excelsa* en noviembre del 2024, período que corresponde a la época seca. El ejemplar fue una hembra lactante dónde alrededor de 75% del cuerpo presentaba ausencia de pelo. Discutimos la relación entre las posibles causas con el caso abordado. Finalmente, resaltamos la importancia de monitoreos de las poblaciones en favor de su salud y de registrar la prevalencia de casos como este y otros relacionados al pelaje que mejoren nuestra comprensión de la historia natural de los murciélagos.

Palabras clave: murciélago, fitness, lactancia, pelo

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 11633-24 con código de proyecto B241009pro.

LA GRAN BIODIVERSIDAD DE MAMÍFEROS SUGIERE EL USO SOSTENIBLE DE LAS CONCESIONES FORESTALES

Grisel Rojas[1,2], Oscar Apari-Crisostomo[1], Silvia Diaz[1], Moises Diaz-Guerrero[1], J. Raúl Lazon-Salcedo[1], Daniel Llancachahua-Tarqui[1], Zabdi Mejía[3], María Pumacajia[1], Víctor Ramos-Ascue[1,2,4], Eddie Velarde[1], Sebastián Vidal-Perez[1], David Camargo[5], Víctor Pacheco[1]

[1]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Programa de Conservación de Murciélagos de Perú, Lima, Perú

[3]Facultad de Letras y Ciencias Humanas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[4]Asociación Pro Fauna Silvestre Ayacucho, Ayacucho, Perú

[5]Concesión Marita Vargas, Madre de Dios, Perú

grisel.rojas@unmsm.edu.pe (Grisel Rojas)

Las concesiones forestales de castañas *Bertholletia excelsa* son propuestas como un modelo de uso sostenible de los recursos naturales en la ecorregión de selva baja, sin degradar el hábitat y conservando sus servicios ecosistémicos y biodiversidad. Sin embargo, poco se conoce sobre la diversidad y abundancia de los mamíferos que alberga. En este trabajo reportamos la composición de la comunidad de mamíferos de los bosques amazónicos en dos concesiones de castaña en Madre de Dios, con un esfuerzo de muestreo de 4355 trampas-noche, 204 baldes-noche, 230 redes-noches para mamíferos menores y registros directos (avistamientos y 200 cámaras-día) e indirectos (encuestas, registros de fecas o huellas) para mamíferos medianos y grandes. Registramos 79 especies, en 10 órdenes y 25 familias, incluyendo 7 marsupiales, 16 roedores y 23 murciélagos. Del total de especies, destacamos 7 especies amenazadas y 8 consideradas raras. Esta riqueza de especies sugiere que las concesiones de castaña, aun cuando correspondan a actividades antrópicas, mantienen una alta diversidad de mamíferos. Por lo que se respalda que el aprovechamiento sostenible del área es compatible con la conservación del bosque y sus especies. Nuestro estudio contribuye además socializando los resultados obtenidos de la biodiversidad de mamíferos a través de medios sociales como una página web libre, resaltando las especies indicadoras, amenazadas y su rol ecológico en el bosque.

Palabras clave: castañales, amazonia, inventario, website

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 11633-24 con código de proyecto B241009pro, Fundación San Marcos – Proyecto 423 adenda 2023 y Bosques Amazónicos (BAM).

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE ORQUÍDEAS MEDIANTE CÓDIGO DE BARRAS DE ADN EN LA CORDILLERA ESCALERA, DEPARTAMENTO DE SAN MARTÍN

Roldán-Toribio, Alexandra[1]; Orjeda, Gisella[1]; Ramírez, Manuel[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad (FCB-UNMSM), Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

morjedaf@unmsm.edu.pe (María Gisella Orjeda Fernández)

Las orquídeas, símbolo de biodiversidad y riqueza natural, conforman una de las familias más diversas del mundo. En el Perú, se estima que existen entre 2600 y 3000 especies, muchas de las cuales enfrentan amenazas significativas debido a la pérdida de hábitat, la deforestación y los efectos del cambio climático. Ante esta situación, la presente investigación busca fortalecer el conocimiento sobre la diversidad, identificación y distribución de las orquídeas peruanas, alineándose con los objetivos del Plan Nacional de Conservación de las Orquídeas Amenazadas. El estudio se realizó en el área de conservación privada de la Asociación Bosque Guardián adyacente al Área de Conservación Regional Cordillera Escalera (San Martín). Durante tres expediciones (octubre de 2023, mayo y agosto de 2024). Se colectaron 80 especímenes de orquídeas, las cuales fueron identificadas por un experto, clasificadas en 37 géneros; 56 no pudieron determinar la identificación a nivel de especie. Los géneros más representativos fueron *Epidendrum*, *Maxillaria*, *Pleurothallis*, *Dichaea* y *Stelis*. Se destaca que se encontró tres especies endémicas del Perú: *Maxillaria aff. minutiflora*, *Octomeria peruviana* y *Octomeria scirpoidea*, además de dos especies en peligro de extinción y una incluida en el Apéndice I de CITES. Para el análisis molecular, se aplicó la técnica de DNA barcoding utilizando el marcador rbcL. Se evaluaron protocolos de extracción con el kit NucleoSpin™ Plant II, obteniéndose amplificaciones exitosas de un fragmento de ~1300 pb en varias muestras, aunque el 75 % presentó problemas por presencia de sales. Aun así, este protocolo resultó más eficiente que otras alternativas ensayadas. Este estudio aporta información clave sobre la diversidad y la genética de las orquídeas en una región poco explorada, fortaleciendo las bases para su identificación, monitoreo y conservación, así como la mejora de bases de datos genéticas a nivel nacional.

Palabras clave: Orquídeas, código de barras, RBCL, MATK..

Financiamiento: Este trabajo cuenta con el financiamiento de PROCIENCIA: PE501082777-2023-PROCIENCIA; con permisos de SERFOR: RD N° D000142-2023-MIDAGRI-SERFOR-DGGSPFFS-DGSPF

DINÁMICA DEL CUIDADO PARENTAL DE *Ara chloropterus* "GUACAMAYO CABEZÓN" EN UN NIDO ARTIFICIAL EN LA AMAZONÍA PERUANA

Jaemy Romero-Herrada[1,2], Eduardo Nycander[2], Hugo Cliff[2], Zadaan Caihuari[2], Bruno Díaz[3], Matías Laynes[3], César Arana[1] y Letty Salinas[3]

[1]Departamento de Ecología, GI Biodiversidad de Ecosistemas Neotropicales – BIOECONE, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Programa Wired Amazon, Rainforest Expeditions S.A.C., Madre de Dios, Perú

[3]Departamento de Ornitología, GI Biodiversidad de Ecosistemas Neotropicales – BIOECONE, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

jaemy7@gmail.com (Jaemy Romero-Herrada)

Los nidos artificiales constituyen una herramienta clave en los programas de conservación de grandes psitácidos que dependen de cavidades naturales, aunque el estudio detallado del cuidado parental dentro de estas estructuras es limitado. En este trabajo se caracterizó el comportamiento parental de una pareja de *Ara chloropterus* durante la temporada reproductiva 2023–2024, en la Reserva Nacional Tambopata, Amazonía sur del Perú. El monitoreo se realizó mediante cámaras alimentadas por energía solar, instaladas en el exterior de un nido artificial, lo que permitió registrar de manera continua la actividad reproductiva y las conductas parentales desde setiembre de 2023 hasta marzo de 2024. Durante este periodo se documentó el desarrollo de un polluelo, identificado como "Zugo", cuya presencia activa en el nido fue observada desde inicios de enero hasta su salida definitiva hacia finales de marzo. Las conductas parentales fueron clasificadas en categorías individuales, afiliativas no agonistas y vocales. La conducta más frecuente fue la permanencia dentro del nido (media mensual = 0.076 ± 0.038), especialmente durante los primeros meses del ciclo. También se registraron locomoción (0.011 ± 0.009), "allopreening" (0.008 ± 0.002), "autopreening" y vocalizaciones desde el interior o la entrada del nido, con variaciones temporales que reflejan distintos momentos del proceso reproductivo. Las conductas menos frecuentes incluyeron el aleteo y la sacudida de cabeza. Los resultados destacan el potencial de los nidos artificiales como espacios funcionales para la reproducción y como plataformas de observación sistemática del comportamiento. Este estudio proporciona evidencia empírica del cuidado parental de *A. chloropterus* y resalta el valor del monitoreo remoto en estrategias de conservación activa para guacamayos amazónicos.

Palabras clave: Red-and-green Macaw, monitoreo remoto, conservación de psitácidos, Madre de Dios.

Financiamiento: Gordon & Betty Moore Foundation.

CÁMARAS TRAMPA REVELAN POTENCIALES DEPREDADORES EN NIDOS ARTIFICIALES DE GUACAMAYOS EN TAMBOPATA, PERÚ

Jaemy Romero-Herrada[1,2], Eduardo Nycander[2], Hugo Cliff[2], Zadaan Caihuari [2], César Arana[1], Letty Salinas[3]

[1]Departamento de Ecología, GI Biodiversidad de Ecosistemas Neotropicales – BIOECONE, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Programa Wired Amazon, Rainforest Expeditions S.A.C., Madre de Dios, Perú

[3]Departamento de Ornitología, GI Biodiversidad de Ecosistemas Neotropicales – BIOECONE, Museo de Historia Natural y Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

jaemy7@gmail.com (Jaemy Romero-Herrada)

La instalación de nidos artificiales es una estrategia utilizada para promover el éxito reproductivo de aves amenazadas. En la Reserva Nacional Tambopata (Perú), los guacamayos escarlata (Ara macao) y rojo y verde (Ara chloropterus) enfrentan diversas amenazas, entre ellas la pérdida de árboles centenarios para anidar, la tala selectiva de especies clave como el shihuahuaco (*Dipteryx* spp.), la minería ilegal y el tráfico de fauna silvestre. Como parte de un estudio piloto, se instalaron 15 nidos artificiales (13 dentro de la reserva y 2 en la zona de amortiguamiento), distribuidos en bosques primarios de terraza alta y media, así como en bosques secundarios. Los nidos fueron monitoreados con cámaras trampa programadas para grabar video durante uno a quince meses, cubriendo una o dos temporadas reproductivas. Se registraron 121 eventos de intento de depredación, definidos como la presencia de un potencial depredador explorando la entrada o parte superior del nido. No todos los eventos resultaron en depredación confirmada, ya que esta solo pudo verificarse en campo durante la presencia de huevos o pichones. Por lo tanto, los datos reflejan riesgos de depredación, más que eventos consumados. Se registraron ocho especies involucradas (seis mamíferos, un ave y un reptil). Los prociónidos *Potos flavus* (kinkajú) y *Bassaricyon alleni* (olingo) fueron los más frecuentes, presentes en el 53 % de los árboles y responsables del 74 % de los intentos. Mediante un análisis de escalamiento multidimensional no-métrico (NMDS), se evaluó la relación entre la composición de depredadores (conjunto de especies registradas) y variables del hábitat. Se encontró una asociación significativa con la altura del dosel, la primera ramificación ($r^2 = 0.4547$, $p = 0.027$) y el tipo de bosque ($r^2 = 0.4601$, $p = 0.018$), con mayor actividad en bosques de terraza media. Estos resultados son clave para orientar futuras estrategias de conservación.

Palabras clave: Cámaras trampa, Estructura del dosel, Depredadores arborícolas, Conservación de fauna

Financiamiento: Gordon & Betty Moore Foundation.

CONTRIBUCIONES AL CONOCIMIENTO DE LA ICTIOFAUNA DE LA AMAZONÍA PERUANA: NUEVOS REGISTROS DE ESPECIES ORNAMENTALES EN LAS CUENCAS DE LOS RÍOS PUTUMAYO E ITAYA

Morgan Ruiz-Tafur[1], Diana Castro-Ruiz[2], Carlos Angulo[2]; Johanna Cortegano[1], Josias Flores-Gonzáles[1], Xiomara Chong[1]; Junior Chuctaya[1]

[1]Laboratorio de Taxonomía de peces, Instituto de investigaciones de la Amazonía Peruana, Iquitos, Perú.

[2]Laboratorio de Biología y Genética molecular, Instituto de investigaciones de la Amazonía Peruana, Iquitos, Perú.

kruiz@iiap.gob.pe (Morgan Ruiz-Tafur)

La región Loreto alberga más de 870 especies de peces, sin embargo, debido a la complejidad y vastedad de su territorio, aún existen zonas con importantes vacíos de información. En el marco de las funciones del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP) y como parte de sus inventarios de biodiversidad, se realizó una expedición en las cuencas de los ríos Putumayo e Itaya. Durante esta campaña se colectaron especímenes de los géneros *Satanoperca* y *Moenkhausia*, ampliamente distribuidos en la cuenca amazónica. Las colectas se efectuaron utilizando redes de arrastre y redes de espera. Los ejemplares fueron fotografiados en fresco para documentar su coloración natural, y se obtuvo tejido muscular para análisis moleculares. En laboratorio, los ejemplares fueron identificados morfológicamente hasta nivel de especie utilizando claves taxonómicas especializadas. Posteriormente, fueron catalogados y depositados en la Colección Ictiológica del IIAP (CIIAP). El análisis combinado de datos morfológicos, merísticos y secuencias del gen mitocondrial COI permitió confirmar el primer registro para el Perú de *Satanoperca acuticeps* y *S. lilith* (Cichlidae: Cichlinae) en el río Putumayo, y de *Moenkhausia lata* (Acestrorhampidae: Stethaprioninae) en los ríos Putumayo e Itaya. Estas especies presentan valor en el comercio ornamental. Este estudio aporta significativamente al conocimiento de la diversidad ictiológica del país y evidencia la necesidad de continuar con exploraciones sistemáticas en áreas poco estudiadas de la Amazonía peruana. Asimismo, resalta la importancia de establecer estrategias de conservación para especies potencialmente vulnerables o de interés económico, y confirma que gran parte de la diversidad ictiológica de la región aún permanece desconocida.

Palabras clave: Characiformes; Cichlidae; distribución geográfica; inventario biológico; COI barcoding

Financiamiento: Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP).

EVALUACIÓN DE CEPAS DE *Bacillus SPP.* PRODUCTORAS DE BIOSURFACTANTES NO RAMNOLÍPIDOS "SURFACTINA" AISLADAS DE AMBIENTES CONTAMINADOS CON HIDROCARBUROS

Stephano G. Salazar Castillo[1], Roger A. Palomino Huarcaya[1], Susana M. Gutiérrez Moreno[1], Fernando A. Merino Rafael[1]

[1]Laboratorio de Microbiología y Biotecnología Microbiana (LAMYBIM). Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

rpalominoh@unmsm.edu.pe

La biorremediación, surge como alternativa de solución para mitigar el impacto ocasionado por las operaciones unitarias del sector hidrocarburo. Las surfactinas, lipopeptidos cíclicos producido por *Bacillus subtilis* han demostrado ser una nueva alternativa sostenible, dada su estabilidad a diferentes condiciones de pH, temperatura y niveles de salinidad, como la capacidad de disminuir la tensión superficial, permitiendo así penetrar y emulsionar el hidrocarburo de forma eficiente. El presente trabajo tuvo como objetivo caracterizar fisiológica y molecularmente cepas de *Bacillus* spp. productores de surfactinas, aisladas de ambientes contaminados con hidrocarburos, a fin de seleccionar aquellos microorganismos con mayor capacidad surfactante. De un total de 97 cepas aisladas el 65% (63 cepas) presentan actividad fisiológica surfactante evaluada a través de los índices E24 y UAE. Tres cepas mostraron mayor capacidad de emulsificación, las cuales fueron identificadas molecular mediante secuenciación del gen 16S rRNA y PCR dirigida al gen *sfp*. Las cepas identificadas como *Bacillus subtilis* (B82 y B11) y *B. velezensis* (B58), mostraron los mayores índices de emulsificación (83.61 % -1.571 UAE7mL, 35.61 % -1.495 UAE/mL y 71.91 % -0.505 UAE/mL, respectivamente); todas con presencia del gen *sfp*. Otros estudios como Kim *et al*. (2000) y Rozana, K. (2020) demostraron que el gen *sfp* favorece la degradación de hidrocarburos, mediante producción de surfactina y análisis bioinformáticos, respectivamente. En conclusión, las cepas de *Bacillus* spp. obtenidas de ambientes contaminados con hidrocarburos, tienen el potencial de producir surfactinas con un alto índice de emulsión, lo cual podría considerarse una herramienta biotecnológica a futuro.

Palabras claves: emulsificación, UAE, índice E24, gen *sfp.*

Financiamiento: Autofinanciado.

FILOGENIA, TIEMPO DE DIVERGENCIA Y DELIMITACIÓN MOLECULAR DE ESPECIES EN EL GÉNERO *Neltuma* RAF

Cristina Saldaña-Delgado[1], David Lindo-Seminario[2], Marinoli Rivas-Chamorro[1,3]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Subdirección de Recursos Genéticos, INIA.

[3]Departamento de Gimnospermas y Monocotiledóneas, Museo de Historia Natural, UNMSM.

cristina.saldana@unmsm.edu.pe

El género *Neltuma* (Caesalpinioideae, Fabaceae) comprende especies arbóreas que habitan regiones áridas y semiáridas de Sudamérica, donde son componentes clave del Bosque Seco. A pesar de su importancia ecológica y económica, estas especies enfrentan serias amenazas por la deforestación y el cambio climático. Además, la escasa información sobre su diversidad y delimitación taxonómica limita el desarrollo de estrategias de conservación efectivas. En este estudio se analizó la diversidad genética y la delimitación de especies de *Neltuma* en Perú, mediante análisis filogenéticos basados en los genes nucleares *NIA* y *G3pdh*. Los ejemplares peruanos fueron obtenidos del Banco de Germoplasma del INIA y sus secuencias fueron comparadas con datos disponibles en GenBank. Las relaciones evolutivas se infirieron mediante inferencia bayesiana y máxima verosimilitud. Asimismo, se estimaron los tiempos de divergencia y se delimitaron especies utilizando los métodos ABGD, PTP y bPTP. Los resultados indican que *Neltuma* forma un grupo monofilético y se divide en dos clados principales: el clado Mesquite y el clado *N. kuntzei–N. argentina*. Las muestras peruanas se agruparon en el clado Mesquite, destacando dos linajes principales: *N. limensis* y *N. pallida–N. limensis*. Los análisis sugieren que la divergencia del género Neltuma ocurrió en el Mioceno tardío, con una mayor diversificación durante el Plioceno y el Pleistoceno. Se identificaron 11 MOTUs entre los ejemplares peruanos, incluyendo la especie endémica *N. mantaroensis*, recuperada como un linaje independiente. Este estudio aporta evidencia molecular valiosa para comprender la diversidad del género *Neltuma* en el Perú y orientar futuras estrategias de conservación.

Palabras clave: Bosque Seco, Caesalpinioideae, genética, conservación.

Financiamiento: PCONFIGI, Resolución Rectoral N.º 006981-2023-R-D, Código B23100941.

EVALUACIÓN DE BOSQUES RELICTOS DE *Polylepis* RUIZ & PAV EN LA CORDILLERA RAURA, PERÚ POR MEDIO DE TOMOGRAFÍA SÓNICA

Abel Salinas-Inga[1], Esther Cox Ramos[2], Franco Ángeles-Álvarez[1], Alonso Junco[1], Yakov Quinteros-Gómez[1], Marcel La Rosa-Sánchez[1]

[1]Laboratorio de Ecología Tropical y Análisis de Datos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Plantas Medicinales y Alimenticias, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

abelsalinas328@gmail.com

Los bosques de *Polylepis* son ecosistemas altoandinos endémicos de Sudamérica, con un alto valor ecológico, altamente amenazados por actividades antrópicas y el cambio climático. El presente estudio evaluó la integridad estructural de tres bosques relictos de *Polylepis weberbaueri* y *Polylepis incana* ubicados en las laderas occidentales de los Andes peruanos, específicamente en áreas adyacentes a la Cordillera Raura, en la provincia de Oyón, departamento de Lima, Perú, utilizando tomografía sónica no invasiva. Esta es una técnica de diagnóstico utilizada para evaluar el estado interno del tronco de un árbol sin necesidad de cortarlo o dañarlo utilizando ondas sonoras para detectar defectos estructurales internos. Se analizaron 192 tomogramas de 48 árboles en tres bosques relictos, midiendo el deterioro interno en niveles de altura del tronco (10, 30, 50 y 70 cm). Los resultados mostraron un rango de deterioro del 2.5% al 70%, no encontrándose diferencia significativa entre los bosques evaluados. Respecto al daño promedio: el bosque que es travesado por la carretera (fragmentación vial), presentó el mayor deterioro promedio (16.6%), mientras que el bosque que se encontró a menor altitud, registró el menor daño promedio (10.5%). Además, se observó una correlación positiva entre el diámetro a la altura del pecho (DBH) y el daño interno, sugiriendo que los árboles con mayor DAP registran mayor daño interno. Esta investigación pone de relieve los retos que plantea la evaluación del estado interno de los árboles de *Polylepis*, al tiempo que proporciona datos de referencia sobre su integridad estructural en los ecosistemas andinos. Se subraya la necesidad de un seguimiento a largo plazo y de estrategias de conservación específicas para estos bosques, que son muy susceptibles a las perturbaciones antrópicas y al cambio climático.

Palabras clave: Bosques andinos, conservación, daño estructural, no destructivo.

Financiamiento: PCONFIGI, Resolución Rectoral N.º 006981-2023-R-D, Código B25140541.

PRIMER REGISTRO DEL NEMÁTODO *Obeliscoides cuniculi* (GRAYBILL, 1923) (CHROMADOREA, TRICHOSTRONGYLIDAE) EN EL CONEJO ANDINO *Sylvilagus andinus* (THOMAS, 1897), DE LA LIBERTAD Y CAJAMARCA, PERÚ

Lidia Sánchez[1], Jane Roca[1], Silvia Diaz[2], Víctor Pacheco[2]

[1]Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

lsanchezp@unmsm.edu.pe

Sylvilagus andinus (Thomas, 1897) es el único lagomorfo nativo que habita en los Andes del norte y centro de Perú del cual solo se conoce algunas características morfológicas y moleculares, pero no existen estudios sobre su historia natural y helmintofauna. En otras especies de *Sylvilagus* y conejos domésticos se han registrado una gran diversidad de helmintos en el tracto intestinal, como nemátodos del género *Obeliscoides*, localizados en el estómago y asociados a lesiones gástricas en sus hospederos. El objetivo de este trabajo fue determinar la helmintofauna en el conejo andino *S. andinus*. Se colectó un total de 62 nemátodos hembras y 48 machos en el estómago de dos individuos de *S. andinus* procedentes de las localidades Sanagorán, La Libertad y Cañaris, Lambayeque. Los nemátodos fueron aclarados con lactofenol de Amann para su identificación y obtención de las mediciones de los órganos internos. Asimismo, se realizaron cortes transversales en los niveles anterior, medio y posterior para observar el synlophe, que es el patrón de crestas longitudinales en la cutícula, un carácter taxonómico de los trichostrongiloideos. La longitud de las hembras osciló entre 14.3 a 16.4 mm y de los machos entre 7.6 y 8.1 mm. Al comparar nuestras observaciones con las cuatro especies descritas de *Obeliscoides*, se encontraron coincidencias con los criterios taxonómicos como posición del anillo nervioso, del poro excretor, de las papilas cervicales en ambos sexos, tamaño de las espículas en el macho; posición de la vulva y tamaño de los huevos en la hembra, así como la forma y número de crestas en el synlophe con la especie *O. cuniculi*. También se pudo comprobar en las paredes del estómago las pequeñas lesiones que produce la presencia de este nemátodo. Este estudio representa el primer reporte de *O. cuniculi* en *S. andinus*, a una altitud de 2990 m s.n.m. Se recomiendan mayores estudios para evaluar el impacto de estos nemátodos en las poblaciones silvestres, el riesgo de transmisión a los conejos domésticos y su potencial zoonótico.

Palabras clave: Lagomorpha, synlophe, nemátodo, lesiones gástricas

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 4305-24 con código de Proyecto B24100311 – PCONFIGI 2024.

DIVERSIDAD DE EQUINODERMOS DE FONDOS BLANDOS EN LA ENSENADA MACKELLAR (ISLAS SHETLAND DEL SUR, ANTÁRTIDA)

Maeva Sanchez-Diaz[1a], Marina Quiñe-Fernández[1ab], Cinthya Bello-Chirinos[1a], Aldo Indacochea-Mejia[1b]

[1]Carrera de Biología Marina, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú

[a]Grupo de Investigación: Antártida y su conexión con Sudamérica en un clima cambiante

[b]Grupo de Investigación: Comunidades acuáticas.

mquine@cientifica.edu.pe (Marina Quiñe-Fernández)

Los equinodermos desempeñan un papel fundamental como ingenieros ecosistémicos en los fondos marinos antárticos, donde influyen en la estructura de las comunidades bentónicas mediante procesos como la bioturbación, la depredación y el reciclaje de nutrientes (Saucède et al., 2014). Sin embargo, los patrones espacio-temporales de sus ensamblajes en áreas localizadas, como el fiordo Mackellar (Islas Shetland del Sur), siguen siendo poco conocidos, especialmente en un escenario de cambios ambientales acelerados (Griffiths et al., 2021). Esta brecha de conocimiento es relevante, dado que regiones costeras como la Isla Rey Jorge experimentan fluctuaciones térmicas y glaciológicas que podrían afectar la biodiversidad (Deregibus et al., 2023). En este estudio, se analizaron 53 muestras recolectadas en 8 estaciones durante 10 expediciones antárticas peruanas (ANTAR XIX-XXX, 2010-2024). Los equinodermos identificados pertenecen a 4 clases: Ophiuroidea (39,6%, 21 muestras), Holothuroidea (28,3%, 15), Echinoidea (18,9%, 10) y Asteroidea (13,2%, 7). La dominancia de ofiuroideos sugiere su adaptación a sedimentos blandos, mientras que la menor presencia de asteroideos podría reflejar su asociación con sustratos duros (Piepenburg et al., 2001). Los resultados evidencian una marcada heterogeneidad en el ensamblaje de equinodermos del fiordo Mackellar, con los ofiuroideos como grupo dominante. Estos hallazgos resaltan la necesidad de incorporar variables ambientales (como composición sedimentaria y temperatura) en futuros análisis para comprender la variabilidad temporal. Los datos obtenidos establecen una línea base clave para monitorear cambios derivados del calentamiento global y las actividades antropogénicas en la región.

Palabras clave: Megafauna bentónica, Comunidades sublitorales, Endemismo antártico

Financiamiento: Ministerio de Relaciones Exteriores. Universidad Científica del Sur.

NEUSTON EN LA COSTA NORTE DEL MAR PERUANO: PRIMEROS REPORTES ENTRE CHICAMA Y CHIMBOTE

Maria del Rosario Sebastian Diaz[1], Patricia Mercedes Ayón Dejo[1,2]

[1]Laboratorio de Biología Marina, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Lima, Perú.

[2]Área Funcional de Investigaciones en Oceanografía Biológica, Instituto del Mar del Perú (IMARPE), Lima, Perú.

maria.sebastian@urp.edu.pe

El zooplancton es uno de los principales componentes del neuston, y es el que permite la transferencia de energía desde los productores primarios hacia los niveles tróficos superiores. Esta importancia ecológica lo convierte en un grupo clave para el monitoreo de la salud de los ecosistemas marinos. En ese contexto, se analizó la abundancia y composición taxonómica del zooplancton neustónico al norte del Perú en la zona marítima comprendida entre Chicama (07°20'S) y Chimbote (09°30'S), durante el verano del año 2017. Para ello, se realizaron muestreos con una red Neuston, mediante arrastre superficial y sub superficial (abarcan los primeros 30 cm de la capa superficial del mar) a una velocidad de 2 nudos durante 5 minutos, en transectos perpendiculares a la línea de la costa, desde las 2 hasta las 50 millas náuticas. En el análisis taxonómico se identificaron 22 especies de zooplancton, destacando la clase Copepoda, presente en la totalidad de las muestras recolectadas. Las especies *Acartia sp.* y *Centropages brachiatus* fueron los más representativos bajo condiciones normales. Sin embargo, durante el pico del evento El Niño Costero 2017, se observó la desaparición de *C. brachiatus*, especie característica de aguas frías, y la aparición de *C. furcatus*, asociada a condiciones de aguas cálidas. Además, se registró en menor proporción otros grupos como decápodos, quetognatos, misidáceos, poliquetos y anfípodos. Estos resultados revelan la influencia que el evento El Niño Costero puede ejercer sobre la composición del zooplancton neustónico, a la vez que proporcionan información valiosa para enriquecer el limitado conocimiento existente sobre este grupo en aguas peruanas. Asimismo, el estudio ofrece una primera aproximación al patrón de distribución espacial del zooplancton neustónico en relación con la distancia a la costa.

Palabras clave: Zooplancton, copépodos, biodiversidad.

Financiamiento: No especificado.

ALGUNAS CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS Y MOLECULARES RELACIONADAS CON LA TAXONOMÍA DE LA SERPIENTE PERUANA *Bothrops pictus* "JERGÓN DE COSTA"

Walter Silva[1], Juan Cabrejos[1], Dan Vivas[1], Fanny Lazo[1], Jordano Espinoza[1], Jorge Roque[1], Alexander Llontop[1], Javier Cárdenas[2], Armando Yarlequé[1].

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Callao

reptiles.peru1216@gmail.com (Walter silva)

En nuestro país la mayor población de serpientes venenosas se localiza en las regiones de selva alta y baja, también existen serpientes en nuestra costa, especialmente en los valles interandinos, incluyendo en las zonas cercanas a Lima. Algunos estudios taxonómicos han descrito como principal serpiente de la costa central a *Bothrops pictus* y además se consideraba la presencia de *Bothrops roedingeri* como una especie cercana taxonómicamente, especialmente en los valles del sur. Las variaciones en color, forma de escamas y longitud de los especímenes, generaba una confusión en torno a que se trataba de dos especies distintas, aunque existen evidencias de que era una sola especie. Por ello en la presente investigación se realizó una revisión morfológica de las siguientes variables: longitud de cabeza, longitud de cola, longitud rostrocloacal, número de escamas (anterior, medio, posterior, ventrales, infralabiales, supralabiales, inter supraoculares y subcaudales) de ejemplares conservados en las colecciones del Museo de Historia Natural de UNMSM, UNSA, INS y CORBIDI; y una evaluación molecular de los especímenes vivos albergados en el serpentario Oswaldo Meneses de la UNMSM. Los resultados mostraron que se encontraron algunas diferencias en los parámetros usados en la taxonomía clásica como longitud de cabeza y del rostro cloacal, longitud de cola, número, color y forma de escamas, así como el análisis molecular obtenido del ADN a partir de las escamas supradérmicas ventral únicamente de especímenes vivos procedentes del Serpentario "Oswaldo Meneses" de la UNMSM, mostrando que todos los especímenes examinados pertenecen a un grupo monofilético con una significativa variabilidad intraespecífica, resaltando que *B. pictus* y *B. roedingeri* corresponden a una sola especie, localizada en el desierto costero y la serrania esteparia.

Palabras Clave: *B. pictus*, *B. roedingeri*, taxonomía, análisis molecular, filogenia.

Financiamiento: Este estudio fue financiado por FONDECYT -BM-IADT-AV(Contrato No. 101-2018-FONDECYT (actualmente PROCIENCIA) Y por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado (Código B20100301) La investigación fue parte de la Tesis de Maestría de W. Silva

TARÁNTULAS (ARANEAE: THERAPHOSIDAE) DEL PERÚ BAJO PRESIÓN POR COMERCIO DE FAUNA SILVESTRE

Diana Silva-Dávila[1], Stephany Mendieta-Yañez[1], Caroll Gamarra-Diaz[1]

[1]Departamento de Entomología – Museo de Historia Natural, UNMSM

diana.silva@unmsm.edu.pe (Diana Silva-Dávila)

El tráfico de fauna silvestre representa una amenaza creciente para la biodiversidad global, y las tarántulas se encuentran entre los grupos más afectados por el comercio internacional de mascotas exóticas. Aunque en Perú su captura y venta está regulada desde 2011, numerosas especies se comercializan ilegalmente, muchas veces bajo identificaciones erróneas o incluso antes de ser descritas por la ciencia. Ante este contexto, el presente trabajo expone los avances de un proyecto orientado a esclarecer la identidad taxonómica de las tarántulas traficadas en Perú haciendo uso de colecciones científicas, con un enfoque integrativo sobre la base de datos morfológicos, moleculares y una exhaustiva revisión bibliográfica. Como primer paso, se digitalizó la colección de Theraphosidae del Museo de Historia Natural (MUSM), y se incorporaron los registros de localidad de las especies peruanas consignadas en el World Spider Catalog, actualizando así el listado, con su respectiva distribución geográfica y registro en colecciones científicas. Asimismo, se recopiló información de las exportaciones y decomisos proporcionados por SERFOR. Los resultados preliminares muestran que la colección MUSM cuenta actualmente con 45 holotipos correspondientes a ocho géneros de tarántulas, el 95% de ellos endémicos; además, confirman una preocupante desconexión entre los nombres usados por los comerciantes y las especies presentes en Perú. Estos hallazgos evidencian la urgente necesidad de implementar trazabilidad y control sobre las rutas de extracción, dado el impacto de la sobreexplotación, la degradación del hábitat y el alto riesgo de extinción de algunas especies, en particular aquellas de regiones altoandinas. Este estudio destaca el rol fundamental de las colecciones biológicas en la conservación de especies vulnerables y la urgencia de generar herramientas para su identificación, monitoreo y manejo sostenible, con énfasis en aquellas de alto valor comercial.

Palabras clave: Arañas, colecciones aracnológicas, biodiversidad, conservación

Financiamiento: ProCiencia, Nº PE501088117-2024-PROCIENCIA

EXPLORANDO LA DIVERSIDAD OCULTA DE HELMINTOS EN MURCIÉLAGOS EN LA SELVA ALTA DE SAN MARTÍN, PERÚ

Jordan F. Silvera[1], Anthony Almeyda[2], Stephany Mendoza[3], Bálder Choza[4], Alex Oscco[1] ,Edith Arias[1], Jhon D. Chero[1]

[1]Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Bioacoustic Analysis Team SAC, San Martín, Perú

[3]Museo de Historia Natural Víctor F. Baca Aguinaga, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo (UNPRG), Lambayeque, Perú

[4]Universidad Nacional San Luis Gonzaga, Ica, Perú

jordan.gomez@unmsm.edu.pe (Jordan F. Silvera)

Los murciélagos desempeñan un rol ecológico clave en los ecosistemas neotropicales, actuando como polinizadores, dispersores de semillas y reguladores de poblaciones de insectos. Sin embargo, su diversidad parasitaria, particularmente la helmintofauna asociada, sigue siendo escasamente documentada, especialmente en zonas de selva alta. El objetivo del presente estudio fue identificar y caracterizar los helmintos parásitos asociados a diferentes especies de murciélagos en la selva alta de San Martín, con el fin de ampliar el conocimiento sobre su diversidad, distribución e implicancias sistemáticas. Entre marzo y mayo del 2025, se examinaron ejemplares de murciélagos pertenecientes a cuatro especies: *Anoura ecuatoris* (Phyllostomidae), *Eptesicus chiriquinus* (Vespertilionidae), *Pteronotus fuscus* (Mormoopidae) y *Micronycteris* sp. (Phyllostomidae). Se colectaron 96 especímenes de helmintos (80 digeneos, 3 cestodos y 13 nematodos). Entre los digeneos, se identificaron a *Anenterotrema freitasi* Caballero, 1964, previamente reportada en murciélagos insectívoros de otras regiones sudamericanas, y *Anenterotrema kawsayense* Cacique, Cruces & Chero, 2023, especie recientemente descrita en *Phyllostomus hastatus* en el sureste del Perú (Madre de Dios). Los nematodos pertenecen a la familia Capillariidae y su identificación específica se encuentra en proceso. Los cestodos fueron asignados al género *Vampirolepis* Spasskii, 1954, un grupo escasamente documentado en murciélagos del país. Todos los helmintos identificados representan nuevos aportes al conocimiento de la helmintofauna asociada a murciélagos de ecosistemas montanos peruanos. Estos hallazgos preliminares evidencian una diversidad parasitaria poco explorada y resaltan la importancia de integrar enfoques morfológicos y moleculares para una caracterización más completa de los helmintos en fauna silvestre neotropical.

Palabras clave: *Anenterotrema*, *Vampirolepis*, chiroptera, Phyllostomidae, Vespertilionidae, Mormoopidae, San Martín

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 006081-R-23 con código de proyecto B23100321. y por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM "Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales", bajo el número de subvención (PE501090933-2024) y del Concurso E033-2023-01-BM "Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado", bajo el número de subvención (PE501084299-2023).

APORTES A LA SISTEMÁTICA DEL GÉNERO *Metadelphis* TRAVASSOS, 1944 (DIGENEA: DICROCOELIIDAE) EN EL PERÚ

Jordan F. Silvera[1], Anthony Almeyda[2], Stephany Mendoza[3], Noemí Miranda[1], Edith Arias[1], Jhon D. Chero[1]

[1]Laboratorio de Zoología de Invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Bioacoustic Analysis Team SAC, San Martín, Perú

[3]Museo de Historia Natural Víctor F. Baca Aguinaga, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo (UNPRG), Lambayeque, Perú

jordan.gomez@unmsm.edu.pe (Jordan F. Silvera)

Especies del género *Metadelphis* Travassos, 1944 (Trematoda: Dicrocoeliidae) son endoparásitos de la vesícula biliar de murciélagos, con registros principalmente en regiones neotropicales. Se caracterizan por presentar adaptaciones morfológicas particulares, como la ausencia de sistema digestivo y una compleja organización del sistema reproductor. Sin embargo, su diversidad y distribución geográfica continúan siendo poco exploradas y probablemente subestimadas. El objetivo del presente trabajo fue identificar trematodos parasitando murciélagos filostómidos en el Perú. Se colectaron 30 ejemplares de *Carolia perspicillata* (Linnaeus, 1758) en las Concesiones de Conservación Jardines Angel del Sol y Yantaló. Dos de estos hospederos se encontraron parasitados por 6 individuos del género *Metadelphis*. El análisis morfológico detallado permitió reconocer dos morfotipos distintos que difieren significativamente de las especies previamente descritas, lo que sugiere la existencia de taxones no descritos dentro del género. Ambas formas se caracterizan por presentar glándulas vitelógenas dispuestas lateralmente, y diferencias marcadas en la disposición de los órganos reproductores. *Metadelphis* sp. 1 presenta testículos dispuestos parcialmente en tándem, ovario más desarrollado que los testículos y ubicado por debajo del testículo izquierdo, receptáculo seminal subovárico, glándulas vitelógenas de longitud desigual, saco del cirro piriforme y ramas uterinas concentradas detrás de la ventosa ventral. Por su parte, *Metadelphis* sp. 2 exhibe testículos dispuestos horizontalmente, ovario situado debajo del testículo izquierdo, glándulas vitelógenas robustas y asimétricos en longitud, saco del cirro ovalado y ramas uterinas ampliamente distribuidas alrededor de la ventosa ventral, extendiéndose lateralmente hasta los márgenes del cuerpo. Esta especie también presenta ventosas más robustas que *Metadelphis* sp. 1. Los resultados obtenidos sugieren la existencia de al menos dos especies nuevas para la ciencia, lo que representa un aporte significativo a la sistemática del género y evidencia una diversidad previamente no reconocida en murciélagos del Neotrópico.

Palabras clave: *Metadelphis*, San Martín, Dicrocoeliidae, chiroptera, *Carollia*.

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 006081-R-23 con código de proyecto B23100321. y por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM "Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales", bajo el número de subvención (PE501090933-2024) y del Concurso E033-2023-01-BM "Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado", bajo el número de subvención (PE501084299-2023).

CARACTERÍSTICAS MACRO Y MICROSCÓPICAS PARA DETERMINAR LA MADUREZ GONADAL DE CABINZA *ISACIA CONCEPTIONIS* (CUVIER, 1830)

Mauricio Solano, Jefferson Yunis[1]

[1]Facultad de Ciencias Veterinarias y Biológicas, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú

jefyunis@gmail.com (Mauricio Solano)

Cabinza (*Isacia conceptionis*) es un recurso pesquero clave en el Pacífico oriental, cuya gestión sostenible requiere comprender sus patrones reproductivos. En el presente estudio se caracterizaron los estadios de madurez gonadal de *I. conceptionis* mediante análisis macro y microscópicos. Se analizaron 345 ejemplares (169 hembras, 176 machos) recolectados en Lima en el año 2023, determinando una proporción sexual equilibrada (1:1, $\chi^2 = 0,14$, $p = 0,71$). Se validaron histológicamente seis estadios gonadales (virginal a post-expulsión), identificando marcadores clave como ovocitos vitelogénicos (>50% del área en hembras maduras) y túbulos seminíferos vacíos (machos post-expulsión). El índice gonadosomático (IGS) mostró estacionalidad, con picos reproductivos en diciembre (2,10 ± 0,30 en hembras; 1,45 ± 0,21 en machos). La talla de primera madurez (L_{50}) fue 16,8 cm de longitud estándar, cercana a la talla mínima de captura vigente (19 cm LT), lo que sugiere un riesgo de captura de individuos inmaduros. Los resultados destacan la necesidad de ajustar las regulaciones pesqueras basadas en escalas adaptadas de otras especies, proponiendo: incrementar la talla mínima de captura un 20–30% sobre la L_{50}, establecer vedas durante diciembre (pico reproductivo) y monitorear el impacto de eventos climáticos (El Niño/La Niña) en la reproducción. Este trabajo proporciona la primera escala gonadal específica para *I. conceptionis*, fundamentando su manejo sostenible y conservación.

Palabras clave: Madurez gonadal; Índice gonadosomático, Talla de primera madurez

Financiamiento: Esta investigación fue financiada gracias a la Universidad Científica del Sur, a través del concurso para proyectos “Beca Cabieses”.

ESTUDIO MORFOLÓGICO Y MOLECULAR DE POLICLÁDIDOS MARINOS DE LA PLAYA LOS PAVOS, BARRANCO

Celia Solis-Acuña[1], Tiffany Merino-Chávez[1], Silvana Huayhua-Santa Cruz[1], Lidia Sánchez-Pérez[1], Luis A. Gomez-Puerta[2]

[1]Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines, Museo de Historia Natural, UNMSM.

[2]Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

celia.solis@unmsm.edu.pe

Los policládidos del phylum Platyhelminthes y clase Rhabditophora, se caracterizan por su cuerpo aplanado dorsoventralmente y un sistema digestivo muy ramificado. Son conocidos por su diversidad morfológica, pues se han descrito más de 754 especies a nivel global, y en el Perú se conocen siete especies de los géneros *Alloioplana, Euplanoida, Notocomplana, Leptoplana* y *Prostheceraeu,* pero ninguna de ellas validada molecularmente. El objetivo de este trabajo fue caracterizar morfológicamente y molecularmente cinco ejemplares de policládidos asociados a mitílidos y algas en la zona supralitoral de la playa Los Pavos (Lima), recolectados en marea baja (febrero 2025). Los especímenes fueron fijados en formol al 4%, y AFA, luego preservados en alcohol de 70°. Para el análisis molecular se utilizó las muestras fijadas en alcohol de 96%. El análisis morfológico, se desarrolló en ejemplares previamente coloreados con carmín acético de Semichon con el fin de evidenciar la disposición de los órganos internos, principalmente de los sistemas reproductores, utilizados como criterio principal para la identificación de especie. Adicionalmente, se compararon con policládidos de la colección del Museo de Historia Natural UNMSM y con las descripciones de las especies descritas para el Perú. La determinación del género se realizó comparando el tipo y distribución de las manchas oculares, la posición de la faringe y de los sistemas reproductores. El estudio de la estructura de los órganos sexuales y la distancia entre los poros genitales, permitieron la identificación específica. El análisis molecular, amplificando parcialmente el gen 28S ARNr, complementó el análisis morfológico, determinando la presencia de una probable nueva especie de *Notocomplana* sp. para el Perú, cuya determinación se complementará con el análisis histológico del sistema reproductor.

Palabras clave: Polycladida, Acotylea, Notocomplanidae, Intermareal.

Financiamiento: Recursos propios

BIODIVERSIDAD DE AVIFAUNA EN LA PROVINCIA DE CAYLLOMA AREQUIPA-PERÚ

Maria Suaña-Quispe[1], Jhorel Anco-Huanca[2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional San Agustín (UNSA), Arequipa, Perú

msuanaq@unsa.edu.pe (Maria Elena Suaña-Quispe)

La importancia de conocer la biodiversidad de aves, en la región de Arequipa, se realizó este estudio con el objetivo de documentar la avifauna existente en la provincia de Caylloma que se encuentra en el sur del Perú. Se registró puntos de conteo con un radio de 50 metros, la distancia entre puntos fue de 80 a 100 metros, la observación durante 15 minutos, en 11 distritos de los 20, cada uno con su propio espacio geográfico, de marzo 2022 a febrero del 2023. Se registraron 26 especies, pertenecientes al orden *Passeriformes* con predominancia de la especie *Zonotrichia capensis* en ocho de los 11 distritos, el orden *Columbiformes* con especies *Columba livia* y *Patagioenas maculosa*. Los distritos de Tuti, Callalli y Lari se caracterizan por presentar menor diversidad de aves y mayor similitud en la composición de especies, en contraste a las localidades de Chivay, Cabanaconde y Caylloma que presentaron mayor diversidad. De los resultados encontrados se propone continuar realizando observaciones ornitológicas.

Palabras clave: aves, localidades, turístico, silvestres.

Financiamiento: Fondo Concursable de Investiga UNSA.

AVANCES DEL ESTUDIO SOBRE LA DIVERSIDAD DE MICROGASTRINAE EN UN AGROECOSISTEMA DE CAFÉ, AYACUCHO, PERÚ

Lidia Sulca[1], Mabel Alvarado[1]

[1]Departamento de Entomología, Museo de Historia Natural, UNMSM.

lidia.sulca@gmail.com

Las avispas parasitoides Microgastrinae (Hymenoptera: Braconidae) son parasitoides exclusivas de lepidópteros y muestran alta especificidad, por lo que muchas de sus especies son empleadas como controladores biológicos de plagas agrícolas. Además, al ocupar un nivel trófico alto, les permite regular las poblaciones de sus hospederos. En este sentido, debido a su relevancia económica y ecológica, constituyen un grupo idóneo para investigar la calidad ambiental de los ecosistemas, incluidos los agroecosistemas. El propósito de este estudio es comprobar la presencia y diversidad de estas avispas en un agroecosistema de café y compararla con un ecosistema natural, lo que permitirá establecer si las áreas de café orgánico favorecen la conservación de estos parasitoides himenópteros en los bosques tropicales. Para ello se definieron tres estaciones de muestreo (EM): dos pertenecientes a agroecosistemas de café y uno de ecosistema natural. En cada EM se instalaron cuatro trampas Malaise, que permanecieron activas por un año (marzo 2022- febrero 2023), con una recolección quincenal de muestras. Adicionalmente, se instalaron cuatro transectos con 10 trampas de bandeja amarilla en cada EM, con recolección diaria de muestras, las cuales permanecieron activas por cuatro días sucesivos tanto época seca como en época húmeda. Se obtuvieron un total de 265 especímenes, de los cuales se consideraron únicamente a las hembras en la determinación morfológica (139 especímenes), debido a que son taxonómicamente informativas. Se han identificado 10 géneros, *Apanteles, Alphomelon, Cotesia, Deuterixys, Diolicogaster, Distatrix, Dolichogenidae, Glyptapanteles, Hypomicrogaster, Parapanteles*, con 63 morfoespecies, entre los cuales destacan como nuevos registros para Perú los géneros *Distatrix*, así como la especie *Alphomelon yanayacu* Fernandez-Triana & Shimbori, 2023. El agroecosistema de café ~~se~~ registró 43 morfoespecies, mientras que en el ecosistema natural fue de 37 morfoespecies.

Palabras clave: Riqueza de especie, avispas parasitoides, bosque montano, Ichneumonoidea.

Financiamiento: Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, bajo el número de subvención (PE501084299-2023) y del Concurso E033-2023-01-BM “Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado”, bajo el número de subvención (PE501093353-2024).

DIVERSIDAD MACROFÚNGICA EN TINGANA, EL BOSQUE INUNDABLE CON MAYOR ELEVACIÓN EN PERÚ

Michael Oswaldo Uitzil-Colli[1]*, Jehoshua Macedo-Bedoya[2], Yakov Quinteros-Gómez[2], Esther Cox-Ramos[2], Franco Angeles-Alvarez[2], Abel Salinas-Inga[2], Alonso Junco-Flores[2], Adrián Rubio Falconi[2]

[1]Escuela Nacional de Estudios Superiores, Universidad Nacional Autónoma de México, ENES-UNAM, Tablaje Catastral N°6998, Carretera Mérida-Tetiz Km. 4.5, C.P. 97357, Municipio de Ucú, Yucatán, México.

[2]Laboratorio de Ecología Tropical y Análisis de Datos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

oswaldo.uitzil@enesmerida.unam.mx.

En ecosistemas tropicales, presentan una variedad de funciones tales como alimentos para animales micófagos, aplicaciones en la agricultura o su rol como descomponedores de materia orgánica y como simbiontes en micorrizas, siendo estos últimos vitales y beneficiosos para numerosas plantas y por extensión a los bosques en general. Pueden presentar procesos que ayudan a la degradación de componentes complejos como la celulosa y la lignina, así como participes en la mitigación del cambio climático Esta investigación tuvo como objetivo conocer la diversidad de macrohongos en la Reserva Natural "Concesión para la Conservación Tingana", en San Martín, Perú. Se abarcaron tres zonas de estudio: Aguajal-ralo, Aguajal Semi-denso y Bosque Siempreverde. Estos, se muestrearon a partir de transectos aleatorios; se identificaron 20 especies y 19 morfoespecies de macrohongos distribuidas en 8 órdenes, 19 familias y 26 géneros. Los órdenes más diversos fueron Agaricales y Polyporales; las familias más representativas fueron Polyporaceae (11 especies) y Psathyrellaceae (4 especies). A un nivel genérico, el más diverso fue *Lentinus*, con un total de 5 especies identificadas. Este estudio resalta la diversidad de los hongos y su importancia en la descomposición de materia orgánica y el ciclo de nutrientes en las turberas al resultar en su mayoría especies saprobias. Esto la necesidad de realizar un mayor número de investigaciones enfocadas en inventariar la funga para la conservación de este tipo de ecosistemas.

Palabras clave: inventario, conservación, funga, descomponedores, turberas.

MACROINVERTEBRADOS ASOCIADOS A RIZOIDES DE *Lessonia trabeculata* VILLOUTA & SANTELICES, 1986 Y *Lessonia berteroana* MONTAGNE, 1842 EN EL HÁBITAT INTERMAREAL Y SUBMAREAL DE ATICO Y MATARANI, COSTA SUR DE PERÚ

Deysi Valdivia-Chavez[1,2] y Víctor Aramayo[2,3]

[1]Laboratorio Costero de Camaná, Instituto del Mar del Perú. Carretera Panamericana Sur, km 848, La Pampa, Camaná, Arequipa, Perú

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, P.O. BOX 1898, Lima 100, Perú

[3]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, Apdo. 22, Callao, Lima, Perú

varamayon@unmsm.edu.pe

Zonas marinas costeras pueden albergar organismos bioingenieros. Las praderas de macroalgas son un ejemplo, están ampliamente distribuidas en las costas de Perú y Chile. Al sur del Perú, se distribuyen las especies *Lessonia berteroana* Montagne, 1842 y *Lessonia trabeculata* Villouta & Santelices, 1986, principalmente en las localidades de Matarani y Atico (~16º05', Arequipa). Entre los años 2014 y 2018, se realizaron extensos monitoreos de la fauna asociada a los rizoides de estas especies. Se obtuvieron un total de 160 rizoides (73 de *L. berteroana* y 87 de *L. trabeculata*), los cuales se fijaron en alcohol al 70%, para luego ser fragmentados (2 cm), cepillados, y tamizados (500 µm). La cuantificación e identificación taxonómica se realizó en microscopio estereoscopio. Se observó diferencias en la estratificación de *L. berteroana* (preferencia del hábitat intermareal-submareal somero, 0–10 m), y *L. trabeculata* (habita submareal somero-medio, 2–25 m). Se registraron un total de 180 taxones (una riqueza superior a reportes previos), pertenecientes a los phyla Mollusca (67 taxones), Arthropoda (54), Annelida (27) y Echinodermata (11). El mayor número de taxones (134) se encontró recurrentemente en *L. trabeculata*, evidenciando una relación positiva con la profundidad. Bivalvos mitílidos filtradores fueron los más abundantes, destacando como grupos discriminantes entre los hábitats de *L. trabeculata* (*Brachidontes granulata*) y *L. berteroana* (*Semimytilus patagonicus*). Ambas especies de macroalgas sostienen comunidades distintas de macroinvertebrados, posiblemente asociadas al efecto de la profundidad y las condiciones oceanográficas.

Palabras clave: Macroalgas, estructura comunitaria, mitílidos, biodiversidad

Financiamiento: Proyecto, objetivo específico de las investigaciones "Evaluación poblacional de las macroalgas pardas en Arequipa", investigaciones desarrolladas por el Laboratorio Costero de Camaná - IMARPE.

ENTRE DOS NACIONES: LA ICTIOFAUNA DE LA CUENCA TRANSANDINA DEL RÍO ZARUMILLA

Silvia Valenzuela[1,2], José Apaza[1,3], Lenin Chumbe[1], Giulia Raugnelli[1], Yuli Espinoza[1], Jessica Espino[1], Carla Muñoz[1], Ricardo Britzke[1,2]

[1]Departamento de Ictiología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Ecología Molecular y Biodiversidad Acuática, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[3]Programa de Pós-Graduação em Biologia de Ambientes Aquáticos Continentais, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande (FURG), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil.

svalenzuelar@unmsm.edu.pe (Silvia Valenzuela)

El río Zarumilla, cuenca binacional entre Perú y Ecuador, nace en Tahuin (Ecuador) y desemboca en el Pacífico, atravesando una zona ecológica de transición. Su diversidad ambiental favorece la conservación de la biodiversidad acuática del noroeste peruano. Sin embargo, el conocimiento sobre su ictiofauna es limitado y las presiones humanas aumentan. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar la composición taxonómica y el estado de conservación de los peces de agua dulce en toda la cuenca del Zarumilla. Se analizaron especímenes provenientes del Museo de Historia Natural de la UNMSM (MUSM) y del Instituto del Mar del Perú (IMARPE – Tumbes). Se registraron 27 especies de peces distribuidas en 8 órdenes, 16 familias y 20 géneros. Los órdenes más diversos fueron Characiformes con 11 especies, seguido por Siluriformes (5) y Cichliformes (4). El 81,5 % de las especies fueron identificadas a nivel específico y el 18,5 % quedaron como *sp.*, debido a la necesidad de revisión taxonómica. Biogeográficamente, predominan las especies nativas (74,1 %), seguidas por endémicas (14,8 %) y exóticas (11,1 %), destacando *Trichomycterus piurae* y *Eretmobrycon peruanus* como endémicas, y *Oreochromis aureus*, *O. urolepis* y *Poecilia reticulata* como exóticas con potencial invasivo. Aunque la mayoría se encuentra categorizada como de Preocupación Menor (LC), se registraron tres especies Casi Amenazadas (NT): *Chilobrycon deuterodon*, *Brycon atrocaudatus* y *Trichomycterus piurae*. Las amenazas actuales —contaminación, deforestación, alteración del caudal y especies invasoras— afectan la integridad del ecosistema. Este estudio contribuye al conocimiento ictiológico de la vertiente del Pacífico peruano, revelando que el río Zarumilla alberga el 52,4 % de las especies registradas en esta región, lo que resalta la necesidad urgente de implementar estrategias binacionales de conservación.

Palabras clave: Cuenca transfronteriza, cuenca vertiente del Pacífico, endemismo, ictiofauna transandina

Financiamiento: SV fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, número de subvención (N°PE501090783-2024-PROCIENCIA-BM). JM fue financiado por PCONFIGI 2025.

LAS ESPECIES DE *Austrelmis* BROWN, 1984 (COLEOPTERA: ELMIDAE) Y SU DISTRIBUCIÓN ALTITUDINAL EN CUSCO, PERÚ

Edwin Vega Raymondi[1], Ana Huamantinco Araujo[1,2], Jorge Luis Peralta-Argomeda[1,2]

[1]Laboratorio de Invertebrados Acuáticos; Grupo de investigación Biodiversidad y Ecología de Ambientes Acuáticos Continentales (BIOAQUA); Departamento Académico de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima; Perú

[2]Laboratorio de Ecología de Invertebrados Acuáticos Continentales; Grupo de investigación Biodiversidad y Ecología de Ambientes Acuáticos Continentales (BIOAQUA); Departamento Académico de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima; Perú
edwin.vega3@unmsm.edu.pe (Edwin Vega)

Los élmidos son escarabajos acuáticos abundantes en ambientes lóticos, donde cumplen un rol importante en las cadenas tróficas y son considerados indicadores de la calidad del agua. El género *Austrelmis* se caracteriza por ser endémico de la región Neotropical y estar especialmente distribuido en los Andes. En Perú, los estudios taxonómicos sobre Elmidae son escasos, y aún más aquellos que relacionen las especies con gradientes altitudinales. El objetivo del presente estudio fue identificar las especies de *Austrelmis* y describir su distribución altitudinal. Se analizaron muestras recolectadas en 2013, procedentes de cinco quebradas de la provincia de Quispicanchi, Cusco: Lucre Arriba (3259 m.s.n.m.), Chacachimpa (3522 m.s.n.m.), Mapocho (3575 m.s.n.m.), Ajopampa (4291 m.s.n.m.) y Mapocho Arriba (4411 m.s.n.m.). Las colectas se realizaron en sustrato pedregoso utilizando una red Surber de 0.09 m^2 y/o aplicando la metodología de colonización, que consistió en la instalación de bolsas de malla con hojas de shimbillo (*Inga* Mill) en zonas de corriente durante aproximadamente 30 días. El análisis de los élmidos incluyó la verificación de caracteres morfológicos externos descritos en la literatura especializada, la extracción de la genitalia masculina y la toma de fotografías. Se identificaron las especies *Austrelmis steineri*, *A. consors* y *A. glabra* distribuidas en un rango altitudinal entre los 3259 y 4411 m.s.n.m. Solo *A. steineri* fue encontrada sobre los 4000 m.s.n.m., mientras que *A. glabra* se limitó a los 3259 m.s.n.m. Ambas especies ampliaron su distribución conocida en Cusco. Por su parte, *A. consors* se registró entre los 3522 y 3575 m.s.n.m., aunque existe registro de su presencia por encima de los 4000 m.s.n.m. El conocimiento de la distribución de las especies es importante para la conservación de los ecosistemas altoandinos.

Palabras clave: Insectos acuáticos, gradiente altitudinal, ríos andinos, conservación.

Financiamiento: Centro Amazónico de Educación Ambiental e Investigación (ACEER), Universidad Nacional Mayor de San Marcos: RR N° 004305-R-24 (Código B24101711).

DISPERSIÓN ECTOZOÓCORA DE SEMILLAS POR LLAMAS (*Lama glama*) EN ZONAS DESGLACIADAS DE LA CORDILLERA BLANCA, PERÚ

Anali Velit[1]; Anais Zimmer[2];Cesar Arana[1]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; [2] AMAP Lab – Institute of Research for Development

anali.velit12@gmail.com

El retroceso de glaciares en regiones montañosas de los Andes tropicales, está generando nuevas áreas disponibles para la colonización vegetal. La Cordillera Blanca, en Perú, alberga más del 25 % de los glaciares tropicales del mundo, y se proyecta su desaparición antes del año 2100. En zonas desglaciadas se desarrolla la sucesión primaria vegetal, condicionadas por la disponibilidad de agua, nutrientes y la dispersión de semillas. Este estudio evalúa el rol de *Lama glama* como agente de dispersión ectozoócora de semillas en la zona proglacial del glaciar Uruashraju (4680–4700 m.s.n.m.), en el Parque Nacional Huascarán. El muestreo se realizó en temporadas seca(mayo) y húmeda(diciembre) del año 2024. Se recolectaron tres muestras de lana de cinco llamas adultas, las cuales fueron almacenadas en bolsas herméticas y secadas al aire para su análisis en laboratorio. Se identificaron un total de 991 semillas adheridas a la lana: 544 durante la temporada seca y 447 en la húmeda. Muchas de ellas presentaban adaptaciones morfológicas como ganchos o cerdas, que facilitan su adherencia. Las familias más abundantes fueron Poaceae (357 semillas), Fabaceae (298) y Asteraceae (136). Muchas de ellas presentaban adaptaciones morfológicas como cerdas(21%), ganchos, escamas y espinas(12.5%), que facilitan su adherencia. El análisis mediante prueba de chi-cuadrado confirma diferencias significativas en la abundancia de semillas entre familias ($p < 0.05$). Nuestros resultados sugieren que las llamas desempeñan un papel importante en la dispersión de semillas en ambientes altoandinos recientemente expuestos, contribuyendo al inicio y desarrollo de la sucesión primaria en estos ecosistemas.

Palabras clave: Dispersión de semillas, llama, sucesión primaria, retroceso glaciar

Financiamiento: IRD Institute of Research for Development.

METABARCODING DE EDNA AEROTRANSPORTADO PARA MONITOREO DE BIODIVERSIDAD EN EL AMBIENTE COMPLEJO AMAZÓNICO CORDILLERA ESCALERA - PRUEBA DE CONCEPTO

Jorge Jerson Vera Bonilla[1, 2]; Rosa Liliana Solís Castro[2]; Manuel Jesús Saucedo Bazalar[1,3] María Gisella Orjeda Fernández [3.]

[1]Asociación Bosque Guardián.

[2]Universidad Nacional de Tumbes.

[3]Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

morjedaf@unmsm.edu.pe (María Gisella Orjeda Fernández)

Esta investigación evalúa la viabilidad del metabarcoding de ADN ambiental aerotransportado (eDNA aéreo) como herramienta para el monitoreo de fauna en el Área de Conservación Regional Cordillera Escalera (ACR-CE), San Martín, Perú. Se presenta como una prueba de concepto que integra técnicas moleculares innovadoras, buscando optimizar la vigilancia ecológica en selvas tropicales caracterizadas por alta biodiversidad y difícil acceso. El muestreo se realizó en tres zonas del ACR-CE mediante aspiradores diseñados para capturar eDNA suspendido en el aire. Las muestras fueron procesadas mediante extracción de ADN y cuantificación por espectrofotometría (NanoDrop™ One/One), utilizando 1 µL de ADN extraído, para posteriormente ser preparadas para PCR y secuenciación por nanoporos. Todas las muestras mostraron concentraciones detectables de ADN ambiental (0.4–8.5 ng/µL), siendo la Zona 02 (Ruta del Jaguar – Semana 01) la de mayor concentración, posiblemente debido a una mayor actividad biológica y condiciones microclimáticas favorables. Sin embargo, los índices de pureza (260/280) y contaminación (260/230) presentaron variaciones, probablemente asociadas a contaminantes ambientales o limitaciones del protocolo de extracción. La siguiente etapa del estudio comprende la amplificación del ADN mediante PCR utilizando primers del gen 16S rRNA para vertebrados (Clare et al., 2022) y del gen COI (Citocromo Oxidasa I) para mamíferos (Ouso et al., 2020; Chang et al., 2020), siguiendo los protocolos descritos en dichos estudios. Los resultados preliminares demuestran que el eDNA aéreo constituye una fuente viable de información genética para el monitoreo de biodiversidad en ecosistemas amazónicos. No obstante, se requiere optimizar la técnica y complementar su aplicación con métodos tradicionales, como cámaras trampa y bases de datos genéticas de referencia. Esta metodología, no invasiva, replicable, de bajo costo y eficiente en tiempo, representa un avance hacia estrategias de gestión ambiental más precisas e innovadoras para países megadiversos como el Perú.

Palabras clave: Biodiversidad, mamíferos, ambientales, conservación.

Financiamiento: Esta investigación es subvencionada por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA en el marco del concurso “E041-2023-01”, según contrato PE501082777-2023.

NUEVOS REGISTROS DE ESPONJAS (FILO PORIFERA) PARA LA RESERVA NACIONAL DE PARACAS (ICA, PERÚ)

Hugo Vicente[1], Luz Morales[1], Sol Vásquez Grados[2], Juan Carlos Francia Quiroz[2], Báslavi Cóndor Luján[1*]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Carrera de Biología Marina, Universidad Científica del Sur

bcondorl@unmsm.edu.pe (Báslavi Cóndor Luján)

El conocimiento sobre la diversidad de especies, incluyendo riqueza, abundancia y distribución, es clave para la gestión de la conservación de cualquier área protegida a nivel mundial. La Reserva Nacional de Paracas (RNP), localizada en Ica, es la primera área marina protegida establecida en Perú; sin embargo, la información sobre su biodiversidad, especialmente la de invertebrados como las esponjas, es aún escasa y dispersa. En este estudio, se analizaron 29 especímenes de esponjas colectados en dos localidades dentro de Paracas: Laguna Grande (14°09' S 76°14' W) y Playa Mendieta (14°03' S 76°16 W). Los análisis incluyeron la descripción de la morfología externa considerando la forma y tamaño del espécimen, así como la distribución y ornamentación de los ósculos. Se caracterizó la anatomía interna, es decir, la composición del esqueleto y, la forma y tamaño de las espículas. Fueron identificadas siete especies: cinco de la clase Demospongiae y dos de Calcarea. De estas, tres se registran por primera vez en Paracas y amplían su distribución a la región Ica: (1) *Haliclona* (*Halichoclona*) *arequipaensis* (3 especímenes), considerada endémica de Arequipa (registros previos en Matarani y Mollendo), (2) *Hamacantha (Zygherpe*) *desmacelloides* (1 especímen), que tenía una distribución disjunta (Isla Foca en Piura y Quilca en Arequipa) y (3) *Leucandra losangelensis* (5 especímenes), descrita originalmente para California (EUA) y que había sido reportada únicamente para Máncora (Piura). Las otras cuatro especies, *Clathrina antofagastensis* (1 espécimen), *Halichondria* (*Halichondria*) *cristata* (10 especímenes), *Halichondria* (*Halichondria*) *prostata* (6 especímenes) e *Hymeniacidon perlevis* (3 especímenes) son reportadas en nuevos puntos de colecta. Estos nuevos registros incrementan la riqueza de esponjas de 17 a 20 especies en la RNP, y brindan alcances sobre su distribución geográfica en el Perú. Se resalta la importancia de estudios taxonómicos como herramienta fundamental para la conservación y el aprovechamiento de las especies (bioprospección).

Palabras clave: Calcarea, Demospongiae, Laguna Grande, Playa Mendieta

Finaciamiento: Subproyecto PNIPA-PES-SIADE-PP-000158 (Contrato N° 276-2019-PNIPA-SUBPROYECTOS) y Ocean Census Taxonomy Award 2024

FACTORES AMBIENTALES CLAVES EN LA REGULACIÓN TÉRMICA DE LOS PARQUES URBANOS EN LIMA METROPOLITANA

Fabian Vicente-Rojas[1], Gabriela Salazar-Briceño[1], Bruno Padilla[1], Aymara Piedra[1], Estrella Castillo[1], César Arana[1].

[1]Departamento de Ecología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

fabian.vicente@unmsm.edu.pe

Los parques urbanos proveen de servicios socio-ecológicos a la comunidad. El presente estudio evalúa el papel de diferentes características espaciales, de estructura de la vegetación y ambientales de los parques urbanos de Lima Metropolitana sobre el servicio de regulación de la temperatura. Con este fin, se seleccionaron en diferentes distritos de Lima Metropolitana, 15 áreas con vegetación (ACV) y 15 sin vegetación (ASV) adyacentes como grupo control. Se calculó el Índice Normalizado de Vegetación (NDVI) y la Temperatura Superficial Terrestre (LST) usando imágenes satelitales Landsat de los meses de verano (enero-marzo) de los años 2021-2025. Asimismo, se determinó para cada ACV la distancia al mar, cobertura de dosel, altura de dosel, perímetro, área e índice de forma usando imágenes satelitales Landsat y Global Canopy Height Maps Dataset. El análisis de varianza mostró diferencias significativas entre la temperatura media de ACV (25.6 °C) y ASV (27 °C) ($p < 0.001$). Se elaboró un Modelo Lineal Mixto Generalizado (GLMM) con las variables que no registraron multicolinealidad en el análisis de Factor de Inflación de la Varianza (VIF). Este identificó como predictores significativos la distancia al mar ($p < 0.01$) y el porcentaje de cobertura de dosel ($p < 0.05$). Se estima que un porcentaje de cobertura de dosel superior al 84% y una distancia al mar inferior a 350 metros maximizan la regulación térmica en parques urbanos. Estos umbrales se asociaron con una reducción promedio de 1.09 °C en la temperatura.

Palabras clave: microclima urbano, sensoriamento remoto, LST, NDVI.

Financiamiento: VRIP-UNMSM, Proyecto B24100061, RR 004305-R-24

NUEVOS REGISTROS DE *Geckobia gerrhopygus* (ACARI: PTERYGOSOMATIDAE) EN REPTILES DEL SUR DE PERÚ

Carla Yauris-Solano[1], Oscar Machuca[2], Adrián Wong[2], Luis Fajardo[2], José Pérez[2], José Iannacone[1,3]

[1]Laboratorio de Ecología y Biodiversidad Animal, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad Nacional Federico Villarreal, UNFV, Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[3]Laboratorio de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma, Lima, Perú.

carlayaurissolano@gmail.com (Carla Yauris-Solano)

El género *Geckobia* (Pterygosomatidae) agrupa ácaros ectoparásitos de reptiles, usualmente con alta especificidad hospedatoria. *Geckobia gerrhopygus* ha sido reportado previamente solo para *Phyllodactylus gerrhopygus* al norte de Chile. Se reportan ácaros obtenidos durante estudios ecológicos en saurios del Desierto Costero en el departamento de Ica, Perú, en la Reserva Nacional de Paracas y San Juan de Marcona, entre los años 2022 y 2024. Los ectoparásitos colectados fueron procesados con lactofenol y montados en medio de Hoyer, para ser identificados mediante claves morfológicas especializadas. Se confirma la presencia del ácaro *G. gerrhopygus* en el gecko del sur *P. gerrhopygus,* así como en dos nuevos hospedadores: el gecko de Paracas *P. angustidigitus* y la lagartija de las playas *M. cf. peruvianus*. Estos registros incrementan las especies hospederas de *G. gerrhopygus*, y amplía su rango geográfico a zonas costeras áridas de nuestro país. No obstante, no se cuenta con datos de prevalencia o intensidad parasitaria de ácaros para las especies de saurios costeros del Perú. Estos hallazgos cuestionan la asociación monoxénica de la especie de ácaro y plantean la necesidad de estudios moleculares para definir si se trata de una sola especie con plasticidad hospedatoria o de un complejo críptico de especies, así como estudios de ecología parasitaria para esta comunidad de saurios.

Palabras clave: Ectoparásitos, saurios, *Phyllodactylus,* Desierto Costero

Financiamiento: PCONFIGI 2021, 2022

VARIACIÓN DE LA MORFOLOGÍA Y CALIDAD GERMINATIVA DE LAS SEMILLAS DE *Puya raimondii* HARMS PROVENIENTES DE DIFERENTES LATITUDES

Hernando Zanabria [1], Miguel Rosas [2], Fiorella Tipiani [3], Arturo Alberca [1], Marco Carbajal[4], Micaela Alzamora-Infantas [1], Anheli Molina[1], Giovana Vadillo [1]

[1]Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima Perú

[2]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima Perú

[3]Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima Perú

[4]Laboratorio de Farmacognosia y Anatomía Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima Perú

gvadillog@unmm.edu.pe (Giovana Vadillo)

Puya raimondii Harms. es una especie semélpara endémica de los Andes de Perú y Bolivia, que se distribuye sobre 3200 m s. n. m. Se reproduce únicamente por semillas, las cuales son aladas y presentan un alto poder germinativo. Con el objetivo de evaluar si la morfología de las semillas y la calidad germinativa varía según la latitud, se recolectaron semillas en seis localidades ubicadas entre las latitudes 8° y 17°. Se evaluó la germinación de las semillas bajo un termoperiodo de 10 y 18 °C, con fotoperiodo de 12 horas. Además, se realizaron mediciones morfométricas de las semillas utilizando los programas ImageJ y MorphoJ. La germinación fue superior al 80 % en la mayoría de las poblaciones, a excepción de Cusco. Los análisis morfométricos mediante PCA y CVA mostraron diferencias significativas en la forma de las semillas, siendo la población de Huashtacruz la que presentó una morfología distinta al resto. Por otro lado, los análisis de ANOVA mostraron diferencias significativas en el tamaño de las semillas de las diferentes poblaciones. Las semillas de mayor tamaño se encontraron en la población de Calipuy, seguida por la de Moquegua, ambas localizadas en los extremos latitudinales. En contraste, las poblaciones de Ancash y Junín, situadas al centro, mostraron tamaños similares, mientras que la población de Cusco presentó las semillas de menor tamaño. En conjunto, la variación del tamaño y forma de las semillas indicaría una influencia de factores latitudinales, lo cual estaría afectando la calidad germinativa de esta especie.

Palabras clave: Monocárpica, Germinación, Titanka, Endémica, Bromeliaceae

Biotecnología

EFECTO DE LA TAURINA EN LA CALIDAD DE ESPERMATOZOIDES EPIDIDIMARIOS DE ALPACA EN CONDICIONES DE ENFRIAMIENTO CONTROLADO

Shannely Agrada-Barreto[1], Martha Esther Valdivia Cuya [1] & Gloria Maria Magdalena Levano Sanchez[1]

[1]Laboratorio de Fisiología de la Reproducción, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

gloria.levano1@unmsm.edu.pe

La taurina es un aminoácido presente en testículos y fluidos seminales, conocido por sus propiedades antioxidantes y osmorreguladoras. El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto de diferentes concentraciones de taurina sobre la calidad de espermatozoides epididimarios de alpaca.

Los espermatozoides se obtuvieron de epidídimos de alpacas del Camal Municipal de Huancavelica, procesados 24 h post mortem. Se seleccionaron muestras con movilidad progresiva mayor a 70 % y concentración mayor a 100×10^6 espermatozoides/mL. Una alícuota fue analizada en fresco y las demás se diluyeron 1:1 en medio Yolk-Tris con taurina a 0, 40, 100 y 120 mM. Luego, se sometieron a enfriamiento controlado (cooling) a 4 °C por una hora. Se evaluaron movilidad progresiva, viabilidad (eosina Y), integridad de membrana (HOST) y actividad mitocondrial (NBT), tanto en muestras frescas como post-cooling.

El análisis estadístico (Shapiro-Wilk, Kruskal-Wallis y ANOVA de Welch; $p < 0.05$) mostró que la taurina a 40 mM mejoró significativamente la movilidad (70.50 ± 4.32 %), viabilidad (68.75 ± 5.32 %), integridad de membrana (62.50 ± 7.14 %) y actividad mitocondrial (0.6717 ± 0.0560), en comparación con el grupo control. Este efecto protector podría deberse a la capacidad de la taurina para estabilizar membranas, reducir especies reactivas de oxígeno y mantener la homeostasis osmótica durante el enfriamiento. Por otro lado, la concentración de 120 mM mostró un posible efecto citotóxico a altas concentraciones , evidenciado con reducciones significativas en la movilidad (21.58 ± 6.59 %), viabilidad (37.50 ± 8.13 %), integridad de membrana (43.08 ± 5.65 %) y actividad mitocondrial (0.4267 ± 0.0370). Se concluye que la taurina es un aditivo eficaz para proteger la funcionalidad espermática durante el enfriamiento y presenta una actividad antioxidante prometedora en protocolos de congelamiento lento de espermatozoides epididimarios.

Palabras clave: Congelamiento, antioxidante, alpaca, conservación.

Financiamiento: Proyecto de investigación básica PROCIENCIA, Contrato PE501087946-2024. Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 005446-2025-R con código de proyecto B25100421 y por el Fondo Nacional de Desarrollo Científico, Tecnológico y de Innovación Tecnológica (FONDECYT). Contrato N.º PE501090531-2024-PROCIENCIA-BM, Concurso E077-2023-01-BM, Becas en programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales

ADAPTACIÓN DEL ÍNDICE BIÓTICO ANDINO PARA EVALUAR LA PRESENCIA DE METALES EN AGUAS DEL RÍO MANTARO (JUNÍN, PERÚ)

Daniel Alvarez-Tolentino[1], Jerry Arana-Maestre[2]

[1]Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional Intercultural de la Selva Central Juan Santos Atahualpa (UNISCJSA), Junín, Perú

[2]Departamento de Limnología, Museo de Historia Natural, UNMSM. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

danielalvareztolentino@gmail.com (Daniel Álvarez-Tolentino)

Los ríos andinos enfrentan crecientes presiones antropogénicas y climáticas, requiriendo herramientas robustas para evaluar su calidad ecológica. Este estudio calibró el Índice Biótico Andino (ABI) en la cuenca del río Mantaro ubicado en el Departamento de Junín, sobre los Andes centrales del Perú, entre 4200 a 3200 msnm, integrando datos de concentraciones de metales y macroinvertebrados acuáticos (36 taxones) de 14 sitios evaluados en épocas seca y lluviosa (2008) incluyendo lugares de control y sitios de gran presión minera. Se calculó un índice de calidad fisicoquímica (Pcq) y se recalibraron los valores de tolerancia de las familias mediante percentiles, generando el ABI-Mantaro. Los resultados mostraron que el ABI-Mantaro fue más sensible que el Índice de Calidad de Agua peruano (ICA-PE), detectando diferencias significativas entre épocas ($p = 0.0285$) y categorizando sitios desde "excelente" hasta "muy crítico". Los puntos con menor impacto (MA-07, MA-13) presentaron mayor diversidad (ubicados en cabeceras de subcuencas), mientras que puntos aledaños (MA-06) a áreas mineras mostraron deterioro severo. La validación estadística confirmó alta correlación ($R^2 = 0.97, p < 0.05$) entre valores observados y esperados. Sin embargo, la aplicación a datos externos (OEFA, 2015) reveló limitaciones por diferencias metodológicas y altitudinales. Se concluye que el ABI-Mantaro es una herramienta prometedora para el biomonitoreo en cuencas altoandinas con presión de metales, aunque su afinamiento requiere más datos locales. Se recomienda su adopción en políticas de gestión hídrica, complementando enfoques fisicoquímicos, y futuras investigaciones para expandir su aplicabilidad en los Andes.

Palabras clave: biomonitoreo, conservación de ríos, índices biológicos, ríos altoandinos.

Financiamiento: Fondo Italo Peruano 2007-2008

MODULACIÓN DE LA EXPRESIÓN GÉNICA MITOCONDRIAL EN FIBROBLASTOS Y CÉLULAS DE CÁNCER MAMARIO INDUCIDA POR EL VENENO DE LA SERPIENTE PERUANA *Bothrops pictus*

Ana Gabriela Amado[1], Daniel Torrejón[1], Christopher Almarza[2], Raúl Rivas[1], Félix Urra[2], Melody Vera[1], Dan Vivas-Ruiz[1], Armando Yarlequé[1]

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM

[2]Laboratorio de Plasticidad Metabólica y Bioenergética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

ana.amado@unmsm.edu.pe

Los venenos de serpientes de la familia *Viperidae* son productos multienzimáticos capaces de inmovilizar a sus presas y provocar alteraciones fisiológicas locales y sistémicas, incluso letales. Estas acciones se deben a componentes como enzimas proteolíticas, fosfolipasas A_2, miotoxinas y serinoproteasas, entre otras. Recientemente, se ha evidenciado que algunos venenos también pueden modular la expresión génica mitocondrial, funcionando como activadores o inhibidores de genes específicos, con efectos diferenciados entre células tumorales y normales. En esta investigación se evaluó comparativamente la expresión génica mitocondrial en fibroblastos mamarios normales (RMF-621) y células tumorales de cáncer de mama (*MCF-7*, subtipo triple positivo; y *MDA-MB-231*, triple negativo), después de la exposición al veneno (20 µg/mL durante 4 horas). Las células fueron tratadas, fijadas en Trizol, y sometidas a extracción de ARN total, síntesis de cDNA y análisis por PCR en tiempo real, utilizando *GAPDH* como gen de referencia. Los resultados mostraron una sobreexpresión de los genes *ATP5F1A* (ATP sintasa) y *SLC2A1* (GLUT1, transportador de glucosa) en fibroblastos y células *MDA-MB-231*, mientras que en *MCF-7* se observó una reducción en la expresión. Estos hallazgos sugieren un posible incremento en la actividad bioenergética mitocondrial inducida por el veneno, con diferencias según el tipo celular. Este estudio forma parte de la tesis doctoral de A.G.A. y cuenta con el financiamiento del programa PROCIENCIA (contrato PE501087970-2024-PROCIENCIA).

Palabras clave: veneno, expresión génica, líneas celulares, bioenergética mitocondrial, *Bothrops pictus*.

Financiamiento: programa PROCIENCIA (Contrato PE501087970-2024) y es parte de la tesis doctoral de A.G. Amado.

EFECTO DE LA TRANSFERENCIA DE OXÍGENO Y EL USO DE ACEITE RESIDUAL DE FRITURAS EN LA PRODUCCIÓN DE RAMNOLÍPIDOS

[1]Ingrid Alarcon Ancajima, [1]Fernando Merino Rafael, [1]Susana Gutiérrez Moreno

[1]Laboratorio de Microbiología y Biotecnología microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

sgutierrezm@unmsm.edu.pe (Susana Gutiérrez Moreno)

Los ramnolípidos (RL) son biosurfactantes producidos principalmente por *Pseudomonas aeruginosa* que tienen muchas aplicaciones ambientales e industriales. Su producción a escala industrial aún enfrenta el reto de mejorar la eficiencia y la rentabilidad del proceso. El objetivo de este trabajo fue optimizar las condiciones de cultivo para maximizar la producción de RL, de la cepa nativa *P. aeruginosa* 6K-11, ajustando parámetros del proceso de producción como: la concentración de oxígeno disuelto (COD), la velocidad de agitación y el uso de aceite residual de fritura como fuente carbonada de bajo costo. Se utilizó un diseño experimental basado en la superficie de respuesta (RSM) y el diseño central compuesto (CCD) los cuales propusieron 39 experimentos. El crecimiento bacteriano, influenciado por diferentes parámetros como la aireación (0,5, 0,55, 0,6, 0,65 y 0,7 vvm) y la agitación (160, 170, 180, 190 y 200 rpm), cada 24 horas durante 15 días, se monitoreó la densidad óptica de las muestras colectadas, a 620 nm. Cada muestra, se centrifugó y en el sobrenadante se dosaron los ramnolípidos mediante el método del resorcinol. La concentración micelar crítica (CMC) de los RL fue determinada por conductividad de soluciones de 10 a 0.5 g/L. La reducción de la tensión superficial fue evidenciada mediante la Prueba de *Oil spreading*. Se logró una producción de 52,2 g/L en 168 horas de cultivo, con aceite residual de frituras como fuente carbonada, 0,5 vvm de aireación y 180 rpm de agitación. Los RL producidos tienen una CMC de 3.14 g/L y reducen la tensión superficial en halos de 2746.7 ± 72.0 mm². Los resultados muestran la importancia de equilibrar el oxígeno disuelto para maximizar el rendimiento de RL. Estos avances contribuirán a una producción más sostenible y rentable de los RL, lo que promoverá su aplicación en procesos de biorremediación y otras industrias.

Palabras clave: biosurfactante, aireación, agitación, sustrato barato,

Financiamiento: PCONFIGI 2019, Influencia de la concentración de oxígeno y la concentración limitante de nitrógeno en la producción de ramnolípidos de la cepa *Pseudomonas aeruginosa* 6k-11 con aceite de frituras como fuente de carbono (Codigo: B19100241

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO DE LA OXIDACIÓN DEL AZUFRE DE *Acidithiobacillus ferridurans* PSM10 AISLADA DE LA REGIÓN PASCO, PERÚ

Jaime Aldo Antezana Mejia[1], Brizeth Melissa Molina Ramos[1], Pablo Ramírez[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

pramirezr@unmsm.edu.pe

Acidithiobacillus es un género de bacterias quimiolitoautótrofas que está presente en ambientes mineros, tienen la capacidad de oxidar compuestos reducidos de azufre (RISC), entre ellos minerales de interés para la industria minera. Sin embargo, las vías de oxidación de azufre del género no han sido completamente dilucidadas y varían según la especie. En el presente estudio se identificó y analizó el genoma de una cepa de *Acidithiobacillus ferridurans* PSM10 proveniente aguas ácidas de la región de Pasco. En primer lugar, se realizó el aislamiento utilizando únicamente azufre y tiosulfato de sodio como fuente de energía. Luego, se realizó la extracción de ADN genómico, su secuenciación, ensamblaje y anotación, para la posterior identificación de la especie mediante el cálculo del Promedio de Identidad Nucleotídica (ANI) y la Hibridación de ADN-ADN digital (dDDH). Como resultado, se obtuvo un genoma de 3119010 pb identificado como *Acidithiobacillus ferridurans*. Además, se reporta la existencia de dos posibles plásmidos, pAfPSM10_1 y pAfPSM10_2. Entre los genes asociados con oxidación de RISC, se hallaron los genes *hdr* y *sdo*, que codifican el complejo heterodisulfuro reductasa y la subunidad alfa de la enzima azufre dioxigenasa, que estarían involucrados en la oxidación inicial del azufre elemental. Asimismo, se encontraron copias de los genes *doxDA* y *sqr* que codifican la tiosulfato:quinol oxidorreductasa y la sulfuro:quinona reductasa. Además, se halló la *tsd* y *tetH* del tiosulfato deshidrogenasa y la tetrationato hidrolasa. Otros genes como las azufre transferasas relacionadas a rodanasas también fueron anotados. El análisis genómico realizado da indicios de las vías metabólicas que usaría *A. ferridurans* PSM10 para la oxidación de azufre, lo cual podría servir de base para futuros estudios a nivel transcriptómico y proteómico; y brinda más información genómica de esta especie menos estudiada.

Palabras clave: *Acidithiobacillus ferridurans*, biooxidación, genómica comparativa, RISC

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación y Posgrado de la UNMSM a través del proyecto "Aplicaciones ómicas en sistemas biológicos para usos específicos en biodiversidad, salud y ambiente" con código B2110006i.

EL GENOMA MITOCONDRIAL COMPLETO Y REDESCRIPCIÓN DEL ESCARABAJO COSTERO PERUANO *Platydracus notatus* (SOLSKY, 1872) (COLEOPTERA: STAPHYLINIDAE)

Angélico Asenjo[1], Jorge Luis Peralta-Argomeda[2], Bruno Gouvea[3], Ricardo Koroiva[4]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Departamento de Entomología del Museo de Historia Natural; Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Lima; Perú

[2]Laboratorio de Ecología de Invertebrados Acuáticos Continentales; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Lima; Perú

[3]Programa de Pós-graduação em Zoologia (PPGZOOL-UFPA); Laboratório de Invertebrados (LA-INV); Instituto de Ciências Biológicas (ICB-UFPA); Universidade Federal do Pará (UFPA); Belém; Pará; Brasil

[4]Laboratório de Ecologia Molecular e Taxonomia Integrativa; Departamento de Engenharia e Meio Ambiente; Universidade Federal da Paraíba; Rio Tinto; Paraíba; Brazil

angelico.asenjo@unmsm.edu.pe (Angélico Asenjo)

El género *Platydracus* es el más diverso en especies de la subtribu Staphylinina. Este género incluye 317 especies y 17 subespecies (Newton 2024, base de datos Asenjo 2025), distribuidas en los bosques templados de todos los continentes, con excepción de Australia y Antártida. Actualmente, en Perú se han registrado 18 especies. En el desierto costero peruano, es inusual encontrar representantes de la familia Staphylinidae de gran porte; por ello, el objetivo fue estudiar a la especie *Platydracus notatus*, un escarabajo relativamente grande (2-3 cm) que desde su descripción por Solsky (1872) para la ciudad de Lima (Perú) no se conocía detalles sobre su biología, características morfológicas o relaciones filogenéticas. Los estudios morfológicos se realizaron en base a ejemplares colectados en Lima e Ica. Con ellos, se presenta la redescripción de *P. notatu*s, incluyendo fotografías e ilustraciones de sus características internas y externas, tanto del macho y la hembra. El análisis molecular y la reconstrucción del genoma mitocondrial se realizó con ejemplares de Lima. Un total de tres mitogenomas (dos machos y una hembra) fueron ensamblados; dos de ellos totalmente circularizados, con una longitud de 18,338 pb. Muchos de los genes están en la secuencia *forward*, nueve genes codificantes de proteínas (NAD2, COX1, COX2, ATP8, ATP6, COX3, NAD3, NAD6, COB) y catorce genes de tRNA (trnI, trnM, trnW, trnL2, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnT, trnS2). La región de control con una longitud aproximada de 3,300 pb presenta 5 regiones nucleotídicas repetidas en tándem. El análisis filogenético a partir del gen COI-1, de los ejemplares secuenciados, y datos disponibles del GenBank y BOLDSystems relacionan a *P. notatus* con especies presentes en Canadá y Estados Unidos, esto podría deberse a la ausencia de información de secuencias disponibles para especies de *Platydracus* presentes en América del Sur y América Central.

Palabras clave: Staphylinina, diversidad, filogenia, distribución.

Financiamiento: Fondos Propios

ANÁLISIS COMPUTACIONAL DE LA RESISTENCIA Y SUSCEPTIBILIDAD A HERBICIDAS CONFERIDA POR MUTACIONES EN LA SUBUNIDAD D1 PSII EN MIEMBROS POACEAE

Samuel F. Ayala[1], Gustavo A. Sandoval[2], Raul Blas[1,3], Héctor Cántaro-Segura[1,3]

[1]Círculo de Investigación en Microbiología y Biotecnología Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[3]Laboratorio de Genómica y Bioinformática, Instituto de Biotecnología, UNALM

samuel.ayalalugo.science@gmail.com (Samuel Ayala-Lugo)

Las malezas de la familia Poaceae, ampliamente distribuidos en los agroecosistemas, han desarrollado resistencia a herbicidas inhibidores del fotosistema II (PSII) a través de mutaciones reportadas experimentalmente en la subunidad D1 codificada por el gen *psbA*, tales como Ala251Val y Phe255Ile. Estas mutaciones alterarían la afinidad de unión al compuesto activo del herbicida, por lo que conocer las interacciones moleculares resulta de vital importancia para anticipar patrones de resistencia, guiar el diseño de nuevos herbicidas y mejorar estrategias de control selectivo. El presente estudio utilizó las accesiones P48183 y P48184, del Swiss-Prot, de las subunidades D1 y D2, respectivamente, de *Zea mays* L. y se tomaron como referencia al evidenciar una conservación absoluta en las regiones funcionales de varias accesiones de malezas Poaceae de importancia agrícola, ante el alineamiento múltiple con MAFFT v7. El complejo se modeló mediante homología con SwissModel, utilizando como plantilla el PDB-ID: 5V2C (1.8 Å), y la calidad estructural fue evaluada con ProCheck y ModFOLD9, mostrando parámetros adecuados de confiabilidad. Las mutaciones Ala251Val y Phe255Ile fueron introducidas individualmente en la subunidad D1 para generar modelos mutados de cada variante. Posteriormente, se realizó *docking* molecular con seis compuestos activos de herbicidas comúnmente utilizados en la agricultura, además de la plastoquinona como control funcional, utilizando el software AutoDock Vina y visualizando las interacciones con Discovery Studio Visualizer. Los resultados indican que Ala251Val redujo la afinidad hacia bentazona (-6,799→-6,096 kcal/mol), propanil (-6,795→-6,408 kcal.mol^{-1}) y terbutilazina (-6,046→-5,212 kcal.mol^{-1}) al perder interacciones π-σ y generar enlaces desfavorables, confirmando su rol en resistencia. En contraste, Phe255Ile aumentó la afinidad por atrazina (-5,438→-6,265 kcal.mol^{-1}), diurón (-5,955→-6,679 kcal.mol^{-1}) y linurón (-6,234→-6,935 kcal.mol^{-1}) mediante nuevos puentes de hidrógeno y contactos π–π, concluyendo susceptibilidad.

Palabras clave: malezas, fotosíntesis, *docking* molecular, *psbA*

EVALUACIÓN DE LA NATURALEZA DE INTERACCIÓN ENTRE DIVERSAS MOLÉCULAS PRESENTES EN LA HOJA DE LA GUANÁBANA (*Annona muricata*) CON LA SUBUNIDAD ND1

Flor Ayqui-Cueva[1], Jose Maria Huamani-Ttito[1], Diego L. Suni-Curasi[1], Badhin Gómez[1]

[1]Centro de Investigación en Ingeniería Molecular, Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Bioquímicas y Biotecnológicas, Universidad Católica de Santa María (UCSM), Arequipa, Perú

fayquicu@unsa.edu.pe (Flor Ayqui-Cueva)

Las acetogeninas presentes en Annona muricata L., como la Goniotalamicina (GON) y la Annopentocina C1 (ANO), han mostrado potencial como inhibidores del Complejo I mitocondrial, específicamente sobre la subunidad ND1, la cual presenta mutaciones asociadas al cáncer. Esta investigación evaluó computacionalmente la interacción de GON y ANO con la subunidad ND1 en su forma nativa y una variante mutada (Y43C). Las estructuras 3D de GON y ANO se obtuvieron de PubChem y fueron preparadas con Avogadro 1.2.0. La subunidad ND1 (ID: 5XTC) fue aislada del complejo I, y se generó in silico la mutación Y43C mediante Chimera 1.16. Ambas formas de la proteína se insertaron en una membrana lipídica de DPPC y se estabilizaron utilizando GROMACS 2023.0. Luego, se realizaron acoplamientos moleculares con AutoDock Vina 1.2.5 para predecir la unión de las acetogeninas a los dos sistemas. A continuación, se llevaron a cabo simulaciones de dinámica molecular en GROMACS 2023.0, seguidas del cálculo de energías libres de unión mediante gmx_MMPBSA v1.5.7. Los resultados mostraron que la mutación Y43C provocó alteraciones conformacionales en ND1, afectando su interacción con los ligandos. En la proteína nativa, ANO formó cuatro puentes de hidrógeno y GON uno; en la mutada, ANO formó solo uno y GON dos. Las energías libres de unión reflejaron esta tendencia, siendo mayores donde hubo más interacciones de hidrógeno. Estos hallazgos indican que el residuo 43 es crucial para la afinidad de unión, y que la eficacia inhibitoria de estas acetogeninas podría depender del genotipo de ND1.

Palabras clave: Cáncer, acetogeninas, ND1, simulación computacional, mutación.

ESTUDIO DE LA ESTABILIDAD ESTRUCTURAL TÉRMICA Y DEL RECONOCIMIENTO MOLECULAR ENTRE LA POLCALCINA PHL P 7 DE MAÍZ (*Zea mays*) E IGE

Flor Ayqui-Cueva[1], Diego Suni-Curasi[1], Jose Maria Huamani-Ttito[1], Badhin Gómez[1]

[1]Centro de Investigación en Ingeniería Molecular, Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Bioquímicas y Biotecnológicas, Universidad Católica de Santa María (UCSM), Arequipa, Perú.

fayquicu@unsa.edu.pe (Flor Ayqui-Cueva)

La proteína Phl p 7 es una de las polcalcinas mejor caracterizadas con respecto a la reactividad cruzada entre la IgE y su estructura, ya que posee la mayor cantidad de epítopos. En el presente trabajo se ha hecho un estudio *in silico* investigando las diferentes interacciones de unión entre la Phl p 7 de *Zea Mays* sometida a diferentes temperaturas (17 °C, 37 °C, 57.9 °C, 77.3 °C y 97.3 °C) y un fragmento de unión a antígeno (Fab) adoptando dinámica molecular (DM). Con el objetivo de dilucidar los detalles moleculares de esta polcalcina se realizaron diferentes DM a 500 ns únicamente de la Phl p 7 a las diferentes temperaturas mencionadas anteriormente. Después se procedió a hacer un acoplamiento molecular entre las estructuras resultantes de la Phl p 7 después de las DM y la región Fab. Obteniendo como resultado 10 diferentes estructuras cuaternarias, basados en datos como la energía global, área de interfaz y penetración de la Phl p 7 dentro del sitio de complementariedad (CDR). A continuación, se realizaron diferentes DM de 100 ns para estas 10 diferentes estructuras cuaternarias a condiciones fisiológicas (37 °C y 1 bar). La energía libre de enlace se evaluó con la mecánica molecular del área superficial de Poisson-Boltzmann (MM/PBSA). Se utilizó este método para evaluar la variación de la afinidad de la Phl p 7 después de haber sido sometida a diferentes temperaturas. Nuestros resultados muestran que a pesar de haber sometido a la polcalcina a altas temperatura como a 77.3 °C presenta varias características óptimas para que se de una reacción espontánea de unión entre la Phl p 7 y el CDR. También sucedió esto con la estructura de la Phl p 7 después de someterla a 17 °C. Los resultados muestran que la Phl p 7 presenta una alta termoestabilidad y una estructura con varios epítopos, lo que conlleva a que se de una gran probabilidad de desencadenar una alergia mediada por IgE.

Palabras clave: Polcalcina, Inmunoglobulina E, temperatura, dinámica molecular.

Financiamiento: No especificado.

CONSERVACIÓN *IN VITRO* DE *Erythrina edulis* TRIANA, A PARTIR DE EMBRIONES CIGÓTICOS

Kleyber Alyn Bacalla Chavez[1], Ernestina Rosario Vásquez Castro[2], Carlos Eduardo Millones Chanamé[2]

[1]Escuela de Posgrado, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas.

[2]Laboratorio de Biología, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas

carlos.millones@untrm.edu.pe

Erythrina edulis 'pajuro' es una especie de la familia Fabaceae de especial interés en el desarrollo de sistemas agroforestales por su adaptabilidad a diversos usos. La especie es propagada convencionalmente por semilla, pudiendo producir alto grado de variabilidad genética. La propagación *in vitro* proporciona una eficiente alternativa para la rápida multiplicación de esta especie. El objetivo de este trabajo fue establecer un protocolo para la propagación *in vitro* de plantas de *E. edulis* empleando como explantes segmentos nodales de embriones cigóticos cultivados *in vitro* con miras a la conservación de esta especie. Semillas de pajuro fueron esterilizadas y germinadas para la obtención de segmentos nodales, posteriormente fueron colocados en medios de cultivo de enraizamiento empleando medio basal MS con la modificación de la fuente de nitrógeno a la mitad y suplementado con la combinación de ácido naftalenacético (ANA) 1 mg/L más 0,5 mg/L de ácido indolbutírico (AIB), y 1, 3 y 5 mg/L de AIB. Los resultados del enraizamiento mostraron que el empleo de 5 mg/L de AIB registró las mayores medias en el número y longitud de raíces. La aclimatación de las plántulas registró una tasa de supervivencia por encima de 90% a la quinta semana de evaluación. Los resultados proporcionan el desarrollo de un protocolo para la conservación *in vitro* del pajuro.

Palabras clave: conservación, embriones cigóticos, raíces adventicias, Fabaceae.

Financiamiento: Proyecto autofinanciado por los autores.

IDENTIFICACIÓN BIOINFORMÁTICA DE UN PANEL DE miARNS SÉRICOS PARA DIAGNÓSTICO TEMPRANO DE CÁNCER GÁSTRICO

Cesar Adriano Baldera Piñas[1], Claudia Fiorella Barletta Carrillo[1]

[1]Laboratorio de Genética Humana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

cesar.baldera@unmsm.edu.pe (Cesar Baldera)

El cáncer gástrico es la neoplasia más mortal en el Perú y continúa representando un desafío crítico para la salud pública, debido a su detección en etapas avanzadas en más del 80 % de los casos, ya la limitada disponibilidad de herramientas diagnósticas accesibles y biomarcadores efectivos. Frente a esta situación, se desarrolló una estrategia bioinformática para identificar microARNs (miARNs) circulantes séricos con potencial valor diagnóstico temprano, utilizando datos públicos disponibles en el repositorio Gene Expression Omnibus (GEO). La etapa inicial del análisis, correspondiente a la fase de descubrimiento, se centró en tres conjuntos de datos, a partir de los cuales se identificaron 14 miARNs diferencialmente expresados de manera consistente entre pacientes con cáncer gástrico y controles sanos. Posteriormente, se continuó con la fase de verificación utilizando tres datasets independientes, en los cuales se validó la presencia compartida de siete de los miARNs previamente identificados, lo que evidenció su estabilidad diagnóstica más allá de las variaciones propias de cada estudio. Todos los datasets fueron generados bajo la misma plataforma tecnológica, aunque en contextos poblacionales distintos, lo cual permitió implementar un enfoque secuencial y robusto de descubrimiento y verificación multicohorte. Finalmente, se evaluó la capacidad discriminativa de estos siete miARNs mediante curvas ROC, estableciéndose un punto de corte de AUC > 0.90 como criterio para priorización diagnóstica. Bajo este umbral, hsa-miR-3192-5p, hsa-miR-3160-5p y hsa-miR-620 mostraron un rendimiento sobresaliente con alta consistencia entre cohortes. Aunque hsa-miR-628-5p no alcanzó dicho valor (AUC promedio = 0.893), fue incluido en el panel por contar con respaldo funcional en la literatura, donde se ha reportado su rol como supresor tumoral en cáncer gástrico mediante la inhibición de la proteína PIN1. Como resultado, se propone un panel diagnóstico preliminar conformado por cuatro miARNs, respaldado por evidencia estadística multicohorte y sustento funcional. El panel presenta alto poder discriminativo, estabilidad entre poblaciones y pertinencia clínica, lo que lo posiciona como una alternativa accesible y no invasiva para el diagnóstico temprano del cáncer gástrico en el contexto peruano.

Palabras clave: microARN, cáncer gástrico, expresión diferencial, análisis bioinformática.

Financiamiento: Proyecto autofinanciado por el autor en el marco de su tesis de pregrado en Genética y Biotecnología – UNMSM.

ANÁLISIS GENÓMICO Y CARACTERIZACIÓN DE RESISTENCIA A ARSÉNICO DE CEPAS NATIVAS DE *Streptomyces SPP.* AISLADAS DE SUELOS MINEROS

Erick André Bazán Paredes[1], Angeles Pamela Santa-Cruz Conca[1], Brizeth Melissa Molina Ramos[1], Elias Lizarraga Condorhuancho[1], Pablo Ramirez Roca[1], Liz Erika Cruz Pio[1], Mario David Cueva Tavara[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

mcuevata@unmsm.edu.pe

El Perú cuenta con abundantes recursos petroleros, mineros y agrícolas cuya explotación impacta negativamente el ambiente y la salud humana. Dentro de las estrategias de remediación se suelen utilizar bacterias no nativas, lo que reduce su efectividad debido al proceso de adaptación extrínseca. Entre las bacterias con potencial remediador destaca el género *Streptomyces*, utilizado en suelos contaminados por metales pesados, hidrocarburos y pesticidas. El objetivo de este estudio fue evaluar el uso potencial de 3 cepas de *Streptomyces* (ACM 1-3, ACM 1-8 y ACM B), aisladas de suelos afectados por la minería en Puno, en la remediación de suelos contaminados por arsénico y hierro. Las cepas ACM 1-3 y ACM 1-8 mostraron resistencia a concentraciones de más de 30 mM de arsénico, mientras que la cepa ACM B creció hasta 10 mM. Se secuenció el genoma completo mediante la plataforma Illumina MiSeq y se realizó la identificación taxonómica utilizando la herramienta TYGS. Se obtuvo que ACM 1-3 y ACM 1-8 pertenecerían a la especie *Streptomyces microflavus (*dDDh de 84.3 % y 84.6% respectivamente), mientras que ACM-B no alcanzó el valor mínimo para ser asignada a ninguna especie. Se usó la herramienta ANIclustermap, el cuál confirmó la asignación de las cepas ACM 1-3 y ACM 1-8 con *S. microflavus* (98.437% y 98.432% respectivamente), mientras que la cepa ACM-B presentó un valor inferior al umbral, lo que respalda su potencial como especie nueva. Por último, se encontraron genes de resistencia a arsénico, ArsC y ArsB, y *clusters* relacionados a la producción de sideróforos. Los resultados proporcionan información preliminar valiosa que respaldan el potencial biotecnológico de las cepas ACM 1-3, ACM 1-8 y ACM B para la remediación de suelos y aguas afectadas por la minería.

Palabras clave: Actinomicetos, metales pesados, minería, genómica.

Financiamiento: Proyecto VRIP Nº *31 - B24100261*

DISEÑO DE UN PROTOCOLO EXPERIMENTAL PARA EL AISLAMIENTO DE LINAJES DE *Deinococcus* spp.

Kristhofer Ignacio Bustamante-Bustamante[1], Débora Elizabeth Alvarado-Iparraguirre[1], Marcos Alejandro Sulca-López[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Acuática y Aplicaciones Tecnológicas; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

msulcal@unmsm.edu.pe

Especies del género *Deinococcus* destacan por su resistencia a la radiación ionizante, la desecación y el estrés oxidativo. El Perú presenta una de las radiaciones UV más altas del planeta; asimismo, en la costa peruana podrían habitar cepas con potencial biotecnológico. Se desarrolló un protocolo de aislamiento a partir de muestras de agua mar que fueron recolectadas de la Playa Arrieta (Callao-Lima) a 20–30 cm de profundidad, almacenadas a 4°C y luego procesadas. Se aplicaron siete condiciones de enriquecimiento bacteriano utilizando caldo TGY y Zobell marino, con 4% y 6% de etanol y 0.1, 1, 5 y 10 mM de H_2O_2. Los cultivos fueron incubados por 4 días en agitación constante, el crecimiento microbiano fue cuantificado mediante absorbancia a 600 nm cada 24 horas. Posteriormente, alícuotas de dichas muestras fueron sembradas en agar LB, TGY+0.1% de almidón y Zobell, irradiándose con luz UV (254 nm) a 10 cm por 2 minutos e incubadas de tres a cinco días en oscuridad. Para las pruebas de viabilidad, los cultivos del agar TGY+0.1% de almidón fueron irradiados por 2, 5, 10, 15 y 30 minutos; los cultivos en caldo Zobell se suplementaron con soluciones de H_2O_2, (10-100 mM). Se logró aislar 4 cepas presuntivas de *Deinococcus*. Las características culturales de las colonias fueron circulares, borde entero, convexas y con pigmento rosado a rojo-ladrillo. Se observó microorganismos con tinción Gram-positiva en su mayoría, morfología cocácea, dispuestas en tétradas, pares y cadenas cortas. Las cepas aisladas mostraron resistencia hasta 90 mM de H_2O_2 y 15 minutos de exposición UV en las pruebas de viabilidad. La metodología desarrollada permitió seleccionar cepas resistentes y compatibles con el perfil de *Deinococcus* spp. La radiación solar en Perú podría favorecer la adaptación y expresión de compuestos bioactivos con gran potencial biotecnológico.

Palabras clave: Radiación UV, estrés oxidativo, DeinoPol, Biotecnología.

Financiamiento: PCONFIGI 2025 Código: B25101191

SÍNTESIS DE NANOPARTÍCULAS DE CURCUMINOIDES AISLADOS DE *CURCUMA LONGA* MEDIANTE PRECIPITACIÓN ASISTIDA POR ULTRASONIDO

Rudy Brian Céspedes-Vásquez[1], Luis Manuel Angelats-Silva1, Ofelia Córdova-Paz Soldán[1], Franklin Vargas-Vásquez[2]

[1]Laboratorio de Nanotecnología, LABINM, Universidad Privada Antenor Orrego, Trujillo, Perú

[2]Laboratorio de Parasitología Molecular, INIMYPAT, Universidad Nacional de Trujillo, Trujillo, Perú

briancespedes1409@gmail.com (Rudy Brian Céspedes Vásquez)

La *Cúrcuma longa* es una especie botánica con muchas propiedades biomédicas, por la existencia de diversos bioactivos como los curcuminoides. Con el objetivo de evaluar la actividad biológica de los curcuminoides presente en los rizomas de *Cúrcuma longa*, su biodisponibilidad y sostenibilidad, se desarrolló un proceso de extracción para obtener curcuminoides y nanopartículas de curcumina a partir de *Cúrcuma longa*. Los rizomas fueron pelados, troceados, secados y pulverizados. Se realizó una extracción inicial de grasas con hexano mediante el método Soxhlet, seguida de la extracción de curcuminoides con etanol absoluto. La muestra concentrada fue purificada con una mezcla de alcohol isopropílico y hexano para obtener curcumina cristalina. Finalmente, se prepararon nanopartículas por precipitación en agua caliente, con aplicación de ultrasonido y centrifugación. El producto final se almacenó protegido de la luz. El proceso demostró ser eficiente para obtener compuestos bioactivos purificados.

Palabras clave: curcumina, nanopartículas, extracción, *Curcuma longa*

Financiamiento: Este trabajo fue subvencionado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA en el marco del concurso E041-2019", según contrato o convenio 004-2019.

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA INTEGRIDAD MOLECULAR Y CAPACIDAD DE AMPLIFICACIÓN DEL ADN EXTRAÍDO DE MUDAS DE LA SERPIENTE *Bothrops pictus* MEDIANTE SUS MARCADORES MITOCONDRIALES

Juan Cabrejos[1], Christopher Schwarz[2], Dan Vivas[1], Jordano Espinoza[1], Edith Rodriguez[1], Javier Cárdenas[3], Iván Rodríguez [1], Adriel Shinzato[1], Armando Yarlequé[1].

[1] Laboratorio de Biología Molecular-Facultad de Ciencias Biológicas-Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[2] Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional San Luis Gonzaga de Ica

[3] Laboratorio de Bioquímica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Callao

juan.cabrejos1@unmsm.edu.pe (Juan Cabrejos)

Las mudas epidérmicas completas de serpientes, resultado de su ecdisis periódica, representan una fuente accesible y no invasiva de material biológico para estudios moleculares. Su integridad estructural, aun en condiciones de almacenamiento prolongado, debe ser analizada puesto que ofrecería un posible modo de determinar la capacidad de obtención de ADN sin necesidad de manipular a los ejemplares vivos. Por tanto, en este estudio se evaluó la viabilidad del ADN extraído de mudas de *Bothrops pictus* de diferentes épocas para la amplificación de genes mitocondriales. Se analizaron 20 mudas: 10 recientes (2 a 4 semanas) y 10 antiguas (8 a 11 años), todas procedentes del serpentario Oswaldo Meneses de la UNMSM. La extracción se realizó mediante el kit Quick-DNA™ Miniprep Plus (Zymo Research) y la cuantificación por Nanodrop y Qubit mostrando concentraciones promedio de 70 ng/µL y 40 ng/µL, respectivamente, con una pureza promedio (A260/280) de 1.82. La integridad del ADN varió según la antigüedad: fragmentos de hasta 20 kb en muestras recientes, 7 kb en mudas de 8 años, y 5 kb en las más antiguas. Se amplificaron exitosamente los genes mitocondriales *Cytb* (850 pb) y *12S ARNr* (400 pb) mediante PCR. Aunque en las mudas más antiguas se observaron subproductos, todas permitieron una amplificación efectiva. Los resultados validan el uso de mudas, incluso de más de una década, como fuente confiable de ADN para estudios filogenéticos y de conservación. Este enfoque no invasivo ofrece una alternativa ética y efectiva para el monitoreo genético de especies de difícil acceso como *B. pictus*.

Palabras clave: *Bothrops pictus*, muda, ADN no invasivo, marcadores mitocondriales, escamas, conservación.

Financiamiento: Contrato N.º PE501088550-2024-PROCIENCIA y el VRIP Código: B25100061.

ANÁLISIS HISTOQUÍMICO DE LOS ÓRGANOS SUBTERRÁNEOS Y AÉREOS DE *Eryngium foetidum* L. "SACHA CULANTRO"

Michael Casas-Javier[1,3], Domingo Iparraguirre-León[1,4], Rosa Antonia Gonzales-Gonzales[2], Eleucy Pérez-Tuesta[3]

[1]Laboratorio de Anatomía y Farmacognosia Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima-Perú

[2]Laboratorio de Citogenética y Bioensayos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima-Perú

[3]Instituto de Investigación de Recursos y Productos Naturales S.A.C. (IIRPN S.A.C.)

[4]Centro de Investigación de Recursos Naturales, Vicerrectorado de Investigación, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (CIRNA-UNMSM)

michael.casas@unmsm.edu.pe

Eryngium foetidum L. (Apiaceae), conocida como "sacha culantro", es una planta aromática, utilizada en las regiones amazónicas del Perú, lo usan en preparados alimenticios por su aroma y sabor intenso que desprende su vástago. Para contribuir al conocimiento de las especies con un valor comercial en desarrollo, el presente trabajo tuvo por objetivo realizar el análisis histoquímico de los órganos subterráneos y aéreos de *E. foetidum*. Se realizaron cortes transversales a partir de los órganos subterráneos fijados previamente, láminas preparadas con y sin tinción, con lavados en hipoclorito de sodio, empleándose para la observación un microscopio Leica con cámara incorporada. En la descripción morfológica se evidenció un tallo tipo rizoma con raíces adventicias fasciculadas y carnosas, en la observación microscópica se detectó principalmente metabolitos primarios, en su mayoría almidón acumulado en los amiloplastos del tejido parenquimático con función de reserva, también la presencia de gotas lipídicas cerca de las regiones adyacentes a las cavidades secretoras, y además de celulosa y lignina. En los órganos aéreos (hojas basales con disposición arrosetada e inflorescencia dicasio), se detectaron mayormente metabolitos secundarios, como aceites esenciales, alcaloides y mucilagos en los canales secretores de tipo esquizógeno que están distribuidos radialmente en todos los órganos de esta especie. Por último, se encontró depósitos de oxalatos de calcio cristalizados (drusas) en idioblastos del mesófilo de la hoja. Estos hallazgos permitirán identificar los patrones histoquímicos de *Eryngium foetidum* para su verificación botánica y un parámetro de control de calidad como insumo vegetal en diversas preparaciones con fines comerciales.

Palabras clave: Aceites esenciales, apiaceae, canal secretor, siuca culantro

Financiamiento: PCONFIGI B24103081- UNMSM

EVALUACIÓN DE LA TOLERANCIA A CADMIO DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE LA RIZOSFERA DE *Theobroma cacao* L., EN TRES REGIONES PRODUCTORAS DEL PERÚ

Sheilla Casas-Ravello[1], Marco Reynoso-Armas[1], Jesús Flores-Pinedo[1], Mario Alcarraz-Curi [1]

[1]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Procesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

sheilla.casas@unmsm.edu.pe (Sheilla Casas-Ravello)

La acumulación de cadmio en suelos agrícolas de cultivos de cacao representa un problema ambiental y económico que afecta la producción de cacao en el Perú, con consecuencias para la salud pública y la exportación del producto. En este estudio se evaluó preliminarmente la tolerancia a cadmio en hongos filamentosos y bacterias aislados de la rizosfera de *Theobroma cacao* L. cultivado en tres regiones productoras: Cusco, Junín y San Martín para mayor diversidad microbiana. Se recolectaron muestras de suelo rizosférico, de las cuales se aislaron 35 cepas de hongos filamentosos en medio Sabouraud glucosado que se evaluaron mediante el índice de tolerancia en medio sólido suplementado con diferentes concentraciones de cadmio (100 hasta 1000 ppm), utilizando discos de cultivo puro. En paralelo, se aislaron 44 cepas bacterianas, las cuales fueron evaluadas mediante difusión en pocillos con medio Müller-Hinton expuestos a las mismas concentraciones. Se identificaron cepas con crecimiento en presencia del metal, principalmente de los géneros *Trichoderma, Paecilomyces* y *Bacillus*. Estos resultados, aunque preliminares, sugieren que algunos microorganismos rizósfericos poseen una significativa capacidad de tolerancia a cadmio como posible adaptación al estrés por metales pesados, evaluada a condiciones controladas. Asimismo, nos indica un gran potencial para ser utilizados en procesos de biorremediación de suelos contaminados que actualmente constituye un grave problema para la agricultura de exportación.

Palabras clave: biorremediación, microorganismos nativos, metales pesados

Financiamiento: Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Procesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas-UNMSM

CARACTERIZACIÓN INICIAL BIOFÍSICO/ESTRUCTURAL DE UN FRAGMENTO LARGO DEL FACTOR DE VON WILLEBRAND

Anderson Javier Castilla-Sedano[1], Sayantan Pradan[1], Mehmet Sen[1]

[1]Biochemistry Division; College of Natural Sciences and Mathematics; University of Houston; Houston, TX, United States

ajcasti6@cougarnet.uh.edu (Anderson Javier Castilla-Sedano)

El Factor de von Willebrand (*von Willebrand Factor*-vWF) es una glucoproteína plasmática responsable de la agregación plaquetaria en zonas con daño en los vasos sanguíneos y cuya actividad alterada Bestá asociada a varias coagulopatías, siendo por ello considerado un atractivo blanco terapéutico. Estudios bioquímicos, biofísicos y estructurales han sido realizados sobre fragmentos cortos de vWF, siendo necesaria la caracterización de fragmentos más grandes debido al papel regulador inter-domino en la actividad de vWF. En este estudio, 6 dominios de vWF (D'-D3-A1-A2-A3-D4 o "fragmento largo") fueron expresados de manera recombinante en la línea celular HEK293 Gnti -/- y purificados utilizando cromatografía de afinidad y de exclusión molecular. Se realizó además Fluorometría de Barrido Diferencial (*Diferential Scanning Fluorometry* - DSF) sobre las fracciones correspondientes al fragmento largo para determinar el efecto de diferentes soluciones amortiguadoras en la estabilidad de la proteína. Finalmente, se obtuvieron micrografías de las muestras mediante la Microscopía Crioelectrónica (*CryoElectron Microscopy* - CryoEM) y las mismas fueron analizadas usando el software cryoSPARC v4.7.0. Tras la cromatografía de exclusión molecular se identificaron dos picos, uno correspondiente al fragmento largo (150 kDa) y otra a un potencial dímero (>250 kDa), respectivamente. El experimento de DSF muestra que el monómero es más estable en el amortiguador HEPES suplementado con cationes divalentes Ca^{+2} y Mg^{+2}, siendo este resultado coherente con lo reportado para fragmentos más cortos. Micrografías de calidad fueron obtenidas de la fracción correspondiente al potencial dímero y permitieron la reconstrucción de un volumen estructura simétrica con una resolución de 3.71Å, que sugeriría un mecanismo de oligomerización de vWF. Los resultados obtenidos permitirán la optimización de condiciones para una caracterización biofísica/estructural más detallada de este fragmento largo de vWF.

Palabras clave: Factor de von Willebrand, Fluorometría de Barrido Diferencial, Microscopía Crioelectrónica

Financiamiento: Faculty Early Career Development Program (CAREER), NSF # 2239492

DETERMINACIÓN DE LA HORA MITÓTICA DE 3 VARIEDADES MEJORADAS DE "KAÑIHUA" *Chenopodium pallidicaule* AELLEN

Sara Lorena Cervantes-Zelayaran[1], Rafael La Rosa Loli[1,2]

[1]Laboratorio de Anatomía y Farmacognosia Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Centro de Investigación de Recursos Naturales, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

sara.cervantes@unmsm.edu.pe (Bach. Sara Lorena Cervantes Zelayaran)

Kañihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen) ha sido objeto de varios estudios que comprueban su valor nutricional e importancia en la seguridad alimentaria de nuestro país. Los estudios citológicos son importantes para apoyar investigaciones sobre mejora genética, evolución, entre otros. Por ello, el presente trabajo abordó el comportamiento mitótico en tres variedades mejoradas de kañihua (var. Illpa-INIA, var. Cupi y var. Ramis) con el fin de determinar la hora mitótica, sentando las bases para futuros estudios genéticos. Para ello, se utilizó tejido meristemático radicular fijado con ácido acético glacial y etanol al 96° (1:3), en el rango horario de 10 a 15 horas. Los tejidos se hidrolizaron con HCl 5N por 3 minutos, se ablandaron con ácido acético al 45% a 40 °C por 5 minutos y se tiñeron con orceína lactoacética al 2% durante 1 hora. A partir de 5 campos fotografiados a 400X por cada hora dentro del rango analizado, el mayor índice mitótico en las variedades Illpa-INIA, Cupi y Ramis se encontró a las 2 p. m., 11 a. m. y 3 p. m., respectivamente. Asimismo, se halló poca presencia de células en metafase y anafase, lo cual está vinculado a la corta duración de estas fases dentro del ciclo celular.

Palabras clave: *Chenopodium pallidicaule*, variedades, índice mitótico.

Financiamiento: Autofinanciado

ESTUDIO DE ALGUNAS PROPIEDADES BIOQUÍMICAS Y BIOLÓGICAS DEL VENENO DE LA ORUGA DE *Megalopyge* spp. (LEPIDOPTERA: MEGALOPYGIDAE)

Juan Chuquimbalqui-Rodriguez[1], Carmen Pantigoso-Flores[1]

[1]Laboratorio de Bioquímica de Toxinas Naturales y Biología Integrativa, Grupo de Investigación RENABIO, Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

juan.chuquimbalqui@unmsm.edu.pe

Los Megalopygidae son una familia de lepidópteros conocidos principalmente por sus larvas de importancia médica, ya que producen sustancias tóxicas como mecanismos de defensa. Estas biomoléculas tienen propiedades farmacológicas activas reconocidas como alérgenos; entre las afecciones que provocan encontramos urticaria, dolor local, inflamación, náuseas, vómitos, problemas respiratorios, y en algunos casos extremos, convulsiones. Se sabe que algunas especies de esta familia presentan péptidos que varían de entre 10 a 125 kDa, los cuales muestran efectos hemolíticos, proinflamatorios, procoagulantes, además de ciertas actividades enzimáticas. Para Perú, la bibliografía sobre las toxinas de estos inquietantes organismos es nula; por ello, se estudió el veneno de la oruga de *Megalopyge* spp., una especie de importancia médica que ocurre en la Amazonía peruana, causante de distintas sintomatologías en los cafetaleros. Los ejemplares fueron colectados en plantaciones de café en Moyobamba – San Martín, y se procesaron en el laboratorio para extraer el veneno mediante choque osmótico. El veneno fue evaluado, determinándose las distintas actividades bioquímicas y biológicas para poder entender la composición y la acción de sus toxinas sobre vertebrados. Se logró obtener una solución de naturaleza proteica la cual se evaluo por PAGE-SDS, encontrándose péptidos que van desde los 5 hasta los 120 kDa. Se determinó que el veneno crudo presenta actividad fosfolipasa, hialuronidasa, caseinolítica, fibrinogenolítica y es parcialmente coagulante. Dentro de las actividades biológicas sobre ratones albinos, se ha determinado que este veneno es edemático, pero no, neurotóxico; estos resultados respaldan la naturaleza bioquímica de las toxinas presentes en sus taxones hermanos, además de las sintomatologías reportadas por las víctimas. Conocer sobre estas propiedades nos ayudará a asociar otras alteraciones sistémicas y, servirá de base para posibles dianas terapéuticas y farmacológicas.

Palabras clave: toxinas, erucismo, alergenos, Megalopygidae.

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Vicerrectorado de Investigación y Posgrado. PCONFIGI 2024 - VRIP, código B24101781.

APLICACIÓN DE LA TINCIÓN AZUL BRILLANTE DE CRESILO PARA SELECCIONAR COMPLEJOS CÚMULO-OVOCITOS (COCS) COMPETENTES RECUPERADOS POR OPU EN ALPACAS

Víctor Cornelio-Díaz[1*], Nancy Silva-Huanca[1], Luis Auqui-Rojas[1], Iván Huamán-Apaza[1], Juan Villanueva-Mori[1], Nataly Enrriquez-Enero[1], Wilfredo Huanca-López[1]

[1]Sección Biotecnologías Reproductivas; Laboratorio de Reproducción Animal; Facultad de Medicina Veterinaria; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima, Perú

victor.cornelio@unmsm.edu.pe

La producción in vitro de embriones (PIV) en alpacas está limitada por la escasa disponibilidad de ovocitos de buena calidad, usualmente obtenidos de ovarios de animales beneficiados. Este estudio evaluó la eficacia del Azul Brillante de Cresilo (BCB) como método no invasivo para seleccionar complejos cúmulo-ovocitos (COCs) competentes, en comparación con el método tradicional (M.T.) basado en criterios morfológicos (capas del cúmulo y características citoplasmáticas). Alpacas no gestantes (6–8 años) fueron sometidas a ablación folicular para eliminar folículos ≥4 mm, seguida de estimulación hormonal. Los COCs fueron recuperados mediante aspiración folicular transvaginal guiada por ultrasonido (OPU), utilizando un ecógrafo ExaPad Mini con transductor microconvexo, aguja 18G y una bomba de vacío (55 mmHg). Los COCs se clasificaron morfológicamente en cuatro grados: G1 (≥5 capas de cúmulo, citoplasma homogéneo), G2 (2–4 capas), G3 (1 capa, citoplasma heterogéneo) y G4 (sin cúmulo o cúmulo expandido, citoplasma granular). Luego, fueron teñidos con BCB (26 µM, 38.5°C, 5% CO_2, 90 min). Se consideraron seleccionables los G1+G2 por el M.T. y los COCs con citoplasma teñidos de azul (BCB+) por la tinción. Se recuperaron 113 COCs de 253 folículos aspirados (44.7%). Según el M.T., el 62.0% fueron seleccionables (G1+G2), mientras que BCB identificó al 78.8% como BCB+ ($P < 0.05$). El porcentaje de BCB+ por grado fue: G1 (97.1%), G2 (85.7%), G3 (60.7%) y G4 (53.3%). Tras la maduración in vitro, el 90.0% de los BCB+ y solo el 30.0% de los BCB– alcanzaron metafase II ($P < 0.05$). Estos resultados muestran que COCs morfológicamente subóptimos pueden ser competentes y que el M.T. podría descartarlos erróneamente. Se concluye que la tinción BCB es un método más objetivo y eficaz para seleccionar COCs competentes en alpacas, y su implementación podría mejorar los resultados de los programas de PIV en esta especie.

Palabras clave: alpaca, COCs, BCB, OPU.

Financiamiento: Proyecto A21080521 VRIP - UNMSM, CONCYTEC – PROCIENCIA PE501089815 – 2024 – PROCIENCIA

EVALUACIÓN PRELIMINAR DE LA CAPACIDAD DE DEGRADACIÓN DE *Fusarium* sp. EN COLORANTE AZOICO USADO EN LA INDUSTRIA TEXTIL

Daniella Cortez-Pacheco[1], Jackeline Ruiz-Palian[1], Dana Barraza-Camargo[1], Melissa Alamo-Alarcon[1], Miguel Espinoza-Champi[1] y Pedro Castellanos-Sanchez[1,2].

[1]Laboratorio de Micología Aplicada, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiología y Parasitología.

pcastellanoss@unmsm.edu.pe (Pedro Castellanos-Sánchez)

A nivel mundial, la industria textil utiliza colorantes azoicos como el Direct Yellow 50 (DY50), cuyos efluentes afectan principalmente la vida acuática debido a su solubilidad en agua, resistencia a la luz, humedad y oxidantes. La presencia de enlaces azo conectados a grupos aminos aromáticos y anillos de benceno, dificulta su degradación mediante tratamientos convencionales, dando lugar a una problemática ambiental de gran magnitud. Es por esto, que en este estudio se tuvo como objetivo evaluar la capacidad degradativa de *Fusarium* sp. aislado de *Mangifera indica* L (mango), sobre el colorante DY50. Se inoculó 100 µL de una suspensión de conidios ($4.8x10^6$ conidios/mL) con 7 días de incubación en matraces con 20 mL de medio líquido Czapek Dox con diferentes concentraciones del colorante (0.0025, 0.005 y 0.01) g/mL, cada tratamiento por triplicado. Los cuales fueron incubados en un agitador orbita l a 130 ± 6 rpm durante 7 días a temperatura ambiente. La degradación del colorante se evaluó mediante espectrofotometría a 510 nm, mientras que la biomasa se determinó por peso seco y la producción de conidios en Cámara de Neubauer. La mayor degradación del colorante (72.55%) y producción de conidios (2.2×10^6 conidios/mL) ocurrieron en la menor concentración evaluada, mientras que las concentraciones 0.01 g/mL y 0.005 g/mL presentaron una degradación menor, con valores de 27.34% y 49.86%, respectivamente. No se observaron diferencias significativas en el peso seco de la biomasa entre el control (0.0675 g) y las concentraciones evaluadas de menor a mayor (0.0648 g, 0.0676 g, 0.0675 g). Los resultados obtenidos sugieren que *Fusarium* sp podría ser considerado en estrategias de efluentes con derivados azoicos, debido a su capacidad de usar como fuente de carbono al colorante empleándolo en su metabolismo, optimizando parámetros para su adsorción y degradación en medio líquido.

Palabras clave: hongo ascomiceto, Direct Yellow 50, Czapek Dox, biorremediación.

Financiamiento: otros

PROSPECCIÓN MICROBIANA EN COMPOST DE *Coffea arabica* ORIENTADA AL AISLAMIENTO DE CEPAS CON CAPACIDAD HIDROLÍTICA PARA APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS

Liset Marleny Crisóstomo Casasola[1], Agustín Soto Camacho[1], Mario Alcarraz Curi[1].

[1]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

liset.crisostomo@unmsm.edu.pe (Liset Marleny Crisóstomo Casasola)

El compostaje del residuo de café representa una fuente rica en materia orgánica y en comunidades microbianas con potencial funcional. Sin embargo, muchas de las cepas microbianas presentes en estos sistemas no han sido caracterizadas ni aprovechadas biotecnológicamente. Por ello, aislar y estudiar dichos microorganismos capaces de degradar eficientemente compuestos como celulosa, pectina, lípidos y proteínas, contribuye al reciclaje de nutrientes orientado con una perspectiva sostenible. De esta forma, en el aislamiento se emplearon los medios de cultivo: agar Carboximetilcelulosa, medio Tributirina, agar Pectina, agar Leche y agar Almidón. De las cuales se obtuvieron 28 cepas. Posteriormente, se evaluó su capacidad enzimática semicuantitativa en los medios restantes que no se utilizaron en su aislamiento inicial, con el propósito de determinar su perfil degradador completo. De acuerdo con los resultados, el 68 % de las cepas presentó actividad proteolítica, el 79 % actividad lipolítica, el 32 % actividad amilolítica, el 14 % actividad celulolítica y únicamente el 3 % mostró actividad pectinolítica. Entre las cepas analizadas, destacó significativamente la cepa LP1 en todos los ensayos realizados, lo que la posiciona como una candidata destacada para el desarrollo de un producto biodegradador multienzimático, en la cual demostró 1.86 de índice enzimático celulolítico. Estos hallazgos respaldan el valor biotecnológico del compost de café como fuente de microorganismos con posibilidad de formular un consorcio microbiano orientado a la eficiencia del compostaje.

Palabras clave: actividad enzimática, biotecnología, microorganismos, compost de café.

Financiamiento: No especificado.

MAPEO FÍSICO DE LOS MARCADORES ADNR 45S Y 5S EN LA RAZA DE MAÍZ PERUANO "CONFITE PUNTIAGUDO" MEDIANTE HIBRIDACIÓN FLUORESCENTE *IN SITU*

Valeryn Cruz Morón[1], Lady Trinidad Córdova[1], Gandhi Jaramillo Santa Cruz[1], María Siles Vallejos[1], Alberto López Sotomayor[1]

[1]Laboratorio de Genética, / Grupo de Investigación en Recursos Genéticos (RECGEN), Facultad de Ciencias Biológicas Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

valeryncruz1827@gmail.com (Valeryn Cruz Morón)

El maíz (*Zea mays L.)* es uno de los cereales más cultivados mundialmente por su importancia agrícola, alimentaria y económica. El Perú, reconocido como centro de diversificación del maíz, alberga una gran variedad de razas adaptadas a distintos ambientes. Sin embargo, su caracterización se ha basado principalmente en marcadores morfológicos y criterios geográficos, los cuales presentan ciertas limitaciones. Por ello, es necesario incorporar marcadores y técnicas moleculares que permitan una evaluación más precisa de su variabilidad genética. En este contexto, se realizó el análisis citogenético molecular de la raza peruana "Confite Puntiagudo" mediante el mapeo físico de los marcadores ADNr 45S y 5S. Se estandarizó un protocolo de preparación de láminas citogenéticas tras determinar la hora óptima de corte, y se aplicó la técnica de hibridación in situ fluorescente (FISH) con sondas específicas. Se analizaron 30 metafases, procesadas con GIMP e Ideokar 1.3; el análisis estadístico se realizó en RStudio. Se detectaron dos señales para cada marcador ribosomal. Los cromosomas con señal 45S presentaron una longitud total (CL) de 4.15 ± 0.53 µm, un índice braquial (IB) de 1.2 ± 0.1 y morfología metacéntrica. Los cromosomas con señal 5S presentaron una CL de 4.65 ± 0.64 µm, un IB de 1.39 ± 0.20 y también fueron metacéntricos. El ADNr 45S se localizó tentativamente en el brazo corto del par 4, 5 o 6 (posición satelital) y el ADNr 5S en el brazo largo del par 2 (posición sub-terminal). La asignación del par cromosómico se estimó en base a criterios morfométricos, dado que no se realizaron técnicas de bandeo para su identificación definitiva. Este estudio proporciona información relevante sobre la diversidad genética de la raza Confite Puntiagudo y destaca la utilidad de FISH en la caracterización de recursos genéticos nativos.

Palabras clave: maíz, marcadores ribosomales, diversidad genética, FISH.

Financiamiento: PCONFIGI B22100631 UNMSM

CARACTERIZACIÓN DE CIRCUITOS GENÉTICOS USANDO MICROSCOPÍA HIPERESPECTRAL *IN VIVO* A TRAVÉS DE UN SOLO EXPERIMENTO DE POLI-TRANSFECCIÓN DE ALTO RENDIMIENTO

Benjamín Diaz[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

benjamin.diaz@unmsm.edu.pe

Los circuitos genéticos en mamíferos tienen un notable potencial para detectar y tratar diversas enfermedades, pero la caracterización y optimización de los niveles de expresión de sus componentes sigue siendo un desafío. Para lograr ello, se utilizan protocolos de transfección. La co-transfección (Co-TX), es una técnica, donde los plásmidos se mezclan antes de añadir el reactivo de transfección, resultando en una entrega altamente correlacionada de los plásmidos a las células. Aunque la Co-TX permite una expresión unicelular que varía en varios órdenes de magnitud, está limitada a un experimento por cada estequiometría, lo que es laborioso cuando se evalúan muchas condiciones simultáneamente. Para superar esta limitación, se ha estandarizado un protocolo de poli-transfección (Poly-TX), una extensión de alto rendimiento de la Co-TX en células de mamíferos. En la Poly-TX, cada plásmido se mezcla por separado con el reactivo de transfección antes de añadirlos a las células, administrando cada plásmido de forma no correlacionada, permitiendo que cada célula transfectada realice un experimento con diferentes copias de cada plásmido. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue demostrar que la poli-transfección (Poly-TX) combinada con microscopía hiperespectral (MH) permite caracterización y optimización sin precedentes de circuitos genéticos en células de mamífero mediante análisis temporal de expresión génica en poblaciones celulares heterogéneas. Utilizando células HEK 293, establecimos que la óptima eficiencia de transfección se alcanza con 400-600ng de plásmido, con la máxima expresión de proteínas fluorescentes a las 48 horas post-transfección. La citometría de flujo reveló correlaciones directas entre las proporciones de ADN transfectado y la intensidad de fluorescencia, mientras que los histogramas de células poli-transfectadas identificaron poblaciones discretas con fracciones específicas de plásmidos, demostrando distribuciones no correlacionadas características de Poly-TX. Este enfoque transforma fundamentalmente el análisis de circuitos genéticos al permitir exploración comprehensiva del espacio de parámetros dentro de reacciones únicas, contrastando con métodos tradicionales que requieren múltiples experimentos independientes para caracterizar diferentes condiciones experimentales. La metodología establecida proporciona un marco robusto para la caracterización temporal y cuantitativa de circuitos genéticos complejos, estableciendo un nuevo paradigma para aplicaciones de biología sintética en cultivos de células de mamíferos con control preciso de parámetros de transfección.

Palabras clave: cultivo celular, plásmidos, politransfección, microscopía hiperespectral

Financiamiento: La recolección de imágenes de microscopía hiperespectral se realizó en la Unidad de Bioimagenología Avanzada del Instituto Pasteur de Montevideo.

DISEÑO, ENSAMBLAJE Y EXPRESIÓN DE PLÁSMIDOS MODULARES PARA LA EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS RECOMBINANTES MPLEANDO BIOLOGÍA SINTÉTICA

Benjamín Diaz[1], Obert Marín[1], Walter Manya[1], Miguel Neira[1], Gustavo A. Sandoval[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

benjamin.diaz@unmsm.edu.pe

La biología sintética ha revolucionado la biotecnología moderna al facilitar el diseño racional y ensamblaje eficiente de sistemas biológicos mediante el empleo de componentes genéticos modulares y estandarizados. En este contexto, el desarrollo de sistemas de clonación modulares se ha convertido en un pilar fundamental para optimizar tanto la expresión de proteínas recombinantes como la construcción de circuitos genéticos complejos. Aunque los métodos de ensamblaje estandarizados, como los sistemas BioBrick y Golden Gate, han establecido marcos metodológicos robustos para el diseño biológico, persiste la limitación asociada a la carencia de vectores versátiles capaces de integrar múltiples estrategias de clonación y ensamblaje de componentes genéticos modulares de manera simultánea para la expresión de proteínas recombinantes. Aquí demostramos el diseño, ensamblaje y expresión funcional exitosos de dos sistemas de plásmidos modulares que integran múltiples estrategias de clonación para la producción eficiente de proteínas recombinantes. Desarrollamos los vectores pAmp (2863 pb) y pKan (2897 pb) equipados con genes de resistencia a ampicilina y kanamicina respectivamente, ambos portando orígenes de replicación pMB1 de alto número de copias y sitios de clonación múltiple compatibles tanto con ensamblaje BioBrick (EcoRI, XbaI, SpeI, PstI, NotI) como Golden Gate (BsaI, BbsI). Diseñamos y ensamblamos ocho unidades transcripcionales funcionales (UT): cuatro poseen el gen de amilGFP (cromoproteína amarilla) y el gen de mRFP1 (cromoproteína roja), para su expresión constitutiva en *Escherichia coli* DH5α. Las UT que expresan amilGFP y mRFP1 fueron exitosamente ensambladas en los vectores pAmp y pKan, respectivamente. Esto dio como resultado la expresión diferencial y visible de cromoproteínas según el plásmido transformado. La funcionalidad del sistema fue validada mediante selección con antibióticos específicos, confirmación visual de la expresión cromoproteica, y amplificación por PCR de los fragmentos génicos insertados, demostrando la integridad estructural y funcional de todas las construcciones. Este trabajo proporciona a los investigadores herramientas versátiles que combinan las ventajas de diferentes metodologías de ensamblaje, acelerando potencialmente las aplicaciones de biología sintética en la producción de proteínas recombinantes a través del diseño racional de plásmidos y mayor flexibilidad experimental.

Palabras clave: *Escherichia coli* DH5α, plásmidos, ensamblaje, biología sintética

Financiamiento: Este trabajo fue financiado por CONCYTEC-PROCIENCIA Perú — Proyecto de investigación básica 2024-03 (Contrato N° PE501088146-2024-PROCIENCIA)

OPTIMIZACIÓN DE LAS CONDICIONES DE ALMACENAMIENTO DE PLÁSMIDOS EN PAPEL WHATMAN

Benjamín Diaz-Zamora[1], Daniela Rojas-Porras[1], Valery Velasquez-Torres[1], Gerardo Noriega-Manrique[1], Obert Marín[1], Walter Manya[1], Miguel Neira[1], Gustavo Sandoval-Peña[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

valery.velasquez@unmsm.edu.pe

El ADN plasmídico constituye una herramienta fundamental en biología molecular, permitiendo la clonación genética, transformación bacteriana y expresión de proteínas recombinantes en diversas aplicaciones de investigación y biotecnología. Sin embargo, los métodos convencionales de almacenamiento dependen de medios líquidos mantenidos bajo cadena de frío a 4°C o −80°C, creando barreras logísticas sustanciales y limitaciones de costos que restringen la accesibilidad en entornos con recursos limitados. Los métodos alternativos de almacenamiento utilizando matrices de papel filtro han emergido como soluciones prometedoras, ofreciendo estabilidad a temperatura ambiente y logística de transporte simplificada, aunque los parámetros de preservación a largo plazo permanecen poco caracterizados. El desafío crítico radica en establecer protocolos estandarizados que aseguren tanto la integridad estructural como la funcionalidad biológica de plásmidos almacenados en matrices sólidas durante períodos extendidos. Aquí demostramos que la optimización sistemática de condiciones de almacenamiento—incluyendo temperatura (−80°C a 20°C), medios de rehidratación (buffer TE versus agua libre de nucleasas) y duración de almacenamiento (2 semanas a 1 año)—permite la preservación robusta de la funcionalidad del ADN plasmídico en papel Whatman. Nuestros hallazgos revelarán cuál de las condiciones de almacenamiento alternativas extienden significativamente la viabilidad plasmídica comparado con las condiciones convencionales y métodos previamente reportados. Esto permitirá establecer umbrales de estabilidad dependientes de temperatura e identificando protocolos alternativos para el almacenamiento y transporte de plásmidos. Este trabajo habilita el desarrollo de flujos de trabajo descentralizados en biología molecular al eliminar dependencias de cadena de frío, democratizando el acceso a herramientas de biología sintética y expandiendo potencialmente la innovación biotecnológica en ambientes con recursos limitados.

Palabras clave: *Escherichia coli*, plásmidos, papel Whatman, biología sintética

Financiamiento: Este trabajo fue financiado por CONCYTEC-PROCIENCIA Perú — Proyecto de investigación básica 2024-03 (Contrato N° PE501088146-2024-PROCIENCIA)

BIOPROSPECCIÓN DE BACTERIAS HALOTOLERANTES DE LOS PANTANOS DE VILLA (PERÚ) PARA LA PRODUCCIÓN DE L-GLUTAMINASA EXTRACELULAR

Aldair Oscar Enriquez-Cordova[1], Fiorella Antonella Macavilca-Beraun[1], Bogar Omar Araujo-Montoya[1], Marcos Alejandro Sulca-López[1].

[1]Laboratorio de Microbiología Acuática y Aplicaciones Tecnológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

msulcal@unmsm.edu.pe

La Reserva Nacional Los Pantanos de Villa (Lima-Perú), es un ecosistema de gran biodiversidad microbiana, con condiciones que favorecen la presencia de microorganismos halófilos. Este estudio se enfocó en la bioprospección de cepas halotolerantes productoras de L-glutaminasa extracelular (EC 3.5.1.2). Esta enzima cataliza la hidrólisis de L-glutamina en glutamato y amoníaco. Las aplicaciones de esta enzima son diversas, destacando su uso en la industria farmacéutica y alimentaria. Se evaluaron 150 cepas halotolerantes pertenecientes al cepario del Laboratorio de Microbiología Acuática y Aplicaciones Tecnológicas de la Facultad de Ciencias Biológicas (UNMSM), estas fueron reactivadas en caldo marino suplementado con 10–20% NaCl. Primeramente, la actividad glutaminasa fue detectada en medio Agar Mínimo de Davis suplementado con 1% L-glutamina, como única fuente de nitrógeno y Rojo de Fenol como indicador de pH, la incubación fue a temperatura ambiente hasta por siete días. Posteriormente, las cepas positivas fueron cultivadas en medio PG (pH 7.0, 15% NaCl) para la producción y cuantificación de la actividad L-Glutaminasa. La actividad de L-glutaminasa se determinó indirectamente mediante la cuantificación espectrofotométrica (λ=600 nm) del amonio liberado, utilizando el método del salicilato. Del total de cepas, 15 fueron positivas a la producción de la L-Glutaminas, de estas, se seleccionaron cuatro para evaluar la actividad enzimática. La cepa UNMSM_PV191 mostró la mayor actividad enzimática de 2.4 U/mL a las 48 horas. Si bien esta actividad es menor a la reportada por Gomma (2022, 5.12 U/mL), cabe resaltar que las cepas estudiadas no han sido optimizadas, lo que sugiere un potencial enzimático por explotar. Estos resultados resaltan el potencial biotecnológico de las L-glutaminasas halotolerantes, ofreciendo alternativas más robustas que las enzimas de fuentes tradicionales *(Escherichia coli, Streptomyces avermitilis*), con aplicaciones prometedoras en la formulación de terapias antineoplásicas y la producción sostenible de aditivos alimentarios.

Palabras claves: Glutaminasa, L-glutamina, bioprospección, bacterias halotolerantes

Financiamiento: PCONFIGI 2025 Código: B25101191

EVALUACIÓN DEL POTENCIAL BIORREMEDIADOR DE *Trichoderma* sp. EN LA DEGRADACIÓN DE UN COLORANTE FTALOCIANÍNICO DE LA INDUSTRIA TEXTIL

Miguel Espinoza-Champi[1], Melissa Alamo-Alarcon[1], Jackeline Ruiz-Palian[1], Dana Barraza-Camargo[1], Daniella Cortez-Pacheco[1], Pedro Castellanos-Sánchez[1,2].

[1]Laboratorio de Micología Aplicada, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Escuela de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM.

pcastellanoss@unmsm.edu.pe

En el Perú, la industria textil contribuye significativamente a la contaminación hídrica, afectando ecosistemas acuáticos y la salud humana. Colorantes orgánicos sintéticos como el Direct Blue 86 (DB86), derivados de ftalocianinas metálicas, son especialmente resistentes a la degradación por su estructura aromática y presencia de metales pesados. En este contexto, el presente estudio planteó evaluar la capacidad degradativa de *Trichoderma* sp, aislado de la rizosfera de mango, sobre DB86. Se utilizaron matraces con 20 mL de medio líquido Czapek, inoculados con 100 µL de una suspensión de conidios (1.4×10^7 conidios/mL) y tres concentraciones del colorante (0.01, 0.005 y 0.0025 g/mL), con tres repeticiones por tratamiento. La incubación se realizó por siete días en un agitador orbital a 130 ± 6 rpm. La degradación del colorante se determinó por espectrofotometría a 560 nm, la biomasa fúngica por peso seco, y el recuento de conidios se realizó empleando un hemocitómetro. La mayor degradación del colorante (29.76%) se registró a la menor concentración evaluada, mientras que concentraciones de 0.01 y 0.005 g/mL mostraron valores menores, de 5.88% y 18.21%, respectivamente. La producción de conidios aumentó con la concentración del colorante (0.0733 g, 0.0783 g, 0.0771 g), aunque no se observaron diferencias significativas en el peso seco de la biomasa respecto al control (0.0755 g). Estos resultados sugieren que *Trichoderma* sp puede favorecer la biodegradación de colorantes sintéticos utilizados en la industria textil, ya que es conocido por producir enzimas extracelulares capaces de modificar las ftalocianinas, mediante la oxidación enzimática, biosorción o metabolismo, siendo así buen candidato para su aplicación sin afectar al ecosistema y sus componentes.

Palabras clave: Direct Blue 86, degradación, enzimas extracelulares, contaminación hídrica.

AVANCES EN LA IDENTIFICACIÓN Y ANOTACIÓN DE PIRROLISOPROTEÍNAS EN GENOMAS DE ARQUEAS

Frank Eusebio Fernández[1], Jeny Pérez-Huamanlazo[2], Raul Blas-Sevillano[2], Julio Solis-Sarmiento[1]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Instituto de Biotecnologia, Universidad Nacional Agraria La Molina, UNALM.

jsoliss@unmsm.edu.pe (Julio Solis-Sarmiento)

Hasta la fecha, se han secuenciado más de 750 genomas completos de arqueas, de los cuales 136 pertenecen al género *Methanosarcina*. *Methanosarcina barkeri* es un organismo modelo en estudios de metanogénesis, donde participan pirrolisoproteínas—enzimas que contienen el aminoácido no canónico pirrolisina, esenciales en rutas que utilizan metilaminas.Aunque estas proteínas han sido ampliamente descritas en la literatura, los genomas disponibles en NCBI Genomes no presentan anotaciones explícitas de los genes que las codifican, debido a la complejidad de su codificación genética y las limitaciones de los métodos automáticos de anotación.En este trabajo, se desarrolló un flujo de trabajo bioinformático para identificar y anotar genes de pirrolisoproteínas en arqueas, utilizando herramientas de agrupamiento, alineamiento y predicción estructural, junto con scripts en Python, Perl y Bash. Se analizaron genomas de 14 cepas de *Methanosarcina* y 17 de *Haloferax*, sin encontrarse anotaciones claras de lisopirroproteínas.Como caso de estudio, se examinó el genoma de *M. barkeri* MS (NZ_CP009528.1), donde se identificaron 143 genes candidatos a codificar pirrolisoproteínas, por presentar características truncadas o no estar asociados a proteínas conocidas. El análisis posterior mediante alineamientos con MAFFT y BLAST, junto con la predicción de estructuras secundarias conservadas con RNAfold, permitió identificar y anotar genes de la superfamilia MttB que codifican pirrolisoproteínas. Estos resultados validan la estrategia bioinformática propuesta y abren la posibilidad de aplicar modelos de aprendizaje automático para mejorar la anotación sistemática de estas proteínas clave en arqueas metanogénicas.

Palabras clave: pirrolisoproteínas, Bioinformática, Machine learning, Metanogénesis

Financiamiento: PSINFINV, Recursos Propios

TEMPERATURA Y TIEMPO DE SHOCK TÉRMICO EN LA GENERACIÓN DE TRIPLOIDES DE *Oreochromis aureus* EN EL MÓDULO PISCÍCOLA LA BALSA, CAJAMARCA-PERÚ

Rosa Fernández-Chumbe[1], Alina Zafra-Trelles[2],

[1]Dirección Regional de la Producción – Gobierno Regional de Cajamarca, Cajamarca, Perú

[2]Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Trujillo (UNT), Trujillo, Perú

rose.chumbe@gmail.com (Rosa Fernández-Chumbe)

La investigación evaluó el impacto del shock térmico en el mejoramiento genético de *Oreochromis aureus*. Los triploides ofrecen ventajas como crecimiento acelerado y esterilidad, aspectos clave para la sostenibilidad en la acuicultura. El objetivo fue determinar la temperatura y tiempo de shock térmico en la generación de triploides de *O. aureus* en el Módulo Piscícola la Balsa, Cajamarca-Perú. El experimento se realizó en el periodo agosto 2024 a febrero 2025. Se evaluaron 50 reproductores de *O. aureus* F1, con pesos de 300 y 700 g para machos y hembras respectivamente con proporción de apareamiento de 1:1, se extrajeron huevos fecundados con una madurez de nivel V, se sometieron a los tratamientos de shock térmico T1 (39 °C x 2 minutos), T2 (40 °C x 2 minutos), T3 (41 °C x 2 minutos), T4 (39 °C x 3 minutos), T5 (40 °C x 3 minutos), T6 (41 °C x 3 minutos) con 3 réplicas cada uno, se llevó la incubación en jarras McDonald, las larvas fueron cultivadas en bandejas de fibra de vidrio, se determinó la eclosión de huevos, tasa de supervivencia larval y validó la triploidía, se utilizó el análisis estadístico ANAVA con significancia del 5 %. Se tuvo como resultados 89,35 % de eclosión de huevos, 90,09 % de tasa de sobrevivencia larval en el tratamiento T5 (40 °C x 3 minutos) de triploides determinados mediante recuento cromosómico. Se obtuvo el 90,15 % de huevos fecundados y en la tasa de sobrevivencia larval fue de 90,29 % con valores optimizados de 39,7 °C para la temperatura y 2 minutos para el tiempo de exposición al shock térmico de los triploides de *O. aureus* verificados mediante recuento de cromosomas.

Palabras clave: Shock térmico, temperatura, tiempo de exposición, triploide.

RESISTENCIA A QUINOLONAS POR BOMBAS DE EFLUJO EN *Escherichia coli* AISLADAS DE AGUAS DE REGADÍO EN LIMA 2022

Daffer Fernández-Serrano[2a], Gina Salvador-Luján[1,4,a,b], Liliana Morales Castillo[5,a], Jeanne Alba Luna[1,a,b], Jorge León Quispe[2,a,b], Carmen Pantigoso Flores[2,a,b], Mónica Huamán Iturrizaga[2,6,a,b], María J. Pons[3,a].

[1]Laboratorio *One Health*, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas de Universidad Nacional Mayor de San Marcos

[3]Laboratorio de Genética Molecular y Bioquímica. Universidad Científica del Sur, Lima, Perú.

[4]Laboratorio de Microbiología, Hospital Militar Central "Luis Arias Schereiber", Lima, Perú.

[5]Laboratorio de Microbiología Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, Lima, Perú.

[6]Oficina de Epidemiología y Salud Ambiental, Instituto Nacional Materno Perinatal, Lima Perú.

[a] Biólogo/a.

[b] Grupo de investigación RENABIO

daffer.fernandez@unmsm.edu.pe (Daffer Fernandez-Serrano)

La resistencia a los antimicrobianos representa una amenaza creciente en salud pública, pues limita las opciones terapéuticas en humanos y animales. Los medios acuáticos, incluyendo las aguas de regadío, actúan como reservorios clave de genes de resistencia, lo que vincula esta problemática con el enfoque *One Health*. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la resistencia a quinolonas por bombas de eflujo en *Escherichia coli* aisladas de aguas de regadío en Lima. Como parte del estudio de resistencia a los antimicrobianos en muestras de agua de riego, se recolectaron muestras de agua en cinco puntos agrícolas en Lima norte, las cepas aisladas fueron evaluadas por el método de Kirby Bauer para determinar la sensibilidad a quinolonas, luego se realizó la detección de genes de resistencia por bombas de eflujo *qepA, oqxA* y *oqxB* por PCR. Se aislaron 58 cepas de *E. coli*, fenotípicamente el 75% de cepas fueron no sensibles (resistentes e intermedios) al ácido nalidíxico y 25% a ciprofloxacina. De las cepas aisladas 8 (13.8%) presentaron el gen *qepA* y 5 de ellas presentaron co-resistencia con genes *qnr* (62.5%). El hallazgo de *qepA* es particularmente relevante porque no ha sido reportado en aguas de regadío de Lima. El gen q*epA* codifica una bomba de eflujo que reduce la susceptibilidad a fluoroquinolonas y suele encontrarse asociado a plásmidos multirresistentes, lo que favorece su diseminación. Su presencia en un entorno agrícola en Lima refuerza la preocupación por el riesgo de transmisión de resistencia a través de alimentos y ambientes compartidos, afectando la salud humana y animal. En conclusión, los resultados obtenidos evidencian la circulación de genes de resistencia relevantes en el ambiente y resaltan la importancia de monitorear fuentes hídricas desde una perspectiva integral que considere los vínculos entre salud pública, salud animal y salud ambiental.

Palabras clave: *One Health*, gen *qepA*, contaminación hídrica, gen *qnr*

Financiamiento: El presente trabajo fue financiado a través de los Proyectos de Investigación con Financiamiento para Grupos de Investigación, con código B22100901 de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

ACTIVIDAD ANTAGONISTA DE MICROORGANISMOS NATIVOS FRENTE AL PATÓGENO *Botrytis cinerea PERS.* AISLADOS DE ARÁNDANO *(Vaccinium corymbosum L.)*

Natividad Gutierrez Jaco[1], Nora Vera-Obando[2], Carla Ximena Trigoso Hidalgo[3], María de los ángeles Leon Villavicencio[1]

[1]Laboratorio de Fitopatología, FITOLAB, Grupo Silvestre S.A.C, Lima, Perú.

[2]Departamento Académico de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[3]Laboratory of Plant Pathology, Tokyo University of Agriculture and Technology, Tokyo, Japan.

angutierrezjaco7@gmail.com (Natividad Gutierrez Jaco)

La podredumbre gris causada por *Botrytis cinerea* Pers. representa una de las principales enfermedades poscosecha del arándano (*Vaccinium corymbosum* L.) en el Perú. Ante los problemas de resistencia asociados al uso de fungicidas convencionales, su control mediante el uso de microorganismos nativos ofrece una alternativa biológica y responsable con el ambiente. El objetivo del presente trabajo fue aislar y evaluar la actividad antagónica *in vitro* de bacterias nativas rizosféricas contra *B. cinerea* aislado de *V. corymbosum*. Las muestras fueron recolectadas de suelos cultivados con piña, café y cacao en las regiones de Junín y Pasco. Se seleccionaron 25 aislamientos representativos, de los cuales se realizaron ensayos de antagonismo mediante el método de enfrentamiento dual en medio Agar Papa Dextrosa (PDA), calculando el Porcentaje de Inhibición del Crecimiento Radial (PICR), a los 7 días de incubación a 25 °C. De los 25 aislamientos, 19 mostraron actividad antagónica. La cepa 216-JUCA tuvo el porcentaje más alto de inhibición (79.35%). En segundo lugar, la cepa 235-JUPI (*Burkholderia* sp.) obtuvo un PICR de 78.12%, mostrando halo de inhibición visible, asociado a la producción de metabolitos secundarios. En tercer lugar, la cepa 42-JUBA registró un PICR de 75,48 %. Del total de 25 bacterias evaluadas, el 24 % no mostró actividad inhibitoria significativa frente a *B. cinerea* (PICR < 10 %), un 28 % presentó antagonismo bajo, el 24 % antagonismo medio y, por último, el 24% mostró antagonismo alto (PICR> 70 %), destacando este último grupo por su potencial como herramienta en el desarrollo de bioinsumos para el control de podredumbre gris.

Palabras clave: control biológico, podredumbre gris, antagonismo, *Burkholderia* sp., rizósfera, PICR.

Financiamiento: Grupo Silvestre Perú S.A.C.

ADMINISTRACIÓN INTRAPERITONEAL DE *Aeromonas* (STANIER, 1943) SONICADAS CON VACUNA INACTIVADA DE *Streptococcus agalactiae* (LEHMANN & NEUMANN, 1896) MEJORA LA INMUNOGENICIDAD EN TILAPIA

Dayanne Huamán Espíritu[1], Marco Medina Morillo[2], Carla Fernandez Espinel[2], Violeta Flores-Dominick[2], Jefferson Yunis Aguinaga[2,3]

[1]Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Patobiología de Organismos Acuáticos, Instituto del Mar del Perú, IMARPE.

[3]Facultad de Ciencias Veterinarias y Biológicas, Universidad Científica del Sur (UCSUR), Lima, Perú

jefyunis@gmail.com (Jefferson Yunis Aguinaga).

Los países latinoamericanos representan el 85% de la producción acuícola mundial, dentro de las principales especies producidas tenemos a la tilapia nilótica desarrollándose en la crianza intensiva por su gran adaptabilidad a diversas condiciones ambientales. En la actualidad, la industria acuícola en la especie *Oreochromis niloticus* afronta un gran reto biológico ocasionado por los brotes de patologías bacterianas, dentro de las principales tenemos infecciones contra *Streptococcus agalactiae*, la cual ocasiona grandes pérdidas económicas y elevada mortalidad. En el presente estudio, se caracterizó *S. agalactiae* de un brote de una granja comercial de *Oreochromis niloticus* (tilapia nilótica). Se recuperaron bacterias grampositivas, oxidasa y catalasa negativas de *O. niloticus*. *Streptococcus agalactiae* se confirmó mediante la caracterización bioquímica y molecular. Se realizaron pruebas de la dosis letal (DL90) y se establecieron en 3×10^8; 3×10^6; 3×10^4; 3×10^2 UFC.mL^{-1} confirmando la virulencia del aislado bacteriano. Finalmente; se empleó el método de inactivación bacteriana con formaldehído para la preparación de la vacuna por inmersión e intraperitoneal contra esta bacteria. 240 tilapias (G1: Vacunados vía inmersión e ip; G2: Vacunados vía inmersión; G3: Vacunados por vía ip; G4: Control) fueron desafiadas con el patógeno. Los grupos con administración intraperitoneal de la vacuna obtuvieron mejores tasas de supervivencia (~ 90%) en comparación al grupo control (15%). En síntesis, este estudio muestra las características de virulencia de *S. agalactiae* en una importante especie de producción acuícola a nivel mundial y fomenta una estrategia beneficiosa y novedosa de prevención contra la estreptococosis en la acuicultura de nuestro país; evitando el uso de antibióticos y ofreciendo una alternativa sostenible a la resistencia antibacteriana.

Palabras clave: Inmunización, enfermedades bacterianas, *Streptococcaceae*, acuicultura.

Financiamiento: PpR - 2024, Meta 03 Desarrollo Tecnológico, IMARPE, Ministerio de la Producción.

EFECTO DE LOS HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS EN PECES DEL LITORAL PERUANO

Jennyfer Pilar Huamán Rojas[1], Ariana Castañeda Santos[1], Daniella Cecilia Paytán Rivero[1], Sidney Yuni Pauccar Tapia[1], Ricardo Ayala Peña[1], Antonio Martin Pita García[1], Silvia Ysabel Aguilar Luna[1]

[1]Laboratorio de Ecología Acuática, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

saguilarl@unmsm.edu.pe (Silvia Aguilar)

Los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs) son compuestos orgánicos que resultan ser bastante dañinos, se mantienen en el medio ambiente y se acumulan en los organismos. Su origen se debe principalmente a actividades humanas, como la extracción y refinación de petróleo, la quema de materia orgánica y los derrames industriales. En el entorno marino costero, estos compuestos pueden acumularse en los peces, lo que representa un riesgo tanto para la salud humana como para los ecosistemas. Este estudio tiene como objetivo reunir toda la información científica disponible sobre la identificación, los niveles de concentración y los efectos de los HAPs en los peces a lo largo de la costa peruana. Se realizó una revisión de artículos científicos, informes técnicos y tesis universitarias desde el año 2000 hasta 2024. En este análisis, se examinaron los métodos analíticos empleados, las especies estudiadas, las áreas geográficas abarcadas y los niveles de contaminación documentados. Los criterios de inclusión se centraron en investigaciones que llevaron a cabo muestreos en la costa peruana, utilizaron cromatografía de gases para el análisis y evaluaron la ingesta alimentaria. Los resultados revelaron un aumento en las publicaciones sobre estos temas, pero también dejaron al descubierto vacíos de conocimiento, tanto en lo que respecta a la cobertura geográfica como al seguimiento sistemático de biomarcadores en especies autóctonas. Los efectos más comúnmente documentados incluyeron alteraciones en el hígado, estrés oxidativo y daños en el ADN, lo que podría tener repercusiones en la salud humana debido al consumo de pescados contaminados. Se concluye que, aunque hay esfuerzos aislados de monitoreo, es crucial fortalecer los programas de vigilancia, incluir especies clave y desarrollar normativas específicas, así como fomentar estrategias de supervisión ambiental para garantizar la seguridad de los productos hidrobiológicos que se consumen en el país.

Palabras clave: HAPs, peces comerciales, litoral peruano, contaminación marina.

Financiamiento: PCONFIGI 2025 código B25102201

EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD INMUNODIAGNÓSTICA DE EPÍTOPES SINTÉTICOS OBTENIDOS A PARTIR DE LA PROTEÍNA TS_GI DE *Trypanosoma cruzi*

Mayte Inga-Alarcon[1], Carol Sánchez- Chicana[2], Julia Castro-Hidalgo[1,2], Rodrigo Davila-Barragan[1], Juan Jimenez- Chunga [1,2], Edward Valencia-Ayala[1,2].

[1]Laboratorio de Parasitología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiología y Parasitología, UNMSM.

evalenciaay@unmsm.edu.pe (Edward Valencia Ayala)

La enfermedad de Chagas (EC), causada por *Trypanosoma cruzi* (*T. cruzi*), representa un problema de salud pública en América Latina y zonas no endémicas, pese a los avances en el control vectorial, persisten limitaciones en el diagnóstico oportuno, incrementando el riesgo decomplicaciones. El uso de epítopes sintéticos derivados de proteínas como la *Trans*-sialidasa (TS), surgen como una alternativa prometedora debido a sus propiedades antigénicas; ademásdel bajo costo y facilidad para su síntesis. El objetivo de este estudio consiste en evaluar la capacidad inmuno-diagnóstica de epítopes sintéticos obtenidos de la proteína TS del grupo I (GI) de *T. cruzi*, mediante ELISA indirecto para detectar anticuerpos IgM e IgG en suero de ratones infectados. La metodología consistió en el análisis inmuno-informático para la selección y validación de epítopes (ED-1 y ED-5) y su posterior síntesis. Las pruebas ELISA permitieron medir la reactividad de cada epítope frente a los anticuerpos producidos. Los resultados mostraron rendimientos similares entre los epítopes vs el antígeno total lizado del parásito (ATL-AQP), utilizado como control de antigenicidad. Las medias de reactividad paraIgG fueron de 0.92 (IC 95%: 0.08–1.93) con ATL-AQP, 0.84 (IC 95%: 0.40–1.36) con ED-1 y 0.74 (IC 95%: 0.34–1.46) con ED-5, (*p value* = 0.8586, sin diferencias significativas). Para IgM, las medias de reactividad fueron 0.86 (ATL-AQP), 0.55 (ED-1) y 0.53 (ED-5), (*p value* = 0.3946, sin diferencias significativas). Por otra parte, al realizar la prueba con sueros de pacientes crónicos, ambos epítopes ED-1 y ED-5 alcanzaron una sensibilidad de 84% y 57% yuna especificidad del 100% y 95%, respectivamente. En conclusión, los epítopes sintéticos demostraron ser buenos antígenos y útiles para el inmunodiagnóstico de *T. cruzi*, constituyendouna alternativa eficaz a los antígenos convencionales en el diagnóstico de EC.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, *Trans*-sialidasa, Epítopes Antigénicos, ELISA indirecto.

Financiamiento: PCONFIGI 2025, Proyecto B25100231

DISEÑO DE UN CIRCUITO GENÉTICO PARA LA EXPRESIÓN DEL RECEPTOR DE GP63 PARA DETECCIÓN DE *Leishmania* sp. MEDIANTE REPORTERO FLUORESCENTE

Evelyn Victoria Leiva Pachas [1], Marina Liseth Gargate Motta[1], Benjamín Diaz Zamora[2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

evelynleiva1423@gmail.com , evelyn.leiva@unmsm.edu.pe (Evelyn Victoria Leiva Pachas)

La leishmaniasis es una enfermedad tropical desatendida causada por protozoarios parásitos del género *Leishmania*, transmitidos por la picadura de flebótomos hembras infectadas. Los síntomas de la enfermedad varían según la especie de *Leishmania* que parasita a los hospederos humanos provocando úlceras en la piel, lesiones mucosas y viscerales. Anualmente se registran entre 1.5 y 2 millones de nuevos casos y en Perú se presenta con mayor frecuencia la leishmaniasis cutánea. *Leishmania* presenta 2 estadios en su ciclo vital. El amastigote es la forma intracelular en el hospedero vertebrado mientras que el promastigote se encuentra en el vector flebótomo. Los métodos convencionales de diagnóstico como la observación microscópica de los amastigotes en muestras clínicas, las pruebas serológicas y la PCR, requieren infraestructura especializada y su implementación es limitada en zonas rurales. Por tal motivo, el objetivo de nuestro trabajo fue el diseño *in sílico* de un biosensor que detecta la glicoproteína gp63 de los amastigotes de *Leishmania*, utilizando un circuito genético en *Escherichia coli* BL21. Este circuito genético está constituido por una primera unidad que expresa constitutivamente el receptor de gp63 (gp63r_H) y una segunda unidad que expresa la proteína fluorescente verde (sfGFP) de forma inducida ante la presencia de *Leishmania* en muestras clínicas. Para el ensamblaje del plásmido *in sílico* se usó el método Biobrick. Como resultado se obtuvo un circuito sintético en *E. coli* BL21 para la detección rápida y específica de *Leishmania.* En conclusión, el circuito diseñado es una alternativa rápida y eficiente como dispositivo médico para diagnóstico *in vitro* de *Leishmania* en regiones endémicas con acceso limitado a equipos especializados. Finalmente se requiere evidencia experimental *in vitro* para optimización de la actividad del biosensor, así como evaluación de la sensibilidad, especificidad y modelado estructural del receptor de gp63.

Palabras clave: biosensor, *in sílico*, amastigote, plásmido.

Financiamiento: Proyecto *in sílico* autofinanciado y desarrollado durante el II Curso de Fundamentos y Aplicaciones de la Biología Sintética de la Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

COMPARACIÓN DE TRES DIFERENTES CONCENTRACIONES DE ETILENGLICIOL Y DMSO Y SU EFECTO EN LA VIABILIDAD Y PRODUCCIÓN ESPECIES REACTIVAS DE OXÍGENO (ROS) EN OVOCITOS INMADUROS DE ALPACA POSDESCONGELMIENTO

Brizza León Moreno[1], Zezé Bravo Gutierrez[1], Martha Valdivia Cuya[1]

[1]Laboratorio de Fisiología de la Reproducción, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

Zezé Bravo (zbravog@unmsm.edu.pe)

La vitrificación de ovocitos inmaduros de alpaca es una estrategia que puede permitir preservar su viabilidad a largo plazo y facilitar su uso posterior en técnicas de reproducción asistida. Dada la reciente implementación de protocolos para esta especie, es necesario optimizar la concentración de crioprotectores que asegure una alta supervivencia ovocitaria post-descongelamiento. El objetivo de este estudio fue comparar diferentes concentraciones de dimetilsulfóxido (DMSO) y etilenglicol (EG), para la vitrificación de ovocitos inmaduros de alpaca. Se recolectaron 67 ovarios de alpaca del Camal Municipal de Huancavelica, obteniéndose 68 complejos cúmulo-ovocito (COCs) mediante aspiración folicular. Los COCs se distribuyeron en tres tratamientos: T1 (15% EG + 15% DMSO), T2 (25% EG + 25% DMSO) y T3 (35% EG + 35% DMSO), todos en presencia de trehalosa 1M. El congelamiento se realizó colocando los ovocitos en medio de equilibrio durante 15 minutos (50% de la concentración final de crioprotectores) y 1 minuto y 30 segundos en el medio de vitrificación para luego colocar los ovocitos en un dispositivo de criotop y sumergir en nitrógeno líquido. El descongelamiento se realizó a 38°C en el medio de descongelamiento en una concentración decreciente de trehalosa (1M, 0.5M y 0.25M). La vitalidad ovocitaria se evaluó con azul de tripán al 4%, y aquellos que eran viables se les determinó la presencia de especies reactivas de oxígeno (ROS) mediante tinción con DCFDA (30 µg/ml) y observación por fluorescencia. La vitalidad luego del descongelamiento fue T1:76.4%; T2:35.3%; T3:0%. Los datos fueron analizados mediante el test exacto de Fisher. Los resultados evidenciaron diferencias significativas en la vitalidad entre T1 y T2 ($p=0.037$), T1 y T3 ($p<0.001$), y T2 y T3 ($p=0.018$). No hubo diferencias significativas en la producción de altos niveles de ROS entre T1 (33.3%) y T2 (50%) ($p=1.000$). En conclusión, el tratamiento con 15% EG + 15% DMSO, permitió mantener la mayor vitalidad y menor producción de ROS post-vitrificación. Las concentraciones de 35% EG y 35% DMSO son altamente dañinas para la supervivencia posdescongelamiento.

Palabras clave: congelación, alpaca, tripán, estrés oxidativo

Financiamiento: PCONFIGI 2024, RESOLUCIÓN RECTORAL N° 004345-2024-R/UNMSM

EVALUACIÓN DEL EFECTO DE LA CISTEAMINA EN LA MADURACIÓN *IN VITRO* DE OVOCITOS DE *Vicugna pacos*

Brizza León-Moreno[1], Zezé Bravo Gutierrez[1], Martha Valdivia Cuya[1]

[1]Laboratorio de Fisiología de la Reproducción, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

Zezé Bravo zbravog@unmsm.edu.pe

La maduración in vitro (IVM) de ovocitos de alpaca es crucial para optimizar las tasas de desarrollo embrionario, por lo que el entendimiento de sus procesos y requerimientos es relevante dentro la biotecnología de esta especie. La cisteamina, un antioxidante que participa en la vía del glutatión, ha sido utilizada en cultivos *in vitro* para mejorar la maduración y el desarrollo. El objetivo de este estudio fue evaluar si la suplementación de cisteamina en el medio de cultivo influye en la tasa de maduración ovocitaria en la alpaca. Desde 262 ovarios de alpaca provenientes del Camal Municipal de Huancavelica se aislaron 304 complejos cúmulo-ovocito aspirados a partir de folículos de entre 3 y 7 mm. Los ovocitos se maduraron en medio TCM 199 y fueron cultivados a 38.5° C, 5% de CO2 y 100% de humedad relativa durante 31 horas. Se realizaron 4 grupos de estudio suplementados con 50 µM, 100 µM, 200 µM de cisteamina y un grupo control. La maduración ovocitaria fue realizada mediante la observación del primer cuerpo polar. Los resultados de maduración se analizaron con ANOVA. La tasa de maduración observada fue de 63.70%± 16%, 71.68%± 13% y 65.86% ± 23), para las concentraciones de cisteamina de 50 µM, 100 µM, 200 µM respectivamente y 75.76%± 17% para el control. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los tratamientos en ninguno de los parámetros evaluados ($p > 0.05$). Estos resultados sugieren que la cisteamina, en las concentraciones utilizadas, no mejora la maduración ovocitaria de los ovocitos de alpaca. La ausencia de este efecto podría sugerir que la vía antioxidante del glutatión tendría una menor importancia frente a otras vías metabólicas como reserva o agente antioxidante durante la maduración ovocitaria en alpaca.

Palabras clave: antioxidante, alpaca, suplementación, cultivo *in vitro*

Financiamiento: PCONFIGI 2022, RESOLUCIÓN RECTORAL N° 005557-2022-R/UNMSM

TRANSFERENCIA CONJUGATIVA DE PLÁSMIDOS DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN BACTERIAS AISLADAS DEL ÁREA DE CONSERVACIÓN REGIONAL "HUMEDALES DE VENTANILLA" (LIMA-PERÚ)

Autor: Milagros Lino-Mendoza[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Acuática y Aplicaciones Tecnológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

msulcal@unmsm.edu.pe

El Área de Conservación Regional Humedales de Ventanilla (ACRHV) (Lima-Perú), es un ecosistema afectado por la actividad humana, evidenciada mayormente por la presencia de microorganismos indicadores de contaminación fecal. Hasta el momento no existen estudios que establezcan información sobre la resistencia antimicrobiana y su potencial diseminación genética en este entorno por parte de estos tipos de microorganismos. El objetivo de este estudio fue aislar, caracterizar los perfiles de resistencia a antibióticos y evaluar la transferencia conjugativa de plásmidos de las bacterias potencialmente patogénicas aisladas del ACRHV. Se recolectaron muestras de agua superficial y las bacterias resistentes presentes en estas fueron aisladas mediante el uso de medios de cultivo selectivos o suplementados con diversos antibióticos como ciprofloxacino, ceftriaxona, meropenem y vancomicina. La concentración mínima inhibitoria (CMI) hacia estos antibióticos, mediante método de microdilución en caldo en placas de 96 pozos, por parte de las bacterias aisladas también fue realizada. Además, se realizaron ensayos de curado de plásmidos y pruebas de conjugación bacteriana para evaluar la transferencia conjugativa de plásmidos con genes de resistencia a los antibióticos probados. Se obtuvieron 56 cepas resistentes a al menos un antibiótico. El 55.36%, 69.64%, 32.1% y 92.86% de los aislados presentaron resistencia a ciprofloxacino, ceftriaxona, meropenem y vancomicina, respectivamente. Siete cepas multirresistentes superaron las concentraciones críticas para vancomicina, y se confirmó que la resistencia estaba mediada por plásmidos. Posteriormente, se seleccionaron tres cepas para ensayos de conjugación, detectándose transferencia de plásmidos portadores de genes de resistencia a ceftriaxona, meropenem y vancomicina, con frecuencias de 6.1×10^{-1}, 1.41×10^{-1} y 3.2×10^{-1}, respectivamente. Este estudio representa el primer reporte sobre resistencia antimicrobiana y transferencia genética horizontal en bacterias ambientales del ACRHV. Los resultados muestran la importancia de monitorear estos ecosistemas para evitar que estas resistencias se propaguen en la naturaleza.

Palabras clave: multirresistencia, conjugación bacteriana, plásmidos

Financiamiento: PCONFIGI 2023 Código: B24102241

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS NATIVAS TOLERANTES A CADMIO A PARTIR DE LA RIZOSFERA DE *Theobroma cacao* L "CACAO" Y EVALUACIÓN DE SU POTENCIAL COMO PROMOTORAS DE CRECIMIENTO EN PLANTAS

Julian David Lopez Muñoz[1], Viviana Pierina Pasapera Palacios[1], Angel Abraham Timana Cordova[1], Mariel Elizbeth Mogollón Bolaños[1], Carlos Enrique Cubas Zúñiga[1], Julia Ticona Michilot[1]

[1]Laboratorio de Investigación en Biotecnología, Facultad de Ciencias, Escuela Profesional de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Piura (UNP), Piura, Perú

julianlopez012810@gmail.com (Julian David – Lopez Muñoz)

El estudio abordó el problema de la contaminación por cadmio (Cd) en suelos agrícolas de Piura, que afecta los cultivos de *Theobroma cacao* L. "cacao" y su comercialización, debido a los estrictos límites establecidos por la Unión Europea (0,80 ppm). Se aislaron bacterias de la rizosfera del cacao tolerantes a Cd, evaluando su capacidad para producir ácido indol acético (AIA) y solubilizar fosfatos. Se recolectaron muestras de raíces a una profundidad de 5 – 15 cm en tres distritos de Piura: Las Lomas, Platanal Bajo y San Juan de Bigote. Las muestras se cultivaron en caldo BHI con 5 ppm de CdCl2 durante 12 horas a temperatura ambiente y agitación de 120 rpm. Posteriormente, se realizaron de 10^{-1} – 10^{-5} y se sembraron en agar TSA, obteniendo 39 cepas puras correspondientemente codificadas. Estas se evaluaron mediante pruebas colorimétricas para AIA, mezclando el sobrenadante bacteriano con reactivo de Salkowski y ácido ortofosfórico (85%), y mediante ensayos cualitativos de solubilización de fosfatos en agar Pikovaskaya modificado para determinar el Índice de Solubilización de Fosfatos (PSI). De las 39 cepas, 8 mostraron capacidad para producir AIA y solubilizar fosfatos, destacando la cepa SJB 4/-1 con un PSI de 4,19 mm. Estos resultados indican que existen bacterias tolerantes al cadmio en la rizosfera del cacao piurano con potencial para promover el crecimiento vegetal y reducir la biodisponibilidad del Cd, lo que podría ser clave para mitigar su impacto socioeconómico. El presente estudio sugiere que estas rizobacterias podrían emplearse en estrategias de biorremediación para mejorar la calidad del cacao y cumplir con los estándares internacionales.

Palabras clave: rizobacterias, aislamiento, producción de AIA, solubilización de fosfatos, *Theobroma cacao*

Financiamiento: Fondos del Canon, Sobrecanon y Regalías Mineras - 2024

EVALUACIÓN COMPARATIVA DE LA EFICACIA DE COLUTORIOS ODONTOPEDIÁTRICOS CONTRA *Streptococcus mutans* CLARKE ATCC 25175 MEDIANTE ENSAYO DE DIFUSIÓN EN AGAR

Naydú Manayalle-Carrero[1], Katerine More-Neyra[1], Luis Medina-Manosalva[2], Carlos A. Fernández-Miñope[2*]

[1]Escuela de Posgrado, Universidad Señor de Sipán, Chiclayo, Perú

[2]Laboratorio de Investigación en Ciencias de la Salud, Universidad Señor de Sipán, Chiclayo, Perú

fernandezcarl@uss.edu.pe (Carlos Fernández Miñope)

La caries dental infantil es la enfermedad bucal más frecuente en niños en edad escolar y constituye un problema de salud pública mundial. *Streptococcus mutans*, bacteria grampositiva acidógena, cumple un papel clave en su etiología, lo que motiva la búsqueda de estrategias preventivas para reducir su colonización. Los colutorios bucales, de venta libre, se proponen como herramientas complementarias en odontopediatría, aunque su eficacia específica frente a S. mutans no siempre cuenta con evidencia científica independiente. El presente estudio tuvo como objetivo comparar el efecto antibacteriano in vitro de tres colutorios odontopediátricos comerciales (Colgate Plax Kids - T1, Dentito Kids - T2 y Oral Fresh Kids - T3) sobre *S. mutans* ATCC 25175 mediante el método de difusión en agar (Kirby-Bauer modificado). Se empleó un diseño completamente aleatorizado con cinco grupos experimentales: tres tratamientos, un control positivo (clorhexidina 0.12%) y un control negativo (tampón fosfato salino). Se aplicaron 100 µL de cada colutorio en pocillos de 8 mm sobre placas inoculadas con una suspensión estandarizada (1.5×10^8 UFC/mL) y se incubaron a 37 °C durante 24 horas. Posteriormente, se midió el diámetro de los halos de inhibición con vernier digital y los datos se analizaron mediante las pruebas de Kruskal–Wallis y Dunn, con corrección de Bonferroni ($p < 0.05$). Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los grupos ($H = 139.12$; $p < 0.0001$). El colutorio T2 mostró mayor efecto inhibitorio (mediana = 28.0 mm) que T1 (18.3 mm) y T3 (17.5 mm), aunque menor que el control positivo (32.8 mm). El control negativo no presentó inhibición. Los resultados evidencian variaciones en la eficacia antibacteriana de las formulaciones comerciales evaluadas y destacan el valor de los ensayos *in vitro* como herramientas comparativas para respaldar o cuestionar afirmaciones comerciales en odontopediatría preventiva.

Palabras clave: caries infantil, ensayo in vitro, eficacia antibacteriana, odontopediatría preventiva

Financiamiento: Autofinanciado

EVALUACIÓN DEL SISTEMA KITASATO EN LA VITRIFICACIÓN DE OVOCITOS INMADUROS DE ALPACA

Valdivia Martha[1], Quispe Juana[1], Samuel Cusihuallpa-Cuchón[2,] Marelli Berrios y Zezé Bravo[1]

[1]Laboratorio de Fisiología de la Reproducción, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Biología Celular, Departamento de Biología del Desarrollo, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de San Agustín (UNSA), Arequipa, Perú

Martha Valdivia mvaldiviac@unmsm.edu.pe

La criopreservación de ovocitos representa una alternativa prometedora frente a la limitada disponibilidad de ovocitos en alpaca, y podría optimizar la producción in vitro (PIV) de embriones en esta especie. El objetivo de este estudio fue evaluar la eficacia del sistema de vitrificación Kitasato (SVK) en la criopreservación de ovocitos inmaduros de alpaca (OIA). Para ello, se recolectaron ovarios en el camal Municipal de Huancavelica y se transportaron a 23 °C durante 22 horas. Los complejos cúmulo-ovocito (COCs) se aspiraron de folículos grandes (3–8 mm) y las células del cúmulo se removieron con hialuronidasa al 0,1 %. Como indicador de la competencia inicial, los COCs se tiñeron con azul de cresilo brillante (BCB) a 26 µM durante 90 min. Se vitrificaron 41 OIA con el sistema SVK y se almacenaron en nitrógeno líquido un mes. Luego del descongelamiento, los ovocitos se incubaron en 5% de CO_2 por 3 h en tres grupos: medio M199 (n=21), M199 con resveratrol 2 µM (n=16) y H_2O_2 10 µM (n=4). Posteriormente, se evaluó el estrés oxidativo midiendo la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS) mediante microscopía confocal. Los resultados mostraron que inicialmente el 76,7 % de los ovocitos fueron competentes (BCB+). Mientras que, después del descongelamiento, el grupo con resveratrol presentó menor producción de ROS, sin diferencias significativas en la integridad del ADN. Estos hallazgos sugieren que el SVK es una opción viable para la vitrificación de OIA, y que el Resveratrol podría ejercer un efecto protector frente al daño oxidativo post-desvitrificación.

Palabras clave: Criopreservación, daño oxidativo, resveratrol, complejo cumulo-ovocito, alpaca

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 004305-R-24 con código de proyecto B24100121.

ESTUDIO DE DISTRIBUCIÓN ALÉLICA DE LA VARIANTE CCR5Δ32 EN UNA MUESTRA DE LA POBLACIÓN DE AREQUIPA

Stefany Mendoza[1], Marie Zapata[1], Ada Mendoza[1] Margarita Velasquez[1], Jesús Córdova[1], Leyda Cabrera[2], Jaime Descailleaux[1], Claudia Barletta-Carrillo[1]

[1]Laboratorio de Genética Humana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Citogenética y Bioensayos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

cbarlettac@unmsm.edu.pe (Claudia Barletta Carrillo)

La infección por el VIH-1 representa un desafío global significativo, y la comprensión de los factores genéticos que influyen en su susceptibilidad o resistencia es crucial para el desarrollo de estrategias preventivas y terapéuticas. Uno de los mecanismos de resistencia más estudiados involucra al receptor 5 de quimiocina CC humano. Una deleción de 32pb en el gen *CCR5*, conocida como CCR5Δ32, produce una proteína defectuosa, lo que brinda a quienes la portan una notable resistencia a la infección por VIH-1. Esta deleción impide que el virus se adhiera y fusione con células CD4+. Dada la importancia de CCR5Δ32 en la patogénesis del VIH-1, este estudio tuvo como objetivo analizar la distribución de la frecuencia alélica de CCR5Δ32 en una muestra poblacional de Arequipa, con el fin de contribuir al conocimiento epidemiológico y genético local de la resistencia al VIH-1. La caracterización molecular de CCR5Δ32 en 96 individuos fue realizada a partir de un extracto de ADN obtenido de sangre periférica, amplificación por PCR con cebadores dirigidos y separación de los productos por electroforesis en gel de poliacrilamida al 8%. Los genotipos CCR5wt/CCR5wt y CCR5wt/CCR5Δ32 se encontraron con una frecuencia de 92.7 y 7.3%, respectivamente, con ausencia de individuos CCR5Δ32/ CCR5Δ32. La frecuencia alélica para CCR5wt fue de 96.35% y para CCR5Δ32 de 3.65%. Adicionalmente, se demostró mediante un test de chi cuadrado que la muestra poblacional se encuentra en equilibrio genético de Hardy-Weinberg. Si bien CCR5Δ32 en homocigosis confiere una resistencia casi completa al VIH-1, se ha reportado que individuos heterocigotos presentan progresión lenta de la enfermedad. Los resultados obtenidos revelan que, si bien CCR5Δ32 ha sido reportada principalmente en poblaciones caucásicas, no se encuentra ausente en la muestra poblacional evaluada. Esto destaca la importancia de investigar esta variante en la región, evidenciando el legado del mestizaje con poblaciones caucásicas.

Palabras clave: CCR5Δ32, poblaciones peruanas, resistencia a VIH-1

Financiamiento: PSINFINV B23100032

AISLAMIENTO Y SELECCIÓN DE CEPAS DE *Bacillus* spp. CON POTENCIAL PGPR COMO BIOFERTILIZANTE Y BIOESTIMULANTE

Daniel Alberto Merino Ramos, Agustín Soto Camacho, Mario Alcarraz Curi

[1]Laboratorio de Bioprocesos Industriales de Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiologia y parasitologia

daniel.merino@unmsm.edu.pe (Daniel Alberto Merino Ramos)

En los últimos años la importancia de buscar mejores opciones para una agricultura ecológica sostenible sigue en aumento, dejando de lado el uso de agroquímicos y abriendo camino hacia herramientas naturales. Una de ellas es el uso de microorganismos que promuevan la salud y crecimiento de los cultivos agrícolas. El género *Bacillus* destaca por su capacidad como PGPR y bioestimulante, al mejorar la absorción de nutrientes, producir fitohormonas como el ácido indolacético (AIA) y generar sideróforos. El objetivo de este estudio fue aislar cepas de *Bacillus* spp., evaluar su capacidad como PGPR con distintos medios de cultivo y medir la producción de AIA a través del uso de triptófano como sustrato precursor. Los aislados se purificaron a partir de tierra rizosférica de palto. La evaluación enzimática cualitativa se realizó inoculando 10 uL de cultivo bacteriano por triplicado de forma equidistante en cada una de las Placas de Petri con Agar PVK, Agar CAS y Agar Ashby. La producción de AIA se evaluó usando caldo LB + triptófano como precursor. Se usaron microplacas para obtener los valores de OD de cada cultivo bacteriano y se obtuvieron los valores en ug/ mL usando una curva patrón. Se obtuvieron 7 aislados de los cuales 2 resultaron positivos en todos los medios de cultivo: Agar PVK, Agar CAS y Agar Ashby. En relación con la producción de ácido indolacético (AIA), la mayor concentración registrada fue de 21.9 ug/mL. Los resultados obtenidos muestran el potencial de estos microorganismos para ser empleados como biofertilizantes y bioestimulantes que mejoren el crecimiento y la salud de los cultivos manteniendo una agricultura amigable con el medio ambiente.

Palabras clave: Agricultura, crecimiento, cromoazurol S, ácido indol acético

IDENTIFICACIÓN Y GENÓMICA COMPARATIVA DE *Shewanella putrefaciens* Y *Aeromonas dhakensis* CON CAPACIDAD DE DECOLORACIÓN DE ANARANJADO DE METILO COMO MODELO DE UN COLORANTE AZOICO

Brizeth Melissa Molina Ramos[1], Magerlyn Huamantalla-Huamán[1], Jaime Aldo Antezana Mejía[1], César Bryan Reyes Moreno[1], Abraham Espinoza-Culupú[1], Pablo Ramirez[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

pramirezr@unmsm.edu.pe

Los colorantes azoicos son usados ampliamente en diferentes industrias, entre ellas la industria textil. Esto representa un desafío ambiental debido a la naturaleza recalcitrante de los colorantes. En el presente estudio se analizaron dos cepas bacterianas aisladas de lodos residuales textiles, *Shewanella putrefaciens* HL1a y *Aeromonas dhakensis* HL1b, ya que ambas mostraron capacidad para decolorar anaranjado de metilo, colorante que fue usado como modelo por tener un solo grupo azo. El objetivo fue identificar genes relacionados con este proceso y caracterizar comparativamente sus genomas. En primer lugar, se evaluó la eficiencia de decoloración en medio líquido suplementado con el colorante, y se observó que la decoloración alcanzó el 100 % por parte de la cepa HL1a en 8 horas, mientras que la cepa HL1b alcanzó el mismo nivel en 40 horas. Posteriormente, se realizó la extracción, secuenciación, ensamblaje y anotación de los genomas, donde se obtuvieron tamaños de 4.3 Mb y 4.6 Mb, respectivamente. El análisis genómico permitió identificar clúster de genes *mtrCAB*, *NetBCD* y los genes *cymA y pdsA*, asociados a la transferencia de electrones desde la membrana interna al espacio extracelular. También se lograron detectar elementos genéticos móviles, tales como profagos y plásmidos, además de genes relacionados con resistencia a antibióticos y virulencia, lo que podría conferir ventajas adaptativas en ambientes contaminados. En consecuencia, los resultados respaldan el potencial de estas cepas para aplicaciones biotecnológicas en la biorremediación de efluentes industriales, principalmente *Shewanella putrefaciens* HL1a.

Palabras clave: Biodecoloración, anaranjado de metilo, genómica

Financiamiento: Proyecto con código B2410003m financiado por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado y parcialmente por Prociencia con contrato PE501082486-2023.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE GENES ASOCIADOS A LA SÍNTESIS DE MICROCISTINA EN AISLADOS DE *Microcystis* sp. DE CUERPOS DE AGUA DE LIMA, PERÚ

Lita Lorena Molina Huapaya[1,2], Aldair Oscar Enríquez Cordova[1], Haydee Montoya Terreros[1], Margarita Andreu Rivera[2], Nélida Simona Marín Huachaca[2], Marcos Alejandro Sulca-López[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Acuática y Aplicaciones Tecnológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM),

[2]Laboratorio de Investigación del Agua, Facultad de Ingeniería Ambiental, Universidad Nacional de Ingeniería (UNI), Lima, Perú.

litalorena.molina@unmsm.edu.pe (Lita Lorena Molina-Huapaya)

Las floraciones de cianobacterias son un fenómeno frecuente en los humedales de la región de Lima, como resultado del proceso de eutrofización. Entre las especies más comunes se encuentra *Microcystis* sp., capaz de producir microcistina con efectos hepatotóxicos. El objetivo del presente estudio fue detectar los genes del complejo ***mcy***, responsables de la biosíntesis de microcistina, en aislados de *Microcystis* sp. de diversos cuerpos de agua en Lima, Perú. Los muestreos se realizaron por triplicado en distintas estaciones de los humedales. Las cianobacterias fueron aisladas en medio BG11 y posteriormente identificadas mediante métodos morfológicos utilizando microscopía óptica. La presencia de los genes del complejo *mcy* se analizó mediante el uso de cebadores específicos para los genes *mcyA, mcyB, mcyE, mcyF* y *mcyH*. La amplificación del ADN se realizó mediante la técnica de la PCR de punto final y la visualización de los productos amplificados mediante electroforesis en gel de agarosa. Las cepas aisladas fueron identificadas como *Microcystis* sp. Se logro la amplificación de los genes *mcyB, mcyE, mcyF* y *mcyH*. Sin embargo, no se logró amplificar el gen *mcyA* en ninguna de las cepas analizadas. La detección de los genes *mcyB, mcyE, mcyF* y *mcyH* sugiere que las cepas de *Microcystis* sp. tienen el potencial de producir microcistinas, dado que son parte del clúster génico involucrado en su biosíntesis. No obstante, la ausencia de la amplificación del gen *mcyA*, esencial para la síntesis de microcistina-LR, plantea interrogantes sobre la integridad funcional del clúster *mcy*. Este hallazgo resalta la complejidad genética de *Microcystis* y sugiere la posible existencia de variantes toxigénicas atípicas o incompletas. Se recomienda complementar estos resultados con estudios de expresión génica y análisis químicos de toxinas para evaluar con mayor precisión el riesgo ecológico y sanitario asociado a estas cepas.

Palabras clave: *Microcystis* sp., microcistina, toxina, cianobacteria.

ESPACIOS INTERGÉNICOS Y GENES SUPERPUESTOS EN EL MITOGENOMA DE SCOLODONTINA

Jaime Morin[1,2,3], Rina Ramírez[1,2], Alejandro Mendivil[1,2], Elthon Hinojosa[1,2], Jorge L. Ramirez[1,2], Pedro Romero[1], Nilda Oliveros[1], Carlos Congrains[4,5]

[1] Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Carlos Germán Amezaga 375, Lima 15081, Peru.

[2] Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Lima 15046, Peru.

[3] Department of Natural History, NTNU University Museum, Norwegian University of Science and Technology, Erlings Skakkes gate 47B, 7012 Trondheim, Norway.

[4] Department of Plant and Environmental Protection Services, University of Hawaii at Manoa, Honolulu, HI 96822, USA.

[5] U.S. Department of Agriculture-Agricultural Research Service, Daniel K. Inouye U.S. Pacific Basin Agricultural Research Center, Tropical Pest Genetics and Molecular Biology Research Unit, Hilo, HI 96720, USA.

rramirezm@unmsm.edu.pe

El Perú es un país megadiverso con altos niveles de endemismo, como el observado en los pequeños caracoles terrestres de la familia Scolodontidae. Estudios previos de nuestro grupo (GI-EMBPE) revelaron, mediante marcadores moleculares, que esta familia representa uno de los tres grandes clados dentro de Stylommatophora, un grupo que abarca la mayoría de caracoles y babosas terrestres, reconocidos ahora como subórdenes: Achatinina, Helicina y Scolodontina. Sin embargo, estas inferencias se basaron en segmentos cortos de ADN. En este trabajo, se generaron los primeros genomas mitocondriales completos de Guestieria branickii Lubomirski, 1879 y Systrophia helicycloides (d'Orbigny, 1835), mediante secuenciación Illumina de fragmentos cortos, seguido del ensamblaje y la anotación de los mitogenomas. El mitogenoma de G. branickii (13,579 pb) presentó 13 regiones intergénicas (299 pb, 2.2%), destacando una de 78 pb entre tRNA-Pro y ND6. También mostró superposiciones extensas entre ND4L–CytB (56 pb) y ND2–tRNA-Val (47 pb). En contraste, S. helicycloides (13,795 pb) exhibió solo 7 regiones intergénicas (67 pb, 0.48%), siendo la mayor de 23 pb entre COX3 y tRNA-Ile. Esta especie también presentó superposiciones notables, como ND5–ND1 (73 pb) y tRNA-Pro–ND6 (52 pb). Estas diferencias reflejan una divergencia estructural significativa en ambos genomas mitocondriales, sugiriendo que el clado podría albergar una diversidad genética subestimada. Este estudio no solo aporta información inédita sobre la variación genética en el clado Scolodontina, sino que también refuerza el valor de los mitogenomas completos como herramientas para esclarecer la historia evolutiva y diversidad genética de linajes endémicos del Neotrópico.

Palabras clave: Scolodontidae, Genoma mitocondrial, Diversidad genética, Stylommatophora

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Vicerrectorado de Investigación y Posgrado, PCONFIGI B23100671.

GENERACIÓN DE BANDAS G A PARTIR DE SECUENCIAS GENÓMICAS MEDIANTE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO (*MACHINE LEARNING*)

George Muñoz-Esquivel[1], Wilser Andrés García-Quispes[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

george.munoz@unmsm.edu.pe (George Muñoz-Esquivel)

Los patrones obtenidos a través del bandeo cromosómico (bandas G) permiten la creación de cariogramas en diferentes organismos, facilitando la identificación de anomalías cromosómicas. Las bandas G, generadas mediante tinción con Giemsa, reflejan la variabilidad en la estructura y composición del ADN, incluyendo el contenido de guanina-citosina (GC), la presencia de islas CpG y la abundancia de elementos repetitivos LINE/SINE. Sin embargo, la predicción computacional de estos patrones ha sido un desafío debido a la complejidad estructural de los cromosomas y la falta de umbrales claros que definan si una región se tiñe o no. Para superar estas limitaciones, se implementaron algoritmos de aprendizaje supervisado que permiten predecir de manera *in silico* la aparición de bandas G, generando idiogramas teóricos a partir de características moleculares extraídas del genoma humano. Los modelos entrenados alcanzaron valores de AUC superiores a 0.8, indicando un alto poder predictivo. Los resultados obtenidos fueron comparados con modelos clásicos, como los basados en programación dinámica y modelos ocultos de Markov, mostrando una mejora significativa en precisión y aplicabilidad. Este enfoque no solo valida la correlación entre las características genómicas y los patrones de tinción, sino que también ofrece una herramienta robusta y eficiente para estudios genómicos, biomédicos y citogenéticos. Aunque el enfoque fue probado inicialmente en el genoma humano, se plantea su extensión a otras especies, particularmente aquellas con cromosomas de difícil bandeo, con el objetivo de mejorar la generación de idiogramas teóricos en contextos donde la tinción convencional resulta limitada.

Palabras clave: bandeo cromosómico, idiograma, aprendizaje automático, mapas cromosómicos, anomalías cromosómicas.

Financiamiento: No especificado.

CARACTERIZACIÓN FISICOQUÍMICA DEL EXTRACTO ETANÓLICO DE HOJAS DE *Bixa orellana* L. RECOLECTADAS EN LIMA CON ENFOQUE FARMACOGNÓSTICO PRELIMINAR

Elizabeth Consuelo Ortega Romero[1]; Angie Rosario Chumpitaz Mesias[2], Mireyli Alvarez Leyva[3], Bhrischyll Barrios Berrocal[3], Sonia Hernández Cerna[3], Edilia Huamán Porras[3], L. Sofia Carolina Medina Carranza[2], Mónica Guadalupe Retuerto Figueroa[2], Eva Ramos Llica[4], Jossimar Huamani Tarazona[3]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Grupo de Investigación Biolifs; Departamento de Farmacología, Bromatología y Toxicología; Laboratorio de Botánica; Facultad de Farmacia y Bioquímica

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Grupo de Investigación Farmacognosia y Medicina Tradicional; Departamento de Farmacología, Bromatología y Toxicología; Laboratorio de Botánica; Facultad de Farmacia y Bioquímica

[3]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Departamento de Farmacología, Bromatología y Toxicología; Laboratorio de Farmacognosia y Medicina Tradicional "Bertha Jurado Teixeira"

[4]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Grupo de Investigación Plantas Medicinales, Alimenticias y con potencial Toxicológico. Departamento de Farmacología, Bromatología y Toxicología; Laboratorio de Botánica; Facultad de Farmacia y Bioquímica.

eortegar@unmsm.edu.pe

Bixa orellana L. es una planta tradicionalmente empleada en la medicina natural y como colorante, ampliamente estudiada en regiones tropicales, pero con escasa documentación sobre su perfil fitoquímico en contextos urbanos costeros. Este trabajo se propuso caracterizar fisicoquímicamente el extracto etanólico de hojas de *B. orellana* recolectadas en Lima Metropolitana y evaluar su potencial desde un enfoque farmacognóstico, orientado a la validación preliminar de su uso tradicional en entornos no amazónicos. La metodología incluyó la recolección de hojas en Lima, su secado a temperatura ambiente y posterior maceración en etanol al 96%. Se aplicaron pruebas de tamizaje fitoquímico cualitativo mediante reacciones colorimétricas estándar y cromatografía en capa fina (TLC), así como la determinación de parámetros fisicoquímicos: pH, densidad, grados Brix, índice de refracción y solubilidad en diversos solventes. El análisis reveló una presencia destacada de compuestos fenólicos en mayor abundancia, seguida por antraquinonas, alcaloides y glicósidos; los flavonoides se detectaron moderadamente, mientras que taninos y saponinas estuvieron presentes en menor proporción. La cromatografía confirmó la presencia de flavonoides como rutina y quercetina. Los parámetros fisicoquímicos fueron consistentes con estándares compatibles con formulaciones tradicionales (pH entre 4 y 5; densidad de 0.827 g/mL) y el extracto presentó solubilidad parcial en agua y etanol. Los resultados indican que, incluso en condiciones urbanas de costa, *B. orellana* mantiene un perfil fitoquímico comparable al de muestras procedentes de otras regiones. Esta caracterización preliminar contribuye a validar sus usos tradicionales y sienta las bases para la estandarización de extractos vegetales obtenidos fuera del ámbito amazónico. Asimismo, promueve la revalorización de especies medicinales cultivadas en espacios urbanos y resalta el valor formativo de integrar prácticas farmacognósticas aplicadas en la educación científica universitaria.

Palabras clave: metabolitos secundarios, cromatografía, medicina tradicional, especies urbanas

Financiamiento: Autofinanciado; proyecto desarrollado en el marco del curso de Farmacognosia I de la Facultad de Farmacia y Bioquímica (UNMSM)

IDENTIFICACIÓN DE EPÍTOPOS LINEALES DE PICTOLISINA III, UNA METALOPROTEINASA HEMORRÁGICA DEL VENENO DE LA SERPIENTE *Bothrops pictus* (SERPENTES: VIPERIDAE)

Víctor Otárola[1], Raul Rivas[1], Tania Broncano[1], Alex Proleón[1], Fanny Lazo[1], Edith Rodríguez[1], Armando Yarlequé[1], Dan Vivas-Ruiz[1]

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

dvivasr@unmsm.edu.pe (Dan Vivas-Ruiz)

Las metaloproteinasas son las enzimas más abundantes en los venenos de víboras y presentan múltiples actividades biológicas, destacándose principalmente sus efectos hemorrágicos, su capacidad para inducir o inhibir la agregación plaquetaria y la activación de ciertos factores de la coagulación. *Bothrops pictus* es una víbora endémica del Perú y es la principal responsable de los accidentes ofídicos producidos en la costa central del país. Esta investigación tuvo como objetivo identificar epítopos lineales de la metaloproteinasa hemorrágica Pictolisina III presente en el veneno de *B. pictus.* La secuencia de aminoácidos de Pictolisina III fue obtenida de la base de datos Protein (NCBI) con el código de accesión WLW15890. Se diseñó una matriz de péptidos superpuestos considerando que cada péptido presente 14 aminoácidos y haya un desplazamiento de 3 residuos respecto a la secuencia del péptido predecesor. Los péptidos fueron sintetizados mediante la técnica 'SPOT Synthesis' sobre una membrana de celulosa empleando un equipo CEM MultiPep 1. Los epítopos de Pictolisina III fueron revelados mediante inmunoensayo frente al antiveneno botrópico polivalente producido por el Instituto Nacional de Salud (INS). En total se sintetizaron 137 péptidos lineales superpuestos. El mapeo de epítopos puso en evidencia que, de éstos, 40 péptidos fueron reconocidos por el antiveneno. Dichos péptidos abarcan regiones en común de la estructura primaria de Pictolisina III, y en su mayoría corresponden al dominio catalítico. El grado de antigenicidad de los epítopos revelados fue superior en comparación con los demás péptidos reconocidos por el antiveneno. Los epítopos identificados representan un recurso valioso para la obtención de anticuerpos neutralizantes contra la Pictolisina III de *B. pictus*. Este trabajo marca un hito en la toxinología peruana al aplicar la biotecnología de péptidos para una mejor compresión en la terapia inmunogénica.

Palabras clave: Pictolisina III, síntesis, mapeo de epítopos, veneno, *Bothrops pictus*.

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación y Posgrado - UNMSM (PCONFIGI-B24100441). Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados - Contratos N° PE501088550-2024-PROCIENCIA y N° PE501085438-2023-PROCIENCIA-BM.

ABSORCIÓN DE CARBONO EN TRES CULTIVOS MACROALGALES EN LA COSTA CENTRAL DEL PERÚ

Carlos Paredes-Delgado[1], Hector Aponte[1], Antonio Calderón[2], Max Castañeda[2], Arturo Mires[2], Paul Baltazar-Guerrero[1 2]

[1]Facultad de Ciencias Veterinarias y Biológicas, Biología Marina, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú, Lima 15067.

[2]Grupo de Investigación en Acuicultura Sostenible, Laboratorio de Investigación en Cultivos Marinos (LICMA), Dirección General de Investigación, Desarrollo e Innovación, Universidad Científica del Sur, Lima 15067.

100072876@cientifica.edu.pe (Carlos Paredes-Delgado)

El cambio climático es una problemática latente y preocupante tanto a nivel social como ecosistémico. Este desafío intergubernamental influye en múltiples disciplinas, lo que ha generado un gran interés en el secuestro de carbono antropogénico por parte de los sumideros naturales de carbono. Se ha demostrado que los bosques de algas pardas pueden fijar más carbono por área que los bosques terrestres; en ese contexto, las algas rojas están ganando interés como potenciales sumideros de carbono, especialmente las especies del género *Gracilariopsis*. El objetivo de este proyecto es estimar la absorción de carbono en cultivos de algas pardas (*Macrocystis pyrifera*) y rojas (*Gracilariopsis lemaneiformis* y *Chondracanthus chamissoi*) de la costa central del Perú. La evaluación se realizó en las zonas de El Carbón (Pucusana, Lima) y San Andrés (Pisco, Ica) siguiendo una metodología que incluye la estimación del almacenamiento de carbono a partir de la biomasa, el porcentaje de biomasa seca y el porcentaje de carbono. Los resultados indican que *M. pyrifera* presenta la mayor captura de carbono con 0.07 tonC/Ha. En el caso de *G. lemaneiformis* y *C. chamissoi* las diferencias no fueron notables, teniendo una captura de carbono máxima de 0.002 tonC/ha. Para las 3 especies, se tuvieron notables diferencias entre las temporadas evaluadas. Se observó que primavera fue la temporada donde la captura de carbono en *M. pyrifera* fue mayor debido a las temporadas de reclutamiento y aumento de biomasa. Esto evidencia una gran alternativa de mitigación del cambio climático debido a que a partir de la acuicultura de algas podemos tener beneficios económicos y ecosistémicos.

Palabras clave: algas rojas, algas pardas, almacenamiento, mitigación

Financiamiento: LICMA, Blue Mood y Autofinanciamiento

CONTENIDO DE ADN NUCLEAR DE DIEZ ESPECIES DE ORQUÍDEA DE CORDILLERA ESCALERA

Alejandro Principe-Chipana[1], Alexandra Roldan-Toribio[2], María Gisella Orjeda-Fernández[3].

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

morjedaf@unmsm.edu.pe (María Gisella Orjeda Fernández)

El contenido de ADN nuclear es una importante herramienta que sirve para describir la ploidía, comprender la evolución genómica y explorar la diversidad en las plantas. Además, es relevante para programas de mejoramiento genético y para la planificación de proyectos más avanzados, como la secuenciación del genoma. Sin embargo, a pesar de su utilidad, la base de datos de valores C del Jardín Botánico de Kew solo registra información para 415 especies de orquídeas, de las cuales menos del 2 % tienen distribución natural en Perú, lo que resalta la escasez de estudios genómicos en orquídeas peruanas. La Cordillera Escalera, es un Área de Conservación Regional ubicada en la región de San Martín, Perú, que abarca aproximadamente 149,870 hectáreas y alberga una notable diversidad de orquídeas. De esta diversidad, 83 especies fueron colectadas e identificadas taxonómicamente por un experto, como parte de las actividades realizadas en el marco del proyecto "Metabarcoding usando ADN ambiental aéreo para develar la biodiversidad en el Área de Conservación Regional Cordillera Escalera – Una herramienta para países megadiversos". En el presente estudio estimamos el contenido de ADN nuclear en 10 especies de orquídeas mediante citometría de flujo. Se recolectaron hojas jóvenes, a partir de las cuales se prepararon suspensiones nucleares que fueron teñidas estequiométricamente con ioduro de propidio y tratadas con ARNasa. Se utilizaron estándares con valores de ADN conocidos como referencia para compararlos con las muestras de orquídeas de valores desconocidos, evaluando tanto el contenido de ADN como su coeficiente de variación. En esta investigación se reporta el contenido de ADN nuclear expresado en Megabases, de 10 especies de orquídeas colectadas en Cordillera Escalera, generando una base para futuros estudios genómicos, de diversidad genética y conservación. La Investigación fue realizada bajo el permiso de investigación SERFOR RD N° D000142-2023-MIDAGRI-SERFOR-DGGSPFFS-DGSPF y financiamiento VRIP B24100241.

Palabras clave: orquídeas, citometría, cantidad, estimación.

Financiamiento: PCONFIGI 2024.

PRIMERA CARACTERIZACIÓN INTEGRADA DEL EFECTO CITOTÓXICO DEL VENENO DE *Bothrops atrox* LINNAEUS, 1758 (SERPENTES: VIPERIDAE): HACIA LA IDENTIFICACIÓN DE NUEVOS MECANISMOS MOLECULARES

Alex Proleón[1], Jorge Roque[1], Raúl Amado[1], Yarela Herrera[2], Ignacio Contreras[2], Cristopher Almarza[2], Félix A. Urra[2], Dan Vivas-Ruiz[1], Armando Yarlequé[1].

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú.

[2]Laboratorio de Plasticidad Metabólica y Bioenergética, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina, Universidad de Chile

felixurraf@uchile.cl (Felix A. Urra); dvivasr@unmsm.edu.pe

Bothrops atrox es la serpiente de mayor relevancia médica en la Amazonía debido a su alta incidencia en envenenamientos humanos. Sin embargo, sus efectos citotóxicos y metabólicos siguen siendo poco caracterizados. En este estudio, se evaluó el efecto del veneno crudo de *B. atrox* sobre viabilidad celular, apoptosis y ciclo celular en líneas de cáncer de mama (MCF7, MDA-MB-231) y epitelio mamario no-tumoral (MCF10F), mediante citometría de flujo. Además, se analizaron los efectos metabólicos en células HEK293, MCF7 y MDA-MB-231, utilizando citometría para ROS, y tecnología Seahorse XFe96 para consumo de oxígeno y oxidación de NADH mitocondrial. Además, usando xCelLigence RTCA, registramos por primera vez el efecto citotóxico en tiempo real en líneas celulares, calculando parámetros de cinéticas de citotoxicidad hasta 72 h (AUC y CI). El veneno indujo apoptosis y detención del ciclo celular en G1, con un incremento significativo de ROS y disminución de la bioenergética mitocondrial. La actividad enzimática de serinoproteasas, metaloproteasas y fosfolipasas fue caracterizada y comparada con las de *B. pictus* y *B. barnetti.* Se evaluó el efecto inhibitorio de menadiona y una quinona relacionada sobre estas enzimas, observándose cambios en los parámetros cinéticos (Km y Vmax) y formación de agregados supermoleculares (SDS-PAGE). In vivo, una de estas quinonas bloqueó la actividad hemorragizante del veneno. Estudios *in silico* revelaron interacción del nuevo inhibidor con la miotoxina Lys49-PLA2, implicada en la citotoxicidad. Estos hallazgos constituyen la primera caracterización integrada de los efectos celulares, enzimáticos y metabólicos del veneno de *B. atrox* y destacan el potencial de nuevas quinonas como agentes bloqueantes de su toxicidad.

Palabras clave: *Bothrops atrox*, veneno, ciclo celular, metabolismo mitocondrial, inhibición enzimática, citotoxicidad.

Financiamiento: Programa PROCIENCIA-PERÚ: contrato PE501087970-2024-PROCIENCIA, Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Chile: FONDECYT #1241547, #UM-03/22, FONDEQUIP #EQM220164, Beca Doctoral ANID #21222256 (Yarela Herrera).

CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DEL TRANSCRIPTOMA DE GLÁNDULAS DE VENENO DE UNA SERPIENTE PERUANA *Bothrops atrox*

Alex Daniel Proleón Torres[1], Daniel Torrejón Maldonado[1],Fanny Lazo[1],Edith Rodríguez [1], Mirtha Yarlequé[2],Víctor Otárola [1,] Angie Regalado[1], Dan Erick Vivas Ruiz[1], Armando Yarlequé Chocas[1]

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Investigación de Bioquímica y Principios activos. Facultad de Medicina. Universidad Nacional Federico Villarreal.

alex.proleon@unmsm.edu.pe (Alex Daniel Proleón Torres)

Bothrops atrox es la principal responsable de envenenamientos ofídicos en el Perú. Su veneno contiene toxinas con potencial biomédico, incluida la actividad antitumoral. Considerando que un veneno puede albergar hasta un centenar de toxinas, su identificación es crucial. El análisis transcriptómico de las glándulas de veneno permite anotar funcionalmente los transcriptos y estimar su nivel de expresión. Este estudio tuvo como objetivo analizar el transcriptoma de las glándulas de veneno de una *Bothrops atrox* peruana (Pucallpa). El ejemplar, mantenido en el serpentario "Oswaldo Meneses", tuvo un deceso súbito e inmediatamente se realizó la disección para el aislamiento de ambas glándulas, las cuales se almacenaron por separado en RNAlater. La extracción de ARN se realizó con TRIzol, y la cantidad y calidad fue evaluada usando Nanodrop. Una muestra de ARN de cada glándula (izquierda: L1 y derecha: R1) fue procesada con el secuenciador DNBSEQ-G400 (lecturas pareadas de 100 pb). Se generaron ocho archivos FASTQ por muestra: cuatro secuencias forward y cuatro reverse. Estos grupos de secuencias fueron combinados por separado y se evaluó la calidad vía FASTQC, confirmando una longitud de 100 pb y una calidad superior a Q30. Estos archivos fueron usados para identificar los genes de ARNr 12S y 16S de *B. atrox* y posteriormente, eliminar las secuencias de ARNr. Las secuencias depuradas se compararon con un transcriptoma de referencia de *B. atrox* (GEDR00000000.1**),** que contenía 152 transcriptos. Estos se agruparon en familias de toxinas para poder cuantificarlas a partir de los archivos FASTQ mediante SALMON y construir gráficos mediante R, encontrando abundancia en metaloproteasas y fosfolipasas A2. Finalmente se realizó un ensamblaje *de novo* mediante Trinity, con k-mers de tamaño 25, y la calidad fue evaluada mediante BUSCO usando la base de datos de genes ortólogos de Eucariota y Metazoa, corroborando la buena calidad del transcriptoma ensamblado.

Palabras clave: *Bothrops atrox*, serpiente, toxinas, transcriptoma, glándulas de veneno.

Financiamiento: Concurso E033-2023-01-BM "Alianzas Interinstitucionales para Programas de Doctorado", bajo el número de subvención (PE501093029-2024).

SELECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE CEPAS NATIVAS DE BACTERIAS LÁCTICAS CON ACTIVIDAD ANTAGONISTA Y POLISACAROLÍTICA AISLADAS DE JUGO DE CAÑA DE AZÚCAR

Elena Quillama-Polo[1], Miriam Hanco-Chero[1], Carla Huaripata-Molina[1], Leymmy Llico- Huerta[1], Gabriela Quispe-Melgarejo[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Industrial y Biotecnología Alimentaria, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

equillamap@unmsm.edu.pe

La caña de azúcar (*Saccharum officinarum*), producto agroindustrial del país, constituye una fuente potencial de bacterias lácticas con capacidad antagonista y polisacarolítica de interés biotecnológico. Algunas cepas, pueden emplearse como cultivos iniciadores y/o probióticos. El objetivo fue seleccionar y caracterizar fenotípicamente bacterias lácticas productoras de sustancias antimicrobianas y exopolisacáridos aisladas de jugo de caña de azúcar.Para su aislamiento, diluciones seriadas de las muestras de jugo de caña de azúcar procedentes de Paramonga y Casa Grande, fueron sembradas en el medio Man Rogosa Sharpe (MRS) pH 6.5 por diseminación, e incubadas a 30 °C en microaerofilia durante 72 horas. La identificación de cepas aisladas y la exploración de la actividad antimicrobiana, se hicieron en base a criterios morfológicos, culturales y bioquímicos y mediante el método de la bicapa respectivamente. La detección de exopolisacáridos, se realizó utilizando el medio selectivo Mayeux, Sandine y Elliker (MSE). De cinco muestras de jugo de caña de azúcar, se aislaron 74 cepas de bacterias lácticas. De las cuales, sólo se evaluaron 37, correspondiendo el 95% al género *Lactobacillus* y 5% a *Leuconostoc*. De las cepas seleccionadas, 17 produjeron compuestos antimicrobianos (SaCñ.B, SaCñ.B2, CaCñ.2, CaCñ.C, T1Cñ.a, T1Cñ.b, T1Cñ.c, T1Cñ.d, T1Cñ.e, T1Cñ.f, T1Cñ.g, T1Cñ.A, T2Cñ.A, T2Cñ.C, T2Cñ.D, T2Cñ.F y T2Cñ.O) y 20, fueron sensibles a las sustancias inhibitorias. Asimismo, 12 cepas produjeron exopolisacáridos (CaCñ.G, CaCñ.4, CaCñ.b, CaCñ.A, CaCñ.F, SaCñ.b, CaCñ.C, CaCñ.2, T1Cñ.A, SaCñ.B2, T1Cñ.b y T1Cñ.d). Sobrun et al., (2012) y Qi et al., (2023) reportaron que ciertas cepas de los géneros *Leuconostoc*, *Weissella* y *Lactobacillus*, aisladas de caña de azúcar, producían exopolisácaridos y sustancias antimicrobianas. coincidiendo con nuestros resultados. En conclusión, las mejores cepas productoras de sustancias antagonistas y exopolisacáridos fueron *Lactobacillus* spp. T1Cñ.A y SaCñ.B2, que podrían utilizarse como inoculantes para la obtención de alimentos mejorados científicamente.

Palabras clave: bacterias ácido lácticas, sustancias antimicrobianas, polímeros

Financiamiento: No especificado.

IDENTIFICACIÓN Y SELECCIÓN DE CEPAS SILVESTRES DE *Bacillus* spp. CON ACTIVIDAD ANTAGONISTA Y ENZIMÁTICA AISLADAS DE SUELOS AGRÍCOLAS

Elena Quillama-Polo[1], Dayanara Lavado-Fernández[1], Luis Valencia-Bailón[1], Lucero Sanchez-López[1] y Valeria Carmín-Leyva[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Industrial y Biotecnología Alimentaria, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

equillamap@unmsm.edu.pe (Elena Quillama Polo)

Las bacterias del género Bacillus habitan en suelos y cerca de las raíces de cultivos agrícolas. Son reconocidas por su potente actividad antimicrobiana y enzimática. Algunas especies producen compuestos antimicrobianos, como péptidos y policétidos, así como enzimas extracelulares: proteasas, amilasas, lipasas, celulasas, entre otras, de interés en la industria alimentaria, agrícola y biomédica. El objetivo del presente estudio, fue identificar y seleccionar cepas silvestres de *Bacillu*s spp. con actividad antagonista y enzimática. Las cepas de *Bacillus* conservadas en el banco "CIPROLAC", fueron reactivadas en caldo tripticasa soya (TSB) pH 7.0 e incubadas a 30 °C por 24 horas. La identificación morfológica, cultural y bioquímica, se realizaron en agar nutritivo, caldo nutritivo y en el medio base suplementado con rojo de fenol conteniendo independientemente diversos carbohidratos: fructosa, maltosa, rafinosa, ramnosa, ribosa, sacarosa, xilosa, celobiosa y lactosa respectivamente. La evaluación de la actividad antagonista contra cepas patógenas contaminantes de alimentos se realizó mediante la técnica de la bicapa utilizando agar tripticasa soya. Para detectar la capacidad proteolítica, amilolítica y lipolítica, se empleó cultivos activos de 18 horas de crecimiento, los mismos que fueron sembrados por puntura en agar leche, agar gelatina, agar almidón y agar tributirina. De 50 cepas de Bacillus evaluadas, se logró seleccionar sólo 10 cepas. De los cuales, 9 mostraron actividad enzimática (Hu4.M4, 5CO1M2.PA2, 5CO1M2.PA3, BA-G2M4, BA-G1M2, BAII-G1M2, AM.G2M6, M6.G21 y GP3.G1M39) y 3, expresaron actividad antagonista (C5.M5AL, Hu4.M4 y 5CO1M2.PA2) contra *Stapylococcus aureus, Bacillus cereus, Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli.* Estos resultados coinciden con los hallazgos de Jia et al., (2020) y Rubio et al., (2023). En conclusión, *Bacillus* sp. 5CO1M2.PA2 fue la mejor cepa productora de enzimas hidrolíticas, porque presentó actividad proteolítica, amilolítica y lipolítica. Además, mostró capacidad antagonista frente a todas las cepas patógenas evaluadas.

Palabras clave: *Bacillus*, antagonismo, enzimas hidrolíticas

Financiamiento: No especificado.

ESTRUCTURA GENÉTICA DE *Anastrepha fraterculus* (WIEDEMANN, 1830) EN UN GRADIENTE ALTITUDINAL DEL PERÚ A PARTIR DE DATOS GENÓMICOS

Juanmanuel Quintanilla[1], Mabel Alvarado[2], Luis Figueroa[2], Jorge Ramirez[1], Carlos Congrains[3]

[1]Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Departamento de Entomología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[3]Department of Plant and Environmental Protection Services, University of Hawaii at Manoa, Honolulu, HI 96822, USA.

juanmanuel.quintanilla@unmsm.edu.pe

La mosca de la fruta, *Anastrepha fraterculus*, es una plaga de importancia económica en América, cuya diversidad y estructura genética han sido poco exploradas a nivel genómico. Estudios previos han sugerido que la altitud puede actuar como una barrera de flujo génico, diferenciando a las poblaciones costeras de aquellas en tierras altas. Este estudio evaluó individuos de *A. fraterculus* recolectados de guayaba y chirimoya en tres localidades peruanas: Lima (64 msnm, n=21), Pariacoto (1225 msnm, n=20) y Caraz (2300 msnm, n=21). Las larvas fueron criadas hasta estadio adulto para su identificación taxonómica. Se extrajo ADN y se secuenció el genoma completo mediante lecturas cortas (~10X) en la plataforma Element Aviti. Adicionalmente, una hembra fue secuenciada usando PacBio y otra con Hi-C, cuyos datos fueron ensamblados para obtener un genoma de referencia a nivel cromosómico. Los datos poblacionales fueron mapeados al genoma de referencia. Se identificaron 92,870,162 SNPs. Se aplicaron filtros considerando profundidad, calidad y frecuencia alélica mínima, lo que redujo el conjunto a aproximadamente el 50 % de las variantes. Finalmente, se aplicaron dos filtros adicionales: uno por desequilibrio de ligamiento y otro reteniendo SNPs separados por al menos 10 kb, obteniendo 71,727 SNPs. Los análisis de componentes principales (PCA), análisis discriminante de componentes principales (DAPC) y ADMIXTURE revelaron una diferenciación genética fina entre las localidades. El PCA y el DAPC mostraron tres grupos bien definidos. ADMIXTURE para K=2 reveló dos clústeres principales, con Lima mostrando mezcla genética leve. Para K=3, los clústeres coincidieron con las tres localidades. La diferenciación genética observada podría reflejar procesos de adaptación local, aislamiento por distancia o altitud, o procesos de especiación incipiente. A pesar de estos resultados, dado que *A. fraterculus* pertenece a un complejo críptico con una historia evolutiva intrincada, una caracterización más exhaustiva requerirá mayor cobertura genómica y un muestreo más amplio.

Palabras clave: Mosca de la fruta, andes, genómica de poblaciones, ADMIXTURE.

Financiamiento: PE501082404-2023-PROCIENCIA

MODELADO MATEMÁTICO MULTIESCALA Y VALIDACIÓN EXPERIMENTAL DE RUTAS METABÓLICAS PARA OPTIMIZAR LA BIODEGRADACIÓN DE COLORANTES AZOICOS EN *Shewanella xiamenensis* LC6

Jefferson Ramírez-Quispe[1], Cesar Reyes-Moreno[1], Asami Susuki-Pacheco[1], Magerlyn Huamantalla-Huamán[1], Josemaría Herrera-Quiñónez[1] , Pablo Ramírez[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

pramirezr@unmsm.edu.pe

La biodegradación de colorantes industriales requiere modelos predictivos que vinculen la respuesta fisiológica con los procesos metabólicos subyacentes. Se desarrolló un modelo multiescala en *Shewanella xiamenensis* LC6 para cuantificar la relación entre metabolismo y respuesta fisiológica, y orientar aplicaciones biotecnológicas. El modelo fisiológico describe la cinética de decoloración a partir de sustrato, inhibidor y tiempo. Con *GPTIPS* se construyó una ecuación general (basada en *Michaelis-Menten* modificada y *Weibull*) validada en 66 condiciones (2970 datos): Anaranjado de metilo (MO, R^2=0.83), Rojo de Congo (RC, R^2=0.89), Azul Directo 71 (DB, R^2=0.87). Se observó mayor eficiencia degradativa y menor sensibilidad a la inhibición en los colorantes más simples, mientras que los colorantes complejos requirieron mayor demanda metabólica y presentaron saturación temprana. Paralelamente, el modelo metabólico reconstruido (654 genes, 3006 reacciones, 2392 metabolitos, 536 rutas y biomasa: 1.37 h^{-1}) se optimizó utilizando *gapfilling/cplex-IBM*, lo cual permitió mapear rutas catabólicas desde la oxidación inicial hasta la integración metabólica central. Se construyó un sistema de ecuaciones estequiométricas resuelto con modelos diferenciales, integrando la dinámica fisiológica y su correlación con la expresión génica. La validación por *RT-qPCR* mostró sobreexpresión sostenida de genes reductores (*azoR*: 8.77 ± 0.20), aumento de transferencia electrónica (*cymA*: 2.60 ± 0.10, *yhhW*: 1.80 ± 0.03) en colorantes complejos, represión de *aceA* en sustratos simples (-2.44 ± 0.40), activación de *bepE* en DB (5.25 ± 0.04) y regulación diferencial de *mtrC/OmcA* según el colorante (RC: 1.31 ± 0.27, DB: 0.97 ± 0.12). Este enfoque aporta una base cuantitativa y generalizable para el modelado de la biodegradación de colorantes, estableciendo las bases para futuras optimizaciones experimentales.

Palabras clave: *Biorremediación, biología de sistemas, modelado matemático, fisiología microbiana, biología molecular, Shewanella xiamenensis* LC6.

Financiamiento: PROCIENCIA en el marco del concurso según contrato N.º PE501082486-2023

AVANCES SOBRE UNA FOSFOLIPASA A_2 RECOMBINANTE DEL VENENO DE *Bothrops atrox* "BAMTX" Y SU INTERACCIÓN CON LA INTEGRINA AVB3

Angie Gabriela Regalado Ninaquispe[1], Alex Daniel Proleón Torres[1], Fanny Lazo[1], Nadia Vera[1], Daniel Torrejón[1], Jorge Roque[1], Edith Rodríguez[1], Dan Erick Vivas Ruiz[1], Armando Yarlequé Chocas[1]

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

angie.regalado@unmsm.edu.pe (Angie Regalado)

Las fosfolipasas A_2 de venenos de serpientes (svPLA$_2$s) son toxinas que presentan diversas propiedades farmacológicas, tales como la acción miotóxica y antitumoral. Para diferentes estudios se requiere grandes cantidades de esta toxina, siendo la expresión recombinante una estrategia importante. La PLA_2 del veneno de *Bothrops atrox* "BaMtx" ha sido purificada y preliminarmente caracterizada. Con el propósito de profundizar los estudios sobre su acción miotóxica y antitumoral, se llevó a cabo su expresión recombinante usando cultivos de *Pichia pastoris*. Su secuencia nucleotídica fue usada para evaluar su interacción con la integrina αvβ3. La región codificante de BaMtx, excluyendo el péptido señal, fue sintetizada para realizar su unión con el vector pPIC9. El vector recombinante pPIC9-rBaMtx fue propagado vía electroporación en células de *Pichia pastoris*. Las células fueron cultivadas en medio agar YPD sin histidina, y cuatro colonias fueron evaluadas mediante PCR y secuenciación, confirmando la inserción de BaMtx en marco de lectura. Una colonia fue seleccionada para ser cultivada en medio BMGY (100 mL) y posteriormente inducido en medio BMMY (200 mL, 0.5 % de metanol) durante 7 días a 28 °C y 250 rpm. La expresión de rBaMtx fue confirmada por Western Blot, obteniendo una banda de 22 kDa. El sobrenadante fue recuperado por centrifugación, liofilizado y purificado por cromatografía de intercambio catiónico (CM-Sephadex C-25). Asimismo, se modeló la estructura tridimensional de BaMtx mediante ColabFold, y se evaluó su interacción con la integrina αvβ3, una proteína implicada en la adhesión y migración celular tumoral. El análisis de *docking* molecular reveló una interacción favorable, lo cual refuerza su potencial como molécula bioactiva.

Palabras clave: *Bothrops atrox*, svPLA$_2$, antitumoral, integrina, interacción.

Financiamiento: Proyecto N° PE501087970-2024-PROCIENCIA y VRIP B25100011

EFECTO DE LA DOXORRUBICINA Y EL EXTRACTO HIDROALCOHÓLICO DE *Mauritia flexuosa* L.F. SOBRE LA CICLICIDAD DEL ESTRO EN RATONAS BALB/C

Gabriel Alexander Revilla-Chirinos[1], Luis Felix Paucarhuanca Tueros[1], Valeria Betsabe Diaz Huancahuari[1], Dann Paraguay Valenzuela[1], Betty Shiga Oshige[1], Jose Luis Rafael Pino Gaviño[1].

[1]Laboratorio de Reproducción, Biología del Desarrollo y Ecotoxicología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

gabriel.revilla@unmsm.edu.pe (Gabriel Revilla-Chirinos).

La disfunción del eje hipotálamo-hipófisis-gónada (HPG) es un efecto adverso documentado tras quimioterapia con antraciclinas como la Doxorrubicina (DX), afectando la ciclicidad ovárica y la fertilidad femenina (Meirow *et al.*, 2007; Morgan *et al.*, 2012). Este estudio evaluó el efecto del extracto hidroalcohólico de *Mauritia flexuosa* L.f. (EHA) sobre la restauración del ciclo estral en ratonas Balb/C expuestas a DX. Se trabajó con cinco grupos experimentales (n=5): DX (10 mg/kg, i.p.), DX+EHA 100 mg/kg, DX+EHA 500 mg/kg, DX+17β-Estradiol (E2, 1 mg/kg) y un control negativo. El tratamiento orogástrico duró 28 días. La citología vaginal diaria (excepto domingos) se realizó mediante extendido e identificación morfocelular con tinción Giemsa 4%, clasificando las fases estro, proestro, metaestro y diestro, según criterios de Westwood (2008). Se consideró como ciclo regular a aquel con duración de 4–5 días y orden fisiológico de fases. El grupo DX mostró disrupción cíclica, con diestro prolongado (>10 días consecutivos) y reducción de ciclos (0.6 ± 0.5/28 días). El grupo DX+E2 presentó predominio sostenido de estro, asociado a hiperestrogenismo. En contraste, los grupos DX+EHA100 y DX+EHA500 mostraron recuperación parcial del ritmo, con 1.8 ± 0.4 y 2.4 ± 0.5 ciclos, respectivamente, y una distribución más equilibrada, incluyendo reaparición de proestro. El análisis Kruskal-Wallis ($p<0.01$), seguido de comparaciones múltiples de Dunn, reveló diferencias significativas entre grupos tratados y control positivo en número de ciclos y duración de diestro. La correlación negativa entre dosis de EHA y duración media de diestro ($\rho = -0.67$; $p = 0.002$) sugiere un efecto modulador sobre el eje HPG. En conclusión, el extracto de *M. flexuosa* mostró capacidad dosis-dependiente para restaurar la ciclicidad estral en ratonas sometidas a estrés gonadotóxico, confirmando su potencial como modulador fitoestrogénico en contextos de disfunción reproductiva inducida por quimioterapia.

Palabras clave: Ciclo Estral, *Mauritia flexuosa*, Doxorrubicina, Oncofertilidad.

Financiamiento: Financiamiento propio.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIGENOTÓXICA DE *Mauritia flexuosa* L.F. (1782) EN UN MODELO MURINO EXPUESTO A DOXORRUBICINA

Gabriel Alexander Revilla-Chirinos[1], Luis Felix Paucarhuanca Tueros[1], Dayana Nicole Carazas Paz[1], Wilder Thiago Sebastian Morales Gamarra[1], Betty Shiga Oshige[1], Jose Luis Rafael Pino Gaviño[1].

[1]Laboratorio de Reproducción, Biología del Desarrollo y Ecotoxicología, Facultad de Ciencias

gabriel.revilla@unmsm.edu.pe (Gabriel Revilla-Chirinos).

La Doxorrubicina es una antraciclina ampliamente empleada como agente quimioterapéutico, cuyos efectos genotóxicos comprometen la hematopoyesis y la fertilidad femenina. El fruto amazónico *Mauritia flexuosa* L.f., conocido como aguaje amarillo, destaca por su contenido de fitoestrógenos y compuestos antioxidantes con potencial efecto antigenotóxico. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de eritrocitos policromáticos con micronúcleos (MN-PCE) en médula ósea roja (MOR) de ratonas Balb/C tratadas con Doxorrubicina y extracto hidroalcohólico de *M. flexuosa* (EHA). Se trabajó con cinco grupos experimentales (n=5 por grupo): DX (10 mg/kg, i.p.), DX+EHA100 mg/kg, DX+EHA500 mg/kg, DX+17βEstradiol (E2, 1 mg/kg), y un control negativo (NaCl 0.9%). El tratamiento vía orogástrica se mantuvo durante 28 días. La médula ósea se extrajo de ambos fémures, se tiñó con coloración Giemsa 4% y se cuantificaron 1000 EPC por muestra. Se observó que los ratios de MNPCE/1000 células fueron: Control Negativo (7.6 ± 2.1), Control Positivo (136.4 ± 11.9), T100 (60.75 ± 5.2), T500 (34.66 ± 4.0) y TE2 (89.4 ± 6.5). El análisis de correlación de Spearman reveló una asociación significativa entre la reducción de micronúcleos y el incremento en la dosis de EHA ($\rho = -0.69$, $p = 0.0004$). Además, el test de chi cuadrado de Pearson aplicado a las sumas observadas por grupo arrojó un valor $\chi^2 = 917.45$ con $p < 0.0001$, confirmando diferencias significativas entre los tratamientos. Estos hallazgos confirman que el extracto de *M. flexuosa* ejerce un efecto antigenotóxico dosis-dependiente, en concordancia con estudios que respaldan su actividad fitoestrogénica y antioxidante. Se concluye que *M. flexuosa* podría constituir una alternativa natural para atenuar la genotoxicidad inducida por doxorrubicina, aportando evidencia relevante para estrategias de preservación de la oncofertilidad.

Palabras clave: Micronúcleos, *Mauritia flexuosa*, Doxorrubicina, Oncofertilidad.

Financiamiento: Financiamiento propio.

PERFIL TRANSCRIPTÓMICO DE *Shewanella xiamenensis* LC6 REVELA MECANISMOS ADAPTATIVOS FRENTE A COLORANTES AZOICOS CON DIFERENTE COMPLEJIDAD ESTRUCTURAL

Cesar Reyes-Moreno[1], Asami Susuki-Pacheco[1], Jefferson Ramírez-Quispe[1], Magerlyn Huamantalla-Huamán[1], Josemaría Herrera-Quiñónez[1], Jaime Antezana-Mejía[1], Pablo Ramírez[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

pramirezr@unmsm.edu.pe

Los colorantes azoicos representan contaminantes prioritarios en efluentes textiles. Se realizó análisis de RNA-seq para elucidar los patrones de expresión génica diferencial en *S. xiamenensis* LC6 en respuesta a tres colorantes azoicos: anaranjado de metilo (MO), rojo Congo (CR) y azul directo 71 (AD), y medio control ZZ e identificando genes diferencialmente expresados (log2FoldChange >1 y p-valor ajustado <0.05). Ochenta y cuatro (84) genes centrales fueron comunes a las tres condiciones, asociados principalmente a procesos de detoxificación (29%), actividad transportadora (21%) y procesos metabólicos (20%), confirmando una respuesta adaptativa coordinada. La sobreexpresión de genes del sistemas de eflujo multidroga (*macABC*, *acrA/mexE*) y proteínas de fusión de membrana indicando mecanismos de detoxificación; inducción de transportadores dependientes de TonB (*fhuA*, *fepA*, *cirA*) sugiere la reorganización del transporte transmembrana; activación de sistemas de dos componentes (*baeS/cpxA* y *ompR/cpxR*) indica respuesta al estrés de envoltura celular; modulación del metabolismo de nitrógeno (represión de *glnA*) y regulación diferencial de genes de biosíntesis de aminoácidos; y respuesta al estrés oxidativo mediante inducción de *msrP* (reparación de metionina oxidada) y *azoR* (reducción de compuestos azoicos). En conclusión, este estudio identifica 84 genes centrales que constituyen la respuesta adaptativa de *S. xiamenensis* LC6 a MO, CR y AD, asociada a sistemas de eflujo multidroga, transportadores dependientes de TonB y respuesta al estrés oxidativo. Estos hallazgos proporcionan bases moleculares para el diseño de estrategias de biorremediación de efluentes textiles.

Palabras clave: *Shewanella*, colorantes azoicos, transcriptómica, biorremediación

Financiamiento: Programa PROCIENCIA según contrato [N.º PE501082486-2023]

IDENTIFICACIÓN BIOINFORMÁTICA PRELIMINAR DE VARIANTES GENÉTICAS EN *Vicugna pacos* (LINNAEUS, 1758) DE RAZA SURI MEDIANTE RNA-SEQ

Bryam Victor Reymundo Canchanya[1]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Facultad de Ciencias Biológicas; E.P. Genética y Biotecnología

bryam.reymundo@unmsm.edu.pe

La alpaca (Vicugna pacos, Linnaeus 1758) es una especie domesticada de importancia económica en los Andes, apreciada principalmente por su fibra textil. Entre sus razas, Huacaya y Suri presentan diferencias fenotípicas marcadas, especialmente en la estructura de su fibra, lo que sugiere la existencia de una base genética diferencial aún poco explorada. Se utilizaron lecturas de RNA-seq disponibles en el BioProject PRJNA636766 del estudio de Fan R et al. (2020), correspondientes a cuatro muestras de alpacas Suri y 6 muestras de alpacas Huacaya. Las secuencias se alinearon al genoma de referencia VicPac4 mediante STAR, y el llamado de variantes se realizó con GATK en modo GVCF. Posteriormente, se aplicaron filtros rigurosos de calidad (QUAL ≥ 50, DP ≥ 10, QD ≥ 2.0, MQ ≥ 40, FS ≤ 30, SOR ≤ 3.0) y se seleccionaron aquellas variantes con frecuencia alélica fija (AF = 1.0). Se excluyeron variantes compartidas con otras razas mediante comparación con muestras Huacaya utilizando bcftools isec. Se identificaron 8,965 variantes en total (8,511 SNPs, 260 inserciones y 194 deleciones). El 78.1% de los efectos anotados fueron variantes modificadoras, 14.5% de bajo impacto, 6.9% moderadas y 0.5% de alto impacto (211 variantes). Las categorías funcionales más frecuentes incluyeron variantes en regiones UTR 3’ (20.7%), intrónicas (20.5%), aguas abajo de genes (19.4%) y exónicas (24.1%). Genes como ACTA2, ACTA4, MAPRE1, CCT2 relacionados a la producción de actina tuvieron mutaciones de alto impacto.

Palabras clave: Vicugna pacos, GATK, Rna-seq, variantes genéticas

Financiamiento: No especificado.

EFECTO DE LA PICTOBINA SOBRE LA EXPRESIÓN GÉNICA DEL METABOLISMO MITOCONDRIAL EN LA LÍNEA TUMORAL MDA-MB-231

Raul Rivas-Amado[1], Dan Vivas-Ruíz[1], Fanny Lazo[1], Félix Urra[2], Mirtha Yarlequé[3], Alexander Llontop[1], Tania Broncano[1], Anthony Salcedo[1], Armando Yarlequé[1]

[1]Grupo de Investigación de Toxinas de Origen Animal y sus Antivenenos (TOXIVEN) - Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú.

[2]Laboratorio de Plasticidad Metabólica y Bioenergética, Programa de Farmacología Molecular y Clínica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

[3]Laboratorio de Investigación de Bioquímica y Principios activos. Facultad de Medicina. Universidad Nacional Federico Villarreal. Lima-Perú.

raul.rivas@unmsm.edu.pe (Raul Rivas Amado)

Los venenos de serpientes de la familia Viperidae poseen enzimas con efectos hemorrágicos, coagulantes y miotóxicos que facilitan la inmovilización y digestión de presas. La Pictobina, una enzima similar a trombina purificada y caracterizada a partir del veneno de *B. pictus* mostró tener acción antitumoral en células de cáncer de mama triple negativo (MDA-MB-231), debido a que origina disfunción mitocondrial. En el presente estudio se evaluó el efecto de la Pictobina, sobre la modulación de la expresión génica relacionada a la bioenergética mitocondrial. Para ello, la enzima se purificó mediante tres pasos cromatográficos y se aplicó en dosis subtóxicas a células MDA-MB-231. Se extrajo el ARN total y luego se analizó mediante qPCR, evaluando genes clave de la bioenergética mitocondrial (Cyt C, ANT-3, SLC2A1, ATP5FA, UCP3, SLC1A5 y MT-CIB) y biogénesis mitocondrial (POLRMT, NRF1). Los resultados demostraron que Pictobina regula selectivamente genes mitocondriales: aumentó la expresión de Cyt C (apoptosis), ANT-3 (transporte de ATP) y SLC2A1 (transportador de glucosa), pero no alteró los demás genes ni los genes de biogénesis. Estos hallazgos explican y guardan relación con su capacidad para alterar el metabolismo energético mitocondrial tumoral, promoviendo estrés oxidativo y reducción de ATP. Se concluye que Pictobina actúa como un modulador de la expresión específica en MDA-MB-231, pudiendo afectar vías críticas para la supervivencia celular sin alterar la biogénesis mitocondrial. Su mecanismo único la posiciona como candidata a estudios *in vivo* para validar su potencial clínico.

Palabras claves: Enzima similar a trombina, *B. pictus*, mitocondrias, metabolismo.

Financiamiento: Este trabajo fue financiado por el Vicerrectorado de Investigación - UNMSM con PCONFIGI-21100241 y PCONFIGI-B23100451.

Trichoderma spp.: SÍNTESIS DE NANOPARTÍCULAS DE PLATA

Britney Melany Rodriguez Hurtado, Mario Alcarraz Curi

[1]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales de Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiologia y parasitologia

malcarrazc@unmsm.edu.pe

La biosíntesis de nanopartículas representa una intersección prometedora entre biotecnología, química verde y agricultura de precisión. Su desarrollo y aplicación en el campo agrícola abre nuevas posibilidades para enfrentar los desafíos actuales de la seguridad alimentaria, el cambio climático y la sostenibilidad ambiental. pueden ser utilizadas como nanofertilizantes, nanoherbicidas, nanopesticidas o agentes antimicrobianos, mejorando la eficiencia de uso de insumos agrícolas. En este estudio, se utilizó el hongo Trichoderma spp. como agente reductor para la obtención de AgNPs haciendo uso de las enzimas y metabolitos presentes en caldo de cultivo (BPD) libre de micelio separadas por filtración. En ese sentido, la síntesis ocurrió exclusivamente a partir de compuestos extracelulares liberados por el hongo, el proceso consistió en incubar el sobrenadante del cultivo con una solución de nitrato de plata ($AgNO_3$) a 1mM, observándose un cambio de color a marrón oscuro, característico de la formación de nanopartículas. Este fenómeno se atribuye a la reducción de iones Ag^+ a Ag^0 por acción de enzimas como el nitrato reductasas u otros enzimas secretados por Trichoderma spp. La formación de AgNPs fue confirmada mediante espectrofotometría UV-Vis, observándose un pico de absorción entre 400 y 450 nm, correspondiente a la resonancia plasmónica superficial típica de las nanopartículas de plata. Las AgNPs obtenidas muestran potencial en aplicaciones agrícolas y biomédicas, especialmente en el control de plagas y como agentes antimicrobianos contra bacterias patógenas, gracias a sus propiedades tóxicas selectivas y su alta actividad biológica.

Palabras clave: *Trichoderma sp*, nanopartículas de plata, nitrato reductasas, espectrofotometría UV-Vis

Financiamiento: Financiado por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado UNMSM.

IDENTIFICACIÓN DE LAS ACTIVIDADES SERINOPROTEASA Y MIOTÓXICA EN EL VENENO DE LA SERPIENTE PERUANA *Bothrops chloromelas* (BOULENGER ,1912)

Edith Rodríguez Quispe[1], Dan Vivas [1], Fanny Lazo[1], Alex Proleón [1], Angie Regalado [1], Armando Yarlequé[1]

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biologicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos

erodriguezq@unmsm.edu.pe (Edith Rodríguez Quispe)

Bothrops chloromelas es una serpiente arborícola que habita en áreas de selva húmeda amazónica incluyendo la zona de Cusco y departamento de Madre de Dios. Actualmente poco es conocido sobre la toxinología de esta especie. Sin embargo, se sabe que su mordedura posee actividad miotóxica y hemotóxica. Por tal motivo el objetivo de la presente investigación fue identificar la presencia de serinoproteasas y miotoxinas en el veneno de esta especie. Se partió con el fraccionamiento de 100 mg de veneno cristalizado en una columna de Sephadex G-100 con buffer Tris HCl 0.1M pH 7.5, obteniéndose un perfil con 3 picos principales de proteína. En el primer pico se identificó la presencia de la enzima similar a trombina debido a su actividad sobre BApNA, fibrinógeno bovino y sobre plasma humano citratado. En tanto que la actividad de fosfolipasa A_2 sobre emulsión de yema de huevo fue identificada en el segundo pico. Por otro lado, empleando una resina de CM-Sephadex C-25, con buffer Tris HCl 0.05M pH 7.0 y gradiente salina (0.3-06M), se observó una fracción con elevada actividad miotóxica midiéndose la actividad por la liberación de creatina quinasa. Este trabajo representa el primer estudio hecho en el veneno de *B. chloromelas* en el Perú, concluyendo que posee principios hemotóxicos (similar a trombina y miotóxicos).

Palabras clave: *Bothrops chloromelas*, veneno, serpiente, miotóxica,

Financiamiento: Proyecto VRIP B21101991.

EVALUACIÓN *IN VITRO* DEL ANTAGONISMO DE *Trichoderma* spp. SOBRE EL CRECIMIENTO DE *Rhizoctonia solani* AISLADO DE *Solanum tuberosum* L.

Britney Rodriguez-Hurtado[1], Angel Ramirez-Lifonzo[1], Valeria Lau-Mercedes[1], Daniel Merino-Ramos[1], Christian Perez-Alva[1], Camila Casas-Calzado[1], Nora Vera-Obando[12]

[1]Escuela Profesional de Microbiología y Parasitología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Lima, Perú

[2]Departamento Académico de Microbiología y Parasitología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos; Lima, Perú

nveraob@unmsm.edu.pe (Nora Vera-Obando)

Rhizoctonia solani es un hongo fitopatógeno causante de la rizoctoniasis, una enfermedad que afecta significativamente al cultivo de papa (*Solanum tuberosum L.*). El control químico utilizado en su manejo presenta desventajas ambientales, de toxicidad e induce resistencia en el patógeno. El género *Trichoderma* es reconocido por su potencial como agente de control biológico gracias a diversos mecanismos como la antibiosis, competencia y micoparasitismo. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la capacidad antagónica *in vitro* de un aislado de *Trichoderma* spp. (TrichoA1) frente a *Rhizoctonia solani* obtenido a partir de un tubérculo de papa. El aislamiento de *Rhizoctonia solani* (FRhizo1) se realizó mediante la siembra del tejido vegetal infectado en medio Agar Papa Dextrosa (APD), obteniéndose un cultivo con características culturales y microscópicas propias de este hongo fitopatógeno. Posteriormente, se realizó un ensayo de antagonismo en cultivo dual en APD con cuatro réplicas, incluyendo un control. Se registró periódicamente el crecimiento radial del micelio y se determinó el Porcentaje de Inhibición del Crecimiento Radial (PICR), además se reportó el micoparasitismo por parte del hongo biocontrolador. Los resultados mostraron una inhibición en el crecimiento del fitopatógeno con un PIRC de 47.6% a las 72 horas de incubación y una tasa del PIRC de 0.95 %/h., así como el crecimiento del biocontrolador sobre la colonia del fitopatógeno, cubriendo aproximadamente el 95% de la superficie de la placa a las 216 horas de incubación ubicándose en la Clase 1 de antagonismo. Adicionalmente, se evidenció el micoparasitismo mediante la observación microscópica de hifas de *Trichoderma* spp. envolviendo a las del fitopatógeno. Estos hallazgos concuerdan con otros estudios que demuestran la actividad biocontroladora de *Trichoderma* spp. frente a *Rhizoctonia solani* y sugieren su potencialidad para el desarrollo de estrategias de manejo sostenible de la rizoctoniasis en el cultivo de papa.

Palabras clave: control biológico, micoparasitismo, PICR, tubérculo.

Financiamiento: Autofinanciamiento

EFECTO ANTIMICROBIANO DE EXTRACTOS DE PLANTAS NATIVAS DEL DISTRITO DE JEPELACIO, MOYOBAMBA: *Byrsonima crassifolia*, *Moringa oleifera* Y *Trema micranthum*

Adan Romero Vargas[1], Roger Alberto Palomino Huarcaya[2], Vilma Castillo Silva[1], Hans Patrick Panduro Reátegui[1], Jack Junior Verastegui Vega[1]

[1]Universidad Privada de Huancayo Franklin Roosevelt. Escuela de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímica. Facultad de Ciencias de la Salud.

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Facultad de Ciencias Biológicas.

2318133@uroosevelt.edu.pe

La flora nativa del Perú constituye un reservorio poco explorado de metabolitos secundarios con potencial terapéutico. En la provincia de Moyobamba (Región San Martín) existe una alta diversidad de plantas medicinales tradicionalmente empleadas para tratar infecciones; las mismas que de no ser tratadas constituyen un potencial riesgo en la salud pública. El objetivo del estudio fue evaluar el potencial antimicrobiano de extractos vegetales de *Byrsonima crassifolia* (indano), *Moringa oleifera* (moringa) y *Trema micranthum* (atadijo) frente a bacterias patógenas. Se recolectaron muestras vegetales y se obtuvieron extractos mediante maceración con solventes: agua, etanol y metanol; sometiendo a extracción secuencial con cada solvente en una proporción 1:5 (p/v). El análisis fitoquímico para la detección de metabolitos secundarios se realizó a partir de una solucion etanólica al 2% p/v. La actividad antimicrobiana fue evaluada mediante difusión en pocillos y microdilución en caldo contra *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Salmonella enterica*, *Staphylococcus aureus* y *Klebsiella pneumoniae*. De los extractos analizados, *Byrsonima crassifolia* mostró actividad inhibitoria contra *Staphylococcus aureus*, con una CMI de 0.195 mg/mL, lo que respalda su uso tradicional en el tratamiento de infecciones. Este resultado coincide con lo previamente reportado en referencia al potencial antimicrobiano del extracto de *B. crassifolia* frente a cepas resistentes de *S. aureus*, y su asociación con compuestos como flavonoides y taninos. En conclusión, *B. crassifolia* destaca como una planta nativa con potencial antimicrobiano específico frente a bacterias Gram positivas. La diversidad vegetal local representa una fuente prometedora para el desarrollo de nuevas estrategias basadas en productos naturales.

Palabras clave: plantas medicinales, indano, análisis fitoquímico, actividad antimicrobiana.

Financiamiento: Autofinanciamiento.

EXPRESIÓN RECOMBINANTE EN *Pichia pastoris* KM71H DE LA ATROXLISINA-I, METALOPROTEASA DEL TIPO P-I DEL VENENO DE *Bothrops atrox*

Jorge Roque[1], Daniel Torrejón[1], Juan Cabrejos[1], Walter Silva[1], Fanny Lazo[1], Edith Rodriguez[1], Nadia Vera[1], Jordano Espinoza[1], Dan Vivas[1], Armando Yarlequé[1].

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

aleroq55@gmail.com (Jorge Roque)

El veneno de *Bothrops atrox* es responsable de la mayoría de accidentes ofídicos en la región amazónica sudamericana. Su efecto hemorrágico se debe, en gran parte, a la acción de metaloproteasas de veneno de serpiente (SVMPs), entre ellas la atroxlisina-I, una enzima del tipo P-I inusualmente potente. A diferencia de otras SVMPs P-I, la atroxlisina-I presenta una actividad hemorrágica comparable a enzimas de clases superiores (P-III), posiblemente asociada a una flexibilidad estructural que permite una mayor interacción con sustratos vasculares y plaquetarios, más allá de su función proteolítica. Dada su dificultad de obtención, se planteó la producción recombinante como estrategia para facilitar el estudio estructural y funcional. Para ello, se diseñó una versión extendida de la atroxlisina-I incluyendo el prodominio conservado para evitar autoproteólisis, identificado mediante alineamientos con secuencias homólogas de SVMPs de *Bothrops asper* y *Bothrops atrox*, utilizando como referencia el transcrito BATXSVMPI3. La construcción génica de la r-atroxlisina-I fue clonada exitosamente en un vector bacteriano y transformada en *E. coli* TOP10, obteniéndose una eficiencia de transformación de $3.34 * 10^3$ UFC/µg de DNA. Se seleccionaron aleatoriamente 3 clonas y se purificaron plásmidos, confirmándose la inserción mediante electroforesis y, finalmente, por secuenciación de lectura larga con tecnología Nanopore. El ensamblaje por *Flye* reveló la presencia íntegra del gen atroxlisina-I, con correcta orientación y sin mutaciones. Además, se logró la transformación en el organismo *P. pastoris* KM71H previo lineamiento del plásmido purificado con la enzima *Sac*I con una eficiencia de $1.2 * 10^2$ UFC/µg de DNA mediante electroporación. Este trabajo demuestra la factibilidad del diseño en la expresión en sistemas eucariotas con miras a estudios funcionales, inhibidores específicos y potencial aplicación biomédica en terapias antihemorrágicas.

Palabras Clave: *B. atrox*, atroxlisina-I, *E. coli*, proteína recombinante.

Financiamiento: Trabajo financiado por el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) según contrato PE501088550-2024-PROCIENCIA

IDENTIFICACIÓN Y COMPARACIÓN DE PERIVITELINAS ASOCIADAS A LA EVOLUCIÓN DE LA OVIPOSICIÓN AÉREA EN EL GÉNERO *Pomacea* PERRY, AMPULLARIIDAE

Maria Isabel Ruiz-Ruiz[1], Adrían Chalco[2], Rina Ramírez[3,4], Pedro E. Romero[3]

[1]Instituto de Investigación en Ecología y Conservación, Trujillo, Perú

[2]Facultad de Ciencias e Ingeniería, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú

[3]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[4]Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

promeroc@unmsm.edu.pe (Pedro E. Romero)

La oviposición aérea en el género de caracoles de agua dulce *Pomacea* (Ampullariidae) representa una estrategia reproductiva única entre los ampuláridos del Nuevo Mundo, siendo una adaptación ventajosa frente a la depredación acuática. La transición de la oviposición acuática a terrestre puede relacionarse a cambios tanto en la estructura externa del huevo como en la composición del fluido perivitelino (FPV). Las perivitelinas son los principales componentes del FPV; estas proteínas no solo proveen energía y nutrientes esenciales para el desarrollo embrionario, sino que también desempeñan un papel crucial en la defensa del huevo frente a la depredación. Entre ellas, la perivitelina-2 (PV2) es un complejo glico-lipoproteico neurotóxico compuesto por un dominio de MACPF (67 kDa) y un dominio de taquilectina (31 kDa), exclusivo del género *Pomacea*. Por ello, nuestro objetivo es analizar a la familia génica PV2 para investigar su posible evolución adaptativa en relación con las estrategias de oviposición y el éxito ecológico del grupo. Utilizando datos de secuenciación de nueva generación (Illumina) y mapeo guiado con HISAT2 a nivel cromosómico con *Pomacea canaliculata* como referencia, recuperamos las secuencias parciales de PV2 de *Pomacea reevei*, *Pomacea aulanieri* y *Pomacea nobilis*. Las secuencias fueron recortadas con TrimAl y se realizaron análisis filogenéticos por Máxima Verosimilitud utilizando IQ-TREE2 para cada dominio de PV2. Se identificaron duplicaciones génicas específicas de cada linaje proteico, lo que sugiere que ambos dominios de PV2 podrían haber estado presentes en el ancestro común del grupo *Pomacea*. Estos eventos de duplicación probablemente contribuyeron a los mecanismos de defensa de los huevos en ambientes terrestres. El modelado proteico estructural de los dominios de PV2 identificados en *P. reevei*, *P. aulanieri* y *P. nobilis* permitirá mapear posibles cambios funcionales que podrían estar asociados a su capacidad neurotóxica frente a los depredadores.

Palabras clave: adaptación, genómica comparada, PV2, NGS

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI B24100541: *Genómica comparada en caracoles manzana: Búsqueda de genes involucrados en la adaptación a ambientes terrestres*, financiado por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado de la UNMSM. Grupo de investigación: Evolución molecular de la biota en el Perú (EMBPE).

DISEÑO IN SILICO DE UN BIOSENSOR EN *Escherichia coli* PARA IDENTIFICAR CADMIO EN AGUAS CONTAMINADAS POR METALES PESADOS

Sanchez Montenegro C. G[1], Callo Amado A. S[1], Benjamín Díaz[2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos

[2]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos

caroline.sanchez1@unmsm.edu.pe (Caroline Sanchez Montenegro)

El presente estudio desarrolla un biosensor sintético basado en *Escherichia coli* K-12 MG1655 para la detección de cadmio (Cd^{2+}) en aguas contaminadas por metales pesados. Esta bacteria modelo ha sido modificada genéticamente mediante la incorporación de un plásmido diseñado para emitir fluorescencia en respuesta a la presencia de Cd^{2+}. El sistema consta de dos unidades transcripcionales: una reguladora, que codifica la proteína CadR, y otra reportera, que expresa sfGFP (superfolder GFP). En ausencia de cadmio, CadR actúa como represor al unirse al promotor inducible PcadR, impidiendo la expresión del gen fluorescente. Sin embargo, cuando el Cd^{2+} se encuentra en el medio, CadR se une a este metal, cambiando su conformación y permitiendo la activación del promotor PcadR, lo que genera la expresión de sfGFP. De esta manera, la fluorescencia emitida por la bacteria es proporcional a la concentración de cadmio en la muestra, facilitando su detección de manera rápida y visual. El diseño de este sistema se llevó a cabo utilizando herramientas de biología sintética como Benchling (https://www.benchling.com/) y SBOL Canvas (https://sbolcanvas.org/) para la construcción del plásmido y la organización de las unidades transcripcionales. Para validar su funcionamiento, las bacterias modificadas deberán ser expuestas a diferentes concentraciones de Cd^{2+}, midiendo la fluorescencia generada mediante espectrofluorimetría. Además, se deberán realizar pruebas de especificidad con otros metales pesados para descartar interferencias y evaluar su desempeño en muestras ambientales de agua contaminada. Asimismo, la sensibilidad y precisión del sistema se debe analizar para optimizar su eficiencia en la detección de cadmio en ecosistemas acuáticos. Este biosensor sintético representa una alternativa innovadora y de bajo costo para la detección de contaminación por cadmio, un metal pesado altamente tóxico que afecta tanto la biodiversidad marina como la salud humana. Su implementación podría contribuir al monitoreo ambiental en zonas costeras afectadas por actividades mineras e industriales, complementando los métodos analíticos convencionales. Además, su desarrollo impulsa el uso de la biología sintética como una herramienta clave, ofreciendo nuevas soluciones para la vigilancia y el control de contaminantes en el agua.

Palabras Clave: cadmio, metales pesados, *Escherichia coli,* plásmido, biosensor sintético, biología sintética.

Financiamiento: Proyecto in silico autofinanciado y desarrollado durante el II Curso de Fundamentos y Aplicaciones de la Biología Sintética de la Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE CEPAS DE TRICHODERMA ENDÓFITOS CON POTENCIAL DE CONTROL BIOLÓGICO DE *Moniliphthora roreri* Y *Fusarium* sp. EN EL CULTIVO DE CACAO

Henry W. Santillan Culquimboz[1*], Santos Triunfo Leiva-Espinoza[1], Vilma Aguilar-Rafael[1], Jorge R. Díaz-Valderrama[1], Flavio Lozano-Isla[1]

[1]Grupo de investigación para el estudio de la interacción microorganismo - suelo – planta, Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva (INDES-CES), Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, 342 Higos Urco, Chachapoyas, 01001, Perú

7542863691@untrm.edu.pe

El cacao (*Theobroma cacao*) es un cultivo agrícola de gran importancia mundial, con una demanda creciente y estándares de calidad cada vez más exigentes. En el Perú se encuentran múltiples variedades de cacao fino de aroma, altamente valoradas por su calidad y características únicas, lo que ha captado la atención del mercado internacional. No obstante, el cultivo enfrenta serias amenazas fitosanitarias, especialmente por patógenos como *Moniliophthora roreri* y *Fusarium* sp., que afectan la calidad, productividad y diversidad genética del cacao. El presente estudio tuvo como objetivo identificar y caracterizar morfológica y molecularmente cepas endófitas de *Trichoderma* con potencial de control biológico contra *M. roreri* y *Fusarium* sp. en el cultivo de cacao. Para ello, se implementó un diseño completamente al azar, donde se recolectaron muestras de tejidos vegetales en plantas de cacao sanas provenientes de las provincias de Utcubamba, Bagua y Condorcanqui. Las cepas endófitas fueron aisladas e identificadas mediante análisis morfológicos y técnicas moleculares, utilizando primers específicos del género *Trichoderma*. Posteriormente, se evaluó in vitro el potencial biocontrolador de las cepas mediante ensayos de antibiosis, micoparasitismo y antagonismo. Los resultados evidenciaron una alta diversidad de cepas endófitas asociadas al cacao, con destacada capacidad antagónica frente a los patógenos evaluados. En el caso de *M. roreri*, se registraron niveles de inhibición de hasta un 60% y un 100% de micoparasitismo en las cepas más efectivas; mientras que frente a *Fusarium* sp. se obtuvieron valores de inhibición del 40% y hasta un 90% de micoparasitismo. Estos hallazgos confirman el prometedor potencial de las cepas endófitas de *Trichoderma* como agentes de biocontrol sostenible. Además, su uso contribuiría significativamente a la preservación de la diversidad genética del cultivo y al fortalecimiento de la producción cacaotera peruana, en concordancia con las exigencias de mercados ecológicos y sostenibles.

Palabras clave: Antagonismo, Antibiosis, Micoparasitismo, Endófito.

Financiamiento: CONTRATO N° PE501090388-2024-PROCIENCIA; “Tesis de pregrado y postgrado en ciencia, tecnología e innovación tecnológica”

PRIMER REPORTE DEL GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE *Lupinus mutabilis* SWEET

Fernando Serna-Chumbes[1], Jeny Pérez-Huamanlazo[2], Raul Blas-Sevillano[2], Jeff Maughan[3] , Julio Solis-Sarmiento[1]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Instituto de Biotecnologia, Universidad Nacional Agraria La Molina, UNALM.

[3]Plant & Wildlife Sciences, Brigham Young University,BYU.

jsoliss@unmsm.edu.pe (Julio Solis-Sarmiento)

Lupinus mutabilis Sweet (lupino andino) es una leguminosa de gran relevancia para la región andina, debido a sus semillas con alto contenido de proteína (44 %), fibra y bajo contenido de lípidos (16 %). Sin embargo, su condición de cultivo huérfano ha limitado el desarrollo de herramientas genómicas para su mejoramiento genético.En este estudio, se reporta la aplicación de un protocolo de análisis bioinformático para el procesamiento de librerías de secuencias genómicas de lecturas largas (PacBio) y cortas (Illumina) de *L. mutabilis*. Se logró ensamblar su genoma plastidial completo utilizando lecturas PacBio, y su anotación se realizó con la herramienta GeSeq.El genoma obtenido tiene una longitud de 151,176 pb e incluye 128 genes: 83 codificantes de proteínas, 37 tRNA y 8 rRNA (correspondientes a 4 genes únicos, duplicados en las regiones IR). Esta organización concuerda con lo observado en plastomas de otras especies del clado *Genisteae*, cuyo tamaño varía entre 147,916 y 156,798 pb y presentan entre 124 y 128 genes, como *Lupinus albus*, *L. luteus*, *Glycine max* y otras leguminosas. Mediante comparaciones a nivel nucleotídico y proteico, y con el apoyo de anotaciones provenientes de 16 genomas de leguminosas, se realizó la curación y validación de la anotación del genoma plastidial de *L. mutabilis*. En conclusión, este estudio demuestra que la integración de plataformas de secuenciación de nueva generación (NGS) permite resolver con alta precisión genomas organelares complejos, constituyendo además el primer reporte del genoma plastidial para esta especie.

Palabras clave: PacBio, Illumina, Tarwi, NGS, Genómica

Financiamiento: PCONFIGI (B22100511), Contrato N° 067-INNOVATEPERU-BRI2016, otras (BYU, UNALM).

CARACTERIZACIÓN DE LA MICROBIOTA ACUÁTICA MEDIANTE *METABARCODING* EN UN HUMEDAL MARINO ARTIFICIAL DEL PERÚ: ESTUDIO COMPARATIVO ESTACIONAL

Mayra Silva[1], Ángel Ramirez Lifonzo[1], Rina Ramírez[1,2], Pedro E. Romero[1]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[2]Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

promeroc@unmsm.edu.pe (Pedro E. Romero)

La Poza La Arenilla es un humedal artificial costero ubicado en el distrito de La Punta, Callao, que abarca 18.2 hectáreas. Se ha identificado un vacío significativo en el conocimiento de su diversidad bacteriana. Esta investigación caracterizó la comunidad bacteriana mediante la técnica de *metabarcoding* del gen 16S ARNr en junio y septiembre de 2024, implementando un diseño de muestreo con cinco puntos y sus respectivas réplicas. La secuenciación de ADN se realizó utilizando la plataforma Oxford Nanopore Technologies, permitiendo la identificación de cinco filos principales: Proteobacteria (dominante), Bacteroidota, Actinobacteriota, Campilobacterota y Desulfobacterota. Se observaron variaciones temporales significativas en la diversidad (índice Shannon: 2.7-3.1 en junio, 3.2-3.8 en septiembre) correlacionadas con parámetros fisicoquímicos como pH (7.89, 8.146), salinidad (34.5, 35.4‰), oxígeno disuelto (6.73, 10.33 mg/L) y temperatura (17.4, 18.6°C). El análisis estadístico reveló correlaciones significativas del índice de Shannon con los parámetros ambientales. La presencia de grupos bacterianos no cultivables y clados específicos sugiere la necesidad de futuras investigaciones. Este estudio establece la primera línea base molecular de diversidad bacteriana para esta localidad, lo que contribuirá al desarrollo de estrategias efectivas de conservación y planes de manejo ambiental que aseguren la preservación de estos ecosistemas y sus servicios ambientales.

Palabras clave: humedal costero, diversidad bacteriana, ADN ambiental, conservación

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI INV B23100181: *adÁn: prototipo de sistema de monitoreo rápido de biodiversidad usando ADN ambiental,* financiado por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado de la UNMSM. Grupo de investigación: Evolución molecular de la biota en el Perú (EMBPE).

ANÁLISIS DE LA CITOTOXICIDAD DE MELATONINA EN EL ENFRIAMIENTO DE LOS ESPERMATOZOIDES EPIDIDIMARIOS DE ALPACA

Alena Edyth Sulca Llallahui[1], Gloria Maria Magdalena Levano Sanchez[1] Martha Esther Valdivia Cuya[1]

[1]Laboratorio de Fisiología de la Reproducción, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

gloria.levano1@unmsm.edu.pe (Gloria Levano)

La melatonina es una indolamina de naturaleza lipofílica e hidrofílica con potentes propiedades antioxidantes. Su acción incluye la captación directa de radicales libres, la estimulación de enzimas antioxidantes como la superóxido dismutasa (SOD) y la glutatión peroxidasa (GPx)**,** así como la protección de la función mitocondrial. Estas características la convierten en una molécula clave para mitigar el daño oxidativo en espermatozoides durante el congelamiento. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de cinco concentraciones de melatonina (0, 10, 50, 100 y 150 mM) añadidas al medio yolk-tris durante el cooling (4 °C, 1 h), sobre la calidad espermática de espermatozoides epididimarios de alpaca. Se utilizaron 15 muestras epididimarias colectadas 24 h post mortem de alpacas sacrificadas en el Camal Municipal de Huancavelica. Se evaluaron movilidad progresiva, integridad de membrana (HOST), vitalidad e índice mitocondrial (NBT), antes y después del enfriamiento.El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA de una vía y prueba de Tukey, con nivel de significancia $p < 0.05$**.** El grupo control **(**0 mM**)** presentó: movilidad (31.07 % ± 13.32), HOST **(**63.35 % ± 13.70**),** viabilidad (50.29 % ± 14.98) e índice mitocondrial **(**0.5547 ± 0.1297**).** El grupo tratado con 10 mM mostró los mejores resultados post-cooling, aunque sin diferencias significativas: movilidad **(**40.41 % ± 17.16), HOST (64.93 % ± 18.39)**,** viabilidad (49.31 % ± 11.03) e índice mitocondrial (0.5600 ± 0.0994). En contraste, el grupo con 100 mM de melatonina presentó reducciones significativas ($p < 0.05$) en todos los parámetros evaluados: movilidad (23.33 % ± 13.61), HOST (51.33 % ± 18.14), viabilidad (35.21 % ± 14.92) e índice mitocondrial (0.5040 ± 0.0846), indicando citotoxicidad espermática, probablemente asociada a un exceso de capacidad antioxidante que induce estrés reductivo. Se concluye que la melatonina a 10 mM ejerce un efecto protector durante el cooling, mientras que dosis mayorea a 100 mM afectan negativamente la calidad espermática.

Palabras clave: *Cooling*, antioxidante, camélido, reproducción

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 005446-2025-R con código de proyecto B25100421 y por el Fondo Nacional de Desarrollo Científico, Tecnológico y de Innovación Tecnológica (FONDECYT) Contrato N.º PE501090531-2024-PROCIENCIA-BM, Concurso E077-2023-01-BM, Becas en programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales

DEGRADACIÓN DIFERENCIAL DE COLORANTES AZOICOS POR *Shewanella xiamenensis* LC6: IMPLICANCIA DE SISTEMAS DE ADQUISICIÓN DE HIERRO

Asami Susuki[1], Asami Susuki-Pacheco[1], Cesar Reyes-Moreno[1], Josemaría Herrera-Quiñónez[1], Magerlyn Huamantalla-Huamán[1], Jefferson Ramírez-Quispe[1], Jaime Antezana-Mejía[1], Pablo Ramírez[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

pramirezr@unmsm.edu.pe

Los colorantes azoicos, ampliamente utilizados en la industria textil, constituyen un problema ambiental significativo debido a su toxicidad, persistencia y la generación de subproductos potencialmente mutagénicos, teratogénicos y carcinogénicos. En este contexto, *Shewanella xiamenensis* LC6, aislada de un efluente textil, ha mostrado una destacada capacidad para degradar colorantes azoicos. En este estudio se evaluó su eficacia frente a colorantes de distinta complejidad estructural, incluyendo anaranjado de metilo (AM), rojo de Congo (RC) y azul directo 71 (AD71). Se analizó el efecto de diferentes concentraciones de extracto de levadura (0.5–5 g/L) y del colorante (0.4–1 mM) sobre la eficiencia de decoloración. La cepa alcanzó niveles de decoloración superiores al 90 % en la mayoría de las condiciones, siendo más eficiente con el AM, para el cual logró una remoción completa (100%) entre 8 y 28 horas. En contraste, el AD71, de mayor complejidad estructural, requirió entre 36 y 52 horas para alcanzar el 97 % de decoloración. La concentración óptima de extracto de levadura fue de 5 g/L, debido a la alta demanda nutricional para el crecimiento celular. Adicionalmente, se evaluó la expresión de genes relacionados con la síntesis y captación de sideróforos (*iucA*, *iucD*, *fhuE_1* y *fhuF*), con el fin de determinar su posible implicancia en la degradación en función de la complejidad del colorante. Mediante RT-qPCR y análisis transcriptómicos, se observó una respuesta diferencial. Frente al AM, se detectó una sobreexpresión significativa del gen *iucA* ($log_2FC = 0.862$), junto con la subexpresión de *fhuF* e *iucD*, que sugiere una regulación selectiva de los sistemas de adquisición de hierro. Además, con RC, se observó una subexpresión generalizada de todos los genes analizados (log_2FC entre -2.755 y -3.481), indicando una posible represión global de esta vía. Mientras con el AD71, no se registraron cambios en la expresión génica. Estos resultados indican que *S. xiamenensis* LC6 modula diferencialmente sus sistemas de adquisición de hierro como parte de su respuesta al estrés químico inducido por distintos colorantes. En conclusión, esta cepa representa un candidato biotecnológico prometedor para el tratamiento de efluentes textiles, gracias a su alta eficiencia de decoloración y su capacidad de regulación metabólica frente a compuestos xenobióticos.

Palabras clave: RT-qPCR, sideróforos, colorantes azoicos, *Shewanella xiamenensis* LC6.

Financiamiento: financiado por Prociencia con contrato PE501082486-2023

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DEL FAGO FS01 ESPECÍFICO A *Salmonella* TYPHIMURIUM

Abraham Guillén, Kattya Zumaeta, Miguel Talledo

Laboratorio de Bacteriófagos. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima - Perú.

mtalledor@unmsm.edu.pe (Miguel Talledo)

Los bacteriófagos que infectan a bacterias entéricas son interesantes porque no se describen a menudo y tienen potencial por explorar. *Salmonella enterica* serovar Typhimurium es un patógeno facultativo intracelular transmitido por alimentos. En Perú hay información sobre fagos de *Salmonella,* pero escasa información sobre virus de *Salmonella* Typhimurium, por lo cual nos trazamos como objetivo su aislamiento y caracterización. El bacteriófago FS01 se aisló de aguas residuales de la planta de tratamiento La Taboada y se purificó mediante pasajes sucesivos frente a su hospedero, en medioTripticasa Soya. Fue sometido a pruebas de caracterización básica, como multiplicidad de infección, curva de crecimiento de un paso, rango de hospedero y estabilidad frente a factores ambientales. FS01 muestra alta capacidad lítica, multiplicidad de infección de 1 y un estrecho rango de hospedero. Mostró un periodo de eclipse de 10 minutos, un periodo de latencia de 15 minutos y un tamaño de explosión de 10 partículas virales por célula infectada. Presentó estabilidad térmica de 40 a 60 °C durante 30 minutos y se mantuvo estable a pH en el rango de 6 a 9. A partir de las 3 a las 12 horas FS01 redujo los recuentos viables de *S*. Typhimurium. Estos resultados sugieren que el fago FS01 podría ser probado para su uso en el biocontrol de *S*. Typhimurium, en ambientes industriales, en aplicaciones terapéuticas por su especificidad o en aplicaciones antimicrobianas.

Palabras clave: bacteriófago, *Salmonella* Typhimurium, aguas residuales, caracterización, biocontrol.

Financiamiento: Recursos propios.

EXPRESIÓN RECOMBINANTE DE UNA PROTEÍNA MULTIEPITÓPICA DERIVADA DE DOS FOSFOLIPASAS A2 DEL VENENO DE LA SERPIENTE DE *Bothrops pictus* (SERPENTES: VIPERIDAE)

Daniel Torrejón[1], Raúl Rivas[1], Víctor Otárola[1], Tania Broncano[1], Fanny Lazo[11], Walter Silva[2], Nadia Vera[1], Dan Vivas-Ruiz[1], Armando Yarlequé[1]

[1]Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre

dvivasr@unmsm.edu.pe (Dan Vivas-Ruiz)

Las fosfolipasas A2 (PLA_2) son enzimas predominantes en los venenos del género *Bothrops*, con efectos miotóxicos, hemolíticos y proinflamatorios. Esta investigación tuvo como objetivo diseñar y obtener una proteína multiepitópica derivada de dos PLA_2 (BpMtx y BpTx-I) del veneno de *Bothrops pictus*, serpiente endémica de la costa peruana. El diseño inició con la predicción *in silico* de epítopos lineales, los cuales fueron sintetizados mediante la técnica SPOT synthesis en membranas de celulosa. Su antigenicidad fue evaluada frente al suero antibotrópico polivalente producido por el Instituto Nacional de Salud (INS, Lima). Péptidos con mayor reconocimiento fueron seleccionados y ensamblados en un gen sintético optimizado, el cual fue integrado en el plásmido pET-101. El vector recombinante Bpic-abPL fue propagado en *Escherichia coli* TOP10 y posteriormente expresado en la cepa Star BL21(DE3) mediante inducción con IPTG. La proteína recombinante fue purificada por cromatografía de afinidad (His-Tag) y su expresión confirmada por SDS-PAGE y Western blot. Los resultados del inmunoreconocimiento de los péptidos sintetizados en la membrana permitieron la selección de tres potenciales epítopos para BpTx-I (MK-$X_{(10)}$-SY, YG-$X_{(20)}$-VV y FR-$X_{(10)}$-WF) y tres para BpMtx (CN-$X_{(23)}$-YK, DC-$X_{(17)}$-IV y KY-$X_{(19)}$-LE). En análisis por SDS-PAGE evidenció la expresión de una proteína de aproximadamente 17 kDa, con reactividad positiva en ensayos de ELISA y Western blot frente al suero antibotrópico, lo que confirma la conservación de los epítopos antigénicos seleccionados. En conclusión, se logró exitosamente la expresión recombinante de una proteína multiepitópica derivada de PLA_2 de *B. pictus*, lo que representa una herramienta prometedora para el desarrollo de nuevas estrategias en inmunización.

Palabras clave: Expresión recombinante, multiepítope, fosfolipasas A2, veneno, *Bothrops pictus*.

Financiamiento: Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC) y el Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA) en el marco del Concurso E077-2023-01-BM “Becas en Programas de Doctorado en Alianzas Interinstitucionales”, bajo el número de subvención (N° PE501088973-2024) y del Proyecto “Implementación de una Plataforma para la Síntesis de Péptidos con Aplicaciones Biotecnológica y Biomédica Humana y Veterinaria en la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (Contrato N° PE501085438-2023-PROCIENCIA-BM).

ELUCIDACIÓN ESTRUCTURAL DE LA PROTEÍNA MUTANTE ENCAPSULINA DE *Thermotoga maritima* MEDIANTE CRIOMICROSCOPÍA ELECTRÓNICA

Joel Torres[1], Samira Vera[1], Rodrigo Portugal[2], Daniel Guerra[3], Wilfredo Evangelista[3]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Brazilian Nanotechnology National Laboratory. Center for Research in Energy and Materials (CNPEM), Brasil.

[3]Unidad de Moléculas Individuales. Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú.

joel.torresv96@gmail.com

La encapsulina de *Thermotoga maritima* es un sistema modelo clave para nanocompartimientos proteicos, con aplicaciones biotecnológicas en salud (terapias dirigidas con fármacos tóxicos), medio ambiente (almacenamiento de contaminantes) e industria alimentaria (transporte de enzimas termolábiles). Este estudio caracterizó mediante criomicroscopía electrónica (cryo-EM) una variante mutante de encapsulina ("M2E") que contiene una inserción de 13 aminoácidos (GGEVETPIRNEGG), entre los residuos 138-139. Esta inserción sugiere una deformación elástica la cual aumenta la rigidez del complejo proteico contribuyendo a una mayor capacidad de carga de una proteína cargo. El complejo proteico se purificó mediante cromatografía de exclusión molecular y se derivó al Laboratorio LNNano (Brasil) donde se realizó el proceso de cryo-EM, y los datos generados se procesaron en la Unidad de Moléculas Individuales de la Universidad Peruana Cayetano Heredia (Perú) utilizando los programas Relion y CryoSPARCE. El mapa de densidad obtenido (3.8 Å) mostró que, si bien la inserción modifica el tamaño del complejo proteico en comparación con la encapsulina nativa reportada previamente, este conserva las mismas 60 subunidades, así como su simetría icosaédrica y estabilidad estructural. Este resultado contrasta con estudios anteriores, donde inserciones en regiones de poros se han asociado a cambios conformacionales significativos. El trabajo no solo proporciona el modelo estructural de una encapsulina con inserciones superficiales diseñadas que brindan una mayor capacidad de carga, sino que valida la capacidad de Perú para procesar datos cryo-EM de alta resolución, abriendo oportunidades para el diseño racional de nanocompartimientos con aplicaciones biotecnológicas

Palabras clave: Cryo-EM, nanocompartimientos, biología estructural, biofísica.

Financiamiento: CONTRATO PE501089887-2024 PROCIENCIA

ESTABILIDAD TÉRMICA Y SALINA DEL RAMNOLÍPIDO PRODUCIDO POR *Pseudomonas aeruginosa* 6K-11

Marilyn Veliz Cacho, Fernando Merino Rafael, Susana Gutiérrez Moreno

Laboratorio de Microbiología y Biotecnología microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

sgutierrezm@unmsm.edu.pe

Los ramnolípidos son moléculas anfipáticas que disminuyen la tensión superficial entre líquidos inmiscibles, reduciendo la energía necesaria para la formación de emulsiones y facilitando su solubilización. Suelen ser producidas por cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. La biorremediación tiene ciertas limitaciones, como el limitado contacto que tienen los microorganismos con el hidrocarburo a degradar debido a la naturaleza bifásica de este enlace lo cual puede solucionarse con la inclusión de biosurfactantes .El objetivo de esta investigación fue evaluar la influencia de la temperatura y la salinidad en la actividad emulsificante del biosurfactante ramnolípido producido por *Pseudomonas aeruginosa* 6K-11. Los ramnolípidos se produjeron cultivando *P. aeruginosa* 6K-11 en el medio Seigmund- Wagner (SW) suplementado con cada una de las tres fuentes de carbono: aceite de maíz, glicerol y aceite de fritura usado. La actividad emulsionante se midió según Goldman et al. (1982). La estabilidad de la emulsión se determinó mediante (EI 24) por Abouseoud et al. (2008). Los parámetros se evaluaron con ramnolípidos a temperaturas de 20, 30, 40, 50, 60, 70 y 80°C durante 60 minutos y concentraciones de NaCl de 0,1,3,6,9, 12%. Los ramnolípidos producidos en aceite de fritura usado, mostraron 2,19 EAU como la mayor actividad emulsionante. Se obtuvieron 1,79 y 1,52 EAU con los ramnolípidos producidos en aceite de maíz y glicerol, respectivamente. A continuación, 67,42 (CO), 59,82 (WFO), 58,30 % (G) de EI; cuando se incubaron a 40°C. La mejor conductividad 43,8 mS/cm se obtuvo con 12% ClNa y EI 24 fue de 50 a 56,7% a esta salinidad. En relación a los óptimos resultados de la actividad emulsionante y estabilidad de la emulsión bajo condiciones variables de temperatura y salinidad, se puede concluir que el ramnolípido producido por *P. aeruginosa* 6K-11 puede ser aplicado en procesos de biorremediación para incrementar la biodegradación de hidrocarburos.

Palabras clave: biosurfactante, CMC, salinidad, caracterización, actividad emulsificante.

Financiamiento: : Esta investigación fue apoyada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° - N°005557-2022-R/UNMSM y Número de Proyecto: B22101471

DESARROLLO DE UNA PLATAFORMA MULTIMODAL PARA LA CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE GENES DE RIESGO ASOCIADOS A TRASTORNOS NEUROPSIQUIÁTRICOS Y DEL NEURODESARROLLO EN NEURONAS CORTICALES DERIVADAS DE CÉLULAS MADRE

Samira Vera-Choqqueccota[1,2,3], Vladimir Luna-Gomez [1,2,4], Drew Elrich [1,5], David Haussler [1,2,3], Mircea Teodorescu [1,2,3,6], Mohammed A. Mostajo-Radji[1,2,3]

[1] Genomics Institute, University of California Santa Cruz, Santa Cruz, CA, United States

[2] Live Cell Biotechnology Discovery Lab, University of California Santa Cruz, Santa Cruz, CA, United States

[3] Department of Biomolecular Engineering, University of California Santa Cruz, Santa Cruz, CA, USA

[4] Department of Molecular, Cellular and Developmental Biology, University of California Santa Cruz, Santa Cruz, CA, USA

[5] Department of Computational Media, University of California Santa Cruz, Santa Cruz, CA, USA

[6] Department of Electrical and Computer Engineering, University of California Santa Cruz, Santa Cruz, CA, USA

lveracho@ucsc.edu (Samira Vera-Choqqueccota)

Los trastornos neuropsiquiátricos y del neurodesarrollo (NPDs), como el autismo, esquizofrenia y trastorno bipolar, son condiciones con alta carga genética y aún con mecanismos celulares y moleculares poco comprendidos. Para comprender cómo los genes de riesgo impactan la biología neuronal, hemos desarrollado una línea celular de células madre embrionarias de ratón (mESCs) que combina la expresión inducible de Ngn2 para la diferenciación rápida hacia neuronas corticales excitatorias con la expresión constitutiva del sistema CRISPR interference (CRISPRi). Esta combinación permite el silenciamiento reversible de genes sin modificar permanentemente el genoma, facilitando así el estudio funcional sistemático de genes de riesgo asociados a NPDs. Validamos la eficiencia de diferenciación mediante la inducción con doxiciclina, confirmando la expresión de marcadores neuronales por qPCR e inmunofluorescencia. Las neuronas diferenciadas presentan arborización dendrítica y organización en redes funcionales. Asimismo, validamos la expresión de dCas9 en la línea generada, estableciendo la base para aplicar silenciamiento génico dirigido. Además, establecimos condiciones de cultivo que permiten obtener neuronas con características corticales, observadas por la morfología y la expresión de proteínas específicas. Este modelo representa un avance significativo al permitir la diferenciación rápida y reproducible de neuronas corticales modificadas genéticamente. Estos resultados demuestran la viabilidad de una plataforma combinada de diferenciación neuronal y modulación génica, que puede ser aplicada para el estudio sistemático de la función de genes asociados a NPDs en un entorno neuronal controlado.

Palabras clave: CRISPRi, NPDs, neuronas corticales, Ngn2

Financiamiento: National Human Genome Research Institute, 1RM1HG011543; National Institute of Mental Health, 1U24MH132628; California Institute for Regenerative Medicine, DISC4-16285, DISC4-16337; University of California Office of the President, M25PR9045. The University of California Santa Cruz Center for Information Technology Research in the Interest of Society and the Banatao Institute Interdisciplinary and Innovation Program (I2P)

DERIVATIZACION CON LA3+ FACILITA CARACTERIZACIÓN ESTRUCTURAL DE BIOMOLÉCULAS ISOMERICAS UTILIZANDO ESPECTROMETRÍA DE MASAS

Jorge Vilchez [1], Xindi Tang[2], Nazifa Wali[2], Julia Laskin[2]

[1]Genetica, Omicas, Bioinformatica Y Desarrollo Computacional En Biomedicina, Farmacia, Toxicologia Y Alimentos, Facultad de Farmacia y Bioquímica, , Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Department of Chemistry, Purdue University, West Lafayette , Indiana, USA

jvilchezolmedo@gmail.com

La conformación específica y los enlaces de las biomoléculas influyen significativamente en su función. Sin embargo, distinguir entre isómeros mediante espectrometría de masas (MS) representa un desafío importante, ya que generan iones con la misma relación masa-carga (m/z) y presentan patrones de fragmentación similares en espectrometría de masas en tándem (MS/MS) utilizando disociación inducida por colisión (DIC). La identificación precisa de estas moléculas es importante para comprender su función tanto en condiciones de salud como de enfermedad. La complejación con cationes metálicos se emplea comúnmente para mejorar la eficiencia de ionización. En este estudio, exploramos la complejación de biomoléculas con pequeños cationes de lantano trivalente para mejorar su identificación mediante MS y MS/MS. Utilizando $LaCl_3$, generamos varios cationes abundantes que contienen lantano en solución, los cuales se complejan con disacáridos. Nuestra hipótesis fue el La^{3+} puede formar complejos de manera isómero-selectiva, influenciado por la disposición de los grupos hidroxilo (OH). Examinamos el efecto de la estructura del disacárido, la concentración de $LaCl_3$, la composición del solvente y el pH sobre la complejación. Encontramos que los cationes que contienen lantano se unen selectivamente con al menos tres grupos OH, lo que demuestra una unión isómero-selectiva. Además, analizamos los patrones de fragmentación de estos complejos con lantano. En conjunto, este estudio demuestra que la complejación con cationes que contienen lantano es una estrategia prometedora para diferenciar disacáridos isómeros y mejorar su identificación mediante MS/MS.

Palabras clave: Espectrometria de masas, biomoleculas , Disociacion inducida por colision

Financiamiento: Julia Laskin´s Research Group, Purdue University. West Lafayette

ANÁLISIS *IN SILICO* DE LA ENZIMA LACASA PRESENTE EN *Shewanella putrefaciens* Y DOCKING MOLECULAR FRENTE A AZUL BRILLANTE DE REMAZOL EN LA DEGRADACIÓN DE COLORANTES DE ANTRAQUINONA

Irving Vílchez-Toribio[1] Pablo Ramirez-Roca[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

irving.vilchez@unmsm.edu.pe (Irving Vilchez Toribio)

La contaminación de aguas por colorantes de antraquinona, derivados de la industria textil, representa un problema ambiental crítico debido a su alta estabilidad y toxicidad. Las lacasas, particularmente las de *Shewanella putrefaciens*, emergen como herramientas prometedoras para la biodegradación de estos compuestos. Este estudio tuvo como objetivo determinar el sitio activo más probable de la lacasa de *S. putrefaciens* y caracterizar su interacción con el colorante Azul Brillante de Remazol mediante análisis *in silico*. Se modeló la estructura tridimensional de la enzima utilizando técnicas de homología y modelado *ab initio*, seguidas de simulaciones de dinámica molecular para la optimización estructural. Posteriormente, se realizó un análisis de docking molecular para evaluar la interacción con el colorante. Los resultados mostraron que la lacasa tiene un bolsillo catalítico de 1235 Å³, con un Vina score de -8.0, y presentó interacciones favorables con residuos clave como His125, Trp63 y Tyr227. Estos resultados sugieren que la lacasa de *S. putrefaciens* es estructural y catalíticamente adecuada para aplicaciones en biorremediación, proporcionando una alternativa eficiente y sostenible para el tratamiento de aguas contaminadas.

Palabras clave: azul brillante de remazol, *Shewanella putrefaciens*, lacasa, análisis *in silico*

EFECTO DE LOS TIEMPOS DE FERMENTACIÓN DE CHICHA DE JORA EN LA CAPTURA DE *Ceratitis capitata* WIEDEMANN, EN *Mangifera indica*

Fabian Yesquen-Sernaque[1], Aida-Carbajal[2], Armando-Ugaz[3]

[1]Escuela de posgrado, Facultad de Ciencias agropecuarias, Universidad Nacional de Trujillo (UNT), La Libertad, Perú.

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Trujillo, UNT.

[3]Laboratorio de Investigación en Zoología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Piura, (UNP), Piura, Perú.

fabianyesquenbio@gmail.com (Fabian Yesquen -Sernaque)

El Perú es el segundo país exportador de *Mangifera indica*, con un 10 % de la producción trayendo divisas al país, también presenta plagas que afectan al cultivo. Mosca de la fruta es la principal plaga que genera pérdidas a los pequeños agricultores y empresarios.

En busca de la sostenibilidad para implementar una alternativa de control de la plaga de la *Ceratitis capitata,* en muchos cultivos y reducir pérdidas económicas en los pequeños agricultores se trabajó en la investigación y buscar soluciones de bajo costo y amigable con el ambiente. El objetivo fue determinar cuál de los tiempos de fermentación de "chicha de jora" obtiene una mayor captura de *C. capitata*, en *M. indica*. Se realizó en Sinchi Roca, Tambogrande, Piura durante octubre de 2021 a enero de 2022, para la captura individuos de *C. capitata* y evaluar la eficiencia de los atrayentes alimenticios utilizando como alternativa "chicha de jora" en diferentes tiempos de fermentación (0,4,8 y 12 días). Se realizó un análisis de varianza ($p<0,05$) y un índice técnico de moscas/trampa/día (MTD), para la cual se utilizó trampas caseras de botellas de plástico de 1,5 L. El tratamiento de 4 días de fermentación obtuvo un promedio de captura de 10,75 individuos, el tratamiento con 0 días de fermentación con 9,25, el testigo con 6,50. Los tratamientos de 0 y 4 días se obtuvo un máximo 16 y 17 capturas y como valores mínimos fueron 5 y 6 capturas respectivamente, en comparación con el testigo (Levadura torula/diluido en 250 ml agua) que tuvo como máximo 12 capturas y mínimo 3 capturas. La proporción de captura de *C. capitata,* fue macho/hembra 1:1,7 individuos, el índice de mosca/trampa/día (MTD) como mayor captura fue 0,69 individuos en enero. El trabajo de investigación concluyó que el tratamiento de "chicha de jora" con 4 días de fermentación logró la mayor captura de individuos de *C. capitata,* "mosca de la fruta".

Palabras clave: mosca de la fruta*,* días de fermentación, trampa alimenticia, Noroeste de Perú.

Financiamiento: Propio

Producción y Manejo de Recursos Biológicos

RESPUESTA FISIOLÓGICA E HISTOLÓGICA DE *Chenopodium quinoa* VARIEDAD SALCEDO INIA AL ESTRÉS SALINO

Micaela Alzamora-Infantas[1], Beatriz Roca Ramos[1], Marivel Geldres[2], Juanmanuel Quintanilla[2], Gustavo Sandoval[2], Giovana Vadillo [1]

[1]Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima Perú

[2]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima Perú

gvadillog@unmm.edu.pe (Giovana Vadillo)

La salinidad del suelo es un problema en la costa peruana que reduce el rendimiento de cultivos. La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un cultivo clave por su capacidad de adaptarse a condiciones adversas. En Perú, las variedades de quinua tienen diferentes características adaptativas y agronómicas; entre ellas, la variedad Salcedo INIA, originaria de Puno, adaptada a la costa; pero su tolerancia a la salinidad no ha sido estudiada. Con el fin de conocer sus respuestas fisiológicas e histológica al estrés salino, se sometió plantas de un mes a tres tratamientos de riego (0:control, 150 y 300 mM de NaCl), cada uno con 6 repeticiones, mantenidas en sustrato Premix5, con fotoperiodo 12:12 y temperaturas entre 8 y 24 °C, distribuidas al azar. Se regó dos veces por semana durante tres meses. Al final se midió la longitud del tallo y raíz, contenido de clorofila, área foliar específica (SLA), contenido relativo de agua (RWC) y la eficiencia fotosintética, así mismo se extrajo muestras foliares para el estudio histológico. Las plantas con 150 y 300 mM NaCl redujeron significativamente la longitud del tallo y biomasa total; con 300mM se redujo el RWC y la biomasa de los tallos, hojas y flores, y aumentó significativamente la cantidad de clorofila a. No se encontraron diferencias significativas en la longitud de la raíz, en el SLA ni en la eficiencia fotosintética. La densidad estomática (DE) y glándulas de sal (DGS) incrementaron en 300mM, también se encontraron diferencias en el número de estratos del parénquima en empalizada y esponjoso. Nuestros resultados sugieren que *Chenopodium quinoa* variedad Salcedo INIA tolera la salinidad mediante la modificación de su fisiología e histología, lo que le permite mantener su capacidad fotosintética y no alterar la traslocación de fotoasimilados hacia órganos de importancia agronómica, como las hojas y las flores.

Palabras clave: Quinua, salinidad, estrés, anatomía

Financiamiento: No especificado.

DETERMINACIÓN DEL VALOR PREDICTIVO DE PARÁMETROS NO CONVENCIONALES EN LA CAPACIDAD FECUNDANTE DE ESPERMATOZOIDES CAPACITADOS DE ALPACA

Klinton Atanacio-Nonato, Marelli Berrios-Sánchez, Martha Valdivia Cuya

Laboratorio de Fisiología de la reproducción, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

mvaldiviac@unmsm.edu.pe (Martha Valdivia)

La alpaca como especie emblemática de los andes sudamericanos presenta un alto valor económico, nutricional y cultural para las poblaciones altoandinas, con el fin de mejorar la productividad se estudia la reproducción de esta especie, aplicando biotecnologías como FIV, sin embargo, el bajo rendimiento reproductivo asociado a la mala calidad espermática en machos limita su efectividad, lo que ha llevado al uso de técnicas como la capacitación espermática para mejorar la selección de gametos. En este estudio se buscó evaluar dos medios capacitantes como Sperm Talp y Flushing a fin de seleccionar los espermatozoides en valor de su capacidad fecundante. Se colectaron 69 testículos y 40 ovarios del camal de Huancavelica y se procesaron luego de 22 horas post mortem en el laboratorio de fisiología de la reproducción UNMSM. Se extrajeron 260 ovocitos de los ovarios para aislar 210 zonas pelúcidas mediante cortes las que fueron usadas en la prueba de interacción de gametos. Los espermatozoides se recuperaron de los epididimos y se evaluó la movilidad, la actividad mitocondrial (AM) con Nitroblue tetrazolium, la dispersión de la cromatina (SCD) y la interacción a zona pelúcida (ZP) pre y post capacitación espermática (swim up). Se encontró que el medio Flushing (Mov: 44.97 ± 2.77%, AM: 0.69 ± 0.01 y ZP: 16.39 ± 1.6) logra una mayor calidad espermática que el medio Sperm talp (mov:32.46 ± 2.58, AM: 0.65 ± 0.01 y ZP: 12.80 ± 1.41). Además, se muestra una relación positiva entre la movilidad, actividad mitocondrial y la interacción a ZP coeficiente de correlación ($p<0.05$) mediante un modelo de regresión múltiple MRM. Estos hallazgos sugieren que la actividad mitocondrial post-capacitación tiene un valor predictivo sobre la capacidad fecundante del espermatozoide de alpaca, aportando evidencia útil para optimizar el uso de biotecnologías en esta especie.

Palabras clave: conservación, test ZP, capacitación espermática, alpaca.

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, RR N°006081-R-23 , Código N°B23101111. (PCONFIGI 2023).

PROPAGACIÓN IN VITRO Y ANÁLISIS FITOQUÍMICO E HISTOQUÍMICO COMPARATIVO DE *Neltuma limensis* (BENTH.) C. E. HUGHES & G. P. LEWIS PARA CONSERVACIÓN *EX SITU*

Marco Carbajal-Bellido[1], Hamed Haiba-Landa[1], Fabian Vicente-Rojas[3], Gabriela Salazar-Briceño[3], Joseph Valverde-Pereda[4], Marco Sisniegas-García[1], Rafael La Rosa-Loli[1,2], Manuel Marín-Bravo[1]

[1]Laboratorio de Farmacognosia y Anatomía Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2] Centro de Investigación en Recursos Naturales (CIRNA). Vicerrectorado de Investigación y Posgrado. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[3] Departamento de Ecología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[4] Laboratorio de Sistemática y Diversidad Vegetal. Departamento de Botánica, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

marco.carbajal02@gmail.com (Marco Carbajal-Bellido)

Neltuma limensis, "Huarango" es una especie nativa de la región de Ica, valorada por su uso tradicional en el tratamiento de afecciones respiratorias y digestivas. Su conservación es prioritaria debido a su importancia ecológica como fijadora de nitrógeno y su adaptación a ambientes áridos, mejorando suelos y promoviendo el desarrollo sostenible. Este estudio evaluó la propagación in vitro de *N. limensis* y comparó su perfil fitoquímico e histoquímico en plantas cultivadas en invernadero (9 meses de edad, aclimatadas tras 1 mes in vitro) y ejemplares silvestres. Se establecieron cultivos in vitro a partir de semillas escarificadas en medios con reguladores de crecimiento para inducir brotación y enraizamiento. Se analizaron muestras foliares (17.290 g por grupo, maceradas en alcohol 96° durante 1 semana) mediante pruebas histoquímicas y fitoquímicas. Las pruebas histoquímicas permitieron observar diferencias en la distribución y concentración de metabolitos, mientras que el tamizaje fitoquímico en muestras silvestres (2024-2025) detectó fenoles, saponinas, esteroles y flavonoides, mientras que las de invernadero solo presentaron fenoles. Los resultados sugieren que las condiciones ambientales pueden influir en la expresión de metabolitos secundarios. Estos hallazgos aportan información clave para futuras estrategias de conservación *ex situ* y su potencial fitoterapéutico de *N. limensis*.

Palabras clave: Cultivo, propagación, fitoquímica, histoquímica

Financiamiento: Este proyecto no presenta financiamiento.

DIVERSIDAD FLORAL CON POTENCIAL APÍCOLA PARA EL MANEJO DE ABEJAS Y PRODUCCIÓN SOSTENIBLE DE MIEL EN EL IVITA PUCALLPA, PERÚ

Xiomara Jaramillo-Saucedo[1], Roy Soria[1], Dany J. Guerra[1], Zoyla M. Clavo[1], Carlos M. Alvez-Valles [1]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Instituto Veterinario de Investigaciones Tropicales y de Altura – IVITA, Pucallpa.

xiomara.jaramillo@unmsm.edu.pe (Xiomara Jaramillo Saucedo)

La Amazonía peruana posee un gran número de especies vegetales. Sin embargo, en Ucayali existe poca información con respecto a las especies melíferas con potencial apícola de mayor representatividad. Por ello, el objetivo de este estudio fue identificar las especies de plantas melíferas con potencial apícola para el diseño de un calendario floral. El área de estudio fue la Estación del IVITA Pucallpa, ubicada en el km 59 de la carretera Federico Basadre, pertenece a la facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM) en Perú. Para la evaluación se realizaron 6 transectos de 250 m. de largo y 4 m. de ancho ubicados alrededor del área apícola, la cual se caracteriza por poseer cobertura de bosque. Asimismo, se realizaron caminatas libres y caminatas por los potreros, áreas caracterizadas por poseer pastizales y vegetación de purma. Las evaluaciones se llevaron a cabo mensualmente (agosto 2024 - abril 2025). Estos monitoreos fueron realizados desde las 8 a.m. hasta las 5 p.m. Como resultado se obtuvo que las especies vegetales más visitadas por individuos de *Apis mellifera* L. fueron *Croton matourensis* Aubl. y *Cupania cinerea* Poepp. & Endl., principalmente en los meses de mayor precipitación en la región (diciembre-abril). De acuerdo con diversos estudios, estas especies que proveen gran porcentaje de polen y son muy atraídos por A. *mellifera*. Asimismo, se encontraron diversas plantas melíferas floreciendo en diferentes meses y que fueron visitadas frecuentemente por A. *mellifera*. Concluyendo, el calendario floral de acuerdo con los resultados es una herramienta útil para el apicultor Ucayalino, para lograr una máxima producción de miel de buena calidad con insumos de alimentación natural.

Palabras clave: flora melífera, floración, apicultura, néctar.

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 004305-R-24 con código de proyecto A2408084.

ANÁLISIS PROXIMAL DEL CONTENIDO NUTRICIONAL DE RAÍCES ALMACENAMIENTO DE *Ipomoea noemana* E. JARA, P. MUÑOZ & H. BELTRÁN (CONVOLVULACEAE)

Enoc Jara-Peña[1], Miguer Vela Arce[1], Pablo Muñoz-Rodríguez[2]

[1]Laboratorio de Fitología Aplicada, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España.

ejarap@unmsm.edu.pe (Enoc Jara-Peña)

Los bosques estacionalmente secos del valle del Marañón (BES) se encuentran en la vertiente oriental de los andes al norte de Perú. Cabe indicar, a pesar de su menor extensión, es una cuenca que alberga a muchas especies endémicas de plantas. Una de las especies endémicas del valle del Marañón es *Ipomoea noemana* E.Jara, P.Muñoz & H.Beltrán, esta especie fue registrada en los distritos de Chingas y Llamellín, provincia de Antonio Raimondi, Departamento de Ancash. Sin embargo, nuevas poblaciones de esta especie también fueron registradas en los departamentos de Huánuco y Cajamarca. *I. noemana* forma raíces de almacenamiento, y que son recolectadas entre febrero y marzo por los pastores de animales, y a diferencia de otras especies de I*pomoea,* las raíces de almacenamiento son consumidas crudas. Las raíces de almacenamiento fueron colectadas en los bosques secos de los departamentos de Ancash y Huánuco. El análisis fisicoquímico se realizó por cuadruplicado, fue realizado en el laboratorio del Departamento Química de la Universidad Nacional Agraria La Molina. La composición proximal se determinó mediante métodos estandarizados de la Asociación de Colaboración Analítica Oficial Internacional (AOAC). Del Análisis proximal las raíces reservantes contienen: 6.01 g 100 g-1 de carbohidratos, 0.35 g 100 g-1 de proteína cruda, 0.36 g 100 g-1grasa cruda, 0.03 mg g-1 de fósforo, 41.51 mg g-1 de calcio; 1.26 mg g-1 de hierro, 0.50 g 100 g-1 de fibra cruda, 0.37 g 100 g-1 de cenizas totales, 93.03 g 100 g-1 de humedad y 28.28 kcal/100 g de energía total. Los resultados indican que las raíces de almacenamiento de esta especie contienen fuente de nutrientes bajo en calorías, contenido mucho menor a los valores energético de las raíces *de Smallanthus sonchifolius* y *Pachyrhizus erosus*, y que podría ser utilizada en la dieta para controlar el peso y el colesterol en humanos.

Palabras claves: Raices reservantes, fitorecurso, especie promisoria, fuente hipocalórica.

Financiamiento: CONFIGI 2021.

REGENERACIÓN DEL ALGODÓN NATIVO DE COLOR (*Gossypium barbadense* L.) A PARTIR DEL CULTIVO IN VITRO DE ÁPICES EMBRIONARIOS

Pillaca Chillcce Guido Bryan [1], Roel Barahona Indira Aurora[1], Sánchez Sotomayor Héctor Javier[1], Estrada Jiménez Rolando Víctor [1]

[1]Laboratorio de Recursos Genéticos y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

guido.pillaca@unmsm.edu.pe (Pillaca Chillcce Guido Bryan)

La regeneración *in vitro* del algodón nativo de color constituye una herramienta clave para su conservación y aprovechamiento biotecnológico, debido a su limitada capacidad de propagación en campo. Este estudio evaluó la capacidad regenerativa de ápices embrionarios de Gossypium barbadense L. (ecotipo crema) cultivados en medios MS suplementados con diferentes concentraciones de kinetina (KIN: 0, 1.0, 1.5 y 2.0 mg/L). Previamente, se empleó carbón activado (1 g/L) para mejorar la viabilidad del tejido en las primeras semanas. Los explantes fueron evaluados durante ocho semanas bajo condiciones controladas de temperatura, fotoperiodo y humedad. Los tratamientos con 1.0 y 1.5 mg/L de KIN mostraron los mejores resultados, con promedios de 5.8 y 6.2 brotes por ápice, respectivamente. La regeneración de brotes fue significativamente superior en comparación con el control y con la concentración de 2 mg/L de KIN, también se demostró un efecto inhibitorio en dosis elevadas de KIN. Además, se observaron raíces en todos los tratamientos, aunque sin correlación directa con el número de brotes. Los resultados demuestran que la inducción de brotes múltiples en ápices embrionarios es un método eficiente y reproducible para propagar el algodón nativo de color. Este protocolo puede aplicarse tanto en la micropropagación como en programas de conservación ex situ, constituyendo una base sólida para futuras investigaciones en transformación genética o edición génica. El enfoque propuesto favorece el rescate de genotipos valiosos y promueve la valorización del algodón nativo de color como un recurso estratégico peruano.

Palabras clave: cultivo de tejidos, citoquininas, micropropagación, biodiversidad

Financiamiento: GI, 2018, código B18101691: "Selección asistida por marcadores (MAS) utilizando ISSR y su relación con la capacidad de regeneración *in vitro* del algodón nativo de color (Gossypium barbadense)".

SELECCIÓN PRELIMINAR DE CEPAS BACTERIANAS ORIGINARIAS DE FUENTES FERMENTADAS CON CAPACIDAD DE PRODUCCIÓN DE CELULOSA EN CULTIVO ESTÁTICO

Deysi Damina Rendon Godoy, Mario Alcarraz Curi

Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

deydrg22@gmail.com (Deysi Damina Rendon Godoy)

La creciente demanda de materiales sostenibles ha impulsado el desarrollo de biopolímeros como la celulosa bacteriana, reconocida por su biodegradabilidad, resistencia mecánica y aplicaciones en biomedicina, industria alimentaria, empaques ecológicos, entre otros. Su producción depende críticamente de la cepa bacteriana y las condiciones de cultivo. Este estudio tuvo como objetivo aislar, seleccionar y evaluar preliminarmente cepas bacterianas nativas productoras de celulosa en cultivo estático. Se recolectaron muestras fermentadas de kombucha, vinagre artesanal y frutas fermentadas de mercados locales de Lima. Estas se enriquecieron selectivamente en medio MHS (Hestrin-Schramm modificado) en proporción 1:9 en un volumen final de 100 mL, y posteriormente se purificaron en medio HS (Hestrin-Schramm) y GEY (Glucosa-Etanol-Extracto de levadura). Se aislaron 40 cepas de las muestras analizadas, de las cuales el 25% mostró capacidad productora de celulosa. Posteriormente, se cultivaron en frascos de boca ancha para favorecer la transferencia de oxígeno y evaluar la formación de películas celulósicas en la interfase líquido-aire. Se midió peso seco, dimensiones y consumo de azúcares. Se observó una relación directamente proporcional entre la formación de celulosa y la disminución de la concentración de glucosa. La cepa KB001 (kombucha) presentó un rendimiento de 5.95 g/L, mientras que otras, como KB004, alcanzaron solo 0.42 g/L. También destacaron cepas de caña de azúcar y vinagre. Estos resultados revelan el potencial de las cepas seleccionadas para la producción de celulosa bacteriana, promoviendo el aprovechamiento de residuos orgánicos locales y aportando a la valorización de recursos biotecnológicos en el Perú.

Palabras clave: biopolímero, fermentación, microorganismos, aislamiento.

Financiamiento: No especificado.

EVALUACIÓN DE VULNERABILIDAD POR EFECTOS DE PESCA Y VARIABILIDAD CLIMÁTICA DE TIBURONES DESEMBARCADOS EN PUCUSANA, LIMA-PERÚ (12°25'S)

Giancarlos Rivas[1], Víctor Aramayo[1,2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, P.O. BOX 1898, Lima 100, Perú.

[2]Dirección de Oceanografía y Cambio Climático. Instituto del Mar del Perú, P.O. BOX 22, Callao, Perú.

gianrr16@gmail.com

Los tiburones son considerados controladores biológicos de los ecosistemas marinos, sin embargo, sus características de historia de vida como longevidad alta, madurez sexual tardía, fecundidad baja, entre otros factores, predisponen la vulnerabilidad de este grupo frente a la pesquería, la destrucción de hábitats y el cambio climático. Con base en la serie temporal de desembarques analizada (2000-2022) se seleccionaron 13 especies de tiburones capturados por la flota artesanal y de mediana escala de Pucusana. Se obtuvieron atributos de sensibilidad especifica (fecundidad, edad-talla media de madurez, estado biomasa, estrategia alimenticia, capacidad de movimiento de adultos/juveniles, cobertura latitudinal y fenología) mediante recopilación bibliográfica para las 13 especies seleccionadas. Posteriormente se evaluó la vulnerabilidad climática (CVA) en estos condrictios, y se aplicó un análisis *bootstrap* para optimizar los resultados. El análisis incorporó diferentes períodos de El Niño-Oscilación del Sur. Los resultados indican que tiburones costeros (p.e., *Triakis maculata, Mustelus whitneyi*) exhiben una mayor vulnerabilidad climática (>6.5 ± 1; 15.4% del total especies evaluadas), mientras que los tiburones oceánicos (p.e., *Prionace glauca, Sphyrna zygaena*; *Isuurs oxyrinchus*, entre otros) son las especies medianamente vulnerables (>3.8 ± 0.2; 84.6%). El análisis de las capturas indica que durante años de enfriamiento (2005, 2017, 2018 y 2021), la pesca de este grupo descendió incrementando los valores de vulnerabilidad frente a cambios ambientales; mientras que, en años cálidos de El Niño la captura fue muy variable y representa un puntaje de vulnerabilidad media (CVA: 3-4). Solo el 76.9% de las especies analizadas carecen de información adecuada para su análisis y consecuente sostenibilidad pesquera, siendo las especies más críticas *Carcharhinus limbatus*, *Carcharhinus brachyurus*, *Alopias vulpinus, Alopias superciollosus, Alopias pelagicus*, y *Ttriakis* maculata, y finalmente, sólo el 23.1% de especies (*P. glauca*; *S. zygaena*; *I. oxyrinchus*) muestran detallada información, por lo cual los resultados obtenidos en el presente estudio deben considerarse preliminares y se recomienda realizar mayores esfuerzos de investigación cooperativa para las especies de tiburones con menor información bibliográfica.

Palabras clave: Condrictios, Análisis de vulnerabilidad climática (CVA), pesquería artesanal, cambio climático.

Financiamiento: ECOMARES II: traduciendo colaboración multidisciplinaria en producción científica de alto impacto en ecosistemas acuáticos, PCONFIGI (#B25101391)

ANÁLISIS DEL COMPORTAMIENTO PERIÓDICO DEL REPRESSILATOR MEDIANTE SIMETRÍAS DE LIE

Daniela Rojas-Porras[1], Roxana Lopez-Cruz[2]

[1]Grupo de Investigación en Bioinformática y Biología Estructural, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Grupo de investigación Ciencias Matemáticas para las Ciencias de la Vida, Facultad de Ciencias Matemáticas, UNMSM.

daniela.rojas2@unmsm.edu.pe (Daniela Rojas-Porras)

Las oscilaciones genéticas son procesos fundamentales que regulan múltiples funciones en los organismos vivos. Un ejemplo clásico es la secreción de melatonina, que aumenta durante la noche y disminuye durante el día, controlando los ritmos circadianos. Otros ejemplos incluyen la expresión pulsátil de genes de respuesta al estrés, la actividad oscilatoria de factores de transcripción como NF-κB o p53, y los ciclos que regulan procesos esenciales como el desarrollo embrionario, el ciclo celular y la homeostasis inmunológica. Inspirada por estos mecanismos, la biología sintética ha desarrollado circuitos artificiales capaces de reproducir comportamientos oscilatorios. Uno de los más estudiados es el repressilator, un circuito genético sintético conformado por tres genes que se inhiben mutuamente de forma cíclica, generando oscilaciones periódicas en la expresión génica. Aunque el repressilator ha sido ampliamente analizado desde enfoques dinámicos y computacionales, aún es escasa la investigación sobre sus simetrías desde el punto de vista algebraico. En este trabajo se propone estudiar el modelo utilizando herramientas del análisis de simetrías de Lie, con el objetivo de identificar simetrías puntuales e invariantes diferenciales que permitan caracterizar su comportamiento periódico. Se aplicará el método del generador normal y se aprovechará la simetría cíclica del sistema para derivar campos vectoriales invariantes. Asimismo, se analizará cómo la estructura del álgebra de simetría —posiblemente resoluble o semisimple— influye en la forma, estabilidad y sincronización del atractor oscilatorio. Las simulaciones numéricas confirmarán la presencia de órbitas periódicas compatibles con las soluciones invariantes obtenidas. Este enfoque busca conectar la dinámica de la expresión génica con propiedades algebraicas del sistema, proponiendo una nueva perspectiva para el análisis, diseño y control de osciladores genéticos sintéticos.

Palabras clave: repressilator, *in silico*, álgebra de Lie.

Financiamiento: Grupo de Investigación en Bioinformática y Biología Estructural.

DISEÑO EXPERIMENTAL PARA LA EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD ANTIOXIDANTE DE *Nostoc* sp. EN CONDICIONES SIMULADAS DE VUELOS DE CORTA DURACIÓN

Solanch Solaligue[1], Marjorie Mateu[1], Maria Delgado[1], Mauricio Agreda[2], Victoria Mora[2], Gino La Puente[2]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, (UNMSM), Lima, Perú

[2]Sociedad Científica de Astrobiología del Perú (SCAP)

solanch.solaligue@unmsm.edu.pe (Solanch Solaligue Limache)

Las cianobacterias, como *Nostoc* sp., destacan por su resistencia y versatilidad, lo que las convierte en candidatas clave para investigaciones con proyección espacial. Su capacidad antioxidante, fijación de nitrógeno y tolerancia a condiciones ambientales extremas las posicionan como organismos modelo en estudios biotecnológicos. El presente proyecto tiene como objetivo diseñar y ejecutar un protocolo experimental que permita evaluar la capacidad antioxidante de *Nostoc* sp. bajo condiciones simuladas de vuelos de corta duración (~1 km), en el marco experimental del proyecto N.O.V.A. El protocolo fue desarrollado con un enfoque preliminar, empleando biomasa fresca proveniente de una cepa tipo salvaje (wild-type strain) de *Nostoc* sp**.** colectada directamente de su hábitat natural. Se utilizó el método colorimétrico con azul de metileno como indicador, evaluando el grado de decoloración como estimador de la actividad antioxidante. Las muestras serán posteriormente analizadas mediante el uso de sensores de color RGB que permitan comparar la actividad antioxidante entre los tratamientos control y expuesto. Las muestras fueron acondicionadas en módulos experimentales tipo CanSat, con controles paralelos mantenidos en tierra. El lanzamiento está programado para realizarse en la localidad de Polobaya, región Arequipa, alcanzando una altitud estimada de 1000 metros. Debido al carácter preliminar del ensayo, el foco principal fue validar el diseño operativo y asegurar la integridad de las muestras tras la simulación. Esta propuesta representa uno de los primeros experimentos en el Perú que utiliza muestras biológicas como carga útil. Además, sienta las bases para futuros estudios con mayor rigor instrumental, con aplicaciones potenciales en investigación científica, educación y evaluación de organismos funcionales en condiciones variables.

Palabras clave: Organismo modelo, sensores de color RGB, astrobiología, CanSat.

Financiamiento: Sociedad Científica de Astrobiología del Perú (SCAP).

DIAGNÓSTICO AUTOMATIZADO DE DEFICIENCIAS NUTRICIONALES EN *Raphanus sativus* MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Carlos Sotelo-López[1], Jeams Roque-Portella[2], Maricielo Soto-Sanjinez[3], Abigail Cajaleon-Vivanco[3], Sandra Moreno-Peña[3], Fabrizio Pinedo-Cáceres[3], César Córdova-Castañeda[4]

[1]Departamento Académico de Telecomunicaciones, Facultad de ingeniería Electrónica y Eléctrica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]E.P. Telecomunicaciones, Facultad de ingeniería Electrónica y Eléctrica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[3]E.P. Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[4]Departamento Académico de Botánica, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

ccordovac@unmsm.edu.pe

La detección temprana de deficiencias nutricionales en cultivos es esencial para maximizar el rendimiento agrícola y garantizar la salud de las plantas. *Raphanus sativus*, rabanito, es ampliamente cultivado y al igual que otras plantas. es susceptible a deficiencias de nutrientes esenciales como potasio (-K), nitrógeno (-N) y fósforo (- P) y que afecta su crecimiento y calidad comercial. El experimento se diseño en un sistema hidropónico de flujo continuo con 13 individuos incluyendo un control (C) con una solución completa, expuesto a iluminación natural en un invernadero, durante un mes. La evaluación incluyo: peso húmedo, peso seco, longitud total, determinación de clorofila y cuantificación de polifenoles de hojas y raíz. El peso húmedo (peso seco) de los rabanitos es: C = 43.9 (9.6), -K = 38.6 (0.6), -N = 6.9(2.3) y -K = 21.2 (1.5). El trabajo presenta un sistema basado en aprendizaje profundo para el diagnóstico automático de deficiencias nutricionales en rabanitos, además de la identificación de plantas con solución completa de nutrientes. Utiliza una red neuronal convolucional ResNet50 ajustada, la cual logra un F1-score promedio del 94.75 % a partir de un conjunto de 448 imágenes empleadas para su entrenamiento. Se desarrolló una interfaz gráfica de usuario (GUI) para facilitar la interacción, permitiendo a los usuarios cargar imágenes y obtener resultados diagnósticos. El modelo de clasificación se basa en ResNet50, una red neuronal convolucional de 50 capas preentrenada en el conjunto de datos ImageNet. ResNet50 utiliza conexiones residuales para facilitar el entrenamiento de redes profundas, mejorando la convergencia y el rendimiento.

Palabras clave: diagnóstico automático, redes neuronales convolucionales, ResNet50, interfaz gráfica de usuario (GUI)

Financiamiento: No especificado.

EVALUACIÓN DE LA INDUCCIÓN AMBIENTAL CONTROLADA PARA OPTIMIZAR LA PRODUCCIÓN DE QUISTES DE *ARTEMIA*

Liliana Tapia -Ugaz[1], Claudia V. Mera[1], Katherine Sarayasi-Mejia[1], Jhuamer Cieza-Mosquera[1], Kevin Mitma-Ramirez[1], Breydhi Segura-Rodriguez[1].

[1]Laboratorio de Acuicultura y Nutrición de los Organismos Acuáticos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

ltapiau@unmsm.edu.pe (Liliana Tapia-Ugaz)

Los quistes de Artemia constituyen el alimento vivo más importante para larvas de peces y crustáceos marinos, siendo fundamentales para la industria acuícola global valorada en más de 250 mil millones de dólares anuales. La producción actual presenta una estructura dual donde el 70% proviene de sistemas controlados y 30% de recolección natural, generando inestabilidad en el suministro. El objetivo fue evaluar los efectos de temperatura y salinidad sobre la producción de quistes en *Artemia* sp. bajo condiciones controladas para optimizar protocolos de inducción ambiental. Se implementó un diseño factorial completamente aleatorizado (4×3) evaluando cuatro niveles de temperatura (20°C, 26°C, 28°C, 30°C) y tres de salinidad (80, 100, 120 ppt) durante 15 días. Se utilizaron 36 unidades experimentales con 5 parejas reproductivas cada una, evaluando producción de quistes, diámetro, eclosión de nauplios y mortalidad de reproductores mediante análisis ANOVA multifactorial. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas para los efectos principales ($p>0.05$), aunque se observaron tendencias importantes. La mayor producción se registró en 26°C-80ppt (641±183 quistes/500ml), mientras que quistes de mayor diámetro se obtuvieron a 28°C-120ppt (0.241±0.014mm). La temperatura de 30°C favoreció la eclosión, pero incrementó significativamente la mortalidad de reproductores ($p<0.001$). Los resultados sugieren que temperaturas moderadas (26°C) combinadas con salinidades intermedias optimizan la producción cuantitativa, mientras que condiciones estándar (28°C-120ppt) favorecen la calidad morfológica. El tratamiento 26°C-120ppt ofrece el mejor balance entre producción, calidad y reproducibilidad para escalamiento comercial, contribuyendo al desarrollo de protocolos más eficientes y sostenibles para la industria acuícola.

Palabras clave: Artemia, quistes, temperatura, salinidad.

Financiamiento: PICV-2025 (R.R. N°014927-2024-R/UNMSM).

Salud y Sanidad

PERFIL INMUNE-FENOTÍPICO DE MACRÓFAGOS CARDÍACOS CCR2+ Y CCR5+ EN LA EVOLUCIÓN DE LA MIOCARDITIS CHAGÁSICA EN MODELO EXPERIMENTAL MURINO

Cristian Aguilar Caranza[1], Carol Sánchez-Chicana[2], Mayte Inga-Alarcon[1], Juan Jimenez- Chunga [1,2], Edward Valencia-Ayala[1,2].

[1]Laboratorio de Parasitología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiología y Parasitología, UNMSM.

cristian.aguilar@patmol.org (Cristian Aguilar Caranza)

La miocardiopatía chagásica crónica (MCC) es una forma dilatada e inflamatoria del corazón que se desarrolla en aproximadamente el 30% de las personas infectadas por *Trypanosoma cruzi*, décadas después de la infección inicial. Se caracteriza por arritmias, insuficiencia cardíaca y elevada mortalidad. La invasión y replicación intracelular de *T. cruzi* en el miocardio es indispensable para el desarrollo de la MCC, donde los macrófagos actúan como células clave tanto en el control del parásito como en la regulación de la respuesta inflamatoria. Los macrófagos cardíacos pueden clasificarse en residentes (CCR2-) e infiltrantes (CCR2+), estos últimos derivados de monocitos circulantes Ly6C^hi, que se asocian a inflamación y remodelado adverso en enfermedades cardiovasculares. Por otro lado, los macrófagos CCR5+ se relacionan con la inflamación crónica, persistiendo en el tejido con producción sostenida de citocinas pro-inflamatorias, que promueven el daño y fibrosis cardíaca. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar la población de macrófagos CCR2+ y CCR5+ en el corazón de ratones BALB/c infectados con la cepa AQP de *T. cruzi*, aislada en Perú, en las fases aguda y crónica. El tejido cardíaco fue procesado mediante digestión enzimática y las células fueron analizadas por citometría de flujo utilizando marcadores como CD45, CD11b, Ly6G. Ly6C, CD64, MHCII, CCR2 y CCR5. Se observó un predominio de macrófagos CCR2+ en la fase aguda, asociados a una respuesta pro-inflamatoria intensa y elevada carga parasitaria. En la fase crónica, la población CCR5+ fue significativamente mayor, en un contexto de inflamación persistente y fibrosis progresiva. Estos hallazgos podrían aportar nuevas evidencias sobre los mecanismos inmunopatológicos en EC, con potencial implicancia en el diseño de estrategias terapéuticas orientadas a modular la respuesta inflamatoria y limitar el daño cardíaco crónico.

Palabras clave: *Trypanosoma cruzi*, Citometría, Marcadores, CCR2, CCR5.

Financiamiento: Proyecto PE501085376-2023-PROCIENCIA-BM y Proyecto B25100231-PCONFIGI 2025

BIOPSIA LÍQUIDA EN CÁNCER DE MAMA: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA SOBRE LOS MICROARNS COMO BIOMARCADORES MOLECULARES

Diana J. Arenas-Machaca[1]; Daniel A. Desposorio-Vicente[2]; Bijaya M. García-Gómez[3]

[1]Laboratorio de Genética y Biología Molecular, Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas (INEN). Lima, Perú.

[2]Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad Nacional Federico Villarreal (UNFV), Lima, Perú.

[3]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

darenas@inen.sld.pe

El cáncer de mama (CM) es la neoplasia más frecuente en mujeres a nivel mundial. En el Perú, ocupa el primer lugar en incidencia y una elevada tasa de mortalidad, según datos del Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas. A pesar del uso generalizado de la mamografía, su limitada cobertura poblacional impulsa la búsqueda de nuevas herramientas diagnósticas. En este contexto, la biopsia líquida (BL) ha emergido como una alternativa mínimamente invasiva, al permitir la detección de biomarcadores circulantes como los microARNs (miARNs), cuya estabilidad y expresión diferencial en fluidos biológicos los posiciona como biomarcadores potenciales para el CM. Se realizó una revisión sistemática siguiendo las directrices PRISMA 2020, con el objetivo de recopilar y analizar la evidencia científica sobre el rol de los miARNs como biomarcadores, identificando candidatos prometedores bajo el enfoque de BL. Se seleccionaron 42 artículos publicados en los últimos 14 años en bases de datos como PubMed y Scopus, que evaluaron miARNs en plasma, suero o tejido, validados mediante RT-qPCR, en pacientes con diagnóstico confirmado de CM y datos clínico-patológicos relevantes. Entre los miARNs potencialmente relevantes en CM se identificaron miR-145, miR-21, miR-155, miR-125b y miR-182, los cuales están significativamente asociados con el diagnóstico temprano, la progresión tumoral y la respuesta al tratamiento. En particular, miR-21 y miR-155 se encontraron sobreexpresados en tumores agresivos de CM. El análisis también permitió identificar perfiles moleculares de expresión diferencial correlacionados con los subtipos moleculares del CM (Luminal A, Luminal B, Her2-positivo y Triple Negativo), lo cual refuerza el interés en evaluar estos miARNs en BL. No obstante, la validación experimental en cohortes amplias y la estandarización de metodologías son esenciales para su implementación clínica. El análisis presentado en esta revisión subraya el potencial prometedor de los miARNs como herramientas diagnósticas, pronósticas y terapéuticas innovadoras en el abordaje del CM.

Palabras clave: Plasma, expresión génica, marcador molecular, PCR cuantitativa.

Financiamiento: No especificado.

RESISTENCIA ANTIMICROBIANA A COLISTINA EN COLIFORMES AISLADOS DE AGUAS RESIDUALES DE LA PTAR MARÍA REICHE (LIMA)

Valeria Rocío Arevalo-Garcia, Milagros Beatriz del Cielo Lino-Mendoza, Anayka Gojanny Cárdenas-Ormeño y Marcos Alejandro Sulca-López

Laboratorio de Microbiología Acuática y Aplicaciones Tecnológicas, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima, Perú

msulcal@unmsm.edu.pe (Marcos Alejandro Sulca-López).

La resistencia a los antibióticos es una amenaza creciente para la salud pública, dificultando el tratamiento de infecciones por bacterias multirresistentes. La resistencia a la colistina, antibiótico de último recurso, ha generado preocupación debido a la presencia del gen de resistencia *mcr-1*, que puede transferirse entre bacterias patógenas mediante plásmidos, facilitando su diseminación y comprometiendo así las opciones terapéuticas disponibles. Asimismo, las Plantas de Tratamiento de Aguas Residuales (PTAR) son ambientes favorables para la propagación de genes de resistencia antimicrobiana, representando un riesgo ambiental. Por tal motivo, este estudio tiene como objetivo confirmar la resistencia a colistina en coliformes aislados de la PTAR María Reiche (Miraflores-Lima). En tres fechas distintas, se recolectó una muestra de 1000 mililitros de agua residual en dicha PTAR, estas fueron sometidas a enriquecimiento selectivo con caldo Lauril Sulfato. Posteriormente, se aplicó la técnica Colistin Agar Spot para el aislamiento de colonias en presencia del antibiótico; estas fueron sembradas luego en agar MacConkey para seleccionar colonias bacterianas con características compatibles a los coliformes, posteriormente se sometieron a pruebas bioquímicas para identificación bacteriológica. Finalmente, se determinó la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) frente a colistina mediante el método de microdilución en placa, utilizando concentraciones entre 1 µg/mL y 512 µg/mL según los lineamientos del *Clinical & Laboratory Standards Institute* (CLSI). Como resultado, se aislaron 27 colonias bacterianas resistentes a la colistina, de las cuales 7 presentaron características compatibles con coliformes. Las pruebas bioquímicas permitieron identificarlas como *Klebsiella* spp. y *Citrobacter* spp. Las CMI obtenidas para los 7 aislados estuvieron entre 8 µg/mL a 128 µg/mL, superando el punto de corte de ≥4 µg/mL establecido por el CLSI. Estos resultados evidencian la presencia de bacterias resistentes a colistina en aguas residuales y reflejan la necesidad de una vigilancia continua, dada su capacidad de diseminación en el ambiente.

Palabras clave: Gramnegativos, *screening* fenotípico de resistencia, sensibilidad antimicrobiana.

Financiamiento: PCONFIGI 2023

ANÁLISIS GENÓMICO DE *Escherichia coli* PRODUCTORA DE BLEE Y RESISTENTE A COLISTINA DE UN SAJINO (*Dicotyles tajacu* LINNAEUS, 1758) DE PUCALLPA-PERÚ

Jhonathan Bazalar-Gonzales, Gerald Moreno-Morales, Yennifer Ignacion Leon, Thalía Silvestre Espejo, Raúl Rosadio Alcántara, Luis Luna Espinoza, Lenin Maturrano Hernández

Grupo de Investigación en Biotecnología Aplicada a la Conservación, Sanidad y Producción Animal (SANIGEN), Laboratorio de Biología y Genética Molecular, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

jhonathan.bazalar@unmsm.edu.pe

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una amenaza para la salud global. Reportamos un aislado de *Escherichia coli* multirresistente (MDR), productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y resistente a colistina, en un sajino (*Pecari tajacu* Linnaeus, 1758) rescatado del tráfico ilegal de fauna silvestre y albergado en un centro de rescate en Pucallpa-Perú. El aislamiento se realizó en febrero del 2023, durante un estudio de vigilancia de la RAM, empleando pruebas microbiológicas convencionales. Se evaluó la susceptibilidad antimicrobiana mediante el método de Kirby-Bauer, el fenotipo BLEE con el método de Jarlier y la resistencia a colistina por concentración mínima inhibitoria (MIC), según el CLSI. El genoma completo se secuenció en la plataforma MiSeq (Illumina), el ensamblaje se realizó con SPAdes v4.2.0, la detección de genes de resistencia (ARGs) y virulencia con AMRFinderPlus v4.0.23, la predicción de plásmidos con Mobsuite v.3.1.9, y la confirmación de especie y tipificación multilocus mediante PubMLST (https://pubmlst.org/). Se identificó *Escherichia coli* ST359 (esquema Achtman), del complejo clonal 101 (CC-101), resistente a seis familias de antibióticos, incluyendo colistina (MIC: 0.4µg/mL). Se detectaron múltiples ARGs contra aminoglucósidos, quinolonas, sulfonamidas y tetraciclinas, así como *bla*$_{\text{CTX-M-55}}$ y *mcr-1.1*, lo que confirma su perfil MDR, productora de BLEE y resistente a colistina; y varios genes de virulencia compatibles con ExPEC. El plásmido portador de *bla*$_{\text{CTX-M-55}}$ fue 100% idéntico a uno de origen alimentario (carne de pollo) reportado en China (KU321583.1), y el de m*cr-1.1*, 99.6% idéntico a aislados de origen hospitalario (MG594799.1) y comunitario (AP027497.1), de Argentina y Ecuador, respectivamente. Estos hallazgos resaltan la importancia de implementar la vigilancia de la RAM en la fauna silvestre, bajo el enfoque de "Una Salud", para detectar oportunamente la emergencia y propagación de cepas de alto riesgo en las poblaciones de animales silvestres de la Amazonía peruana.

Palabras clave: resistencia a los antimicrobianos, *Escherichia coli*, *bla*$_{\text{CTX-M-55}}$, *mcr-1.1*

Financiamiento: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC), Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados (PROCIENCIA), contrato N° 076-2021-FONDECYT

INFLUENCIA DE LA EDAD PATERNA EN LA CALIDAD EMBRIONARIA EN TRATAMIENTOS CON OVODONACIÓN EVALUADOS EN UN CENTRO DE FERTILIDAD

Diana Nancy Bernaola Medina[1,2],Mary Gutierrez Quilca[2], Jimmy Portella Ruiz[2], Betty Shiga Oshige[1], José Luis Pino-Gaviño[1]

[1]Laboratorio de Reproducción y Biología del Desarrollo; G.I. Biotoxic; Departamento de Zoología; Facultad de Ciencias Biológicas; Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM); Lima - Perú.

[2]Instituto de Medicina Reproductiva; Clínica Ricardo Palma; Lima - Perú.

diana.bernaola@unmsm.edu.pe (Diana Nancy Bernaola Medina)

La edad paterna ha sido asociada a cambios en la calidad espermática, lo que podría influir en el desarrollo embrionario preimplantacional de los Tratamientos de Reproducción Asistida (TRA). El objetivo fue evaluar el impacto de la edad paterna sobre la calidad embrionaria en TRA con ovodonación. Se analizaron 56 ciclos de ovodonación con parámetros espermáticos normales de volumen, concentración y motilidad según el Manual de Análisis de Semen de la OMS (2021). Los pacientes se dividieron en dos grupos según la edad paterna: < 40 años y ≥ 40 años. Se comparó la morfología embrionaria en estadio de blastocisto, clasificados según calidad en el sistema de Gardner (1999) para la masa celular interna (A, B, C) y trofoectodermo (A, B, C). Es así que un Blastocisto se clasifica de buena calidad (AA, AB o BA); regular calidad (BB, BC o CB) y pobre calidad (CC, AC o CA). Se aplicó la prueba chi cuadrado para analizar diferencias en la proporción de embriones. El grupo de edad paterna < 40 años no mostró diferencias significativas en los embriones de buena (60.68% vs 62.16%, p= 0.89), regular (38.46% vs 35.81%, p= 0.76) y pobre (0.85% vs 2.03%, p= 0.49) calidad en comparación con el grupo de edad paterna ≥ a 40 años. Los resultados no muestran diferencias estadísticamente significativas entre los hombres mayores y menores de 40 años, lo que sugiere que la edad paterna no influye de manera relevante en la calidad embrionaria en ciclos de ovodonación, sin embargo, el uso de ovocitos donados puede aislar el efecto del factor masculino permitiendo que la edad del varón no sea un determinante crítico en la calidad del blastocisto. Se recomienda ampliar el tamaño de muestra, con el fin de comprender más la influencia de la edad masculina.

Palabras Clave: fertilidad masculina, edad avanzada, donación de óvulos.

DETECCIÓN DE COLIFORMES MEDIANTE PCR ACOPLADA A CRISPR-CAS12A EN MUESTRAS DE AGUA DEL RÍO SURCO

Rocio Buitrón[1], Maype Pozo[1], Luciana Vergara[1], José Huamanlazo[1], Maryhory Vargas-Reyes[1], Carlos Herrera[2], Roberto Alcántara[1]

[1]Laboratorio de Biomoléculas, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Lima 15067, Perú.

[2]Escuela de Ingeniería Mecatrónica, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Lima 15023, Perú.

roberto.alcantara@upc.pe (Roberto Alcántara)

La contaminación microbiológica de fuentes de agua, evidenciada por la presencia de coliformes, es un indicador crítico de contaminación fecal y representa un riesgo para la salud pública. En el Perú, el análisis microbiológico del agua se realiza principalmente mediante el método del Número Más Probable (NMP), el cual requiere entre 24 y 72 horas, presenta limitaciones frente a bacterias viables no cultivables y no es adecuado para el monitoreo rápido *in situ*. Este proyecto tuvo como objetivo estandarizar una metodología alternativa que combina una variante de la PCR con el sistema CRISPR-Cas12a para la detección de coliformes en muestras de agua. Se colectaron un total de 18 muestras de agua a partir de seis locaciones en el río Surco. Se extrajo ADN metagenómico para la amplificación de tres marcadores, el gen 16S para la detección de coliformes totales; el gen *ybbW* especifico de *E. coli,* principal bacteria indicadora de contaminación fecal dentro del grupo coliforme; y el gen *intl1*, marcador de resistencia antimicrobiana. Se optimizó la rampa de temperatura durante los ciclos de amplificación para reducir el tiempo total del ensayo. Utilizando una rampa de temperatura de 2.2 °C/s se redujo el tiempo de cada etapa de amplificación a un segundo, con lo cual el tiempo de amplificación total disminuyó a 30 minutos. La detección de los productos de amplificación se realizó mediante CRISPR-Cas, generando una señal fluorescente solo en muestras positivas. La fluorescencia fue detectada utilizando un fluorómetro portátil construido mediante impresión 3D. El ensayo permitió obtener resultados en un tiempo total de 50 min. La presencia de coliformes se confirmó mediante el método NMP. Los resultados microbiológicos coincidieron con los resultados de CRISPR en todas las muestras evaluadas. El ensayo descrito aquí destaca como una metodología alternativa rápida, específica y sencilla para el monitoreo microbiológico de aguas en campo.

Palabras clave: CRISPR-Cas, PCR, coliformes, NMP, fluorometro portable

Financiamiento: Este proyecto fue financiado por la Escuela de Biología de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas (UPC), en el marco del curso Técnicas Avanzadas para Ciencias Biológicas, correspondiente al quinto ciclo de la carrera de Biología.

ANÁLISIS COMPARATIVO MORFOLÓGICO Y MORFOMÉTRICO DE *Blastocystis* SP. EN *Gallus domesticus* EMPLEANDO EXAMEN DIRECTO Y TINCIÓN DE TRICRÓMICA DE GOMORI

Lucienne Caballero-Vallejos[1], Carol Sánchez- Chicana[1], Rodrigo Davila-Barragan[1], Julia Castro-Hidalgo[1,2], Juan Jimenez- Chunga [1,2]

[1]Laboratorio de Parasitología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiología y Parasitología, UNMSM.

lucienne.caballero@unmsm.edu.pe (Lucienne Caballero-Vallejos)

Blastocystis sp. es un protozoario intestinal con un amplio rango de hospederos, incluidos los humanos, y con potencial zoonótico. *Gallus domesticus*, al ser destinado al consumo humano, podría desempeñar un papel importante en la transmisión de este parásito. En este estudio se analizó las diferencias morfológicas y morfométricas de *Blastocystis* sp. en materia fecal de 10 aves domésticas provenientes del distrito de Villa El Salvador. Las muestras fecales fueron procesadas mediante microscopía directa con tinción de Lugol y coloración Tricrómica de Gomori, tras el cultivo en medio de Jones y su fijación en PVA. Las láminas teñidas se examinaron con un microscopio óptico ACCU-SCOPE EXC-400 y fueron fotografiadas con una cámara SKYEVIEW. La frecuencia de infección fue elevada (~100 %) y se detectaron otras especies de parásitos como *Chilomastix* sp. y *Eimeria* sp. Se identificaron cinco formas morfológicas de *Blastocystis*: vacuolar (67.5 % en examen directo y 60.3 % en coloración), granular (9.1 % y 31.4 %), ameboide (0 % y 4.5 %), quística (23.4 % y 3.2 %) y capsular (0 % y 0.6 %), siendo la vacuolar la más prevalente en ambos métodos. Las dimensiones celulares variaron significativamente según la técnica utilizada. En el examen directo, la mediana del diámetro mayor fue de 21.1 µm y del menor 18.4 µm, mientras que con la coloración Tricrómica de Gomori fueron 12.5 µm y 11.2 µm, respectivamente. Se observaron diferencias significativas entre técnicas para ambos diámetros (Wilcoxon, $p < 0.001$). Esto confirma el pleomorfismo de *Blastocystis* sp. en aves y evidencia que ambas técnicas proporcionan información complementaria sobre su morfología. Asimismo, la variación en los tamaños observados entre técnicas sugiere posibles efectos de procesamiento sobre la estructura del parásito. Finalmente, el predominio de la forma vacuolar refuerza su relevancia diagnóstica y la necesidad de seguir explorando su potencial zoonótico.

Palabras clave: *Blastocystis* spp., Tricrómica de Gomori, Cultivo de Jones.

Financiamiento: PCONFIGI 2024

DETECCIÓN DE *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma hominis* Y VPH 16, 18 Y 31 EN PACIENTES DEL C.S RAÚL PATRUCCO PUIG

Danitsa Callupe Orihuela[1], Daniel Alfredo Zuñiga Mercado[2], Marco Sergio Munive Guerrero[2], Nancy Arróspide Velasco[1], Natalia Ximena Garro Salvador[1], Silvia Nieves De La Rosa Llerena[2], Yándira Yazmin Luna Palomino[1], Enrique Walter Mamani Zapana[1]

[1]Laboratorio de Virología Clínica y Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Centro de Salud Especializado en Infecciones de Transmisión Sexual y VIH/SIDA Raúl Patrucco Puig, Lima, Perú

danitsa.callupe@unmsm.edu.pe (Danitsa Callupe Orihuela)

En la actualidad son pocos los estudios relacionados con la estimación del porcentaje de infección o coinfección existente entre *Neisseria gonorrhoeae* (NG), *Chlamydia trachomatis* (CT), *Mycoplasma hominis* (MH) y el Virus de Papiloma Humano (VPH) en población de alto riesgo como las personas que ejercen trabajo sexual (TS) y hombres que tienen sexo con otros hombres (HSH), los cuales en su mayoría son asintomáticos. Una alternativa eficiente al diagnóstico tradicional es la aplicación de pruebas moleculares. El objetivo del estudio fue estimar el porcentaje de infección o coinfección de NG, CT, MH y VPH en pacientes de alto riesgo del C.S Raúl Patrucco Puig entre febrero a julio del 2023 mediante la prueba de la Reacción en Cadena de la Polimerasa en tiempo real (qPCR). Los 106 pacientes ingresados al estudio correspondieron a un 61.5% a TS y 38.5% a HSH, se obtuvieron muestras de hisopado endocervical, uretral, anal o faríngeo y transportadas en cadena de frío. Se realizó extracción de DNA genómico, la qPCR amplificó el gen *opa* y pseudogen *porA* para NG, gen *momp* y plásmido críptico para CT, gen *E6* acorde al serotipo para VPH y gen *YidC* para MH; se utilizó el gen de la beta globina como control interno en la reacción de qPCR, debido a que es un gen ampliamente expresado, su presencia asegura la integridad de DNA adecuado para la amplificación y valida el resultado de la qPCR. Se encontró 57.5% de pacientes con coinfección por NG y CT; 5.7% coinfección de VPH16, CT y NG; 4.7% coinfección de VPH31, CT y NG; 0.9% coinfección de VPH18, CT y NG; 13.2% coinfección de MH, CT y NG; 0.9% coinfección de VPH18 o VPH31 y NG; 0.9% coinfección de VPH16 y CT; 0.9% coinfección de VPH31, VPH16, CT y NG; 1.9% coinfección de VPH18, VPH16, CT y NG; 1.9% coinfección de VPH31 o VPH16, MH, CT y NG; 0.9% coinfección de VPH18, VPH16, MH, CT y NG; y 7.5% con infección para NG. Además, sólo el 22.6% presentó sintomatología compatible para NG, CT o MH. En conclusión, la detección por qPCR evidencia la coinfección múltiple entre los agentes etiológicos estudiados y sugiere la utilización de esta prueba en los diferentes laboratorios del sistema de salud para un diagnóstico oportuno de ITS.

Palabras clave: Detección, infecciones de transmisión sexual, población de alto riesgo

Financiamiento: El proyecto fue financiado con recursos propios.

TIPIFICACIÓN MOLECULAR DE CEPAS DE *Staphylococcus aureus* RESISTENTES A METICILINA MEDIANTE MLST EN PERSONAL DE SALUD DE AYACUCHO, PERÚ

Sayda Luz Cancho Pacotaype, Liz Viviana Muñoz Meza, Nilda Aurea Apayco Espinoza, Alexandra Antonieta Urrutia Zegarra

Laboratorio de Inmunología y Microbiología Clínica, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga (UNSCH), Huamanga, Perú

sayda.cancho.02@unsch.edu.pe

Staphylococcus aureus resistente a meticilina (SARM) representa un patógeno prioritario en entornos hospitalarios debido a su elevada capacidad de diseminación y resistencia antimicrobiana. En Latinoamérica, particularmente en Perú, existen notables vacíos en el monitoreo genómico de esta bacteria, especialmente en regiones como Ayacucho, donde la epidemiología molecular del SARM en el personal sanitario aún no ha sido caracterizada, a pesar de su rol clave en la cadena de transmisión. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la distribución de los tipos de secuencia (ST). Se empleó secuenciación de tercera generación mediante el dispositivo MinION de Oxford Nanopore Technologies (ONT), lo que permitió un abordaje genómico directo, ágil y rentable. El flujo bioinformático aprovechó al máximo las ventajas de la tecnología Nanopore: las lecturas crudas fueron procesadas con Porechop para eliminar adaptadores, seguidas de un ensamblaje *de novo* con Flye. Posteriormente, se aplicó un refinamiento con Medaka para corregir errores de secuenciación, y la calidad de los genomas ensamblados fue evaluada con QUAST, obteniéndose métricas robustas (N50 > 50 kb, < 100 contigs). La tipificación molecular se realizó mediante el esquema MLST en la plataforma PubMLST, utilizando los siete genes estándar (*arcC, aroE, glpF, gmk, pta, tpi* y *yqiL*), lo que permitió una clasificación precisa y estandarizada de los aislamientos. Se identificaron 13 tipos de ST entre 21 aislamientos, destacando el ST398 (22,7%) como el más frecuente, seguido de ST188, ST22 y ST72 (cada uno con 9,1%). Varios de estos tipos pertenecen a complejos clonales de relevancia epidemiológica global, como CC398, CC22, CC72, CC5 y CC101.

La detección de múltiples tipos de secuencia y complejos clonales resalta la necesidad urgente de establecer programas de vigilancia genómica continua. Estos resultados evidencian que la secuenciación mediante tecnología Nanopore constituye una herramienta eficaz y accesible para la vigilancia molecular en contextos hospitalarios.

Palabras Clave: SARM, MLST, secuenciación Nanopore, epidemiología molecular

Financiamiento: Fondo de Desarrollo Socioeconómico de Camisea (FOCAM), en el marco del proyecto “Caracterización molecular de factores de virulencia asociados a cepas de *Staphyloccocus aureus* resistentes a meticilina (SARM) aisladas del personal de salud de la Red de Salud Huamanga, AYACUCHO PERÚ, 2023” (N° 1811-2023-UNSCH-CU)

CONOCIMIENTOS, ACTITUDES Y PRÁCTICAS RESPECTO AL USO DE ANTIBIÓTICOS Y RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN ESTUDIANTES DE LA CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA EN DOS UNIVERSIDADES DE LIMA, PERÚ

Marcelo Cárdenas[1], Jheny Valencia[1], Alejandra Castro, Raúl Berenguel[1], Lia Segami[1], Francesca Schiaffino[2], Guillermo Salvatierra[1]

[1]Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas, Lima-Perú

[2]Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima- Perú

gsalvatierrar@gmail.com

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa una amenaza creciente para la salud pública global. En este contexto, los estudiantes de ciencias de la salud y en particular los de Medicina Veterinaria desempeñan un papel clave como futuros profesionales responsables del uso racional de antibióticos. Este estudio transversal tuvo como objetivo describir los conocimientos, actitudes y prácticas relacionadas con el uso adecuado de antibióticos y la RAM en estudiantes de Medicina Veterinaria de dos universidades de Lima, Perú. Se utilizó una encuesta adaptada del instrumento "Multi-country public awareness survey" de la Organización Mundial de la Salud. Se construyó un puntaje máximo de 22 puntos basado en respuestas correctas, clasificando como conocimiento insuficiente aquellos puntajes menores a 14. El análisis estadístico se realizó en Stata SE18 con un nivel de confianza del 95%. Participaron 265 estudiantes, en su mayoría mujeres (77,4%) y con edades entre 17 y 19 años. La mediana del puntaje de conocimientos fue 15 (RIC: 12–17), aunque el 41,5% presentó conocimientos insuficientes. En cuanto al uso de antibióticos, un número considerable de estudiantes recomendaron el uso incorrecto de antibióticos para condiciones como diarrea (34,7%), fiebre (49,8%), dolor de garganta (48,6%), neumonía (32,1%) y equinococosis (50,2%). La automedicación fue una práctica reportada por el 44,5% de los participantes, pese a que el 95,1% reconoció que los antibióticos deben ser prescritos por médicos. Los hallazgos evidencian importantes brechas en el conocimiento sobre RAM, así como incongruencias entre las actitudes y prácticas declaradas, destacando la necesidad de fortalecer la formación académica en el uso racional de antibióticos entre estudiantes de Medicina Veterinaria.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, estudiantes de medicina veterinaria, CAP, Perú

FACTORES ASOCIADOS AL CONOCIMIENTO DE LA TRÍADA PREVENTIVA FRENTE A LA RABIA EN LA POBLACIÓN PERUANA: UN ESTUDIO TRANSVERSAL POBLACIONAL, 2024

Marcelo Cárdenas, Cirene Santana, Diego Montañez, Chiara Badell, Alex Yauyo, Alejandra Castro, Guillermo Salvatierra

Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas (UPC), Lima Perú

gsalvatierrar@gmail.com (Guillermo Salvatierra)

En Perú, la rabia urbana persiste como un problema de salud pública, con brotes caninos en algunas regiones y casos humanos fatales. Esta enfermedad viral zoonótica presenta una letalidad cercana al 100 % tras la aparición de signos clínicos. El virus se mantiene en dos ciclos: el urbano, con el perro doméstico como reservorio, y el silvestre, asociado a murciélagos y otros carnívoros. Frente a una mordedura, la tríada preventiva incluye: lavado inmediato de la herida con agua y jabón, identificación del animal mordedor y atención médica oportuna. Esta medida, sencilla pero fundamental, permite reducir el riesgo de infección cuando se aplica correctamente y de forma inmediata, y constituye una herramienta clave en la prevención y el control de la rabia humana. Este estudio analizó el conocimiento de la tríada y sus factores asociados, utilizando datos de la Encuesta Nacional de Programas Presupuestales – 2024. Se calcularon Odds ratio (OR) crudos y ajustados, considerando el diseño complejo de la encuesta mediante estratificación y ponderación. Solo el 3,68 % de la población conocía la tríada preventiva y apenas el 1,47 % indicó su orden correcto. El conocimiento fue significativamente mayor en personas adultas: comparado con jóvenes de 15–19 años, los adultos de 20–24 años presentaron una OR de 1,78 (IC95 %: 1,33–2,39), aumentando progresivamente hasta 3,17 (IC95 %: 2,50–4,03) en mayores de 50 años. También fue mayor en la Sierra (ORa = 1,22; IC95 %: 1,09–1,38), menor en la Selva (ORa = 0,77; IC95 %: 0,65–0,92) y muy bajo en zonas rurales (ORa = 0,21; IC95 %: 0,18–0,24). Los resultados evidencian por primera vez una brecha crítica en conocimientos básicos de prevención en la población peruana. Fortalecer la educación sanitaria y la difusión efectiva de la tríada, especialmente en poblaciones jóvenes y rurales, es esencial para reducir el riesgo de rabia humana en el país.

Palabras clave: rabia, factores asociados, tríada preventiva, Perú

Financiamiento: Autofinanciado

CARACTERIZACIÓN DEL EUCARIOMA GASTROINTESTINAL EN NIÑOS DE LA PROVINCIA DE CAJAMARCA (CAJAMARCA, PERÚ) CON INFECCIONES DIARREICAS

Carla Castañeda[1], Angel Ramirez[1], Maria Pons[2], Pedro E. Romero[1]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos

[2]Laboratorio de Genética Molecular y Bioquímica. Universidad Científica del Sur

promeroc@unmsm.edu.pe

El eucarioma gastrointestinal, compuesto por hongos, protozoarios, y otros eucariotas, es un componente clave de la microbiota humana e influye en la salud y la enfermedad. En el Perú, las enfermedades diarreicas son una de las principales causas de morbilidad infantil. Si bien estas infecciones a menudo son ocasionadas por bacterias o virus, el papel de la comunidad eucariota en este contexto no ha sido estudiado. El objetivo de nuestro estudio fue caracterizar la diversidad del eucarioma en niños con infecciones diarreicas de distintas localidades de la provincia de Cajamarca (Cajamarca, Perú). Se utilizaron muestras de pacientes con diagnóstico positivo para *Shigella* y Rotavirus. Se analizaron secuencias de la región V4 del gen 18S rRNA obtenidas de muestras fecales durante el periodo 2011–2012 en el Hospital Docente Regional de Cajamarca (HDRC). Se extrajeron los ácidos nucleicos utilizando el kit High Pure RNA Isolation Kit. Se cuantificó la concentración de DNA con un fluorómetro Qubit 2.0. Posteriormente, se realizó el recorte de los adaptadores con el programa Cutadapt y el análisis bioinformático con DADA2, flujo de trabajo que incluye el filtrado de secuencias de baja calidad, la inferencia de *Amplicon Sequence Variants* (ASVs) y la eliminación de quimeras. Los ASVs generados fueron asignados taxonómicamente con la base de datos PR2 (Protist Ribosomal Reference). Se calcularon los índices de diversidad alfa (Chao1, Shannon) y se analizó la diversidad beta mediante el análisis de componentes principales (PCA). Se observaron perfiles eucarióticos diferenciales por patógeno; *Candida wounanorum* fue marcadamente más abundante en las muestras positivas a *Shigella*, mientras que *Candida albicans* y *Cladosporium endophyticum* predominaron en las muestras positivas a Rotavirus. Estos hallazgos sugieren una asociación distintiva entre la composición del eucarioma y el tipo de infección diarreica.

Palabras clave: 18s rRNA, Metabarcoding, Disbiosis, Salud infantil

Financiamiento: Grupo de Enfermedades Emergentes y Reemergentes (UCSUR)

EFICACIA DE LA TETRACICLINA CONTRA CEPAS DE *Campylobacter coli* INOCULADAS EN LARVAS DE *Galleria mellonella*

Ashly Chagua, Diego Diaz, Pedro Angulo, Cesar Lázaro

Laboratorio de Farmacología y Toxicología Verterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (Lima, Perú)

ash.tasaico@gmail.com (Ashly Chagua)

Campylobacter coli es una bacteria patógena causante de la campilobacteriosis, enfermedad gastrointestinal en humanos. Recientes estudios han reportado un incremento global de la resistencia de este microorganismo, sobre todo a antibióticos como la tetraciclina la cual es indicada para el tratamiento de este agente. De forma rutinaria, la evaluación *in vitro* es utilizada para evaluar la sensibilidad y la dosis antibiótica; sin embargo, es necesario evaluar estos resultados en modelos *in vivo*. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar la eficacia de la tetraciclina contra cepas de *Campylobacter coli* inoculadas en larvas de *Galleria mellonella* (GM_L). Para esto diferentes concentraciones de *C.coli* (8 $\log_{10}$ – 1 $\log_{10}$ UFC/mL) fueron inoculadas en larvas de GM_L para determinar la DL_{50}. Posteriormente fueron evaluadas diferentes concentraciones de tetraciclina (8, 12, 15, 20 y 40 mg/mL) en GM_L inoculadas con la DL_{50} por 96 horas, siendo observada la supervivencia, carga bacteriana en la hemolinfa y recuento de hemocitos en las larvas. Los resultados indican que la DL_{50} de *C. coli* fue 7 $\log_{10}$ UFC/mL. La concentración de 8 mg/ml de tetraciclina presentó el mayor porcentaje de supervivencia (74%) de GM_L, siendo que luego de 24 horas este grupo mostró una reducción mayor a 2 $\log_{10}$ en la carga bacteriana en hemolinfa. No se observaron diferencias en el recuento de hemocitos enre los grupos tratados. Podemos concluir que el tratamiento con 8 mg/ml de tetraciclina a fue el más eficaz para reducir la mortalidad en GM_L inoculadas con *C. coli.* Esto sugiere la utilidad de la GM_L como modelo *in vivo* para evaluar las dosis de antibióticos contra *C. coli* siendo esta información valiosa en la traslación de resultados que pueden servir como punto de partida para ser aplicados en modelos animales más complejos.

Palabras clave: *Campylobacter, Galleria mellonella*, Antibioticos, *in vivo*

Financiamiento: Este trabajo fue financiado por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos con los proyectos PCONFIGI A23080991, PINTERDIS A2108001i y por CONCYTEC- PROCIENCIA en el marco del concurso “Tesis de Pregrado y Postgrado en Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica - Concurso E073-2024-01; PE501089669-2024”

ANIMALES COMO POTENCIALES RESERVORIOS DE SEROGRUPOS PATÓGENOS DE *Leptospira* EN EL PERÚ: UNA REVISIÓN DE ALCANCE

Santana Ciren, Vania Cáceres, Maria-Fernanda Sono, Guillermo Salvatierra

Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas (UPC), Lima Perú

gsalvatierrar@gmail.com

La leptospirosis es una enfermedad zoonótica de distribución mundial y gran importancia en salud pública, siendo los animales los principales reservorios para el ser humano. El objetivo de este estudio fue realizar una búsqueda sistematizada de la información disponible sobre los serogrupos patógenos de *Leptospira* spp. circulantes en diferentes especies animales en el Perú. Se llevó a cabo una revisión sistematizada en seis bases de datos (PubMed, SciELO, Cybertesis, RENATI, Google Scholar y Web of Science), incluyendo estudios publicados entre 2003 y 2023 que emplearon la prueba de microaglutinación (MAT) para determinar seroprevalencia en animales en el contexto peruano. Se identificaron 35 estudios, entre tesis y artículos científicos en revistas indizadas, con mayor concentración en Lima (24,4 %) y Piura (12,2 %). Las especies más evaluadas fueron los caninos domésticos (34,3 %), animales silvestres (28,6 %) y camélidos sudamericanos (17,1 %). Los principales serogrupos identificados fueron Icterohaemorrhagiae, Canicola, Pomona e Iquitos. A pesar de la diversidad encontrada, no se encontró un punto de corte homogéneo para la determinación de seropositividad, variando desde 1:50 hasta 1:400. Estos hallazgos evidencian una baja frecuencia de estudios en regiones distintas a Lima y resaltan la necesidad de fortalecer la vigilancia seroepidemiológica a nivel nacional, incorporando a más especies animales y zonas geográficas.. La amplia diversidad de serogrupos patógenos de Leptospira spp. circulando en animales domésticos, silvestres y de producción sugiere que, más allá de los roedores, estas especies podrían desempeñar un papel relevante como reservorios potenciales para el ser humano en el Perú.

Palabras clave: *Leptospira* spp, zoonosis, serogrupo, MAT, animales

Financiamiento: Autofinanciada

ANÁLISIS GLOBAL Y DE CÉLULA ÚNICA DE LA EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS A INTERFERONES EN MUESTRAS DE CÁNCER DE MAMA TRIPLE NEGATIVO

Jherson O. Cisneros Gutierrez [1,2], Alexis G. Murillo Carrasco [1,3,4], Libertad Alzamora Gonzales [2], César A. Ortiz Rojas [1,3,5], Obert Marín-Sánchez [1,6 #], Ruy D. Chacón [1,7 #]

[1]Grupo de Investigación en Inmunología y Cáncer (IMMUCA), OMICS, Lima, Perú.

[2]Grupo de Investigación Inmunomoduladores y Antitumorales de Origen Natural y Sintético (MODULANS), Laboratorio de Inmunología, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima 11-0058, Perú

[3]Centro de Investigação Translacional em Oncologia (LIM24), Instituto do Câncer do Estado de São Paulo, São Paulo, Brasil

[4]Comprehensive Center for Precision Oncology, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

[5]Laboratório de Investigação Médica (LIM) 31, Hospital das Clínicas HCFMUSP, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

[6]Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas Antonio Raimondi, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

[7]Department of Pathology, School of Veterinary Medicine, University of São Paulo, São Paulo, Brazil

jhersoncisnerosgutierrez@gmail.com (Jherson Cisneros Gutierrez)

El cáncer de mama (CM) es la neoplasia más frecuente y una de las principales causas de mortalidad en mujeres a nivel mundial. En 2022, las estadísticas reportaron que en Perú se registraron 7,797 nuevos casos y 1,951 muertes a causa de esta enfermedad. El subtipo de CM con mayor grado de agresividad es el triple-negativo (CMTN, 18-20% de casos CM), que se distingue por la ausencia de receptores de estrógeno, progesterona y HER2. Esta carencia limita el uso de terapias hormonales y tratamientos dirigidos, dificultando su abordaje clínico. Los interferones (IFNs), mediadores clave de la inmunidad innata y adaptativa, desempeñan un papel dual en el contexto oncológico, pudiendo ejercer tanto efectos antitumorales como protumorales. Esto los posiciona como potenciales marcadores de agresividad tumoral, lo que hace relevante el estudio de su expresión en el CMTN en comparación con otros subtipos (CMnTN). El análisis comparativo del transcriptoma de muestras de CMTN versus CMnTN, tejido adyacente y tejido sano, utilizando datos de los proyectos *The Cancer Genome Atlas* y *Genotype-Tissue Expression*, reveló una sobreexpresión de seis genes relacionados a IFNs tipo I (IFN-I) y tipo II: *CXCL10, GBP1, ICAM1, TAP1, TNF, IFNG*. El análisis transcriptómico a nivel de célula única (n = 413 células), mostró una sobreexpresión de *IFNG* en células T CD8+ y NK dentro del microambiente tumoral del CMTN. Estos hallazgos sugerirían un fenotipo inmune activado mediado por interferones, el cual podría estar funcionalmente suprimido por la expresión de puntos de control inmunológicos inducidos por *IFNG*. Por tanto, la modulación de la vía de *IFNG* podría representar una estrategia terapéutica prometedora para pacientes con CMTN, además de posicionar a *IFNG* como un potencial biomarcador predictivo de respuesta a terapias dirigidas.

Palabras clave: interferón, transcriptómica, *single cell analysis*, microambiente tumoral.

Financiamiento: Recursos propios

VALOR DIAGNÓSTICO DEL MICROARN MIR-486-3P EN LA CLASIFICACIÓN DE SUBTIPOS LUMINALES DE CÁNCER DE MAMA

Gustavo Colque Cordova, Desireé Bouroncle Cárdenas, María Claudia Flores Berrospi, Luis Huaytalla Bautista, Patricia Woll Toso, Carla Bernal Espinoza, Iván Belzusarri Padilla[1], Jorge Dunstan Yataco y Mónica Paredes Anaya[1]

[1]Laboratorio de Genómica y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

mparedesa1@unmsm.edu.pe (Mónica Paredes Anaya)

El cáncer de mama representa una de las principales causas de mortalidad oncológica en mujeres peruanas. Además del diagnóstico temprano, una correcta clasificación entre subtipos es fundamental, ya que determina el enfoque terapéutico. Los subtipos Luminal A y B, ambos positivos a receptores hormonales, se diferencian en agresividad y requerimientos terapéuticos, siendo el Luminal B más agresivo y candidato a quimioterapia. La clasificación convencional se basa en marcadores inmunohistoquímicos (ER, PR, HER2 y Ki67) evaluados tras biopsia, pero se buscan métodos menos invasivos y más específicos. En este estudio, se analizaron los perfiles inmunohistoquímicos clásicos en 75 mujeres peruanas con cáncer de mama (32 Luminal A y 43 Luminal B), junto con los niveles de expresión del microARN miR-486-3p, previamente identificado como sobreexpresado en el subtipo Luminal A. Se construyeron modelos diagnósticos para diferenciar ambos subtipos. El modelo clásico con los cuatro marcadores alcanzó un valor del área bajo la curva ROC (AUC) de 0.989. Sin embargo, al combinar únicamente miR-486-3p con Ki67, se obtuvo un modelo más simple con AUC de 0.986, menor complejidad analítica (AIC = 19.21 vs. 25.64), y alta sensibilidad (95.7%) y especificidad (93.3%). La validación cruzada *leave-one-out* (LOOCV) confirmó su rendimiento (AUC = 0.90). Estos resultados sugieren que la combinación de miR-486-3p con Ki67 podría ofrecer una herramienta diagnóstica precisa y simplificada para la diferenciación de subtipos Luminales, con potencial de aplicación en entornos clínicos con recursos limitados.

Palabras clave: cáncer de mama luminal, miR-486-3p, Ki67, modelo diagnóstico

Financiamiento: CONCYTEC-PROCIENCIA (PE501089659-2024 y PE501091156-2024); Universidad Nacional Mayor de San Marcos (PCONFIGI B24101631)

EVALUACIÓN DE MICROPLÁSTICOS EN EL TRACTO DIGESTIVO DE *Oreochromis niloticus* (LINNEO, 1758) PROCEDENTE DE LA LAGUNA ÑAPIQUE, SECHURA-PIURA.

Allinson Emilio Córdova-Agurto[1], Jocely Mercedes García-Palacios[2], Angie Giselle Morocho Alburqueque[2], Yamile Elizabeth Cubas-Valdiviezo[2], Jhosep Arnaldo Villegas-Sandoval[1], Robert Barrionuevo-Garcia[2], José Manuel Marchena-Dioses[1].

[1]Laboratorio de Zoología; Escuela de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Piura (UNP), Piura, Perú.

[2]Semillero de Investigación, Vicerrectorado de Investigación, Universidad Nacional de Piura (UNP), Piura, Perú.

emiliocordovaagurto@gmail.com **(**Allinson Emilio Córdova-Agurto)

Los microplásticos representan una amenaza para los ecosistemas acuáticos, afectando tanto a los organismos que los habitan como a la salud de quienes los consumen. El objetivo del estudio fue evaluar la presencia, tipo, color y tamaño de microplásticos, en el tracto digestivo de 50 individuos de *Oreochromis niloticus* (Linneo, 1758) procedentes de la laguna Ñapique. Se registró talla y peso, se extrajo el tracto digestivo y se sometieron a un proceso de digestión con KOH al 10%, durante tres semanas. El contenido fue filtrado y los microplásticos fueron observados y clasificados según su tipo, color y tamaño mediante microscopía estereoscópica. La cuantificación se realizó a través de la tasa de ingestión de microplásticos (IR) y la carga plástica (PL). Se evaluó la relación entre peso y longitud con la cantidad de microplásticos. Los valores con respecto al número de microplásticos en relación al peso y longitud fueron $\rho = 0.065$ ($p = 0.655$) y $\rho = -0.027$ ($p = 0.854$), respectivamente. En ambos casos, las correlaciones no fueron estadísticamente significativas ($p > 0.05$). Los microplásticos identificados más abundantes fueron fibra (FB), fragmento (FR) y film (FL), con 39%, 28% y 25%, respectivamente. Además, en menor proporción gránulo (GR) con 3% y esponjas (EP) con 1%. El color predominante fue el traslúcido (40%), seguido del amarillo (26%) y azul (15%). En cuanto al tamaño, la mayoría de microplásticos se encontraron en el rango de 1 µm a 1 mm. Estos hallazgos evidencian la presencia significativa de microplásticos en peces dulceacuícolas.

Palabras clave: polímeros, ingesta, cuantificación, carga.

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación Universidad Nacional de Piura 2025, CONTRATO N°13-2024-UNP “CONCURSO DE SEMILLEROS DE INVESTIGACIÓN”.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTAGONISTA DE EXTRACTOS DE TOCOSH *SOLANUM TUBEROSUM* FRENTE A PATÓGENOS HUMANOS

Karol Corman Osorio[1], Tito Libio Sanchez Rojas[2]

[1]Laboratorio de Investigación y desarrollo de procesos biotecnológicos agroindustriales y ambientales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

karolcormanosorio@gmail.com (Karol Corman-Osorio)

Esta investigación evaluó la actividad antagonista de los extractos hidroalcohólicos a base de tocosh de *Solanum tuberosum* frente a patógenos humanos de importancia clínica. Se prepararon dos tipos de extractos, uno al 60% y el otro al 100% de etanol, obtenidos de muestras recolectadas en las regiones de Huánuco y Áncash. Los extractos fueron enfrentados a diversas cepas bacterianas mediante el método de difusión en agar. Los resultados mostraron que el extracto de *Tocosh* de Áncash preparado con etanol absoluto presentó una actividad antimicrobiana superior, con halos de inhibición que alcanzaron los 21 mm frente a *Escherichia coli* BLEE resistente a carbapenémicos (vs. 16 mm de colistina), 22.4 mm frente a *Klebsiella pneumoniae* (vs. 25.1 mm de cefazolina), 18.2 mm frente a *Pseudomonas aeruginosa* (vs. 22.6 mm de cefazolina), 12.6 mm frente a *Staphylococcus aureus* (vs. 18.2 mm de penicilina) y 16.5 mm frente a *Proteus mirabilis* (vs. 20.7 mm de cefazolina). También se detectaron halos considerables contra otras cepas de *E. coli*. Estos hallazgos indican que tanto la concentración del solvente como la procedencia del *Tocosh* influyen en la eficacia del extracto. La mayor actividad observada en la muestra de Áncash podría estar asociada a condiciones ambientales específicas durante la fermentación, como la altitud, microbiota local y pH, que favorecen la generación de metabolitos bioactivos. Este estudio resalta el potencial del Tocosh como fuente natural de compuestos con actividad antagonista frente a bacterias patógenas, y sugiere la necesidad de continuar con estudios que permitan estandarizar la extracción y concentración e identificar los metabolitos bioactivos.

Palabras clave: *Solanum tuberosum*, tocosh, metabolitos bioactivos, actividad antimicrobiana

Financiamiento: PCONFIGI 2024

ANÁLISIS GENÓMICO DE AISLADOS NATIVOS DE *Bacillus* SP. EN BÚSQUEDA DE NUEVOS GENES *CRY* ASOCIADOS AL CONTROL DE *Aedes aegypti*

Danayra Cruz-Espinoza[1], Ruth García-De la Guarda[1], Ofelia Cordova-Soldán[2], César Reyes-Moreno[1], Abraham Espinoza-Culupú[1], Pablo Ramírez-Roca[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Universidad Privada Antenor Orrego (UPAO), Trujillo, Perú.

danayra.cruz@unmsm.edu.pe (Danayra Cruz-Espinoza)

El Dengue, transmitido por *Aedes aegypti*, sigue siendo un desafío importante para la salud pública en Perú, exacerbado por la resistencia de los mosquitos a insecticidas convencionales. *Bacillus thuringiensis* ha sido ampliamente investigado como una alternativa sostenible para el control de plagas agrícolas pero, no como vector de enfermedades virales. Este estudio se centró en el análisis genómico de siete aislados nativos de *Bacillus sp.* de suelo agrícola, seleccionados por su actividad biocida y características microbiológicas con *B. thuringiensis*. Se estudió la morfología de los cristales generados por estos aislados utilizando microscopía electrónica de barrido. Para identificar los genes asociados con la producción de estos cristales, se secuenciaron los genomas con Illumina MiSeq, se realizó el análisis de calidad FastQC, y luego el ensamblaje de novo con SPAdes y la anotación con Bakta y Prokka. En los resultados obtenidos, se observó la presencia de cristales circulares asociados, según bibliografía, con actividad insecticida frente a dípteros. El análisis inicial con el gen 16S permitió una identificación a nivel de género (*Bacillus* sp.), pero no a nivel de especie debido a la alta similitud genética en este género. En consecuencia, se optó por realizar una identificación filogenética utilizando los genomas ensamblados de las bacterias estudiadas, empleando la herramienta TYGS (Type (Strain) Genome Server), lo que permitió identificar cuatro especies diferentes de *B. thuringiensis* y tres posibles nuevas especies de *Bacillus*. La identificación de estas nuevas especies y los genes presentes asociados con la toxicidad frente a *Aedes aegypti* abre oportunidades para desarrollar estrategias de control biológico más efectivas y adaptadas al contexto nacional.

Palabras clave: Dengue, *Aedes aegypti*, *Bacillus thuringiensis*, genes *cry*.

Financiamiento: Este trabajo fue subvencionado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA en el marco del concurso E041-2023, según convenio N° PE501083189-2023-PROCIENCIA.

ALTA PREVALENCIA DEL SUBTIPO 4 DE *Blastocystis* sp. EN AVES DE CONSUMO HUMANO Y LA FRECUENCIA DE RIBOTIPOS

Rodrigo Davila-Barragan[1], Carol Sánchez- Chicana[2], Julia Castro-Hidalgo[1,2] Edward Valencia-Ayala[1,2], Yanina Huachopoma-Huayhua[2], Mayte Inga-Alarcon[1], Lucienne Caballero-Vallejos[2], Juan Jimenez-Chunga [1,2]

[1]Laboratorio de Parasitología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Microbiología y Parasitología, UNMSM.

rodrigo.davila@unmsm.edu.pe (Rodrigo Davila-Barragan)

Blastocystis spp. constituye un protozoario cosmopolita, catalogado a la fecha con un gran potencial zoonótico. Su ubicación en el sistema gastrointestinal del humanos y animales domésticos puede producir sintomatología diversa. La clasificación, morfología, y genómica del parásito contienen muchas incógnitas y los estudios de biología molecular están tratando de dilucidar estas interrogantes. En el presente trabajo se analizaron sesenta y tres muestras fecales de aves de consumo humano procedentes del distrito de Villa El Salvador en Lima, en busca de *Blastocystis* sp. La metodología combinó técnicas de diagnóstico directo e indirecto: microscopía con Lugol, cultivo en medio de Jones, amplificación del gen de ARN ribosómico de la subunidad pequeña (SSU-rRNA, ~1800 pb) por PCR y análisis RFLP con *AluI* y *HinfI*. Se detectó el parásito en el 100% de las muestras. El análisis RFLP evidenció diversidad genética, identificando cinco patrones con *AluI* y seis con *HinfI.* En este estudio se observó una frecuencia de 100% del parásito en las muestras analizadas con los métodos utilizados. El análisis de Fragmentos de Restricción de Longitud Polimórfica (RFLP) de las muestras positivas por PCR, reveló un alto polimorfismo en el patrón de digestión, con las enzimas *Alu*I (5 patrones) y *Hinf* I (6 patrones). Así mismo los resultados con cebadores específicos mostraron un 93.65% (59/63) de positividad para el subtipo 4 de *Blastocystis* sp., seguido del subtipo 3 con 26.98% (17/63). Se reporta por primera vez en Lima, Perú, la presencia del subtipo 4 en aves. Asimismo, se detectó el subtipo 3, el cual ha sido previamente asociado a riesgo zoonótico.

Palabras clave: *Blastocystis* spp., Coloración Tricromica de Gomori, Cultivo de Jones, PCR-RFLP.

Financiamiento: PCONFIGI 2024

MACROINVERTEBRADOS ACUÁTICOS Y SU IMPORTANCIA COMO BIOINDICADORES DE LA CALIDAD DEL AGUA EN LA MICROCUENCA DEL RÍO CHONTABAMBA, OXAPAMPA, PERÚ

Itza De la Cruz-Ñaupa[1,3], Miriam Candiote-Chávez[1], Daniela Pardo-Kong[1], Isabella Febres-Contreras[1], Carolina Córdova-Tello[1,3], Jorge Luis Peralta-Argomeda[1,2,3]

[1]Laboratorio de Invertebrados Acuáticos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[2]Laboratorio de Ecología de Invertebrados Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[3]Grupo de investigación Biodiversidad y Ecología de Ambientes Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

itza.delacruz1@unmsm.edu.pe (Itza De la Cruz Ñaupa)

Los macroinvertebrados acuáticos son considerados excelentes bioindicadores de la calidad del agua porque responden rápidamente a los cambios ambientales. Oxapampa es una ciudad turística importante en la Selva Central de Perú y forma parte de la Reserva de Biosfera Oxapampa-Asháninka-Yánesha, reconocida por la UNESCO. El objetivo fue determinar la calidad ambiental de la microcuenca del río Chontabamba aplicando índices biológicos que evalúan la diversidad de macroinvertebrados acuáticos. Se evaluaron cuatro ambientes acuáticos: dos quebradas (La Esperanza y San Alberto) y dos ríos (San Luis y Chontabamba), durante diciembre del 2024, considerando dos microhábitats en cada una (piedra mediana y piedra grande). En campo, se registraron los parámetros fisicoquímicos del agua (pH, conductividad eléctrica, turbidez, oxígeno disuelto y temperatura). Para la colecta de macroinvertebrados acuáticos se utilizó una red Surber de 500 µm de abertura de malla y marco cuadrado de 30cm x 30cm. Para la determinación taxonómica se utilizó literatura especializada del Neotrópico y Sudamérica. Se identificaron 29 familias de macroinvertebrados acuáticos, agrupadas en tres phyla, seis clases y 12 órdenes, siendo Diptera el orden más diverso (9 familias). La Esperanza presentó la mayor riqueza (24 familias), mientras que Chontabamba presentó la menor riqueza (6 taxones). El microhábitat de piedra grande presentó la mayor diversidad. Según el índice SVAP, los ambientes evaluados presentaron una condición entre buena y pobre, influenciadas por el grado de alteración hidrológica, estabilidad de orillas y el desarrollo de la zona ribereña. Según el índice BMWP/Col, La Esperanza posee una buena calidad del agua, con presencia de familias sensibles a la contaminación; mientras que, Chontabamba presentó una dudosa calidad, sugiriendo presión antrópica. Finalmente, los parámetros fisicoquímicos en los cuatro ambientes se mantuvieron dentro de los valores del ECA 2017. Estudiar los macroinvertebrados acuáticos en las evaluaciones ambientales es importante porque complementan la información fisicoquímica e hidrológica.

Palabras Clave: Comunidades bentónicas, índices bióticos, evaluación ecológica, conservación

Financiamiento: Autofinanciado.

ACTINOMICETOS AISLADOS DE LA RIZÓSFERA DE PLANTAS MEDICINALES ALTOANDINAS CON POTENCIAL ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA FRENTE A *Campylobacter jejuni* Y *Listeria* spp.

Jackeline Durand-Rosas, Junior Caro-Castro, Jorge León-Quispe

Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

jleonq@*unmsm.edu.pe* (Jorge León Quispe)

Las enfermedades transmitidas por alimentos (ETAs) generan un gran impacto en la salud pública mundial, debido principalmente al incremento de las tasas de mortalidad y morbilidad causadas por patógenos drogo-resistentes que se introducen en la cadena alimentaria. La creciente resistencia a los antibióticos ha impulsado la búsqueda de nuevas fuentes de compuestos antimicrobianos. Con el objetivo de aislar cepas nativas de actinomicetos bioactivos se procesaron muestras de suelo rizosférico de 13 plantas medicinales colectadas en la parte altoandina del distrito de Cabana – Ayacucho. El potencial antimicrobiano se determinó mediante pruebas de antagonismo frente a especies de *Listeria* y *Campylobacter jejuni* (patógenos de importancia alimentaria). Se logró aislar 69 actinomicetos y evaluados por su actividad antimicrobiana utilizando los métodos de "doble capa" y "tapón de agar". Fueron seleccionadas 3 cepas codificadas como MA.3, TO1.1 y YS.3 aisladas de *Mutisia mathewsii* "mancharisca", *Pycnophyllum molle* "tacsana" y *Oenothera* sp. "yawar sujo" respectivamente, que presentaron capacidad de inhibir el crecimiento tanto de *Listeria* spp. como de *Campylobacter jejuni*, con porcentajes de inhibición mayores al 60%. Extractos crudos obtenidos con acetato de etilo permitió determinar la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) de la cepa YS.3 con valor de 3,350 mg/mL frente a *Listeria monocytogenes* ATCC19115 y *Campylobacter jejuni.* Mediante técnicas moleculares los actinomicetos con mayor potencial antimicrobiano fueron identificados como miembros del género *Streptomyces*. Los resultados permiten concluir que la rizósfera de plantas medicinales son fuentes promisorias de actinobacterias productoras de metabolitos bioactivos con potencial uso en el control de patógenos emergentes de transmisión alimentaria.

Palabras clave: actinobacterias, antagonismo, metabolitos bioactivos

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI: Selección de actinomicetos rizosféricos de plantas medicinales altoandinas con potencial biosíntesis de nanopartículas de plata y su actividad antimicrobiana frente a patógenos emergentes (Código B20101351). 2020

EVALUACIÓN DEL ESTADO DE SALUD POBLACIONAL DEL GECKO DE PARACAS *Phyllodactylus angustidigitus* (DIXON Y HUEY 1970) EN LA RESERVA NACIONAL DE PARACAS, ICA, PERÚ

Luis Fajardo[1], Oscar Machuca[1], Cristian Soria[1], Adrián Wong[1], Carlos Vilca[2], José Pérez Z. [1,2]

[1]Laboratorio de Ecología Integrativa, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Estudios en Biodiversidad. Facultad de Ciencias y Filosofía. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.

jperez@unmsm.edu.pe

El gecko de Paracas *Phyllodactylus angustidigitus* es una especie En Peligro (IUCN y SERFOR), endémica del Desierto Costero Peruano, distribuida exclusivamente en la Reserva Nacional de Paracas (RNP). A pesar de habitar una reserva protegida por el Estado Peruano se encuentra afectada por varios impactos antropogénicos. Esta investigación tuvo como objetivo conocer el estado de salud de las poblaciones de esta especie. Las evaluaciones se realizaron entre el 2021, 2022 y 2023. Se registraron un total de 269 individuos. Se registraron datos morfométricos (SVL, longitud de cola), peso, sexo y estadio de vida (juvenil/adulto). Se estimó cualitativamente el grado de impacto, de acuerdo a la presencia e intensidad de estos impactos, identificando dentro de la RNP zonas continentales con alto impacto (Península de Paracas, AI), y bajo impacto (Bahía de Independencia, BI), y una zona insular con muy bajo impacto (Isla La Vieja, NI). Se estimaron el Índice de Condición Corporal (*ICC*) y el Índice Escalado de Masa (*Mi*) para comparar el estado de salud de estas poblaciones. Solo se emplearon para este análisis individuos con cola completa (no autotomizada) y hembras no grávidas. Se registraron mayores valores de *ICC* y *Mi* para las poblaciones con BI y NI, en comparación de la población de AI. Se registraron *ICC* y *Mi* similares entre BI y NI. A partir de estos resultados se evidencia que los impactos antropogénicos en la RNP están afectando considerablemente el estado de salud poblacional de *P. angustidigitus.* Por otro lado, se observa que la población de la Isla La Vieja, con prácticamente ausencia de impactos, representa una referencia adecuada para establecer estándares de salud poblacional para esta especie. Se requiere definir e implementar una estrategia de conservación adecuada para *P. angustidigitus* en la RNP que garantice la protección de sus poblaciones.

Palabras clave: Saurios, Índice de Condición Corporal, Índice Escalado de Masa, conservación

Financiamiento: PCONFIGI 2021-2022

DESCUBRIMIENTO DE POTENCIALES INHIBIDORES DE LA PROTEASA NS3- NS2B DEL DENGUE VIRUS SEROTIPO 2 (DENV-2) BASADOS EN UN INHIBIDOR ALOSTÉRICO

Diego Flores-Quispe[1], Georcki Ropon-Palacios[2], Gustavo Olivos-Ramirez[2]

[1]Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Departamento de Física, IBILCE/UNESP, São Paulo, Brazil

[3]Institute of Fundamental Technological Research, Polish Academy of Sciences, Varsovia, Polonia

diego.flores9@unmsm.edu.pe (Diego Flores-Quispe)

El virus del dengue serotipo 2 (DENV-2) está asociado con una tasa de mortalidad más alta entre los cuatro tipos conocidos y se ha demostrado que causa infecciones secundarias más graves. La proteasa NS3-NS2B es necesaria para el clivaje de la poliproteína codificada por DENV-2, lo que la convierte en un objetivo para el desarrollo de inhibidores. Basados en la estructura del inhibidor alostérico conocido como Inaquporvoziil, en complejo con la proteasa NS3-NS2B cristalizada por rayos X (PDB: 6MO1), se aplicó el método de Tanimoto para comparar estructuras moleculares y realizar una búsqueda en bases de datos de compuestos químicos disponibles.

Posteriormente, se llevó a cabo un screening virtual y se seleccionaron los mejores candidatos para simular 600 nanosegundos de dinámica molecular. Tras analizar las dinámicas principalmente con cálculos de energía libre de unión mediante el método MMPBSA y análisis de interacciones no covalentes, así como otros análisis (RMSD, RMSF, Rgyr, PCA, FEL), encontramos un candidato potencial, L1, que resultó tener una mejor estabilidad y afinidad que el ligando original Inaquporvoziil. Proponemos a L1 para ser probado experimentalmente como una alternativa terapéutica contra DENV-2

Palabras clave: DENV-2, drug discovery, structural bioinformatics, allosteric inhibition.

Financiamiento: Ninguno

OPTIMIZACIÓN DE UN ENSAYO IN VITRO MODIFICADO DE INVASIÓN DE ERITROCITOS POR *Bartonella bacilliformis*

Paolo Marcelo Gambini Valderrama[1], Ruth Hortensia García de la Guarda [1], Damaris Belen Rivera Asencios[1], Adriana Melissa Manco Napán[1], Pablo Sergio Ramírez Roca[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Grupo de investigación Genómica Funcional de Microorganismos y Biorremediación (MICROGEN), Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú.

rgarciad@unmsm.edu.pe (Ruth Hortensia García de la Guarda).

La Enfermedad de Carrión (EC), causada por *Bartonella bacilliformis*, representa una amenaza sanitaria en zonas altoandinas del Perú. Su transmisión por *Lutzomyia* y el riesgo de resistencia antimicrobiana han resaltado la necesidad de intervenciones preventivas. Se desconoce el mecanismo exacto y la velocidad de invasión eritrocitaria del patógeno, lo cual limita el diseño de estrategias terapéuticas y preventivas como vacunas. El objetivo fue optimizar un ensayo in vitro de invasión eritrocitaria por *B. bacilliformis*, determinando la mínima multiplicidad de infección (MOI) necesaria para alcanzar el máximo número de bacterias internalizadas, utilizando qPCR como método de cuantificación. Se emplearon tres cepas clínicas (USM LMMB 05, 06 y 07) y eritrocitos humanos de donantes sanos. Las bacterias se cultivaron en medio bifásico y sangre, y la infección in vitro se evaluó usando la prueba de protección con gentamicina, lisis osmótica y qPCR específica al gen *gltA*. Se construyó una curva estándar con alta eficiencia (94%) y especificidad, permitiendo la detección exclusiva de *B. bacilliformis*. Se reveló que una MOI de 1:10 optimiza la invasión, logrando más del 80% de internalización, y que la qPCR ofrece mayor precisión frente a métodos tradicionales. Además, se observaron diferencias en capacidad invasiva entre cepas, lo que sugiere variabilidad genética asociada a virulencia, lo cual abre líneas futuras de investigación. En conclusión, se ha optimizado un ensayo in vitro de invasión eritrocitaria de utilidad como herramienta experimental para estudiar patogenicidad y validar constructos vacunales frente a la EC.

Palabras clave: Bacteria intracelular, multiplicidad de infección, qPCR, ensayo de protección de gentamicina.

Financiamiento: VRIP, Proyecto PCONFIGI N° B23101221.

DETECCIÓN DE *Penicillium citrinum* EN MAÍZ MORADO COMERCIALIZADO EN CHACHAPOYAS

Gaslac-Culqui, F.[1,2*]; Mansilla-Córdova, P.J.[3]; Peters, L.P.[4]; Caetano, A.C.[1]

[1]Grupo de Investigación en Hongos y Deterioro de Alimentos, Instituto de Investigación, Innovación y Desarrollo para el Sector Agrario y Agroindustrial, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Amazonas, Perú

[2]Escuela de Posgrado, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Amazonas, Perú

[3]Grupo de Investigación en Sanidad Vegetal, Instituto de Investigación en Gestión del Medio Ambiente, Universidad Nacional Autónoma de Chota, Chota, Cajamarca, Perú

[4]Centro de Ciências da Saúde e do Desporto, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, Brasil.

[*]fiorela.gaslac.epg@untrm.edu.pe (Gaslac-Culqui, F.)

El maíz morado (*Zea mays* L.) es una variedad nativa de gran valor cultural y nutricional en el Perú, utilizada tradicionalmente en la preparación de bebidas y postres. Su contenido de compuestos bioactivos y su potencial como fuente de colorantes naturales lo ha vuelto atractivo en los mercados. Sin embargo, su exposición a condiciones inadecuadas de almacenamiento y comercialización puede favorecer al desarrollo de hongos filamentosos, algunos de ellos productores de micotoxinas como la citrinina, que tiene efecto nefrotóxico y posiblemente inmunotóxico. Considerando que su biosíntesis es especie-específica y favorecida por condiciones ambientales, comprender las interacciones ecológicas resulta clave para diseñar estrategias de mitigación. Este estudio tuvo como objetivo explorar la micobiota presente en maíz morado adquirido en mercados de Chachapoyas, con particular atención a especies micotoxigénicas. Los granos y tusa fueron desinfestados y sembrados directamente en los medios DG18 y DRBC para el aislamiento. Los aislados fueron cultivados en medio CAM para detectar micotoxigenicidad por fluorescencia bajo luz UV (366 nm) y cambio de color tras la aplicación de HCl. La identificación fue realizada por PCR y secuenciación del gen *BenA*, que codifica la proteína *β-tubulina*. La infestación de los fragmentos fue de 100% y entre ellos se confirmó la presencia de *Penicillium citrinum* y se detectó la producción de citrinina. A pesar de su toxicidad, actualmente no existen límites establecidos para citrinina en maíz o cereales en el Perú, solamente existe el límite de 100 µg/kg en la Unión Europea para el arroz rojo fermentado. Paradójicamente, los metabolitos vegetales pueden inhibir la producción de micotoxinas, por lo que alimentos o extractos naturales ricos en estos compuestos, como el maíz morado, podrían ser una vía prometedora para reducir riesgo toxicológico asociado al consumo de productos contaminados. Este es el primer reporte de *P.citrinum* en maíz morado en el Perú.

Palabras clave: almacenamiento, citrinina, micobiota, micotoxinas, riesgo toxicológico.

Financiamiento: No especificado.

CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE CEPAS DE *Streptomyces* spp. AISLADAS DEL ESTIÉRCOL DE *Vicugna vicugna* (VICUÑA) DE VIDA SILVESTRE EN PARAJES ALTOANDINOS DE LA LOCALIDAD DE CABANA - AYACUCHO

Sebastian Gio-Rivera[1], Maritza Tacoma-Quispe, Brigitte Torres-Sobrevilla, Paula Málaga-Espichan, Alejandro Añaños-Bastidas, Junior Caro-Castro, Jorge León-Quispe

Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

jleonq@unmsm.edu.pe (Jorge León Quispe)

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una amenaza global creciente, impulsada en gran medida por la aparición y propagación de patógenos multirresistentes (MDR). Se requieren urgentemente nuevos antibióticos, especialmente aquellos provenientes de nichos ecológicos poco explorados. Los actinomicetos del género *Streptomyces* han demostrado ser responsables de producir más del 70% de los antibióticos clínicamente relevantes. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar y evaluar el potencial antimicrobiano de *Streptomyces* spp. aislados del estiércol *de Vicugna vicugna* (vicuña) de vida silvestre recolectado en zonas altoandinas de Cabana (4100–4450 msnm), Ayacucho, Perú. Se obtuvieron muestras de cinco localidades distintas. Las cepas de actinomicetos se aislaron utilizando medios enriquecidos, se caracterizaron morfológica y bioquímicamente, y se evaluaron contra patógenos bacterianos MDR mediante ensayos de co-cultivo. El aislado más prometedor, codificado como POC2.5, exhibió una potente actividad antimicrobiana. Los extractos crudos obtenidos con el solvente diclorometano mostraron valores de Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) de 0,031 – 0,062 mg/mL contra cepas de *Staphylococcus aureus* BAA-1708, *Staphylococcus aureus* ATCC 33592, *Enterococcus faecalis* ATTC 29212 y *Enterococcus faecium* ATTC 700221. La identificación molecular mediante secuenciación del gen ADNr 16S confirmó su relación filogenética con especies de *Streptomyces* productoras de antibióticos. Estos hallazgos subrayan el potencial del microbiota de la fauna silvestre de gran altitud como reservorio de nuevos compuestos antimicrobianos, lo que contribuye a la búsqueda de alternativas terapéuticas contra la RAM.

Palabras clave: actinomicetos, resistencia antimicrobiana, extractos crudos, concentración mínima inhibitoria.

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI: Selección de nuevos actinomicetos bioactivos aislados del estiércol de *Vicugna vicugna* (Vicuña) y otros camélidos de las zonas altoandinas de la localidad de Cabana, Ayacucho (Código: B21102141). Año 2021.

EL TOCOSH, ALIMENTO Y MEDICINA, UNA ALTERNATIVA DE COMPUESTOS BIOACTIVOS PARA ADYUVAR EN EL TRATAMIENTO ANTICANCERÍGENO

Yanella Anais Gonzales-Millán[1,2], Domingo Iparraguirre-León[1], Rosa Antonia Gonzales-Gonzales[2]

[1]Laboratorio de Anatomía y Farmacognosia Vegetal, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Citogenética y Bioensayos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

yanella.gonzales@unmsm.edu.pe

El tocosh, alimento fermentado derivado de *Solanum tuberosum*, es reconocido por sus propiedades medicinales, atribuidas principalmente a compuestos fenólicos, ácido clorogénico y α-tocoferol. Sin embargo, la presencia de otros metabolitos secundarios de interés farmacológico, como los alcaloides, ha sido poco explorada. En este estudio se evaluó la presencia de alcaloides en extracto de tocosh, previamente homogenizado mediante sonicación; luego para la detección de alcaloides se realizaron pruebas colorimétricas y de precipitación con los reactivos de Dragendorff, Mayer y Wagner, posteriormente se complementó con cromatografía de capa fina (TLC) para su confirmación y perfil preliminar, para ello se emplearon solventes de polaridad creciente. Las pruebas arrojaron resultados positivos y la TLC mostró perfiles compatibles con alcaloides mediante revelado bajo UV y revelado químico. Este hallazgo amplía el conocimiento sobre la composición química del tocosh y respalda su relevancia como fuente potencial de compuestos bioactivos. Si bien el presente trabajo se limita a la detección, constituye una base para estudios futuros que busquen caracterizar estos alcaloides y evaluar su posible aplicación en terapias naturales adyuvantes.

Palabras clave: Alcaloides, cáncer gástrico, metabolitos secundarios, *Solanum tuberosum*

Financiamiento: PCONFIGI B23102501-UNMSM

EVALUACIÓN DE COMPUESTOS ANTIVIRALES DE ACEITES ESENCIALES DE *Piper hispidum* SW. CONTRA EL VIRUS DENGUE SEROTIPO-2 Y ZIKA.

Robinson Granados[1], Jair Vargas[1], Gianela Aldave[1], María Elena González[1], Collantes Díaz Ingrit[2], Egma Mayta[1]

[1]Laboratorio de Virología Clínica y Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Facultad de Química - Universidad Nacional de Ingeniería - UNI.

robinson.granados@unmsm.edu.pe (Robinson Granados)

Las infecciones por virus Dengue serotipo 2 (DENV-2) y Zika (ZIKV) han venido en aumento en el Perú. Durante el 2024, el MINSA reportó un aumento importante de casos de dengue, llegando a 278,302 casos hasta la SE46 (Semana Epidemiológica 46, esta información es generada en base a la recopilación de casos de dengue en ciertos periodos de tiempo y emitida por el CDC MINSA para proporcionar información actualizada en salud pública) representando un incremento del 10.1% de infecciones en comparación con el 2023. En el Perú, se viene administrando la vacuna TAK-003 a niños y adolescentes de 10 a 16 años que viven en áreas endémicas, dejando a un gran número de individuos de la población sin un tratamiento específico para la infección por dengue. Así los pacientes afectados por los virus DENV y ZIKV son tratados solo con medicamentos paliativos para aplacar los síntomas de la infección. Por este motivo, se decidió aislar compuestos provenientes de *Piper hispidum* Sw., "Cordoncillo", la cual presenta propiedades medicinales. Se aisló aceites esenciales de *P. hispidum* por hidrodestilación, y se realizó ensayos de citotoxidad en líneas celulares Vero-76 y C6/36. Los resultados mostraron que la dilución 1/5000 del aceite esencial de *P. hispidum* no generó daño citotóxico en células Vero-76. Además de eso, se realizó la titulación viral de los arbovirus mencionados, con las pruebas de plaqueo en la línea celular Vero - 76; obteniendo para el ZIKV una concentración de 7.24 x 10^6 UFP/mL y para el DENV de 3 x 10^5 UFP/mL. En la primera prueba de reducción de placas se identificó que una concentración de 44.7 µg/ml del aceite esencial de *Piper hispidum* permitió un porcentaje de reducción del 34.4% de ZIKV. Esta información nos permitirá avanzar con las pruebas de inhibición de placas para estos arbovirus.

Palabras clave: aceites esenciales, citotoxicidad, arbovirus, Piperaceas.

Financiamiento: PCONFIGI 2025, proyecto N° B25100891.

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR Y EVALUACIÓN TERATOGÉNICA DE ALEVINES DE *Danio rerio* EXPUESTOS AL PLAGUICIDA LANNATE 90

Marial Hernandez-Caycho[1], Luis Gomez-Uribe[1], Armando Arenazas-Rodriguez[1]

[1]Laboratorio de Biología del Desarrollo, Escuela de Biología, Universidad Nacional de San Agustín, Arequipa; Perú

mhernandezc@unsa.edu.pe (Marial Hernandez-Caycho)

El plaguicida Lannate 90, cuyo principio activo es el metomilo, es ampliamente utilizado en la agricultura, aunque su toxicidad plantea riesgos para organismos no objetivo. El objetivo de este estudio fue evaluar los efectos teratogénicos y moleculares del Lannate 90 sobre el desarrollo embrionario del pez cebra (*Danio rerio*). Se expusieron embriones a concentraciones de 0.2, 0.4, 0.6 y 0.8 mg/L de Lannate bajo condiciones controladas de laboratorio. Se evaluaron parámetros de viabilidad, eclosión, malformaciones y mortalidad, y se realizaron análisis de expresión génica mediante extracción de ARN, síntesis de cDNA y PCR en tiempo real. Los resultados mostraron que, a mayor concentración de Lannate, disminuyó el porcentaje de embriones normales y aumentaron las malformaciones y la hinchazón, siendo más evidente a 0.6 mg/L. La mortalidad fue baja, pero el éxito de eclosión y el desarrollo normal se vieron afectados en los grupos con mayores concentraciones. En cuanto a la expresión génica, la electroforesis reveló la correcta expresión del gen housekeeping (ACTB), pero la expresión del gen de la vitelogenina (Vgt) disminuyó significativamente en las concentraciones de 0.6 y 0.8 mg/L, indicando un efecto negativo sobre este marcador durante el desarrollo embrionario y en alevines. Estos hallazgos sugieren que el Lannate 90 puede alterar el desarrollo y la regulación génica en etapas tempranas, resaltando la necesidad de regular su uso para proteger la salud ambiental.

Palabras clave: Pez cebra, metomilo, desarrollo larval

EFECTO DE LOS HIDROCARBUROS AROMÁTICOS POLICÍCLICOS EN PECES DEL LITORAL PERUANO

Jennyfer Pilar Huamán Rojas, Ariana Castañeda Santos, Daniella Cecilia Paytán Rivero, Sidney Yuni Pauccar Tapia, Ricardo Ayala Peña, Antonio Martin Pita García, Silvia Ysabel Aguilar Luna

Laboratorio de Ecología Acuática, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

saguilarl@unmsm.edu.pe (Silvia Aguilar)

Los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs) son compuestos orgánicos que resultan ser bastante dañinos, se mantienen en el medio ambiente y se acumulan en los organismos. Su origen se debe principalmente a actividades humanas, como la extracción y refinación de petróleo, la quema de materia orgánica y los derrames industriales. En el entorno marino costero, estos compuestos pueden acumularse en los peces, lo que representa un riesgo tanto para la salud humana como para los ecosistemas. Este estudio tiene como objetivo reunir toda la información científica disponible sobre la identificación, los niveles de concentración y los efectos de los HAPs en los peces a lo largo de la costa peruana. Se realizó una revisión de artículos científicos, informes técnicos y tesis universitarias desde el año 2000 hasta 2024. En este análisis, se examinaron los métodos analíticos empleados, las especies estudiadas, las áreas geográficas abarcadas y los niveles de contaminación documentados. Los criterios de inclusión se centraron en investigaciones que llevaron a cabo muestreos en la costa peruana, utilizaron cromatografía de gases para el análisis y evaluaron la ingesta alimentaria. Los resultados revelaron un aumento en las publicaciones sobre estos temas, pero también dejaron al descubierto vacíos de conocimiento, tanto en lo que respecta a la cobertura geográfica como al seguimiento sistemático de biomarcadores en especies autóctonas. Los efectos más comúnmente documentados incluyeron alteraciones en el hígado, estrés oxidativo y daños en el ADN, lo que podría tener repercusiones en la salud humana debido al consumo de pescados contaminados. Se concluye que, aunque hay esfuerzos aislados de monitoreo, es crucial fortalecer los programas de vigilancia, incluir especies clave y desarrollar normativas específicas, así como fomentar estrategias de supervisión ambiental para garantizar la seguridad de los productos hidrobiológicos que se consumen en el país.

Palabras clave: HAPs, peces comerciales, litoral peruano, contaminación marina.

Financiamiento: PCONFIGI 2025 código B25102201

HONGOS CON POTENCIAL TOXIGÉNICO ASOCIADOS AL ARROZ COMERCIALIZADO EN MERCADO MUNICIPAL

Glendi Huaman-Huaman[1,2*], Fiorela Gaslac-Culqui[1], Pedro Javier Mansilla-Córdova[3], Aline Camila Caetano[1,2]

[1]Grupo de Investigación en Hongos y Deterioro de Alimentos, Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Amazonas

[2]Facultad de Ingeniería y Ciencias Agrarias, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Amazonas

[3]Grupo de Investigación en Sanidad Vegetal, Instituto de Investigación en Gestión del Medio Ambiente, Universidad Nacional Autónoma de Chota, Chota, Cajamarca

*7441812892@untrm.edu.pe (Glendi Huaman-Huaman)

Los granos de arroz pueden contaminarse con hongos durante el cultivo o el almacenamiento. Estudios previos han demostrado una alta incidencia de hongos en arroz en varios países del mundo, siendo *Aspergillus y Penicillium* las principales especies toxigénicas, capaces de producir micotoxinas que afectan a la salud humana y animal. En el Perú no se realizan evaluaciones rutinarias del arroz comercializado en provincias. Por ello, la prevalencia de hongos presente en el arroz vendido en el mercado modelo de Chachapoyas fue estimada, discriminando entre aquellos con potencial toxigénico y no toxigénico. Las muestras fueron recolectadas en marzo y junio de 2024. El aislamiento fúngico se realizó por el método de siembra directa en los medios DRBC y DG18, con y sin desinfección superficial con hipoclorito de sodio al 0.4%. Los hongos aislados fueron cultivados en los medios CYA, MEA y G25N y en medios diferenciales CY20S, AFPA, MY50S para *Aspergillus* y CREAD y CSN para *Penicillium*. El potencial de producción de metabolitos secundarios fue determinado por la reacción con fluorescencia en el medio CAM bajo luz ultravioleta 366 nm. De 1320 granos de arroz se aislaron 192 hongos, el 57% a partir del medio DG18. El 1.7% y el 27% de los aislados provinieron de los granos desinfectados y no desinfectados superficial, respectivamente. Los aislados se agruparon en función a sus coincidencias morfológicas y apariencia en los medios diferenciales. Por lo pronto, de 32 aislados evaluados, nueve presentaron potencial toxigénico, todos recuperados en DRBC y uno proveniente de grano desinfectado superficialmente. Nuestros resultados evidencian un potencial riesgo asociado a la presencia de hongos toxigénicos en el arroz comercializado localmente. Aunque no representan necesariamente una alarma, es importante monitorear más y mejorar las prácticas agrícolas y de almacenamiento de este producto tan consumido en nuestro país para fortalecer la seguridad alimentaria.

Palabras clave: almacenamiento, *Aspergillus*, *Penicillium*, prevalencia.

Financiamiento: CONTRATO N° PE501091440-2024-PROCIENCIA, “TESIS DE PREGRADO Y POSTGRADO EN CIENCIA, TECNOLOGÍA E INNOVACIÓN TECNOLÓGICA”

DIETARY INFLUENCE ON VIRAL PATHOGENESIS AND BEHAVIORAL MODULATION IN *Spodoptera exigua* (HÜBNER, 1808)

Rodolfo Huerta Guillén, Felipe Yon

Unidad de Biología de Vectores, Facultad de Ciencias e Ingeniería Universidad Peruana Cayetano Heredia , Lima, Perú

rodolfo.huerta@upch.pe (Rodolfo Huerta Guillén)

Insects are vital for maintaining ecological balance, but their interactions with plants can lead to agricultural challenges. Excessive insect populations often require increased insecticide use, which negatively impacts ecosystems and human health. This study explores the potential of the Spodoptera exigua Multiple Nucleopolyhedrovirus (SeMNPV) as a biological control agent against Spodoptera exigua (Hübner, 1808) larvae. Specifically, we evaluate how two diets affect larval behavioral responses to viral infection: diet 1, based on wheat flour, and diet 2, where maize flour is replaced with Capsicum annuum leaves. By comparing these diets, which differ significantly in composition, we examine how nutrition interacts with viral infection to shape behavior and ecological outcomes. Results show that larvae fed with diet 2 exhibit minimal changes in movement speed following infection, suggesting a buffering effect of this diet. In contrast, larvae on diet 1 show increased cannibalism post-infection, indicating a complex interplay between diet, infection status, and behavior. Additionally, infected larvae displayed "tree-top disease" behavior by 2 days post-infection (dpi), climbing to elevated positions before death, which facilitates virus dispersal. This altered movement pattern highlights the virus's capacity to manipulate host behavior to enhance transmission. These findings underscore the importance of dietary context in modulating pathogen-host interactions and contribute to understanding how biological control strategies may be influenced by host ecology. Further studies are needed to evaluate how diet 2 specifically affects tree-top disease and overall viral efficacy.

Palabras clave: insect behaviour, SeMNPV, Tritrophic interaction

Financiamiento: The Human Frontier Science Program (HFSP)

ESTUDIO EXPLORATORIO DE VARIANTES GENÉTICAS RELACIONADAS CON LA SUSCEPTIBILIDAD A LA HIDATIDOSIS Y LA FARMACOGENÉTICA DEL ALBENDAZOL EN CUSCO, PERÚ

Luis Jaramillo Valverde[1], Marlon Garcia Paitan[1], Carlos Campos Semino[1], Milagros Merma Rosales[1], Zoila Cansinos Delgado[1], Dolly Landeo[1], Saul Santivañez[1], Ramon Cacabelos[1,2]

[1]Laboratorio de Genómica Médica, Facultad de Salud, Universidad Continental, Lima, Perú

[2]EuroEspes Biomedical Research Center, Institute of Medical Science and Genomic Medicine, Coruña, España

ljaramillo@continental.edu.pe

La hidatidosis, causada por *Echinococcus granulosus*, es una enfermedad zoonótica desatendida con importantes implicaciones para la salud pública, especialmente en regiones endémicas como Cusco, Perú. Aún se desconocen los factores genéticos que influyen en la susceptibilidad a la infección y en la respuesta al albendazol, principal tratamiento disponible. Este estudio investigó polimorfismos genéticos asociados con la susceptibilidad a la hidatidosis y al metabolismo del albendazol en individuos de Cusco. Se realizó un estudio transversal con 20 personas procedentes de zonas endémicas. Se recolectaron muestras de sangre periférica para la extracción de ADN genómico y posterior genotipificación de SNP mediante Illumina Global Screening Array. Se analizaron polimorfismos en genes relacionados con la inmunidad (*IL10*, *IL17A*, *VDR*, *IFNG*, *FOXP3*, *IL4*, *TNF*, *TLR4*, *CTLA4*, *MBL2*, *IL12B* y *TGFB1*) y el metabolismo de fármacos (*CYP3A4*, *CYP2B6*, *CYP1A2*, *ABCB1*, *SLCO1B1* y *CYP2E1*). Se identificaron alelos de alta frecuencia en seis SNP asociados con la susceptibilidad: *IL10 rs1800896* (77,5%), *IL17A rs2275913* (97,5%), *IFNG rs2779249* (92,5%), *FOXP3 rs11568821* (97,5%), *TGFB1 rs1800469* (80,0%) y *VDR rs2228570* (87,5%). Asimismo, se observaron frecuencias elevadas en dos SNP potencialmente involucrados en el metabolismo del albendazol: *CYP3A4 rs2740574* (87,5%) y *CYP2B6 rs2266780* (97,5%). Comparaciones con otras poblaciones revelaron diferencias significativas con las frecuencias de SNP en la población de Cusco, tanto en los SNP relacionados con la susceptibilidad (*IL17A rs2275913*, *VDR rs2228570* y *TGFB1 rs1800469*; $p < 0{,}001$) como en los SNP relacionados con la farmacogenética (*CYP2B6 rs2266782*, *SLCO1B1 rs4149056* y *CYP3A4 rs8330*; $p < 0{,}05$), lo que sugiere patrones genéticos locales únicos. Estos hallazgos resaltan la necesidad de realizar pruebas farmacogenéticas para optimizar el tratamiento con albendazol y respaldar los enfoques de medicina de precisión para el manejo de la hidatidosis en regiones endémicas. Se requieren estudios adicionales con cohortes más amplias para confirmar estas asociaciones.

Palabras clave: Hidatidosis, SNP, albendazol, farmacogenética.

Financiamiento: Resolución 4412-2024 R/UC Universidad Continental

MOLECULAR IDENTIFICATION OF FISH-BORNE *Anisakis pegreffii* (NEMATODA: ANISAKIDAE) LARVAE IN *Larimus pacificus* (EUPERCARIA: SCIAENIDAE) FROM PERU

David Lopez[1], Sergio Santillán[1], Gloria Saéz[2] Luis Ñacari[3], Aarón Mondragón-Martínez[4], Rosa Martínez-Rojas[4], Celso Cruces[5], José Pino[6], Ruperto Severino[1], Jhon Chero[1]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Laboratorio de Parasitología General y Especializada, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática (FCCNM), Universidad Nacional Federico Villarreal (UNFV), Lima, Perú

[3]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile

[4]Laboratorio de Parasitología en Fauna Silvestre y Zoonosis, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[5]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Santiago de Surco, Lima, Perú

[6]Laboratorio de Reproducción y Biología de Desarrollo. Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

aaron72.mondragon@gmail.com (Aarón Mondragón-Martínez)

Anisakis pegreffii Campana-Rouget & Biocca, 1955 (Nematoda: Anisakidae) is a zoonotic nematode of increasing public health concern, particularly in regions where raw or lightly processed fish is traditionally consumed. The objective of this study was provides the first molecular evidence of *A. pegreffii* infection in the Pacific drum, *Larimus pacificus* Jordan & Bollman, 1890 (Eupercaria: Sciaenidae), a neritic fish species endemic to the eastern Pacific and frequently sold in local markets along the Peruvian coast. A total of 78 specimens were collected from northern Peruvian waters and examined for anisakid larvae. Third-stage larvae (L3) were recovered from the viscera and muscle tissues of 46.2% of hosts. DNA was extracted from representative larvae and the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit II (*cox*2) gene was amplified and sequenced. All sequences showed high similarity (99.19–100%) to reference sequences of *A. pegreffii* in GenBank, confirming the species identity. Phylogenetic analyses using Bayesian inference and maximum likelihood approaches grouped Peruvian isolates within a strongly supported clade of *A. pegreffii*, together with sequences from *Delphinus delphis* Linnaeus, 1758 (Cetartiodactyla: Delphinidae) from the Northeast Atlantic Ocean and marine fish from the southeastern Pacific. Genetic distances among Peruvian sequences and reference specimens were low (0.37–1.85%), indicating limited intraspecific variation. These findings expand the known host range and geographic distribution of *A. pegreffii* and underscore the importance of continued surveillance and food safety measures in artisanal fisheries.

Palabras clave: Zoonosis, Foodborne risk, Marine nematodes, Fish parasites.

Financiamiento: This research was supported by the Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 005446-2025-R and project number B25100271.

SUSCEPTIBILIDAD ANTIMICROBIANA DE *Aeromonas hydrophila* EN PECES AMAZÓNICOS

Tatiana Mejía-Córdova[1], Jefferson Yunis-Aguinaga[2], Marco Medina-Morrillo[3]

[1]Laboratorio de Patobiología Acuática, Instituto del Mar del Perú– IMARPE, Callao, Perú.

[2]Universidad Científica del Sur– UCSur, Lima, Perú.

jefyunis@gmail.com (Jefferson Yunis Aquinaga)

La creciente resistencia antimicrobiana en bacterias del género *Aeromonas* representó una amenaza para la acuicultura amazónica peruana y la salud pública. Aunque el estudio se enfocó inicialmente en la evaluación de la susceptibilidad antimicrobiana de *Aeromonas hydrophila*, el análisis molecular de las cepas recolectadas reveló la presencia de otras especies del mismo género en peces amazónicos cultivados con signos clínicos, procedentes de las regiones de Loreto y San Martín, principales zonas productoras del país. En total, se evaluaron 34 cepas bacterianas, de las cuales 19 fueron identificadas como *A. hydrophila* y 15 correspondieron a otras especies, como *A. veronii* y A. *caviae.* Las cepas bacterianas se aislaron a partir de ejemplares de *Piaractus brachypomus*, *Colossoma macropomum* y *Arapaima gigas* que presentaban úlceras dérmicas, hemorragias y exoftalmia. Las muestras fueron sembradas en agar selectivo GSP, y las colonias presuntivas se sometieron a pruebas de susceptibilidad antimicrobiana mediante el método de difusión en disco frente a cinco antibióticos de uso frecuente en acuicultura: enrofloxacina, florfenicol, oxitetraciclina, ácido oxolínico y gentamicina. La interpretación de los resultados se realizó utilizando el método de Interpretación de Resistencia Normalizada (NRI), que permitió identificar cepas con posibles mecanismos de resistencia adquirida. Los resultados preliminares mostraron patrones heterogéneos de resistencia. Por ejemplo, los halos de inhibición para florfenicol oscilaron entre 6,0 mm y 38,3 mm, mientras que para enrofloxacina, entre 6,0 mm y 43,5 mm. Se han identificado cepas non-wild-type (NWT) frente a todos los antibióticos evaluados, lo que evidencia la posible circulación de mecanismos de resistencia en los sistemas acuícolas amazónicos. Actualmente se encuentra en marcha el análisis estadístico completo y la caracterización final de los perfiles de resistencia. Esta investigación busca generar evidencia científica clave para mejorar las estrategias de control sanitario, contribuir al uso racional de antibióticos y fortalecer políticas públicas bajo el enfoque One Health, que reconoce la interconexión entre la salud animal, humana y ambiental.

Palabras clave: Acuicultura; antibiograma; RAM; resistencia.

Financiamiento: FONDECYT N.º 129-2020.

DISEÑO *IN SILICO* Y EVALUACIÓN *IN VIVO* DE UN CANDIDATO VACUNAL CONTRA EL VIRUS OROPOUCHE BASADO EN UNA PROTEÍNA MULTI-EPÍTOPO

Alvaro Munaylla Reynoso[1], Arturo Liñan-Torres[2], Priscila Mamani-Zapana[1]

[1]Facultad de Biología. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

[2]Instituto de Biotecnología. Universidad Nacional Autónoma de México. Morelos, México.

alvaro.munaylla@unmsm.edu.pe

El virus Oropouche (OROV) es un patógeno endémico a regiones amazónicas cuya sintomatología incluye desde fiebre hasta complicaciones en el sistema nervioso, y para el cual no existe una vacuna. El objetivo del presente trabajo fue diseñar una vacuna contra este virus basada en una proteína multi-epítopo. Se obtuvo un proteoma consenso de OROV a partir del alineamiento de secuencias almacenadas en bases de datos. Los programas NetMHCpan v4.1, NetMHCIIpan v4.0 y BepiPred v3.0 fueron empleados para la predicción de epítopos de células T CD8+, T CD4+ y B, respectivamente. Aplicando ciertos criterios, se seleccionaron once epítopos conservados de células T, que permitieron una cobertura total de los alelos HLA más frecuentes entre los países expuestos al OROV, y tres epítopos de células B. Estos péptidos fueron concatenados mediante enlazadores para generar una proteína multi-epítopo, que además contiene la secuencia de la β-defensina 3 como adyuvante. Mediante un servicio externo, la secuencia de esta proteína se introdujo en un vector viral adeno-asociado para inducir su expresión en modelos murinos y evaluar la respuesta que genera el candidato vacunal *in vivo*. Se realizó una prueba de neutralización por reducción de placas empleando el OROV (800 UFP/ml) y los sueros de los ratones vacunados obtenidos tras las semanas 2, 4, 6 y 8 de la inmunización. Los sueros de los ratones inmunizados alcanzaron títulos neutralizantes de hasta 1:160 ($PRNT_{50}$), con una media de 1:80 seis semanas después de la inmunización. Esto sugiere una capacidad de la vacuna diseñada para generar respuesta inmune humoral.

Palabras clave: Virus Oropouche, Inmunoinformática, vacuna multi-epítopo, respuesta inmune.

Financiamiento: fondo PCONFIGI 2024 del Vicerrectorado de Investigación y Posgrado (VRIP) de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

FRECUENCIA DE FACTORES DE VIRULENCIA DE *Klebsiella pneumoniae* ASOCIADO A PATRONES DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN MUESTRAS CLÍNICAS DE UN HOSPITAL DE VENTANILLA

Carlos Enrique Namó Asencio[1], Ruth Hortensia García de la Guarda[1], Damaris Belen Rivera Asencios[1], Adriana Melissa Manco Napán[1], Abraham Omar Espinoza Culupú[1], Augusto Fernando de la Cruz Calvo[1]

[1]Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Grupo de investigación Genómica Funcional de Microorganismos y Biorremediación (MICROGEN), Facultad de Ciencias Biológicas, UNMSM, Lima, Perú.

rgarciad@unmsm.edu.pe (Ruth Hortensia García de la Guarda).

Klebsiella pneumoniae es uno de los principales patógenos clínicamente relevantes en individuos inmunocomprometidos que está presente en muchas de las infecciones intrahospitalarias por sus diversos factores de virulencia sumado a su resistencia a antibióticos, constituyendo una amenaza para la salud pública. El objetivo fue determinar la frecuencia de genes de virulencia y la capacidad de formación de biopelículas en cepas de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a antimicrobianos aisladas de muestras clínicas de orina del Hospital de Ventanilla, Perú, y si existe asociación con patrones de resistencia. Las cepas fueron recolectadas del área de microbiología (Urología) del Hospital de Ventanilla donde previamente se identificaron con pruebas bioquímicas. Para la prueba confirmatoria de identificación y las pruebas de susceptibilidad a los antibióticos se usó el equipo automatizado DL-96A Microbial ID/AST. Los genes codificantes de factores de virulencia se evidenciaron mediante la Reacción en Cadena de la polimerasa (PCR). Se evaluó la formación de biopelículas mediante el método de cristal violeta en microplacas. El 35% de las de las cepas fueron positivas para BLEE, además los genes de virulencia *magA y mrkD* tuvieron la mayor frecuencia entre los aislados y el 45% de los aislados presentaron una formación de biofilm fuerte. No hubo asociación significativa entre la presencia de los genes y la producción de BLEE. La presencia de diversos genes de virulencia y la alta tasa de resistencia antimicrobiana en aislados locales de *K. pneumoniae* demuestra la necesidad de mejorar las estrategias de control y vigilancia de este patógeno.

Palabras clave: Biopelículas, patógenos clínicos, susceptibilidad antimicrobiana, genes de virulencia.

Financiamiento: VRIP, Proyecto PCONFIGI Nº B24100851.

CALIDAD HIGIÉNICA-SANITARIA DE ALIMENTOS DE ORIGEN ANIMAL COMERCIALIZADOS EN MERCADOS DEL DISTRITO DE PIURA, PERÚ, 2024-2025

Ana Claudia Paiva Pizarro[*1], Fiorella Lizeth Alberca Córdova[1], Luis Ricardo Guerrero Álcarez[1], Angela Yaneli Curay Alvarado[1], Marco Sergio Guerra Delgado[1]

[1]Universidad Nacional de Piura, Facultad de Zootecnia, Laboratorio de Microbiología

*apaivapizarro01@gmail.com (Ana Claudia Paiva Pizarro)

Los mercados del distrito de Piura representan un punto crítico en la cadena de abastecimiento alimentario debido a las deficientes condiciones de almacenamiento, manipulación y falta de infraestructura sanitaria, como cámaras frigoríficas y áreas de lavado, lo que favorece la proliferación de microorganismos patógenos. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la calidad higiénico-sanitaria de alimentos de origen animal, específicamente salchicha huachana, carne de pollo y carne de res (comercializados en 15 puestos de 10 mercados del distrito. La investigación fue de enfoque cuantitativo, diseño no experimental, descriptivo y longitudinal. Se recolectaron 75 muestras (cinco por tipo de alimento por puesto, 200 g c/u), transportadas en refrigeración al laboratorio de Microbiología de la Escuela Profesional de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional de Piura. Se utilizó la metodología Compact Dry LM® para cuantificar la presencia de aerobios mesófilos y Salmonella spp., comparándose los resultados con los límites establecidos en la Norma Técnica de Salud NTS 071-MINSA/DIGESA. Los resultados mostraron que el 100% de los puestos que expendían salchicha huachana superaron los niveles permitidos de aerobios mesófilos, siendo clasificados como rechazables, y solo el 13,34% presentó valores aceptables para Salmonella spp., lo que evidencia que el 86,66% no cumple con los criterios mínimos de inocuidad. En el caso del pollo, el 60% de los puestos (9 de 15) fueron rechazados por mesófilos y el 26,67% por Salmonella. Para la carne de res, el 26,67% (4 de 15) fue rechazado por mesófilos y el 13,33% por Salmonella. Estos hallazgos evidencian un riesgo sanitario significativo y subrayan la necesidad de fortalecer los sistemas de control e inspección sanitaria en los mercados de Piura.

Palabras clave: Calidad higiénica-sanitaria, mercados, alimentos, Salmonella sp., Aerobios mesófilos

Financiamiento: Universidad Nacional de Piura.

Bacillus amyloliquefaciens BS4: UN PROMETEDOR REPOSITORIO GENÓMICO PARA EL DESCUBRIMIENTO DE NUEVOS COMPUESTOS ANTIMICROBIANOS

Ana Paula Palacios-Rodriguez[1,2], Pedro Ismael Silva Junior[1,2], Abraham Espinoza-Culupú[3], Tito Sánchez-Rojas[4]

[1]Laboratorio de Toxinologia Aplicada; Instituto Butantan; São Paulo, Brasil.

[2]Universidad de São Paulo, Programa de Posgraduación Interunidades en Biotecnologia, São Paulo, Brasil.

[3]Laboratorio de Microbiologia Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[4]Laboratorio de Biotecnología Ambiental y Bioprocesos Industriales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

ana.palacios@usp.br (Ana Paula Palacios-Rodriguez)

El aumento de la resistencia bacteriana a los antibióticos representa una amenaza global, impulsando la búsqueda de alternativas terapéuticas. En este contexto, *Bacillus amyloliquefaciens* se destaca por su capacidad de producir metabolitos bioactivos como péptidos antimicrobianos (AMPs), biosurfactantes y péptidos no ribosomales. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar genómicamente la cepa *B. amyloliquefaciens* BS4 mediante secuenciación completa por plataforma Illumina, obteniéndose un genoma de 3,89 Mbp con 46,14% de GC. El ensamblaje y la anotación, realizados con FastQC, Trimmomatic, SPAdes, Prokka y RAST, permitieron identificar 3.887 genes codificantes, incluidos genes de resistencia a antibióticos y un plásmido movilizable de 8.413 pb. La anotación funcional con KEGG permitió identificar la ruta completa de biosíntesis de bacilina, un dipéptido con actividad antimicrobiana de amplio espectro. Por otra parte, el análisis de enzimas activas sobre carbohidratos (CAZy) reveló 48 enzimas distribuidas en cinco clases, destacándose glicosiltransferasas y glicosil hidrolasas, lo que indica capacidad para degradar carbohidratos complejos como almidón y para sintetizar exopolisacáridos. La minería genómica orientada a la bioprospección de metabolitos antimicrobianos permitió identificar 14 clusters biosintéticos (BGCs) con antiSMASH, incluyendo bacilina, bacilaeno, bacilibactina y bacillothiazol (100% de similitud), además de cuatro clusters huérfanos sin homologías conocidas. Complementariamente, BAGEL4 detectó genes para bacteriocinas y péptidos RiPPs como colicina, comX4, lantipeptídeos y sactipéptidos, mientras que BiG-SCAPE evidenció una notable diversidad química y relaciones evolutivas con cepas filogenéticamente relacionadas. En conclusión, *B. amyloliquefaciens* BS4 presenta un repertorio biosintético diverso y prometedor, constituyendo una fuente valiosa de nuevas moléculas antimicrobianas con potencial aplicación en salud y biotecnología industrial.

Palabras clave: bioprospección genómica, metabolitos antimicrobianos, minería genómica, caracterización molecular

Financiamiento: Apoyo financiero de la Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), del Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) y de la Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Brasil.

IMPORTANCIA DE LOS MACROINVERTEBRADOS ACUÁTICOS COMO BIOINDICADORES DE LA CALIDAD AMBIENTAL EN LOS MANGLARES SAN PEDRO DE VICE, PIURA, PERÚ

Jorge Luis Peralta-Argomeda[1,2], Francisco Cabrero-Sañudo[2]

[1]Laboratorio de Ecología de Invertebrados Acuáticos Continentales, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

[2]Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, España.

jperaltaa@unmsm.edu.pe (Jorge Luis Peralta-Argomeda)

En Perú, los manglares son un tipo de humedal restringido a la costa norte; considerados ecosistemas frágiles debido a la creciente presión humana a la que están sometidos. Los macroinvertebrados acuáticos son organismos ampliamente distribuidos en ecosistemas acuáticos continentales. El objetivo fue determinar la calidad ambiental de los manglares de San Pedro de Vice (Piura) aplicando índices biológicos que evalúan la diversidad de macroinvertebrados acuáticos; ya que, son considerados excelentes bioindicadores. Se establecieron tres zonas de estudio (norte, centro y sur), durante junio del 2021, considerando cinco réplicas por zona. En campo, se registraron los parámetros fisicoquímicos del agua (pH, conductividad eléctrica, turbidez, oxígeno disuelto y temperatura) y en laboratorio la concentración de amonio, nitratos, fosfatos y metales. Para la colecta de macroinvertebrados acuáticos se utilizó una red tipo D, de 500 micras de abertura de malla, delimitando un transecto lineal de 1m. Para la determinación taxonómica se consultó literatura especializada del Neotrópico y Sudamérica. La composición de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos estuvo representada por 40 especies, agrupadas en tres phyla, cuatro clases, ocho órdenes y 26 familias. El orden Diptera presentó la mayor riqueza con 13 especies, seguida de Coleoptera y Hemiptera con 11 y 10 especies, respectivamente. Según el análisis de similitud (Anosim), la composición de especies presentó diferencias significativas entre las tres zonas (p<0.05); además, la zona norte presentó la mayor riqueza con 35 especies y una buena condición ambiental (BMWP/Col=101); mientras que, la zona sur, presentó la menor riqueza con 18 especies y una dudosa condición ambiental (BMWP/Col=52), esto se debería a la distancia del manglar hacia fuentes de alteración antropogénica, según el análisis de componentes principales (CCA), la zona sur presentó elevados valores de conductividad eléctrica, nitratos y zinc. En conclusión, la diversidad de macroinvertebrados acuáticos permite caracterizar el grado de conservación del manglar.

Palabras Clave: insectos acuáticos, BMWP/Col, humedales costeros, conservación

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos: RR N° 005446-2025-R/UNMSM (Código B25100721)

ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA *IN VITRO* DE SUSTANCIAS PRODUCIDAS POR *Lactobacillus* spp. CONTRA *Streptococcus mutans* AISLADO DE LA CAVIDAD ORAL DE NIÑOS SIN CARIES

Gildert Pérez–Cubas[1], Fiorella Guerra–Medina[1], Ademar De La Cruz–Pérez[1], Ruth Pardo–Pérez[1], Gerald Chinchay–Reymundo[1]

[1]Tecnología Médica; Facultad de Ciencias de la Salud; Universidad Nacional de Jaén (UNJ), Jaén, Perú.

fiorella.guerra@est.unj.edu.pe (Fiorella Guerra–Medina)

La caries dental es una de las enfermedades más prevalentes a nivel mundial, y *Streptococcus mutans* es una de las bacterias más asociadas a su desarrollo. Por lo tanto, la búsqueda de alternativas naturales para su prevención se ha vuelto crucial. El objetivo de esta investigación fue evaluar la capacidad antimicrobiana de sobrenadantes de cepas de *Lactobacillus spp.* contra *S. mutans*. Se emplearon métodos de microbiología clásica o fenotípica para identificar las cepas, mediante tinción de GRAM y pruebas bioquímicas (catalasa, oxidasa y fermentación de carbohidratos). Se aislaron cepas de *Lactobacillus spp.* de exudado vaginal y S. mutans de saliva de niños de 6 a 10 años sin caries, usando los medios de cultivo: Agar Man Rogosa y Sharpe (MRS) y Mitis Salivarius, respectivamente. El efecto antimicrobiano se evaluó mediante el método de difusión en disco, utilizando controles positivos (Ciprofloxacina) y negativos (solución salina fisiológica). Los resultados obtenidos son consistentes, en particular, con el estudio realizado en Bolivia que reportó que la cepa "Lactobacillus Z2" (*L. fermentum*) mostró el halo de inhibición con mayor diámetro, coincidiendo con la observación de que las cepas de *Lactobacillus spp.* pueden generar bacteriocinas capaces de inhibir *S. mutans*. Sin embargo, el diámetro de los halos en las cepas evaluadas fue menor en comparación con otros estudios que informaron halos de 17 a 23 mm tras 48 horas de incubación. Se aislaron cuatro cepas de *Lactobacillus spp.*, de las cuales tres mostraron actividad antimicrobiana contra *S. mutans*, con halos de inhibición de entre 10 y 13,5 mm. Estos resultados sugieren que algunas cepas de *Lactobacillus spp.* producen bacteriocinas con capacidad inhibidora contra S. mutans. Para concluir, se evidenció efecto antimicrobiano contra *S. mutans* por parte de las cepas de *Lactobacillus spp.*, siendo *Ld* el cual formó el halo de inhibición de mayor diámetro.

Palabras clave: bacteriocinas, halo de inhibición, microbiota bucal.

Financiamiento: El estudio fue financiado por el grupo de investigadores.

DIABETES Y SU RELACIÓN CON LA HETEROGENEIDAD METABÓLICA DE CÉLULAS TUMORALES IN VITRO: UN MODELO MATEMÁTICO

Pedro I. Pesantes-Grados[1], Itzel H. Ramos G.[1], Abner G. Zavala-Llantoy[1], Antony Minaya[1], Kail Carbajal-Cuadros[1], Bill A. de la Cruz-Rios[1], Gabriel Arbulú[1], Nicole Villa-Torres[1]

[1]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

itzel.ramos@unmsm.edu.pe (Itzel Ramos G.)

El cáncer de mama, los glioblastomas, melanomas, cáncer de próstata y otros más se distinguen por un microambiente tumoral heterogéneo donde coexisten fenotipos celulares oxidativos y glucolíticos, capaces de interconvertirse según factores locales, como la concentración de lactato. Con el objetivo de entender mejor cómo la diabetes mellitus afecta esta dinámica, se propuso un modelo matemático basado en Mendoza et al. (2012), modificado para considerar la no regresión al fenotipo oxidativo y una concentración constante de glucosa en el medio. Se analizaron los puntos de equilibrio y el comportamiento del sistema a su alrededor, empleando además simulaciones numéricas con parámetros de las líneas celulares LN18 y LN229. El análisis reveló dos puntos críticos de interés biológico: un punto trivial tipo silla y un punto semitrivial dependiente de la concentración de lactato. Las simulaciones mostraron la tendencia del fenotipo glucolítico a dominar sobre el oxidativo. Estos resultados apoyan la idea de que el cambio fenotípico está regulado por la concentración de lactato y su efecto sobre el pH del microambiente. Así, el modelo proporciona una herramienta teórica para comprender la dinámica poblacional en tumores heterogéneos en pacientes diabéticos y determina el rol del lactato como modulador de la plasticidad fenotípica.

Palabras clave: fenotipo glucolítico, fenotipo oxidativo, Warburg, diabetes

Financiamiento: Ninguno

BAJA TASA DE PUBLICACIÓN DE TESIS BIOMÉDICAS DE POSGRADO EN REVISTAS INDEXADAS: UN ESTUDIO RETROSPECTIVO EN UNA UNIVERSIDAD PÚBLICA PERUANA

Nesstor Pilco Ferreto, Richard Ponce Cusi

Escuela Profesional de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Moquegua; 18001, Moquegua, Perú

npilcof@unam.edu.pe (Nesstor Pilco Ferreto)

Las tesis médicas de postgrado constituyen una valiosa fuente de producción científica. Sin embargo, su publicación en revistas indexadas sigue siendo baja, particularmente en Perú, donde persisten barreras estructurales e institucionales. Este estudio tuvo como objetivo analizar los factores asociados a la publicación de tesis médicas de postgrado en revistas indexadas en una universidad nacional del sur del Perú. Se realizó un estudio observacional retrospectivo de todas las tesis de posgrado registradas en el Repositorio Institucional de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa (UNSA) entre 2017 y 2022. Se recolectaron datos sobre las características y autoría de las tesis y se analizaron mediante estadística descriptiva y regresión logística binaria. De 234 tesis elegibles, solo 5 (2,1%) fueron publicadas en revistas indexadas (SCOPUS o SciELO). La mayoría de las tesis fueron descriptivas (70,5%), observacionales (85,0%), realizadas en sujetos humanos (82,9%) en entornos hospitalarios (58,5%) y emplearon estadística inferencial (83,8%). Los temas de investigación más frecuentes fueron Gestión Sanitaria (29,5%), Educación Médica y Bioética (16,2%) y Salud Mental (15,8%). El análisis bivariante mostró una asociación significativa entre la publicación y el uso de estadística inferencial ($p = 0,005$) y la experiencia previa de publicación de los estudiantes ($p = 0,000$), pero estas asociaciones no fueron significativas en el análisis multivariante. La publicación de tesis de postgrado en revistas indexadas fue alarmantemente baja. Se necesitan estrategias institucionales para mejorar la producción científica, como formación en redacción científica, tutoría por investigadores experimentados y motivación entre los profesores.

Palabras clave: Indicadores de producción científica; publicaciones científicas; técnicas; Biología Molecular; medicina.

Financiamiento: El estudio fue autofinanciado.

NIVELES DE LA TRANSFERRINA Y SU RELACIÓN CON EL METABOLISMO HEPÁTICO, DE LÍPIDOS Y DE GLUCOSA EN ESTUDIANTES DE LA UNMSM

Cristian Enrique Revollar-Panaifo[1], David Gonzalo Castañeda Condori[1], Talia Falcon Bejarano[1] ,María José Mayhua Mallma[1], Jean Pierre Sixto Muñoz Chacon[1], Gabriela N. Solano Canchaya[1]

[1]Departamento de Bioquímica; Facultad de Farmacia y Bioquímica; Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

cristian.revollar@unmsm.edu.pe (Cristian Revollar Panaifo)

La relación entre los niveles de transferrina con el metabolismo de la glucosa, el perfil hepático y lipídico es relevante para la salud metabólica. Se realizó un estudio exploratorio y no experimental en estudiantes de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos en 2024 (18 a 30 años, n=80), recolectando datos antropométricos (peso, talla, IMC, circunferencia de cintura) y parámetros bioquímicos (colesterol total, HDL, LDL, VLDL, triglicéridos, glucosa, insulina, hemoglobina glicosilada, enzimas hepáticas, transferrina y hemoglobina). El análisis estadístico se llevó a cabo mediante el coeficiente de correlación de Spearman en SPSS. Se observó que el 36,36 % de los estudiantes presentaba sobrepeso y el 8,7 % obesidad tipo I. El 65,9 % presentó niveles altos de insulina y el 23,1 % tuvo HbA1c alta, mostrando resultados alarmantes en el metabolismo de la glucosa. En el perfil lipídico, el 44,7 % tuvo HDL alto, mientras que CT, LDL y triglicéridos elevados se encontraron en 2,2 %, 15,4 % y 8,8 %, respectivamente. Se halló una correlación significativa entre IMC y triglicéridos ($p \leq 0{,}004$). Las enzimas hepáticas se mantuvieron dentro del rango normal. El 18 % presentó transferrina elevada y solo el 2,5 % hemoglobina baja. No se halló correlación significativa entre transferrina y la mayoría de los parámetros glucémicos, hepáticos o lipídicos, pero sí una correlación baja y significativa entre la transferrina y la hemoglobina glicosilada ($\rho = -0.299$; $p = 0.009$), de igual manera con la hemoglobina ($\rho = -0.222$; $p = 0.048$). La primera relación podría deberse a alteraciones en el metabolismo del hierro asociadas a estados de hiperglucemia crónica, en los que se reduce la síntesis hepática de transferrina debido a un entorno inflamatorio o disfunción metabólica. Por el lado de la hemoglobina y la transferrina, esto puede deberse a una respuesta compensatoria en casos de deficiencia de hierro, donde se incrementan los niveles de transferrina para favorecer su captación.

Palabras clave: Transferrina, perfil lipídico, insulina, HbA1c

Financiamiento: Departamento de Bioquímica de FFyB de UNMSM

TÉCNICAS DE BIOLOGÍA MOLECULAR USADAS EN ESTUDIOS PUBLICADOS EN REVISTAS DE MEDICINA PERUANA, 2010-2019

Richard Ponce Cusi, Nesstor Pilco Ferreto

Escuela Profesional de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Moquegua; 18001, Moquegua, Perú

rponcec@unam.edu.pe (Richard Ponce Cusi)

Las técnicas de biología molecular son herramientas clave en medicina, ya que permiten analizar las enfermedades a nivel molecular, facilitar el diagnóstico precoz, desarrollar terapias dirigidas y avanzar hacia una medicina personalizada. El objetivo de este estudio fue describir la cantidad y los tipos de artículos que emplearon técnicas de biología molecular, publicados en cuatro revistas médicas peruanas durante el periodo 2010-2019. Se analizaron un total de 1415 publicaciones, entre artículos originales y reportes de casos. Si bien se observó un incremento en los reportes de casos que no utilizaron estas técnicas, no se hallaron diferencias significativas en su uso entre artículos originales y reportes de casos. Las técnicas más frecuentemente utilizadas fueron la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), ELISA y la electroforesis. Asimismo, los hospitales e institutos de salud fueron las instituciones con mayor producción científica utilizando estas herramientas. Los resultados obtenidos aportan información relevante para comprender la incorporación de las técnicas de biología molecular en la investigación médica nacional, así como para orientar futuras políticas científicas y estrategias de fortalecimiento de la investigación biomédica en el Perú.

Palabras clave: Indicadores de producción científica; publicaciones científicas; técnicas; Biología Molecular; medicina.

Financiamiento: El estudio fue autofinanciado.

ANÁLISIS DE REDES DE COEXPRESIÓN GÉNICA PARA LA CARACTERIZACIÓN DE LA HETEROGENEIDAD MOLECULAR EN CÁNCER DE MAMA

Richard Ponce-Cusi[1,2,4], Vinicius Maracaja-Coutinho[1,2], Jesús Espinal-Enríquez[3]

[1]Universidad de Chile, Programa de doctorado en Bioquímica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santiago 8380494, Santiago, Chile.

[2]Universidad de Chile, Advanced Center for Chronic Diseases—ACCDiS, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santiago 8380494, Chile.

[3]National Institute of Genomic Medicine, Computational Genomics Division, Computational Genomics Division, Ciudad de México, México.

[4]Escuela Profesional de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Moquegua, Moquegua 180101, Perú.

rponcec@unam.edu.pe (Richard Ponce Cusi)

El cáncer de mama presenta una alta heterogeneidad molecular, lo que dificulta su clasificación y manejo clínico. Este estudio emplea redes de coexpresión génica, tanto agregadas (por subtipo) como individuales (por paciente), para caracterizar patrones de reorganización génica en los subtipos moleculares Luminal A, Luminal B, Her2 y Basal, así como en tejido mamario sano. Se utilizaron datos de expresión génica por RNA-seq del consorcio TCGA y se construyeron redes mediante información mutua (MI), priorizando las 10,000 interacciones de mayor valor. Se evaluó la proporción de interacciones intracromosomales (CIS) e intercromosómicas (TRANS), así como métricas estructurales de red. La asociación con la supervivencia global se analizó mediante curvas de Kaplan–Meier y prueba log-rank. Los resultados mostraron que las redes agregadas de los subtipos tumorales exhibieron una mayor proporción de interacciones CIS en comparación con el tejido sano, donde predominan las interacciones TRANS. El subtipo Basal presentó la mayor fragmentación estructural de red. Las redes individuales confirmaron estos patrones y permitieron identificar hotspots genómicos recurrentes, como 11q13.1 y 17q12.1 (Luminal A/B), y 17q11.2 (Her2). En Basal, pacientes con alta proporción de interacciones CIS (>Q3) presentaron menor supervivencia a 5 años ($p = 0.033$). Estos hallazgos sugieren que el análisis de redes individuales permite capturar configuraciones específicas que reflejan la heterogeneidad intrínseca del cáncer de mama. La asociación entre una conectividad localizada y mal pronóstico en Basal subraya el potencial clínico de integrar métricas de red en modelos predictivos.

Palabras clave: Inferencia de redes génicas, Organización de la coexpresión, Disrupción de la conectividad génica, Análisis de supervivencia.

Financiamiento: No especificado.

FRECUENCIA DE *TOXOPLASMA GONDII* EN MAMÍFEROS MENORES DE LA REGIÓN YUNGAS NORTE DEL PERÚ

Lidia Sánchez[1], Víctor Pacheco[2], Luis A. Gómez-Puerta[3]

[1]Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines- Museo de Historia Natural, UNMSM.
[2]Departamento de Mastozoología- Museo de Historia Natural, UNMSM.
[3]Laboratorio de Epidemiologia y Economía Veterinaria- Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM.

lsanchezp@unmsm.edu.pe (Lidia Sánchez)

El protozoario *Toxoplasma gondii* es un parásito zoonótico distribuido a nivel mundial, responsable de causar la toxoplasmosis. Las infecciones por *T. gondii* son ampliamente prevalentes en humanos y otros animales de sangre caliente. *T. gondii* tiene un ciclo vital complejo, un ciclo sexual que tiene lugar en el intestino delgado de los hospederos definitivos (felinos) y un ciclo asexual en los hospederos intermediarios (entre ellos roedores). Además, existen tres estadios infectivos de *T. gondii*: los bradizoítos, los taquizoítos y los esporozoítos. Los felinos excretan ooquistes resistentes al ambiente, propagando así la infección. El objetivo del presente estudio es determinar molecularmente la frecuencia de *T. gondii* en roedores silvestres de la región Yungas norte del Perú. Para ello, se colectaron 28 mamíferos menores en la localidad de Santo Toribio, sector Las Palmas, distrito Vista Alegre, provincia de Santo Toribio Rodríguez de Mendoza. departamento de Amazonas. utilizando trampas Sherman y Víctor, del 8 al 15 de setiembre del 2022. *T. gondii* fue identificado molecularmente en muestras de tejido de corazón de los roedores. Se utilizó un protocolo de reacción en cadena de la polimerasa anidado (PCR-anidado) para amplificar parcialmente la región del espaciador interno transcrito 1 (ITS-1) del parasito. El 14% de hospederos resultaron positivos a *T. gondii*, tres especies de roedores y una especie de marsupial Las especies de roedores infectados con *T. gondii* fueron *Neacomys spinosus*, *Hylaeamys perenensis*, *Nephelomys ricardopalmai* y *Marmosa* sp. Los hallazgos demuestran la existencia de un ciclo silvestre para *T. gondii* en la región Yungas norte del Perú, así como el registro de nuevos hospederos intermediarios para el parásito. Será necesario realizar futuro estudios epidemiológicos para entender mejor el papel de estas especies de roedores en la transmisión de la toxoplasmosis, así como identificar al hospedero definitivo en el área estudiada.

Palabras clave: Cricetidae; zoonosis; epidemiologia, Amazonas.

Financiamiento: Vicerrectorado de investigación y Posgrado (VRIP) UNMSM. Financiamiento a grupos de investigación 2022. Código del Proyecto: B22100801

PREVALENCIA DE VPH DE ALTO RIESGO 16, 18 Y 31 EN CÁNCER Y TUMORES BENIGNOS MAMARIOS, HOSPITAL SANTA ROSA, LIMA

Tatiana Porras, Enrique Mamani

Laboratorio de Virología Clínica y Molecular. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

angie.porras@unmsm.edu.pe (Tatiana Porras)

El cáncer de mama es una de las principales causas de muerte femenina y la neoplasia más diagnosticada en el mundo. En el Perú se reportan más de 7 000 nuevos diagnósticos cada año, y el 75 % de las pacientes se presenta en estadios avanzados. Además de los factores genéticos y hormonales clásicos, han cobrado interés los virus oncogénicos, en particular el Virus del Papiloma Humano (VPH). Los genotipos de alto riesgo del VPH (VPH-AR) están implicados causalmente en cánceres anogenitales, de cabeza y cuello. Esta evidencia ha impulsado la hipótesis de su posible participación en la tumorigénesis mamaria, aunque los estudios disponibles muestran resultados aún heterogéneos. Este estudio transversal evaluó 75 muestras de tejido mamario fijadas en parafina provenientes de pacientes atendidas en el Hospital Santa Rosa (Lima) entre los años 2021 y 2023. Se extrajo ADN de las muestras y se detectaron los genotipos de alto riesgo del VPH (16, 18 y 31) mediante PCR en tiempo real. Se recopilaron datos clínicos, así como la expresión de Receptor de Estrógeno, HER2 y Ki-67. La prevalencia global de VPH-AR fue 36 % (27/75). El VPH 16 predominó (85,2 %), seguido del VPH 31 (11,1 %), mientras que el VPH 18 no se detectó. No se hallaron asociaciones significativas entre la infección por VPH-AR y tipo de lesión, edad, grado histológico ni los biomarcadores evaluados ($p > 0,05$). Los hallazgos sugieren que la infección por VPH-AR, principalmente VPH 16, no se asocia con parámetros clínico-patológicos en este grupo evaluado. Estudios longitudinales con mayor tamaño muestral y paneles genotípicos ampliados son necesarios para dilucidar el potencial rol oncogénico del VPH en el cáncer de mama.

Palabras clave: Cáncer de mama, Virus del Papiloma Humano, Genotipos de alto riesgo, Prevalencia

Financiamiento: Autofinanciado.

EXPRESIÓN GÉNICA DEL NEUROPÉPTIDO GALANINA Y LA QUIMIOQUINA CXCL8 EN PACIENTES PERUANOS CON COVID-19 SEVERO

Tineo Pozo Gianina[1,2], Jiménez Molina Carlos[1], Colona-Vallejos Erasmo[1], Torres Gonzales Dina[1,2], Alzamora-Gonzales Libertad[1], Chamorro Chirinos Elena[1,2], Cambillo Moyano Emma[3].

[1]Grupo de investigación de Inmunomoduladores y Antitumorales de Origen Natural y Sintético (MODULANS). Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Unidad de Biología Molecular, Departamento de Patología Clínica, Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, EsSalud.

[3]Departamento de Estadística. Facultad de Ciencias Matemáticas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

Email: ecolonav@unmsm.edu.pe (Erasmo Colona Vallejos)

El COVID-19, producido por el síndrome respiratorio agudo severo coronavirus-2 (SARS-CoV-2) ha causado más de 220 mil muertes en el Perú convirtiéndose en una amenaza latente. El vínculo neuroinmune está regulado por una serie de neuropéptidos y citoquinas que desempeñan diferentes bioactividades sobre el sistema inmunitario y la función neuronal. El objetivo del estudio fue determinar la expresión del mRNA y síntesis de galanina (Gal) y CXCL8 en pacientes con COVID-19 severo. El estudio incluyó 32 pacientes (26 varones y 6 mujeres) con COVID-19 severo (grupo PS) ingresados al Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen entre diciembre 2020-marzo 2021 con prueba qPCR o prueba de antígenos positiva, y 17 individuos (10 varones y 7 mujeres) como controles saludables (grupo CS) con prueba molecular negativa. La cuantificación del mRNA de *Gal* y *CXCL8* se realizó mediante qPCR, mientras que la producción de ambas moléculas se analizó mediante un ensayo de Elisa. La expresión del mRNA *Gal* y *CXCL8* disminuyó en el grupo PS con relación con el grupo CS ($p<0.001$), mientras que la síntesis de Gal ($p<0.001$) y CXCL8 ($p=0.002$) incrementó en el grupo PS respecto al grupo CS. Además, la síntesis de Gal aumentó significativamente respecto a CXCL8 ($p<0.001$). No se observó correlación entre la expresión de mRNA y síntesis para Gal y CXCL8. En conclusión, existe una menor expresión de mRNA y mayor síntesis tanto para Gal como CXCL8 en estadios severos de la enfermedad, lo que sugiere que su expresión se incrementa durante la infección y podrían constituir biomarcadores potenciales en la progresión del COVID-19.

Palabras clave: neuropéptido, quimioquina, COVID-19 severo, inflamación.

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación y Posgrado- UNMSM, PCONFIGI– 2023, Código: B23101491.

GALANINA: UN POTENCIAL BIOMARCADOR DE NEUROINFLAMACIÓN EN PACIENTES CON COVID-19 MODERADO Y SEVERO

Tineo Pozo Giannina[1,2], Torres Gonzales Dina[1,2], Colona-Vallejos Erasmo[1], Alzamora-Gonzales Libertad[1], Chamorro Chirinos Elena[1,2]

[1]Grupo de investigación de Inmunomoduladores y Antitumorales de Origen Natural y Sintético (MODULANS). Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Unidad de Biología Molecular, Departamento de Patología Clínica, Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, EsSalud.

angiwey21@yahoo.es (Giannina Tineo Pozo)

El COVID-19, causado por el SARS-CoV-2, se ha convertido en una amenaza pandémica con más de 7 millones de muertes a nivel mundial. La galanina (GAL) es un neuropéptido ampliamente distribuido en el sistema nervioso central y periférico, cuya expresión se induce durante procesos inflamatorios. El objetivo de este estudio fue analizar la expresión génica y la producción sérica de galanina en pacientes con COVID-19 moderado (PM) y severo (PS). Se seleccionaron 82 pacientes positivos para SARS-CoV-2 (47 PM y 35 PS), de acuerdo con los criterios clínicos establecidos en el Documento Técnico del Ministerio de Salud. Como grupo control, se incluyeron 29 individuos saludables (CS). Se extrajo ARN de leucocitos de sangre periférica y muestras séricas que se utilizaron para cuantificar la expresión relativa del gen GAL mediante qPCR, y la concentración sérica de GAL mediante ELISA competitivo. Los resultados mostraron una disminución significativa en la expresión de GAL en pacientes moderados (0.270) y severos (0.160) en comparación con los CS (1.040) ($p<0.0001$). En contraste, la producción sérica de GAL aumentó en pacientes moderados (1103 pg./ml) y severos (1149 pg./ml) respecto a los CS (305.5 pg./ml) ($p<0.0001$), sin diferencias significativas entre los dos grupos de pacientes. No se encontró correlación entre la expresión génica y la producción sérica de GAL en los PM y PS. En conclusión, existe una relación inversa entre la expresión de los transcritos de GAL y su producción sérica en pacientes con COVID-19 moderado y severo, lo que sugiere una posible desregulación postranscripcional en el contexto de la infección. Estos hallazgos respaldan el papel potencial de la galanina como biomarcador molecular del proceso neuroinflamatorio asociado a la infección por SARS-CoV-2.

Palabras Clave: Neuropéptido, SARS-Cov-2, inflamación, neuroinmune.

Financiamiento: Vicerrectorado de Investigación y Posgrado- UNMSM, Proyecto Multidisciplinario – 2020, Código: B2010002m y PCONFIGI-Código B2310191

EFECTO ANTAGÓNICO DE MICROORGANISMOS NATIVOS DE SUELOS AGRÍCOLAS DE LA PROVINCIA DE HUANCAYO FRENTE A HONGOS FITOPATÓGENOS

Alca Quiroz, Máxima S.[1] Martel-Torres, Sandro B.[2], Palomino Huarcaya, Roger A.[2], Arroyo Quispe, Estefani A.[1], Alccacontor Abal, Rosa A.[1], Bautista Navarro, Nicol[1], Menor Vásquez, Sdioner A.[1]

[1]Universidad Privada de Huancayo Franklin Roosevelt. Escuela de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímica. Facultad de Ciencias de la Salud.

[2]Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Facultad de Ciencias Biológicas

sandro.martel@unmsm.edu.pe (Sandro B. Martel-Torres)

Los hongos fitopatógenos son responsables de pérdidas significativas en cultivos agrícolas, lo que ha impulsado la búsqueda de alternativas sostenibles al uso de fungicidas sintéticos. En este contexto, la diversidad de microorganismos nativos del suelo representa una fuente diversa y poco explorada de agentes potenciales para el control biológico. El objetivo fue determinar la capacidad antagónica de microorganismos nativos aislados de suelos agrícolas representativos de la provincia de Huancayo, frente a hongos patógenos de tomate (*Solanum lycopersicum*), pimentón (*Capsicum annuum*), zanahoria (*Daucus carota*), naranja (*Citrus sinensis*) y olluco (*Ullucus tuberosus*).Se recolectaron muestras de suelos agrícolas y se aislaron bacterias y hongos mediante métodos microbiológicos convencionales. Se evaluó la actividad antagonista de los aislamientos frente a los fitopatógenos mediante pruebas de confrontación dual en placa. Los resultados indicaron que ninguna de las bacterias aisladas presentó efecto inhibitorio, mientras que algunos hongos, especialmente las cepas H-pap-11 y H-pap-15, mostraron un notable efecto antagonista.No se detectó actividad antagonista en las bacterias aisladas, lo cual indica que su efectividad puede depender de condiciones específicas no replicadas *in vitro*. Algunos hongos aislados, como los códigos H-pap-11 y H-cag-09, mostraron actividad inhibitoria. De manera similar, se ha documentado el potencial biocontrolador de hongos nativos como *Trichoderma* y *Alternaria* en estudios previos. En conclusión, ciertos hongos nativos del suelo poseen un potencial significativo como agentes de biocontrol, ofreciendo una estrategia ecológica y localmente adaptada para el manejo de enfermedades agrícolas en cultivos andinos.

Palabras clave: Agentes antimicrobianos, confrontación dual, tierras de cultivo, control biológico

Financiamiento: Autofinanciado.

DETECCIÓN DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO TIPO 16 Y 18 EN TEJIDO PROSTÁTICO DE PACIENTES DEL HOSPITAL DE SANTA ROSA

Edith Ramirez-Ramos[1], Nazario Ortiz-Muchotrigo[2], Egma Marcelina Mayta Huatuco[1], Enrique Walter Mamani Zapana[1]

[1]Laboratorio de Virología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú;

[2]Laboratorio de Patología, HSR, Lima, Perú

edith.ramirez@unmsm.edu.pe (Edith Ramirez-Ramos)

El cáncer de próstata (CaP) representa el segundo tipo de cáncer más común en hombres a nivel global, con aproximadamente 1,467,854 casos diagnosticados anualmente, lo que refleja un aumento proyectado del 40% para 2040 debido al envejecimiento poblacional y mejoras en la detección temprana (Bray et al., 2018). En Perú, no existen reportes que evalúen la detección del oncogen E6 del Virus del Papiloma Humano (VPH) en tejido prostático.

El estudio buscó detectar VPH-16 y VPH-18 en tejido prostático maligno en pacientes atendidos en el Hospital de Santa Rosa en 2023 y 2024.

Se analizaron 60 muestras de biopsias embebidas en parafina, procedentes de pacientes con diagnóstico de carcinoma de próstata. La metodología incluyó la extracción del ADN con el kit *EasyPure*® FFPE Tissue Genomic DNA (Transgen Biotech), amplificación mediante qPCR utilizando el *PerfectStart*® II Probe qPCR SuperMix UDG utilizando cebadores y sondas específicas para una región de los genes E6/E7.

Se detectó la presencia de VPH-16 en el 20% (12/60) de las muestras analizadas. No se detectó la presencia de VPH-18 (0/60). Los resultados confirman la presencia de virus asociados al CaP siendo necesario establecer la posible relación como responsable del cáncer prostático maligno, que también podría redefinir los protocolos de diagnóstico temprano en poblaciones de riesgo, integrando marcadores virales a las evaluaciones clínicas.

Palabras clave: Cáncer de próstata (CaP), HPV-16, HPV 18.

Financiamiento: Sin financiamiento

ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE LA MIEL DE ABEJA COLECTADAS DE COLMENAS ARTESANALES DEL VALLE DEL SONDONDO - AYACUCHO

Ciro Ramos-Alvarado[1], Fabiola Díaz-Verástegui[1], Paula Málaga-Espichan[1], Moises Ramos-Estica[1], Galia Gálvez-Retamozo[2], Jorge León-Quispe[1]

[1]Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Lima, Perú

[2]Quechua Honey by Casa Gaia - Perú

jleonq@unmsm.edu.pe (Jorge León Quispe)

Las infecciones por patógenos multidrogorresistentes (MDR) son una amenaza global en salud pública. Productos de *Apis mellifera* (abeja) poseen propiedades antimicrobianas y se investigan como alternativas o complementos contra patógenos del grupo ESKAPE. En este estudio, se evaluó la actividad antimicrobiana de mieles del Valle de Sondondo (Ayacucho, Perú) frente a *Enterococcus faecalis* ATCC 51299, *Staphylococcus aureus* ATCC BAA 1708, *Klebsiella quasipneumoniae* ATCC 700603, *Acinetobacter baumannii* ATCC BAA 1605, *Pseudomonas aeruginosa* MDR y *Enterococcus faecium* ATCC 700221. Las cepas se reactivaron en caldo TSB y se ajustaron a 0.5 en la escala de McFarland, se sembraron en Agar Mueller-Hinton. La actividad antimicrobiana se determinó mediante la técnica de pocillos preparados en césped microbiano, colocando luego las muestras de miel al 100, 75 y 50% (diluidas en Solución Salina). Tras incubar a 37°C por 24 h, se midieron halos de inhibición (mm) y se calcularon los porcentajes de inhibición radial (PICR). Más de una muestra mostró un PICR >60% frente a *S. aureus* en las concentraciones de 100, 75 y 50%. A la concentración de 75%, se obtuvo un PICR >50% frente a *E. faecium, E. faecalis*, *A. baumannii* y *P. aeruginosa.* Adicionalmente, se obtuvo un PICR >50% en *E. faecium* en una muestra al 100% y de >60% frente a *A. baumannii, P. aeruginosa* y *E. faecium*. Se concluye que las muestras de miel presentan actividad antimicrobiana contra las cepas analizadas, siendo *S. aureus* la más sensible, seguidas de *A. baumannii, P. aeruginosa* y *E. faecium* que requirieron concentraciones >75%.

Palabras clave: Productos apícolas, Patógenos grupo ESKAPE, Efectos antimicrobianos, Porcentaje de inhibición de crecimiento radial.

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI: Estudio prospectivo de actinomicetos asociados a abejas (*Apis mellifera*) y su evaluación de su actividad antimicrobiana frente a patógenos drogo resistentes del grupo ESKAPE. (Código: B25103141). Año 2025.

EL USO POTENCIAL DE ORGANOIDES PODRÍA TRANSFORMAR LA INVESTIGACIÓN BÁSICA DE LAS ENFERMEDADES RARAS EN PERÚ

Bryan Eduardo Rodríguez Roncal[1], Naomi Francis de la Cruz Calderón[2] & Claudia Fiorella Barletta-Carrillo[1]

[1]Laboratorio de Genética Humana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Centro de Investigación BioMed, Lima, Perú.

bryan.rodriguez3@unmsm.edu.pe (Bryan Eduardo Rodríguez Roncal)

Los organoides son estructuras tridimensionales formadas a partir de células madre que replican la morfología y fisiología de órganos reales. En la última década, han sido fundamentales en la investigación de enfermedades raras o huérfanas (ERH), caracterizadas por su baja prevalencia, escasa investigación y tratamientos limitados. Se estima que existen más de 7 000 ERH que afectan a 340 millones de personas en todo el mundo. En Perú, alrededor de 1 000 ERH comprometen a 2 millones de peruanos. El objetivo de este trabajo fue explorar el uso de organoides en la investigación de cuatro ERH relevantes para Perú (epidermólisis bullosa, fibrosis quística, retinitis pigmentaria y corea de Huntington), el síndrome de Lynch y las iniciativas globales en ensayos clínicos, biobancos y medicamentos huérfanos basados en terapias génicas y celulares (TGyC). Se analizaron bases de datos y estudios publicados en Scopus/PubMed (2017-2025) utilizando términos como "organoid" y nombres específicos de cada patología. Se evidenció que los organoides utilizados para estos trastornos comparten el modelado de bases genéticas y moleculares, la simulación de mutaciones y el desarrollo de alternativas terapéuticas personalizadas. Se identificaron 12 ensayos clínicos relacionados con modelos organoides para la precisión diagnóstica y terapéutica en ERH y 23 iniciativas mundiales de biobancos de organoides en 12 países, siendo los Países Bajos el líder en Europa. Hasta mayo de 2025, la FDA aprobó 19 fármacos huérfanos basados en TGyC, mientras que la EMA aprobó 7 medicamentos de terapias génicas y 5 de terapia celular. Existe una tendencia mundial hacia el uso de organoides en la investigación básica de ERH que podría aplicarse en Perú. En conclusión, los organoides permiten comprender profundamente estas patologías y podrían constituir una plataforma biomédica innovadora, aprovechando las características genéticas de la población peruana con el apoyo de equipos multidisciplinarios de centros de investigación nacionales.

Palabras clave: cultivos 3D, enfermedades minoritarias, terapias génicas y celulares, biobanco.

Financiamiento: Autofinanciado

EL USO POTENCIAL DE ORGANOIDES PODRÍA TRANSFORMAR LA INVESTIGACIÓN BÁSICA DE LAS ENFERMEDADES RARAS EN PERÚ

Bryan Eduardo Rodríguez Roncal[1], Naomi Francis de la Cruz Calderón[2], Claudia Fiorella Barletta-Carrillo[1]

[1]Laboratorio de Genética Humana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Centro de Investigación BioMed, Lima, Perú.

bryan.rodriguez3@unmsm.edu.pe (Bryan Eduardo Rodríguez Roncal)

Los organoides son estructuras tridimensionales formadas a partir de células madre que replican la morfología y fisiología de órganos reales. En la última década, han sido fundamentales en la investigación de enfermedades raras o huérfanas (ERH), caracterizadas por su baja prevalencia, escasa investigación y tratamientos limitados. Se estima que existen más de 7 000 ERH que afectan a 340 millones de personas en todo el mundo. En Perú, alrededor de 1 000 ERH comprometen a 2 millones de peruanos. El objetivo de este trabajo fue explorar el uso de organoides en la investigación de cuatro ERH relevantes para Perú (epidermólisis bullosa, fibrosis quística, retinitis pigmentaria y corea de Huntington), el síndrome de Lynch y las iniciativas globales en ensayos clínicos, biobancos y medicamentos huérfanos basados en terapias génicas y celulares (TGyC). Se analizaron bases de datos y estudios publicados en Scopus/PubMed (2017-2025) utilizando términos como "organoid" y nombres específicos de cada patología. Se evidenció que los organoides utilizados para estos trastornos comparten el modelado de bases genéticas y moleculares, la simulación de mutaciones y el desarrollo de alternativas terapéuticas personalizadas. Se identificaron 12 ensayos clínicos relacionados con modelos organoides para la precisión diagnóstica y terapéutica en ERH y 23 iniciativas mundiales de biobancos de organoides en 12 países, siendo los Países Bajos el líder en Europa. Hasta mayo de 2025, la FDA aprobó 19 fármacos huérfanos basados en TGyC, mientras que la EMA aprobó 7 medicamentos de terapias génicas y 5 de terapia celular. Existe una tendencia mundial hacia el uso de organoides en la investigación básica de ERH que podría aplicarse en Perú. En conclusión, los organoides permiten comprender profundamente estas patologías y podrían constituir una plataforma biomédica innovadora, aprovechando las características genéticas de la población peruana con el apoyo de equipos multidisciplinarios de centros de investigación nacionales.

Palabras clave: cultivos 3D, enfermedades minoritarias, terapias génicas y celulares, biobanco.

Financiamiento: Autofinanciado

EFECTO DE LA EXPOSICIÓN CRÓNICA DEL ADITIVO ALIMENTARIO TARTRAZINA EN PARÁMETROS ESPERMÁTICOS DEL RATÓN *Mus musculus* (LINNAEUS, 1758)

Valeria D. Saavedra-Principe[1], Anthony Junior Calle-Calderón[1], Geiro Reisser Camarena Aliaga[1], Betty Elena Shiga Oshige[1,2], José Luis Pino-Gaviño[1,2]

[1]Laboratorio de Reproducción y Biología del Desarrollo. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú.

[2]Centro de Investigación de Recursos Naturales (CIRNA), Vicerrectorado de Investigación y Posgrado. UNMSM.

valeria.saavedra.principe@gmail.com (Valeria D. Saavedra-Principe)

La Tartrazina (TRZ); denominada también E 102, FD & C Yellow N°5 y C.I. 19140; es un colorante artificial ampliamente utilizado en la industria alimentaria, farmacéutica y cosmética. A pesar de su aprobación regulatoria, su consumo ha sido asociado a efectos adversos sobre el neurocomportamiento, incluyendo posibles daños a nivel celular (clastogénico) y reproductivo (xenoestrógeno). La calidad espermática se considera un biomarcador sensible de la salud reproductiva masculina; el presente estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de la exposición crónica al aditivo alimentario TRZ sobre los parámetros espermáticos en el ratón *Mus musculus*. Se administró el colorante por vía orogástrica a 25 ratones Balb/c distribuidos en un grupo control y cuatro grupos de tratamiento, repartidos equitativamente, que recibieron: TRZ en dosis de 0, 10, 25, 50 y 100 $mgkg^{-1}$ durante 35 días. Se analizó la motilidad, vitalidad y concentración espermática. Los resultados mostraron que, en comparación con el grupo control, todos los grupos tratados presentaron una disminución significativa en la motilidad progresiva (T10: 22.13 ± 6.31; T25: 15.01 ± 2.17; T50: 19.61 ± 8.36; T100: 17.62 ± 1.83), la vitalidad espermática (T10: 57.05 ± 4.81%; T25: 49.21 ± 1.32%; T50: 31.90 ± 4.56%; T100: 21.82 ± 2.36%), además de una reducción notable en la concentración espermática (T10: 44.98 ± 2.79; T25: 39.74 ± 2.07; T50: 35.45 ± 1.82; T100: 33.84 ± 2.24 millonesmL^{-1}). El potencial impacto negativo del consumo excesivo de TRZ, alerta sobre riesgos potenciales a la fertilidad masculina, posiblemente mediadas por mecanismos de estrés oxidativo. La exposición crónica a TRZ bajo las concentraciones utilizadas afecta negativamente la fertilidad en el ratón, *Mus musculus*.

Palabras clave: Tartrazina, colorante artificial, calidad espermática, *Mus musculus*, aditivo alimentario, fertilidad masculina

Financiamiento: Recursos propios.

PRIMER REGISTRO DEL NEMÁTODO *Obeliscoides cuniculi* (GRAYBILL, 1923) (CHROMADOREA, TRICHOSTRONGYLIDAE) EN EL CONEJO ANDINO *Sylvilagus andinus* (THOMAS, 1897), DE LA LIBERTAD Y CAJAMARCA, PERÚ

Lidia Sánchez[1], Jane Roca[1], Silvia Diaz[2], Víctor Pacheco[2]

[1]Departamento de Protozoología, Helmintología e Invertebrados Afines, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

[2]Departamento de Mastozoología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

lsanchezp@unmsm.edu.pe

Sylvilagus andinus (Thomas, 1897) es el único lagomorfo nativo que habita en los Andes del norte y centro de Perú del cual solo se conoce algunas características morfológicas y moleculares, pero no existen estudios sobre su historia natural y helmintofauna. En otras especies de *Sylvilagus* y conejos domésticos se han registrado una gran diversidad de helmintos en el tracto intestinal, como nemátodos del género *Obeliscoides*, localizados en el estómago y asociados a lesiones gástricas en sus hospederos. El objetivo de este trabajo fue determinar la helmintofauna en el conejo andino *S. andinus*. Se colectó un total de 62 nemátodos hembras y 48 machos en el estómago de dos individuos de *S. andinus* procedentes de las localidades Sanagorán, La Libertad y Cañaris, Lambayeque. Los nemátodos fueron aclarados con lactofenol de Amann para su identificación y obtención de las mediciones de los órganos internos. Asimismo, se realizaron cortes transversales en los niveles anterior, medio y posterior para observar el synlophe, que es el patrón de crestas longitudinales en la cutícula, un carácter taxonómico de los trichostrongiloideos. La longitud de las hembras osciló entre 14.3 a 16.4 mm y de los machos entre 7.6 y 8.1 mm. Al comparar nuestras observaciones con las cuatro especies descritas de *Obeliscoides*, se encontraron coincidencias con los criterios taxonómicos como posición del anillo nervioso, del poro excretor, de las papilas cervicales en ambos sexos, tamaño de las espículas en el macho; posición de la vulva y tamaño de los huevos en la hembra, así como la forma y número de crestas en el synlophe con la especie *O. cuniculi*. También se pudo comprobar en las paredes del estómago las pequeñas lesiones que produce la presencia de este nemátodo. Este estudio representa el primer reporte de *O. cuniculi* en *S. andinus*, a una altitud de 2990 m s.n.m. Se recomiendan mayores estudios para evaluar el impacto de estos nemátodos en las poblaciones silvestres, el riesgo de transmisión a los conejos domésticos y su potencial zoonótico.

Palabras clave: Lagomorpha, synlophe, nemátodo, lesiones gástricas

Financiamiento: Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 4305-24 con código de Proyecto B24100311 – PCONFIGI 2024.

PREVALENCIA Y VARIABLES ASOCIADOS A *Pediculus humanus* VAR. *capitis* EN ESCOLARES DE 3 A 12 AÑOS DEL DISTRITO DE ILLIMO-LAMBAYEQUE

Jessica Santaria-Santisteban[1], Joel Flores –Melendez[1], Andre Allpas Belluz-[1],Maria Trujillo-Sulca-[1],Gloria Saez-Flores-[1]

[1]Laboratorio de parasitología general y especializada, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática - Universidad Nacional Federico Villareal (UNFV), Lima, Perú

gsaez@unfv.edu.pe(Gloria Saez-Flores)

La pediculosis capitis, causada por el ectoparásito hematófago *Pediculus humanus* capitis, es una infestación común en escolares y constituye un problema de salud pública vigente en zonas rurales del Perú. El presente estudio se realizó en el distrito de Illimo-Lambayeque; el objetivo fue determinar la prevalencia de pediculosis en escolares de 3 a 12 años y analizar su relación con variables asociadas como edad, sexo, tipo y longitud del cabello, hábitos de higiene, conocimientos previos sobre pediculosis. Se realizó el trabajo en cinco instituciones educativas de nivel inicial y primaria. Se evaluó a 100 escolares mediante inspección visual con peine fino, recolectando especímenes en alcohol al 70%. En los resultados obtenidos, se tuvo una prevalencia de 41.6%, con 42 escolares infectados, de los cuales el 51% fueron niñas y el 49% varones. El tipo y longitud de cabello en las mujeres fue un 100% largo y 99% cabello lacio; el 68% tenían deficiente higiene del cabello. El 99% de los padres de los niños no tenían conocimientos sobre la pediculosis y, finalmente, los colegios donde los niños tuvieron mayor porcentaje de infectados fueron Cruz Verde y Nuestra Señora de Lourdes, con un 58.82% y 54.55%, respectivamente.

Palabras clave: Pediculosis, prevalencia, higiene , infectados, escolares.

Financiamiento: Recursos propio

DETECCIÓN DE RESIDUOS DE ANTIBIÓTICOS EN CARNE DE VACUNO COMERCIALIZADA EN MERCADOS DE PIURA, 2025

Roberto Santiago Herrera*, Mirian Pardo Veliz, Hellen Paz Vilchez, Adriana González Estrada, Rosario Nelly Elera Ojeda

Universidad Nacional de Piura, Facultad de Zootecnia, Laboratorio de Microbiología

*roberto14.santiag@gmail.com (Roberto Santiago Herrera)

El incumplimiento de las instrucciones de uso de los antibióticos y no respetar el periodo de retiro antes del sacrificio de los animales para su comercialización, puede desencadenar múltiples problemas en la salud pública, por ejemplo: desarrollo de resistencia a los antibióticos, problemas de hipersensibilidad en los consumidores, efectos mutagénicos, carcinogénicos, entre otros. Por ello, es importante un monitoreo constante de las cantidades residuales de fármacos, especialmente de los antibióticos, presentes en las carnes que se distribuyen en el mercado para el consumo humano. Se recolectaron muestras de distintos sectores del Mercado Central de Piura, en distintos puestos, y se evaluó la presencia de antibióticos empleando el kit Meat Sensor, específico para la detección de antibióticos en carne de vacuno. De las 30 muestras de carne de vacuno recolectadas que han sido procesadas y evaluadas con el kit Meat Sensor, se ha confirmado que 2 de las muestras resultaron positivas, es decir el 6.66%, ambas muestras positivas a "Betalactámicos" y son pertenecientes al mercado Acomipomaler y al mercado Modelo. Los resultados de laboratorio evidencian que una pequeña parte de las carnes comercializadas presentan trazas de antibióticos, lo que indica que existe una baja posibilidad de consumir carne que contengan estos fármacos, pero aún así debería hacerse un examen más riguroso de estos alimentos.

Palabras clave: carne, tetraciclinas, sulfonamidas, betalactámicos.

Financiamiento:Universidad Nacional de Piura.

ADN BACTERIANO ANTIGUO (ADNA) EN CÁLCULOS DENTALES DE RESTOS HUMANOS DEL HORIZONTE MEDIO TARDÍO DEL VALLE DE ASIA, LIMA

Daniel Guillermo Suarez Ponce[1], Rommel Ángeles Falcon[2] Roger Alberto Palomino Huarcaya[2], Mario David Cueva Tavara[2]

[1]Facultad de Odontología. Universidad Nacional de San Marcos

[2]Museo de Sitio Pachacamac, Ministerio de Cultura.

[3]Departamento Académico de Microbiología y Parasitología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional de San Marcos

rpalominoh@unmsm.edu.pe (Roger Alberto Palomino Huarcaya)

El cálculo dental preserva biomoléculas que permiten inferir la dieta, salud y entorno de poblaciones antiguas. La investigación paleodietética, busca además el análisis de microorganismos, granos de almidón y fitolitos incrustados en la matriz de la placa. El objetivo del trabajo buscó caracterizar la diversidad microbiana en piezas dentales de restos humanos del Horizonte Medio (800–1100 d.C.) procedentes de Huaca Malena (Valle bajo de Asia, Lima). Se extrajo el ADN bacteriano, se amplificó la región V3–V4 del gen 16S rRNA y se aplicaron técnicas de secuenciación masiva (~300,000 lecturas/muestra). Las secuencias fueron filtradas, se eliminaron quimeras y se asignó la taxonomía mediante bases de datos Silva. La visualización de perfiles microbianos se realizó con herramientas estadísticas en R. Como resultado, se observaron diferencias marcadas entre las muestras dentales; T9 presentó dominancia de *Saccharopolyspora, Romboutsia* y *Lysinibacillus*, mientras que T7 mostró mayor diversidad, con más de 30 géneros detectados, incluidos *Verticiella, Defluviicoccus y Microbacterium*. Estas variaciones podrían estar relacionadas con dieta, salud oral o condiciones de preservación. Estos hallazgos respaldan lo planteado por Eisenhofer et al. (2017), quienes destacan que el ADN microbiano en cálculo dental puede actuar como marcador biocultural, reflejando patrones heredados y ambientales. Asimismo, coincide con Serawat, JS. (2024), quien señala que el cálculo dental contiene más ADN que el hueso y permite reconstruir condiciones de vida, geolocalización y prácticas culturales. Se concluye que el cálculo dental es una fuente confiable de ADN microbiano antiguo, útil para reconstruir aspectos dietéticos, sanitarios y culturales en contextos arqueológicos.

Palabras claves: ADN ancestral, Paleodietética, Marcador biocultural, 16S rRNA

Financiamiento: Autofinanciado.

MONITOREO DE LA CALIDAD MICROBIOLÓGICA DEL AGUA PARA CONSUMO HUMANO EN EL AEROPUERTO INTERNACIONAL JORGE CHÁVEZ, CALLAO-PERÚ

Leonardo Sulca G.[1], Tito Libio S.[2], Aldo Rodríguez G.[3], Rigoberto Robles C.[4]

[1]Programa de Maestría en Prevención de riesgos laborales y ambientales. Facultad de Ingeniería Industrial. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima-Perú

[2]Laboratorio de Microbiología Ambiental y biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[3]Unidad de Salud Ambiental, Dirección de Sanidad Aérea Internacional, Diresa Callao, Perú.

[4]Dirección Ejecutiva de Sanidades Internacionales, Diresa Callao, Perú.

leonardo.sulca@unmsm.edu.pe

Se evaluó la calidad microbiológica del agua para consumo humano en el Aeropuerto Internacional Jorge Chávez, con el objetivo de contribuir a la protección de la salud, de los usuarios. Se recolecto 181 muestras en 12 puntos de muestreo, incluyendo grifos de baños, restaurantes, aeronaves y carros cisterna, entre octubre 2023 y diciembre 2024. Se emplearon técnicas microbiológicas estándar, para determinar la presencia de coliformes totales, coliformes termotolerantes, bacterias heterotróficas y *Pseudomonas aeruginosa*, siguiendo la normativa DS 031-2010-SA e ISO 16266. Los resultados mostraron que el 52.48% (95) de las muestras no cumplían con el reglamento de calidad del agua para consumo humano, 55.80% (101) de las muestras contenían *Pseudomonas aeruginosa*, indicando deficiencias en el tratamiento, almacenamiento o distribución del agua. Particularmente en puntos críticos, como grifos del terminal, aeronaves y restaurantes, se detectaron niveles superiores a 16 NMP/100mL para *P. aeruginosa* en varios meses, evidenciando una contaminación persistente y un riesgo sanitario elevado. Los resultados sugieren actualización de la normativa, considerar a *P. aeruginosa* como indicador microbiológico en futuras normativas, de acuerdo con el Reglamento Sanitario Internacional, dada su importancia de este microorganismo para la Salud Pública de acuerdo con la Organización Mundial para la Salud (OMS) por su multirresistencia a antimicrobianos. Además, es necesario implementar normativas específicas para la supervisión de la calidad del agua potable en las aeronaves que circulan en el aeropuerto, dado que las fallas en el sistema de distribución y mantenimiento en el aeropuerto, constituyen un riesgo importante para la salud pública en los pasajeros y turistas.

Palabras clave: Coliformes, *Pseudomonas aeruginosa.*

Financiamiento: [2]Laboratorio de Microbiología Ambiental y biotecnología y [1]autofinanciamiento.

EVALUACIÓN DE BIOACUMULACIÓN DE METALES PESADOS EN TEJIDOS DE PECES Y RIESGO TOXICOLÓGICO DEL CONSUMIDOR LOCAL DEL RÍO MANTARO – HUANCAVELICA

Oliver Taype-Landeo[1]

[1]Escuela Profesional de Ingeniería en Industrias Alimentarias, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de Tayacaja Daniel Hernández Morillo, Huancavelica, Perú.

olivertaype@unat.edu.pe (Oliver Taype-Landeo)

En la zona central del Perú, de la región de Huancavelica se encuentra el paso del río Mantaro, rico en flora y fauna, en sus aguas se encuentran peces nativos como la Carachama (*Pseudorinelepis genibarbis*), el Bagre (*Rhamdia quelen*), y río abajo es afectada debido a residuos de metales pesados generadas de la fundición en La Oroya; generando amenaza y problemas de salud a las poblaciones aledañas al río Mantaro, por presencia de residuos. El objetivo fue, determinar los niveles de metales pesados bioacumuladas en peces y riesgo para salud de los consumidores locales de la cuenca del Mantaro – Huancavelica. La metodología, análisis físicos y metal pesado por ICP (Espectrómetro de emisión óptica acoplado a plasma) en agua, sedimentos y dos especies de peces, estimación de Riesgo Potencial, Tasa de Consumo, Concentración Permisible de Metilmercurio, Ingesta Semanal de Metilmercurio, Cantidad Máxima de Pescado Consumida, de los consumidores y prueba de hipótesis. Los resultados presentaron una mayor bioacumulación de metal pesado en vísceras y huesos de los peces, el arsénico y plomo se concentró significativamente en el músculo y sedimento; en el agua fue el arsénico y cadmio. Su riesgo potencial el metal pesado en el tejido muscular supera los límites permisibles comparadas con RfD (dosis de referencia). Los valores sobrepasan los limites permisibles y siendo pernicioso para la salud de los consumidores, comparadas con la normativa de SANIPES y Unión Europea: 0,3 mg/kg de Pb; 0,10 mg/kg de Cd; 1,0 mg/kg de Hg y 1,0 mg/kg de As; mientras el As supera extremadamente el límite permisible a comparación del Decreto Supremo N° 015-2015-MINAM: 0,15 mg/kg de As. Se concluye que las vísceras y huesos de los peces tienden a acumular metales pesados (Pb, Cd, As y Hg); el tejido muscular también concentró los metales pesados (Pb, Cd, As y Hg); superando los límites permisibles, a la normativa nacional e internacional presentando ser pernicioso para su consumo en altas concentraciones, exposición y riesgo para la salud pública.

Palabras clave: peces nativos, pernicioso, salud pública, toxicología.

Financiamiento: Autofinanciado al 100%.

ACTINOMICETOS AISLADOS DE ESTIÉRCOL DE *Vicugna vicugna* (VICUÑA) Y SU ACTIVIDAD ANTAGONISTA FRENTE A BACTERIAS FITOPATÓGENAS DE *Solanum tuberosum* (PAPA)

Brigitte Torres-Sobrevilla, Sebastián Gio-Rivera, Maritza Tacoma-Quispe, Junior Caro-Castro, Jorge León-Quispe

Laboratorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

jleonq@unmsm.edu.pe (Jorge León-Quispe)

Los actinomicetos son responsables de producir aproximadamente el 75 % de antibióticos conocidos, de los cuales cerca del 80 % están destinados para su uso en el campo médico o agrícola. Entre los actinomicetos, *Streptomyces* es el principal responsable de la producción de compuestos bioactivos con actividad antimicrobiana y ofrece antagonismo a diversos patógenos. La actividad antagonista involucra mecanismos como la inhibición de biopelículas, interferencia en el *quorum sensing*, competencia por nutrientes y producción de antibióticos. Muestras de estiércol de vicuñas de vida silvestre, recolectadas en la zona altoandina de Cabana (Ayacucho) fueron procesadas para aislar actinomicetos y ser evaluadas por su antagonismo frente a *Ralstonia solanacearum* y *Pectobacterium carotovorum* (patógenos de cultivos de la papa). Se logró aislar 60 cepas de actinomicetos, cuyos porcentajes de actividad antagonista se determinó en función de los halos de inhibición utilizando el método del "doble capa". El 48,3 % de los aislados mostró actividad contra *P. carotovorum* y solamente el 2,4 %, contra *R. solanacearum*. La cepa VICT-E60 presentó el mayor halo de inhibición frente a ambos fitopatógenos, por lo que fue seleccionada para la obtención de extractos y determinación de la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI), obteniéndose valores de 0,0225 y 0,09 mg/mL para *P. carotovorum* y *R. solanacearum* respectivamente. La identificación molecular mediante el gen de RNAr 16S determinó a VICT-E60 como *Streptomyces anulatus*. Los resultados respaldan la importancia de explorar fuentes no convencionales de aislamiento de nuevos actinomicetos productores de compuestos bioactivos y el potencial uso en el control de fitopatógenos, contribuyendo a estrategias sostenibles que hagan frente a la resistencia antimicrobiana.

Palabras clave: antagonismo, antimicrobiano, control biológico, resistencia antimicrobiana.

Financiamiento: Proyecto PCONFIGI: Selección de nuevos actinomicetos bioactivos aislados del estiércol de *Vicugna vicugna* (Vicuña) y otros camélidos de las zonas altoandinas de la localidad de Cabana, Ayacucho (Código: B21102141). Año 2021.

EFECTO DE LA TEMPERATURA DEL AGUA SOBRE LA EFICACIA E INMUNIDAD DE UNA VACUNA EXPERIMENTAL CONTRA WEISELLOSIS EN TRUCHAS ARCOÍRIS

David Ureta-Espinoza[1], Victor Cueva-Quiroz[1], Marco Medina-Morillo[2], Jefferson Yunis-Aguinaga [1,2]

[1]Facultad de Ciencias Veterinarias y Biológicas, Universidad Científica Del Sur (UCSUR), Lima, Perú.

[2]Laboratorio de Patobiología acuática del IMARPE, Lima, Perú.

Ureta_09_00@hotmail.com (David Ureta-Espinoza)

En la producción de trucha arcoíris, *Weissella tructae* está adquiriendo cada vez mayor relevancia, debido a los expansivos brotes de mortalidad observados en diversas regiones del mundo durante la última década. Este patógeno puede provocar alta mortalidad en peces adultos. Además, el cambio climático podría agravar la situación, ya que los brotes de Weisellosis ocurren con mayor frecuencia en temporadas en las que la temperatura del agua aumenta. Actualmente las experiencias en vacunación son escasas y diversos datos respecto a la duración de la eficacia vacunal no son conocidos para este patógeno. Se determinó la eficacia de una vacuna experimental inactivada contra *W. tructae*, en alevinos criados a una temperatura óptima de 14°C y subóptima de 17°C. Adicionalmente, para saber si la protección conferida por la vacuna contra este patógeno es dependiente de anticuerpos, se cuantificó niveles de anticuerpos y se caracterizó la respuesta hematológica en peces vacunados. Se utilizaron cuatro grupos de peces, de los cuales 2 fueron vacunados por inyección intraperitoneal, obteniendo un control y un grupo vacunado para cada temperatura. Se realizó la medición de niveles de anticuerpos cada 2 semanas post vacunación, además se realizaron 2 infecciones en la semana 9 y 16 post vacunación, y 24 horas post infección se realizó la medición de parámetros sanguinos en ambas infecciones. Todos los grupos vacunados y a temperatura óptima mostraron una mortalidad baja cuando fueron infectados en comparación a los grupos controles y temperatura alta. Además, se identificó un aumento en los niveles de anticuerpos a partir de la cuarta semana, valores altos donde no había necesidad de una segunda vacunación. Los resultados colaborarán con investigaciones a mayor escala que tienen por finalidad desarrollar vacunas novedosas y eficaces contra *W. tructae*, patógeno emergente que viene afectando el cultivo de la trucha arcoíris en diversas partes del mundo.

Palabras clave: Acuicultura, cambio climático, anticuerpo.

Financiamiento: FONDECYT/CONCYTEC Perú Nº 128-2020 titulado: “Producción y evaluación de un kit diagnóstico y una vacuna divalente adyuvantada contra *Yersinia ruckeri* y *Weissella ceti* en trucha arco íris”, “Fondos Beca Cabieses – Proyectos de Tesis de pregrado y postgrado 2024-1”.

VALIDACIÓN DE DATOS FOTOPLETISMOGRÁFICOS PARA EL MODELADO MATEMÁTICO DE LA DIABETES TIPO 1 EN ADULTOS CONTROLADOS CON INSULINA

Carlos I. Valdez Pacheco[1], Ingrid M. Santander Poccohuanca[2], Carlos E. Vázquez López [1], Diana Gamboa Loaiza[1], Paul J. Campos Hernández[1].

[1]Posgrado en Ciencias de la Ingeniería, Tecnológico Nacional de México/I.T. Tijuana, Blvd. Alberto Limón Padilla s/n, Mesa de Otay, Tijuana 22454, B. C., México.

[2]Departamento de Bioingeniería e Ingeniería Química, Universidad de Ingeniería y Tecnología (UTEC), Jr. Medrano Silva 165, Barranco 15063, Lima, Perú.

paul.campos@tectijuana.edu.mx (Paul J. Campos Hernández)

Esta investigación busca validar el uso de señales fotopletismográficas (PPG) en el modelado matemático para el monitoreo no invasivo de la diabetes tipo 1. Frente a la necesidad de herramientas accesibles y precisas para el control glucémico, se propone emplear señales PPG como fuente alternativa de información biomédica, combinadas con algoritmos de aprendizaje automático y herramientas de visualización de datos de código abierto. La metodología se basa en recopilar señales PPG y estimar su correlación con los niveles de glucosa en sangre mediante modelos como Regresión de Soporte Vectorial (SVR), redes neuronales profundas y potenciador de gradiente. Se utilizaron datos de Darwich et al. (2023) y Castro-Pimentel et al. (2019), obteniéndose correlaciones de Pearson significativas mayores a 0.9 ($p < 0.05$), y coeficientes de determinación (R^2) superiores a 0.87. Para esta validación se emplearon mediciones de glucosa obtenidas con el sistema Flash FreeStyle. A partir de la literatura, también se evaluó el potencial de los modelos predictivos para su aplicación en sistemas de monitoreo continuo de glucosa.

La discusión aborda la variabilidad interindividual y la necesidad de contar con conjuntos de datos más diversos para mejorar la generalización de los modelos. Se concluye que las señales PPG, procesadas con herramientas de código abierto, representan una alternativa prometedora y de bajo costo para el monitoreo personalizado de pacientes con diabetes tipo 1. Finalmente, se recomienda ampliar la base de datos y realizar ensayos clínicos adicionales para fortalecer la validez de estos resultados.

Palabras clave: Fotopletismografía, Modelado matemático, Aprendizaje automático, Monitoreo no-invasivo.

Financiamiento: Esta investigación recibió financiamiento del Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Tijuana a través del proyecto titulado: SISTEMA AUTÓNOMO DE REGULACIÓN DE INSULINA Y EXPERIMENTACIÓN IN-SILICO PARA TRATAMIENTOS DE LA DIABETES MELLITUS TIPO 1 con registro 23154.25-P.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE *Fasciola hepatica* (LINNAEUS, 1758) QUE INFECTA A OVINOS EN ZONAS ENDÉMICAS DE ALTURA EN AMÉRICA

M. Adela Valero[1,2], Davis J. Marquez-Guzmán[1], Patricio Artigas[1,2], M. Dolores Bargues[1,2], Santiago Mas-Coma[1,2]

[1]Departamento de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Valencia, Av. Vicent Andrés Estellés s/n, 46100 Burjassot, Valencia, España,

[2]CIBER de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, C/ Monforte de Lemos 3-5. Pabellón 11. Planta 0, 28029 Madrid, España,

davis.marquez@uv.es (Davis J. Marquez-Guzmán)

La fascioliasis es una enfermedad parasitaria zoonótica y transmitida por plantas, causada por duelas hepáticas del género *Fasciola*. En América, la única especie de fasciólido es *Fasciola hepatica*. Las áreas endémicas de fascioliasis humana se localizan principalmente en zonas de gran altitud en América. Este estudio caracterizó los rasgos fenotípicos y genotípicos de adultos de *F. hepatica* que infectan ovejas en los valles altoandinos del Perú (Cajamarca y Mantaro), y se comparó con poblaciones de la región altiplánica del norte de Bolivia, considerada una zona hiperendémica, que representa patrones de transmisión distintos. El análisis morfométrico se realizó mediante un sistema de análisis de imágenes computarizado (CIAS), con mediciones estandarizadas, mientras que el análisis de componentes principales (PCA) evaluó la variación en el tamaño corporal. El perfil genético se determinó utilizando marcadores de ADN ribosomal (ITS-1, 5.8S, ITS-2). Las comparaciones incluyeron poblaciones de referencia de zonas bajas de Europa. El análisis PCA mostró que la población del Altiplano presentaba un amplio rango de tamaños corporales, con un tamaño mínimo notablemente menor. Las distancias de Mahalanobis demostraron que las poblaciones americanas están muy próximas a las poblaciones europeas. Los biomarcadores nucleares de ADN ribosomal mostraron correlación con las características fenotípicas de los parásitos adultos. Los resultados mostraron que la población peruana analizada, así como las poblaciones estándar europeas, presentaron homogeneidad tanto fenotípica como genotípica. Además, los resultados se analizaron en función de la altitud y de las características de transmisión permanente o estacional.

Palabras clave: Morfometría, valles altoandinos, ADN ribosomal.

Financiamiento: CIBERINFEC (Subvención N.º CB21/13/00056), Instituto de Salud Carlos III, Ministerio de Ciencia e Innovación y Unión Europea—NextGenerationEU; Proyectos N.º 2016/099 y 2021/004 del Programa PROMETEO, Programa de Ayudas para Grupos de Investigación de Excelencia, Generalitat Valenciana, Valencia, España; Proyectos N.º 2017/01 y 2024/12 de la V y VII Convocatorias de Proyectos de Cooperación al Desarrollo de la Universidad de Valencia, Valencia, España.

EFECTO ANTIVIRAL *IN VITRO* DEL ACEITE ESENCIAL DE *Piper reticulatum L.* CONTRA LOS VIRUS DENGUE SEROTIPO 2 Y ZIKA

Jair Vargas[1], Gianela Aldave[1], Robinson Granados[1], María Elena Gonzalez[1], Egma Mayta[1]

[1]Laboratorio de Virología Clínica y Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

jair.vargas@unmsm.edu.pe (Jair Vargas)

Los virus Dengue serotipo 2 (DENV 2) y Zika (ZIKV), transmitidos por mosquitos del género Aedes, están actualmente presentes en la población peruana. Según el MINSA en los últimos dos años han habido aproximadamente 30 000 casos de Dengue y 25 casos de Zika en distintas regiones del país. Actualmente, existen vacunas de uso limitado y no existen tratamientos específicos, por lo cual estos casos son vigilados constantemente por las autoridades sanitarias. En este contexto, se evaluó el potencial antiviral del aceite esencial de *Piper reticulatum L.*, planta amazónica reconocida por sus propiedades medicinales. Para ello, se realizaron colectas de hojas de *P. reticulatum* en el Valle de Chanchamayo (Junín), se realizó el proceso de hidrodestilación para obtener el aceite esencial de esta especie vegetal y posteriormente se llevaron a cabo los ensayos *in vitro* en cultivos celulares de la línea Vero 76 que fueron infectados con DENV 2 y ZIKV, evaluando el efecto de distintas concentraciones del aceite esencial sobre la viabilidad celular y la replicación viral en los cultivos mediante pruebas en placa. Esto permitió identificar que la concentración máxima no citotóxica del aceite esencial es 18.77 mg/ml y en base a una capacidad infectiva estándar de 40 UFP/50ul, se evidenció un porcentaje de reducción del 47% y 22% respectivamente. A falta de estudios en esta especie, se compararon los resultados obtenidos con estudios en *Piper aduncum L.* encontrando que con una concentración menor presentó un porcentaje de reducción similar en el virus DENV 2, esto debido principalmente a las diferencias en la composición química de los aceites tanto en compuestos como en porcentajes y a la zona geográfica y estadío de la planta. En conclusión, el aceite esencial de *Piper reticulatum L.* posee potencial como agente antiviral contra el DENV 2 pero no cumple con el umbral mínimo contra el ZIKV.

Palabras clave: Dengue, Zika, *Piper reticulatum* L., aceites esenciales.

Financiamiento: PCONFIGI 2024, proyecto N° B24101671

HONGOS FILAMENTOSOS EN EFLUENTES DE CURTIEMBRE UNA APROXIMACIÓN AL ESTUDIO DE SU TOLERANCIA A COMPUESTOS FENÓLICOS

Desyree Vera Coila, Ingrind Mirna Diaz Vento, Diana Carolina Sanchez Sarmiento

Instituto de Investigación e Innovación en Energías Renovables y Medio Ambiente, Vicerrectorado de Investigación, Universidad Católica de Santa María de Arequipa, Urb. San José s/n, Arequipa, 04013, Perú.

dsanchezs@ucsm.edu.pe

Los efluentes generados por la industria de la curtiembre contienen compuestos fenólicos que representan una amenaza ambiental debido a su toxicidad para los ecosistemas acuáticos, su recalcitrancia y su resistencia a los tratamientos convencionales. Bajo este contexto, el uso de hongos filamentosos nativos de estas fuentes surge como una estrategia biotecnológica prometedora. En este estudio se logró el aislamiento de 41 cepas fúngicas a partir de los efluentes de curtiembre en Arequipa (Parque Industrial de Rio Seco PIRS), las cuales se sembraron en medio sólido mínimo ((g/L): 3 g de $NaNO_3$, 0,5 g de KCl, 0,5 g de $MgSO_4 \cdot 7H_2O$, 1 g de KH_2PO_4, 0,01 g de $FeSO_4 \cdot 7H_2O$ y 30 g de agar, el cual fue suplementado con ácido tánico (10 g/L) como modelo estructural de estos efluentes, las cepas se incubaron a 22°C durante un periodo de 15 días. La medición del crecimiento micelial durante 5 intervalos de evaluación reveló una gran variabilidad en la tolerancia de estas cepas, con diferencias estadísticamente significativas (P<0,01). Destacaron dos cepas posiblemente pertenecientes a los géneros *Aspergillus* y *Penicillium*, las cuales alcanzaron un crecimiento máximo de 90,00 mm, siendo *Aspergillus*. el primero en alcanzar el máximo crecimiento en el menor tiempo (144 h), mientras que la segunda cepa lo hizo a las 216 horas, evidenciando diferencias en la cinética de crecimiento micelial bajo las condiciones mencionadas. Estas cepas podrían considerarse como potenciales candidatas para estudios posteriores en cuanto a estrategias sostenibles de biorremediación y del mismo modo refuerzan el potencial del uso microbiológico local para el desarrollo de tratamientos sostenibles en estas industrias.

Palabras clave: biorremediación, hongos filamentosos, curtiembre, ácido tánico.

Financiamiento: PCONFIGI 2025 Resolución 29002-R-2022

DETECCIÓN DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO TIPO 16 EN CARCINOMA MAMARIO Y EN TEJIDO MAMARIO DE PACIENTES ATENDIDAS EN EL HOSPITAL SANTA ROSA, 2025

Meyling Vilcapoma-Diaz, Gloria Flores-Escobar, Egma Mayta-Huatuco, Enrique Mamani-Zapana

Laboratorio de Virología Clínica y Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

meyling.vilcapoma@unmsm.edu.pe (Meyling Vilcapoma-Diaz)

El cáncer de mama (CaMa) continúa siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en mujeres, tanto a nivel nacional como mundial, lo que lo convierte en un importante problema de salud pública. Debido a su naturaleza multifactorial, se ha impulsado la investigación de determinantes etiológicos más allá de los factores tradicionalmente reconocidos. En este contexto, ha cobrado relevancia el estudio de virus oncogénicos, especialmente el Virus del Papiloma Humano (HPV), con énfasis en los tipos de alto riesgo como el HPV-16. El objetivo del presente estudio fue determinar la presencia del HPV-16 en biopsias de tejido mamario parafinado, tanto en casos de carcinoma mamario como en tejido mamario benigno, de pacientes atendidas en el Hospital Santa Rosa durante el año 2025. Se analizaron un total de 100 muestras: 50 correspondientes a tejido mamario benigno y 50 a casos de carcinoma mamario. Para la detección del virus, se utilizó la técnica de PCR en tiempo real, empleando oligonucleótidos (primers y sonda TaqMan) dirigidos al oncogén E6. Los resultados evidenciaron de forma clara la presencia de HPV en 13 de las 50 muestras de carcinoma mamario y en 4 de las 50 muestras de tejido mamario benigno. Estos hallazgos coinciden con estudios previos y sugieren que los tipos HPV-16 y 18 podrían estar relacionados con una mayor frecuencia de cáncer de mama, apoyando su posible rol oncogénico. Cabe destacar que las muestras benignas, aunque clasificadas así por histopatología, fueron inicialmente sometidas a biopsia por sospecha clínica. La presencia del HPV-16 se observó en 13 de las 50 muestras con diagnóstico de carcinoma ductal infiltrante (CDI), 7 casos correspondieron a tumores de grado II; 3 pacientes fueron menores de 53 años, mientras que 10 pacientes tenían 53 años o más. Estos hallazgos podrían constituir una base relevante para futuras investigaciones orientadas al diagnóstico temprano, tratamiento, monitoreo del carcinoma mamario y la posible utilidad del HPV-16 como biomarcador.

Palabras clave: Cáncer de mama, biopsias parafinadas, PCR en tiempo real.

Financiamiento: VRIP B25102471

Contracaecum SP. (NEMATODA: ANISAKIDAE) IN A TROPHIC CHAIN: FROM GREY MULLET *Mugil cephalus* TO CORMORANT *Phalacrocorax gaimardi* IN PERU

Carlos Villena[1], Moises Ramos[1], Nathaly Daga[1], Sergio Santillán[1], Celso Cruces[2], Luis Ñacari[3], Edith Arias[1], Aarón Mondragón-Martínez[4], Rosa Martínez-Rojas[4], José Luque[5], Jhon Chero[1]

[1]Laboratorio de Zoología de invertebrados, Departamento Académico de Zoología, Facultad de Ciencias Biológicas (FCB), Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú

[2]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Santiago de Surco, Lima, Perú

[3]Laboratorio de Ecología y Evolución de Parásitos, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, 601 Angamos, Antofagasta, Chile

[4]Laboratorio de Parasitología en Fauna Silvestre y Zoonosis, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú[5]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP), Santiago de Surco, Lima, Perú

[5]Departamento de Parasitologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, Brazil, CEP 23851-970.

santillan.07.97@gmail.com

An integrative morphological and molecular approach was employed to characterize larval and adult stages of *Contracaecum* spp. (Nematoda: Anisakidae) parasitizing the flathead grey mullet *Mugil cephalus* and the red-legged cormorant *Phalacrocorax gaimardi* along the Peruvian coast. A total of 24 third-stage larvae (L3) were recovered from the kidneys of *M. cephalus*, while two adult male specimens and one additional larva were isolated from the gastrointestinal tract and ingested prey of *P. gaimardi*. Morphologically, all specimens shared key diagnostic features of the genus *Contracaecum*. Molecular analysis of the mitochondrial *cox*2 gene revealed a high degree of similarity (98.95–99.16%) to a sequence identified as *C. multipapillatum* (AF179910); however, the original host, locality, and developmental stage of that reference sequence are unknown, raising doubts about its taxonomic validity. Phylogenetic reconstruction confirmed that both larval and adult specimens clustered with this species with strong nodal support. Nonetheless, marked differences in spicule size and the pattern of papillae suggest that the adult specimens may represent an undescribed species within the *C. multipapillatum* complex. Given the limited number of adult specimens available, a conservative taxonomic approach is adopted, and further sampling is recommended. This study provides the first genetic confirmation of *Contracaecum* larvae in *M. cephalus* in Peru, indicating a trophic transmission link between mullets and piscivorous birds in the southeastern Pacific. The high infection rate observed in a commercially important fish species raises potential concerns for public health, highlighting the need for continued monitoring of anisakid nematodes in coastal fisheries.

Palabras clave: Ascaridoidea, Integrative taxonomy, Marine fish, *cox2*, Peru, Phylogeny

Financiamiento: This research was supported by the Universidad Nacional Mayor de San Marcos – RR N° 010238-2024-R/UNM and project number B241011pro.

IMPACTO DE LA DESCENTRALIZACIÓN DE LA CARGA VIRAL VIH EN EL PERÚ

Mariela Yaya-Ríos, Dilan Suarez-Agüero, Lesly Solís-Ponce, Susan Espetia, Maribel Acuña-Barrios

Laboratorio de Referencia Nacional de Virus de Transmisión Sexual, Centro Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud (INS), Lima, Perú

mariela.yaya@unmsm.edu.pe (Mariela Yaya-Ríos)

El Ministerio de Salud del Perú ha priorizado el control del VIH mediante estrategias que acerquen el diagnóstico al punto de atención para alcanzar las metas 95-95-95 al 2030, en un contexto de baja prevalencia general (<0.5%), pero con el 50% de los casos en Lima-Callao y con aumento en otras regiones del país. En este sentido, la prueba de carga viral es clave para monitorear la eficacia del tratamiento antirretroviral (TAR) y reducir la transmisión. En 2018, el Instituto Nacional de Salud inició progresivamente su descentralización en regiones con alta prevalencia, extendiéndola a nivel nacional. El presente estudio evaluó el impacto de la descentralización de la CV-VIH en el tiempo (2018 y 2024) entre Lima-Callao y las demás regiones del país. Se realizó un estudio observacional retrospectivo, utilizando datos obtenidos del Sistema de Información NetLab. Se analizaron tres indicadores claves: i) número de pacientes atendidos, ii) tiempo de respuesta de resultados (TRR) y iii) control virológico (CV-VIH <1000 copias/mL). Se aplicaron pruebas estadísticas no paramétricas para identificar diferencias. Los pacientes atendidos aumentaron de 4,340 (9.7%) en 2018 a 49,574 (79.6%) en 2024. La capacidad diagnóstica instalada se amplió de 3 en Lima a 57 laboratorios a nivel nacional. El TRR se redujo significativamente en Lima-Callao, la mediana disminuyó de 20 a 8 días, y en las regiones, de 36 a 6 días ($p < 0.001$). Finalmente, el porcentaje de pacientes con supresión viral se incrementó de 76.6% en 2018 a 88% en 2024. Estos hallazgos evidencian que la descentralización de la prueba de CV-VIH tuvo un impacto positivo, mejorando el acceso al monitoreo del TAR, redujo los tiempos de entrega de resultados y fortaleció el control clínico de las personas que viven con VIH, contribuyendo a cerrar brechas entre Lima-Callao y el resto de las regiones del país.

Palabras clave: Descentralización, Carga viral, VIH

Financiamiento: No se contó con financiación específica para este trabajo. El análisis fue realizado con recursos institucionales disponibles.

UNMSM

III CONGRESO NACIONAL SOBRE CIENCIAS DE LA VIDA

XXX REUNIÓN CIENTÍFICA ICBAR 2025

Facultad de Ciencias Biológicas

Instituto de Investigación de Ciencias Biológicas "ANTONIO RAIMONDI"

Auspiciadores:

EQUANTI
Equipos Analíticos y Tecnología de Información S.A.C.

MIMARQUI
SEGURIDAD Y CALIDAD PARA TU LABORATORIO

RPA RESEARCH PARTNERS ASSOCIATES

UMBRELLA GENOMICS
INNOVACIÓN Y TECNOLOGÍA

TIPSAC
TECNOLOGÍA PARA LA INDUSTRIA PERUANA S.A.C.

BioLab Scientific
Soluciones de precisión para su laboratorio

Novogene

Belomed

Biotecnómica
Innovación, tecnología y calidad

GenLab del Perú

MASED
REPRESENTACIONES SAC

Nikon

NATGEN
CALIDAD Y TECNOLOGÍA A SU SERVICIO

indelab
Soluciones Científicas e Industriales

BIOTECNOLOGY LATINA

INFORMACIÓN EN:

congreso.biologia@unmsm.edu.pe

biologia.unmsm.edu.pe

congresoicbar congresoicbar