

Autoriza Trato Directo para la adquisición de instrumento de laboratorio que se indica

RESOLUCIÓN EXENTA N° 4263

Santiago, 23 de diciembre de 2022

VISTOS:

Lo dispuesto en el D.F.L. N° 3 de 2006, del Ministerio de Educación, que fija texto refundido, coordinado y sistematizado del Decreto con Fuerza de Ley N°153 de 1981, que establece los Estatutos de la Universidad de Chile; en el DFL N°1, de 2001, del Ministerio Secretaría General de la Presidencia, que Fijó texto Refundido, Coordinado y Sistematizado de la Ley N°18.575, Orgánica Constitucional de Bases Generales de la Administración del Estado; en la Ley N°19.886 de Bases sobre Contratos Administrativos de Suministro y Prestación de Servicios; en el Decreto Supremo N°250 de 2004, del Ministerio de Hacienda que aprobó Reglamento de la Ley N°19.886; la Ley N°19.880 que establece Bases de los Procedimientos Administrativos que rigen los Actos de los órganos de la Administración del Estado; en la Ley N°21.094 del Ministerio de Educación, sobre universidades estatales; y los Decretos Universitarios 1261 de 2021, 863 de junio de 2022 y 1043 de julio de 2022.

CONSIDERANDO:

1. Que, el Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Doctor Fernando Monckeberg Barros (INTA), en adelante INTA, es una institución dependiente de la Universidad de Chile, cuyos servicios y objetivos están orientados a la docencia, investigación y nutrición.
2. Que, en el marco de la labor investigativa de INTA, llevada a cabo por el proyecto ID 22110266 titulado "Aumento en la tasa de generación de variedades chilenas de ciruela mediante la aplicación de selección genómica", a cargo del laboratorio Bioinformática y Expresión Génica, se hace necesario adquirir el instrumento de laboratorio: DAmeter, con cargo al centro de costo 7067.

3. Que, la adquisición requerida considera el instrumento DAMeter, el software y el despacho del referido instrumento.
4. Que, según los motivos expuestos en carta con fecha 21/12/2022, por el profesional Sr. Igor Pacheco, el instrumento requerido permitirá registrar de manera precisa el parámetro IADindex, esto con el objeto de obtener el nivel de maduración de cada muestra de fruta analizada, para así dar lugar a datos fenotípicos útiles para la construcción de los modelos de predicción genómica. Lo anterior en el marco de la ejecución de proyecto individualizado en el considerando N° 2 de la presente resolución.
5. Que, de acuerdo a lo señalado en certificado de fecha 16/12/2022, el instrumento DAMeter fue patentado por la Universidad de Bologna y es vendido de manera exclusiva por la empresa italiana T.R. Turoni srl.
6. Que, al no existir proveedores en el territorio nacional para la adquisición del instrumento requerido, se hace necesario ejecutar la adquisición con la empresa italiana T.R. Turoni srl.
7. Que, se solicitó, con fecha 05/12/2022, al proveedor italiano T.R. Turoni srl, documento denominado "PRICE QUOTE N° 25-1222", por el instrumento requerido.
8. Que, por las razones antes expuestas y a fin de dar cumplimiento a los objetivos comprometidos en el proyecto ID 22110266, el Director de INTA, autoriza la adquisición del instrumento de laboratorio: DAMeter, más despacho.
9. Que, debido a las características particulares de la contratación y a que la empresa que provee el producto requerido es extranjera, se hace imposible para esta entidad efectuar el proceso de compra a través del portal electrónico de la Dirección de Compras y Contratación Pública, debiendo gestionarse según lo dispuesto en el artículo 37° de la Ley sobre universidades estatales, donde se establece que quedarán excluidos de la ley N° 19.886, los contratos que celebren las universidades del estado con personas jurídicas extranjeras o internacionales para el suministro de bienes muebles necesarios para el cumplimiento de sus funciones y que, por sus características específicas, no pueden ser adquiridos en Chile.
10. Lo dispuesto en el Artículo 9° bis del DFL N°1, de 2001, del Ministerio Secretaría General de la Presidencia, que Fijó texto Refundido, Coordinado

y Sistematizado de la Ley N°18.575, Orgánica Constitucional de Bases Generales de la Administración del Estado, donde se establece que los contratos administrativos se celebrarán previa propuesta pública, en conformidad a la ley, salvo que por la naturaleza de la negociación corresponda acudir al trato directo.

RESUELVO:

1. Autorícese el trato directo con la empresa italiana T.R. Turoni srl, para la adquisición del instrumento de laboratorio DAmeter, más despacho, pudiendo efectuarse el proceso fuera del Sistema de Información de la Dirección de Compras y Contratación Pública.
2. INTA de la Universidad de Chile, pagará la suma de EUR 3.024.- (Tres mil, veinte y cuatro Euros), los que serán pagados una vez tramitada la presente resolución y posterior a la recepción conforme de la factura, en la oficina de Contabilidad de INTA. El precio de divisa que se utilizará para la conversión corresponderá a su equivalente en pesos chilenos, según el tipo de cambio vendedor del día del pago, de acuerdo a lo certificado por el banco de la plaza, lo anterior según lo señalado en el artículo 20 de la Ley N°18.010.
3. Apruébense los Requerimientos y Condiciones de la Adquisición, que se entienden forman parte integrante de la presente resolución.
4. Impútese el gasto que irrogue la presente Resolución al Título A, Subtítulo 2, ítem 2.6 del presupuesto vigente de esta Universidad.
5. Remítase la presente resolución a la Contraloría Interna de la Universidad de Chile para su control de legalidad.

Publíquese,

PROF. FRANCISCO PÉREZ BRAVO
DIRECTOR

Distribución:

- Contraloría Interna
- Portal Chile Compras
- Archivo

FPB/ kvc

REQUERIMIENTOS Y CONDICIONES DE LA ADQUISICIÓN

ADQUISICIÓN DE INSTRUMENTO DE LABORATORIO INTA – UNIVERSIDAD DE CHILE

I. PRODUCTO A ADQUIRIR

En el marco de la labor investigativa de INTA, llevada a cabo por el proyecto ID 22110266 titulado "Aumento en la tasa de generación de variedades chilenas de ciruela mediante la aplicación de selección genómica", a cargo del laboratorio Bioinformática y Expresión Génica, se hace necesario adquirir el instrumento de laboratorio: DAmeter, con cargo al centro de costo 7076.

II. ESPECIFICACIONES

El proveedor se compromete a entregar a INTA el instrumento DAmeter junto con el software del instrumento referido.

III. PLAZO Y CONDICIONES PARA EL PAGO

Dado a que el proveedor es extranjero, el proveedor deberá enviar el instrumento requerido una vez aprobado el presente acto administrativo.

El proveedor deberá emitir previo a la entrega del instrumento requerido, un documento denominado Invoice, a fin de gestionar el pago.

La factura se cancelará una vez tramitada la resolución que aprueba la adquisición y posterior a la recepción de la misma en la oficina de Contabilidad de INTA. El pago se realizará mediante transferencia bancaria.

El precio de divisa que se utilizará para la conversión corresponderá a su equivalente en pesos chilenos, según el tipo de cambio vendedor del día del pago, de acuerdo a lo certificado por el banco de la plaza, lo anterior según lo señalado en el artículo 20 de la Ley N° 18.010.

La facturación deberá indicar de manera obligatoria, y en el formato indicado, los siguientes datos:

Razón Social : Universidad de Chile
R.U.T : 60.910.000-1
Domicilio : El Líbano N° 5524, Macul
Copia de Guía de Despacho (si corresponde)

Ante el incumplimiento de algunos de los puntos señalados, INTA podrá rechazar la recepción, siendo motivo suficiente para devolver el documento a la dirección de facturación, sin ser responsable de los costos tributarios asociados.

Para los proveedores que emitan facturas electrónicas, deberán remitirlas al correo kvillarroel@inta.uchile.cl.

Los proveedores no podrán suspender el despacho de los bienes o entrega de servicios contratados con INTA, cuando otro Centro, Instituto, Colegio, Facultad, etc., perteneciente a la Universidad de Chile, mantenga deudas con este.

La entrega de documentos tributarios debe realizarse exclusivamente en la oficina de contabilidad, ubicada en el tercer piso. INTA no se hará responsable por el pago de los costos asociados a facturas enviadas a otras direcciones.

IV. VIGENCIA Y FORMALIZACIÓN DE LA ADQUISICIÓN

La adquisición se efectuará una vez aprobado el acto administrativo correspondiente y será de ejecución inmediata.

Debido a las características particulares de la adquisición y a que la empresa que provee los insumos requeridos, es extranjera, la

adquisición se formalizará una vez aprobado el presente acto administrativo y posterior al pago del insumo requerido.

La adquisición se registrará por: el presente pliego de condiciones y el documento denominado "PRICE QUOTE N° 25-1222", emitido por el proveedor y adjunto al presente pliego de condiciones.

V. DATOS COMERCIALES DEL PROVEEDOR

Razón Social : T.R. Turoni srl
VAT : IT 01036430401
Dirección : Via Copernico 26 - 47122 FORLI'
País : Italia
Teléfono : +39 0543 724848

Santiago, 21 de Diciembre de 2022

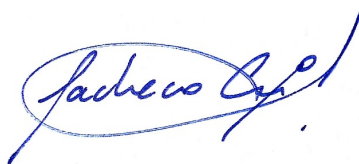
Señores
Contraloría Interna
Universidad de Chile
AT.: A quien corresponda
Ref.: Adquisición de DAmeter según cotización N° 25-1222

Junto con saludarles, quisiera expresar a través de la presente, la importancia de contar con la adquisición del aparato DAmeter, etallada en documento "Price quote" N° 25-1222 adjunto a la presente.

La adquisición permitirá registrar de manera precisa el parámetro IAD-index, fundamental para indicar el nivel de maduración de cada muestra de fruta analizada y que dará lugar a datos fenotípicos útiles para la construcción de los modelos de predicción genómica, enmarcados y comprometidos en el proyecto IDeA I+D de SIA-ANID (folio ID22I20166). Se adjunta formulación del proyecto. El uso del DAmeter se indica en el punto 1.7 Metodologías de investigación y desarrollo, objetivo 2, actividad 2: Fenotipificación en las poblaciones TP y VP en dos temporadas.

Se solicita realizar la adquisición con la empresa T.R. Turoni SRL (Forlì, Italia) debido a que son los fabricantes del equipo y sus únicos distribuidores en el mundo (se adjunta certificado de proveedor único).

Se despide atentamente,



Igor Pacheco Cruz
Profesor Asistente (O) – Director Proyecto
ID22I20166
INTA- Universidad de Chile



EQUIPMENTS AND INSTRUMENTS FOR ANALYSES,
MEASUREMENTS AND CONTROL

T.R. Turoni srl
Via Copernico 26 - 47122 FORLI' - ITALY
Tel. ++39 0543 724848 - Fax ++39 0543 774670
info@trturoni.com - www.trturoni.com
V.A.T. Code IT 01036430401

Universidad de Chile
ID: 60.910.000-1
El Líbano N° 5524, Macul, Santiago
Chile

PROJECT: IDeA ID22I 10266

DOCUMENT TYPE							
PRICE QUOTE							
NUMBER	DATE	Custmer Code	VAT NUMBER	PAYMENT			
25-1222	05/12/2022			Bank swift 30 days			
ATTENTION TO:				MONEY			
Paulina Ballesta - paulina.ballesta@inta.uchile.cl				Euro			
REFERENCE	DESCRIPTION	PCS	QUANTITY	PRICE	AMOUNT		
53500	DA Meter Beta software free <i>Freight costs</i> Bank Details: BANK NAME: BPER ACCOUNT NUMBER: 805479 BENEFICIARY: T.R. Turoni srl BIC: BPMO IT22XXX SWIFT CODE: BPMO IT22 IBAN: IT39S0538713208000000805479 Delivery: 2 / 3 days from your purchase order PLS NOTE: - tax invoice will be sent with the meter - warranty 1 (one) year - certificates of origin, consular visas or any other documents are not included in the prices, they are invoiced at cost price - any bank commissions for transference are on your charge	pcs	01	Euro 2.994,00	Euro 2.994,00		
					Euro 30,00		
				TOTAL AMOUNT			
				Total amount		Euro 3.024,00	



TR Turoni srl
Via Copernico 26 - 47122 FORLÌ - Italy
Tel. ++39 0543 724848 - Fax ++39 0543 774670
Iscrizione CCIAA FC, P.Iva e C.F. 01036430401
RAEE IT08040000004729 – Reg. Pile IT09060P00001305
E-mail trsnc@tin.it - www.trsn.com
Cap. Soc. Euro 15.493,71 i.v.

DECLARATION OF UNIQUENESS

Herewith, the undersigned Enrico Turoni, managing director of the company T.R. Turoni srl with headquarters in Forlì (Italy) – Via Copernico 26, VAT number and tax code 01036430401, declares that the instrument art. 53500 DA-Meter, non-destructive measurer of the degree of ripeness of fruit and vegetables, patented by the University of Bologna is sold exclusively worldwide by our company.

Forlì, 16/12/2022

 **T.R. Turoni srl**
Via Copernico 26 - 47122 FORLÌ ITALIA
Tel +39 0543 724848 - Fax +39 0543 774670
Cod. Fisc./ Part. IVA 01036430401
email: info@trturoni.com - www.trturoni.com



Enrico Turoni

Managing Director

TR Turoni srl

**TIENDA CHILECOMPRA
EXPRESS**

MI CARRO **0**
(/TIENDACARRO/CARROCOMPRAS)

MIS LISTAS DE COMPRAS
(/TIENDACARRO/LISTACOMPRAS)

GRANDES
COMPRAS

MIS ÓRDENES DE
COMPRA

Buscar por categoría

BUSCAR

Se han encontrado 0 convenios que poseen la palabra **DA Meter**



DOCUMENTO ELECTRONICO

SE ADJUDICA CONCURSO IDEA DE I+D 2022, SUBDIRECCIÓN DE INVESTIGACIÓN APLICADA FONDEF, ANID.

RESOLUCION EXENTO N°: 6968/2022

Santiago 11/08/2022

VISTOS:

Lo dispuesto en la Ley N° 21.105 y el DFL N° 6; Ley N° 21.395 de Presupuestos del Sector Público para el año 2022; Decreto N° 18/2009, Decreto Exento N° 32/2019, ambos del Ministerio de Educación, Ley N° 19.880, que establece Bases de los Procedimientos Administrativos que rigen los Actos de los Órganos de la Administración del Estado; y en las Resoluciones N°s 7/2019 y 16/2020, de la Contraloría General de la República.

CONSIDERANDO:

1.- La Resolución Exenta N° 1234/2022 de ANID de 13 de enero de 2022, por la cual se aprobaron las Bases y convenio tipo del CONCURSO IDEA DE I+D 2022, SUBDIRECCIÓN DE INVESTIGACIÓN APLICADA FONDEF, ANID.

2.- La Convocatoria del Concurso precitado, publicada en el diario El Mercurio, con fecha 14 de enero de 2022.

3.- El ACTA N°10 COMITÉ TÉCNICO ASESOR Subdirección de Investigación Aplicada, de 28 de julio de 2022, que se pronuncia sobre los proyectos a ser adjudicados en el concurso ya citado por FONDEF como parte de la Subdirección de Investigación Aplicada de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, de acuerdo a la Resolución Exenta del MINCYT N° 11 de 2021 de 27 de mayo de 2021. Y lo dispuesto en el art. 9 y 15 letra d) de la Ley N° 21.105.

4.- Certificados n°s 47 y 48 del Departamento de Finanzas de ANID, de fecha 28 de julio de 2022, que señalan la disponibilidad presupuestaria para el presente concurso.

5.- El Memorandum TED N° 12378/2022, de fecha 5 de agosto de 2022, de Departamento de Proyectos de Investigación Aplicada, por los cuales se solicita dictar resolución de fallo y adjudicación del presente concurso, adjuntando los documentos individualizados precedentemente.

6.- El oficio ordinario de la Dirección de Presupuestos N° 0256/2022 sobre autorización para financiamiento plurianual del Programa Fondo de Fomento Ciencia y Tecnología (FONDEF) y sobre cumplimiento de glosa 06 del Programa 01 de la Agencia de Investigación y Desarrollo de la Ley de Presupuesto n° 21.395.

7.- Las facultades que detenta esta Dirección Nacional(S) en virtud de lo dispuesto en la Ley N°21.105, el DFL N°6 y DE. N° 32/2019, ambos del Ministerio de Educación.

RESUELVO:

1.- ADJUDICASE el CONCURSO IDEA DE I+D 2022, SUBDIRECCIÓN DE INVESTIGACIÓN APLICADA FONDEF, ANID, los siguientes proyectos, otorgando los beneficios que a continuación se señalan:

IDeA I+D Genérico

N°	CÓDIGO	TÍTULO	DURACIÓN (meses)	BENEFICIARIA PRINCIPAL	OTRAS BENEFICIARIAS	NOTA FINAL	MONTO ADJUDICADO (\$)	MONTO AÑO 1 (\$)	MONTO AÑO 2 (\$)
1	ID22I10037	Desarrollo y aplicación de un modelo de interrupción de tráfico por falla de taludes de caminos por eventos climáticos extremos	24	Pontificia Universidad Católica De Chile	Universidad De Concepción	4,96	200.000.000	100.000.000	100.000.000
2	ID22I10216	Desarrollo de un sistema automatizado de administración farmacológica, predictivo y	24	Universidad De La Frontera		4,85	200.000.000	100.000.000	100.000.000

		oportuno para una analgesia endovenosa efectiva del trabajo de parto con remifentanilo							
3	ID22110032	Guía de caracterización dinámica de sitios y anteproyecto de norma "obtención de parámetro vs y t0 basado en técnicas de ondas de superficie para clasificación sísmica de sitios"	24	Pontificia Universidad Católica De Chile	Universidad De Chile; Universidad De Concepción	4,79	198.289.000	99.144.500	99.144.500
4	ID22110292	Aplicación de una tecnología enzimática para la recuperación de biomoléculas de alto potencial comercial a partir del aprovechamiento integral del bagazo cervecero	24	Centro Regional De Estudios En Alimentos Saludables		4,76	198.409.000	99.204.500	99.204.500
5	ID22110228	Admisión universitaria más allá de la selección	24	Universidad De Chile		4,71	199.998.000	99.999.000	99.999.000
6	ID22110248	A 3d-printable formulation with therapeutic potential in bone regeneration, based on histatin-1-loaded polycaprolactone	24	Universidad De Chile		4,65	200.000.000	100.000.000	100.000.000
7	ID22110214	Incremento de la producción de fucoxantina en phaeodactylum tricorutum mediante ingeniería metabólica para su uso en la industria nutracéutica	24	Universidad De Concepción	Pontificia Universidad Católica De Valparaíso	4,63	200.000.000	100.000.000	100.000.000
8	ID22110317	Atacama lutein: sistema optimizado de producción de luteína microalgal en base a inducción sinérgica luz-fitohormonas.	24	Universidad De Antofagasta		4,61	199.850.000	99.925.000	99.925.000
9	ID22110277	Desarrollo y validación de un prototipo electroporador como	24	Universidad Del Bio-Bio		4,58	173.560.000	86.780.000	86.780.000

		tecnología asistida para optimizar el proceso de deshidratación de alimentos							
10	ID22110031	A power converter for full-electric houses: a comprehensive home electricity service	24	Pontificia Universidad Católica De Chile		4,58	200.000.000	100.000.000	100.000.000
11	ID22110329	Mentes transformadoras: conectando el quehacer científico nacional con las comunidades educativas. aplicación y evaluación de un modelo de educación científica basado en la indagación	24	Universidad De Chile		4,57	199.957.000	99.978.500	99.978.500
12	ID22110089	Bioplaguicida para el manejo integrado de plutella xylostella, bagrada hilaris y áfidos en cultivos de brassicas: una herramienta sustentable en la pequeña y mediana agricultura	24	Instituto De Investigaciones Agropecuarias		4,55	191.730.000	95.865.000	95.865.000
13	ID22110168	Validación preclínica de anticuerpos monoclonales terapéuticos para el tratamiento del síndrome cardiopulmonar por hantavirus	24	Universidad San Sebastian	Universidad De Concepción	4,52	200.000.000	100.000.000	100.000.000
14	ID22110023	Nuevo sistema de recuperación de s, p y n desde digestatos vía precipitación de azufre elemental (s0), precipitación de estruvita y una corriente líquida rica en poliacrilato de amonio	24	Universidad De Santiago De Chile		4,51	198.130.000	99.065.000	99.065.000
15	ID22110268	Escribe, un tutor inteligente para evaluar y entrenar	24	Universidad De Concepción		4,51	199.950.000	99.975.000	99.975.000

		estrategias de escritura en el sistema escolar chileno							
16	ID22110227	Desarrollo de un proceso de biorremediación de aguas residuales mediante el uso de consorcios microalgales para la reutilización del agua en regadío, un aporte a la economía circular en comunas costeros-desérticas	24	Universidad De Antofagasta		4,49	199.856.000	99.928.000	99.928.000
17	ID22110200	Radial packed-bed thermal storage system using copper slag as storage medium (radtes-cs)	24	Pontificia Universidad Católica De Chile		4,47	200.000.000	100.000.000	100.000.000
18	ID22110226	Sistema integrado de alta eficiencia para la captura y destrucción de contaminantes de aire de interior (unitair)	24	Universidad De Los Andes		4,46	200.000.000	100.000.000	100.000.000
19	ID22110034	Aprovechamiento comercial del fruto del pino piñonero (pinus pinea l.) en Chile: validación de tecnologías para la obtención de piñones	24	Instituto Forestal	Universidad De Chile	4,44	199.988.000	99.994.000	99.994.000
20	ID22110041	Desarrollo de materiales compuestos base polímero con nanopartículas metálicas y/o cerámicas para la fabricación de antenas de telecomunicación por impresión 3d	24	Pontificia Universidad Católica De Valparaíso		4,44	199.980.000	99.990.000	99.990.000
21	ID22110192	Monitoreo remoto de desgaste en get de palas mineras	24	Universidad De Santiago De Chile		4,43	200.000.000	100.000.000	100.000.000
22	ID22110266	Aumento en la tasa de generación de variedades chilenas de ciruela mediante	24	Universidad De Chile		4,43	149.597.000	74.798.500	74.798.500

		la aplicación de selección genómica							
23	ID22110296	Producción estandarizada de un ingrediente alimentario funcional basado en péptidos fraccionados de quínoa para la prevención de la diabetes mellitus gestacional (dmg)	24	Universidad De Los Andes		4,43	200.000.000	100.000.000	100.000.000
24	ID22110124	Desarrollo y caracterización de la proteína hmgb1 de salmo salar y péptidos derivados de la misma como adyuvantes moleculares para vacunas de peces.	24	Universidad De Concepción		4,36	199.882.000	99.941.000	99.941.000
25	ID22110130	Desarrollo de revestimiento metal cerámico fe-sic para aplicaciones de alta abrasividad	24	Universidad De Concepción		4,36	199.510.000	99.755.000	99.755.000
26	ID22110126	Japi: cognitive, emotional and social stimulation for preschool children	24	Universidad De Los Andes	Universidad De Talca	4,36	200.000.000	100.000.000	100.000.000
27	ID22110099	Silk-pev: a nano-delivery based wound patch to reduce inflammation and scarring in second degree burn wounds	24	Universidad Del Desarrollo	Pontificia Universidad Católica De Chile	4,34	181.742.000	90.871.000	90.871.000
28	ID22110011	Validación de un prototipo para el tratamiento de contaminantes emergentes en plantas de tratamientos de aguas servidas	24	Universidad Tecnica Federico Santa María		4,28	200.000.000	100.000.000	100.000.000
29	ID22110009	Una nueva rendición de cuentas para la nueva educación pública. propiciando la responsabilización compartida para la mejora educativa	24	Universidad De Chile		4,28	149.052.000	74.526.000	74.526.000
30	ID22110189	Procedimiento rfv/mtm para productos de	24	Universidad Del Bio-Bio		4,20	199.820.000	99.910.000	99.910.000

		maderas de alto valor							
31	ID22I10030	Optimización sensorial y funcional de ingredientes alimentarios basados en insectos para desarrollar snacks funcionales y palatables para mascotas	24	Universidad De Chile		4,16	159.905.000	79.952.500	79.952.500
32	ID22I10127	Desarrollo de una tecnología para la producción sustentable y estandarizada de un aceite de microalgas enriquecido en el ácido graso eicosapentaenoico (epa), como ingrediente para la industria de la alimentación animal	24	Universidad De Concepción		4,14	200.000.000	100.000.000	100.000.000
33	ID22I10084	Producción natural de agar strips para incentivar y sustentar el cultivo de agarophyton chilense.	18	Fundación Mare Magnum		4,11	200.000.000	100.000.000	100.000.000
34	ID22I10050	Plataforma de simulación y evaluación del riesgo para la gestión integrada y planificación óptima de recursos críticos en redes de salud de emergencia para enfrentar condiciones extremas en la demanda hospitalaria	24	Pontificia Universidad Católica De Chile	Universidad Del Desarrollo	4,10	199.969.000	99.984.500	99.984.500
35	ID22I10207	Protocolo de atención clínica-jurídica con perfil intercultural para población migrante e indígena	24	Universidad Autonoma De Chile		4,09	200.000.000	100.000.000	100.000.000
36	ID22I10217	Recursos biológicos como herramientas de innovación y diferenciación en la producción de	24	Universidad De Chile		4,08	199.986.000	99.993.000	99.993.000

		cerveza artesanal chilena							
37	ID22110057	Desarrollo, escalamiento y validación a nivel piloto y en entorno real de tratamientos con plasma frío atmosférico (pfa) para la sanitización de ambientes y productos en plantas procesadoras de lácteos y salmones	24	Universidad Austral De Chile		4,07	199.611.000	99.805.500	99.805.500
38	ID22110098	Desarrollo y validación de un sistema integrado multidimensional para la inclusión laboral de personas con discapacidad	24	Universidad De La Frontera	Universidad Católica De Temuco	4,07	200.000.000	100.000.000	100.000.000
39	ID22110197	Biopesticida en base a bacterias productoras de compuestos antimicrobiales e inductoras de resistencia para el control de peste negra y ban en nogal	24	Universidad De Concepción		4,05	199.998.000	99.999.000	99.999.000
40	ID22110206	Sivar-austral: sistema de modelamiento de viento de alta resolución para la planificación de la actividad acuícola y marítima en la zona austral de Chile	24	Universidad De Valparaíso	Universidad De La Frontera	4,05	199.987.000	99.993.500	99.993.500
41	ID22110169	Desarrollo de una prueba diagnóstica de isquemia cardíaca en sangre periférica basado en la cuantificación de vesículas extracelulares provenientes del corazón	24	Universidad De Los Andes		4,03	200.000.000	100.000.000	100.000.000
42	ID22110067	Prociclo: una herramienta computacional para la modelación de viajes en bicicleta y la estimación del impacto	24	Pontificia Universidad Católica De Chile		4,01	177.193.000	88.596.500	88.596.500

		socioambiental de la inversión en infraestructura cicloinclusiva							
43	ID22110222	Desarrollo de mathpath, un software educativo de apoyo docente y familiar para afianzar habilidades numéricas iniciales en estudiantes de 5 a 6 años	24	Universidad Diego Portales	Universidad Católica De La Santísima Concepción; Universidad De Los Lagos; Pontificia Universidad Católica De Chile	4,01	200.000.000	100.000.000	100.000.000
44	ID22110333	Optimización del cultivo de microalgas aisladas de la antártica, para la producción sustentable de ingredientes funcionales, incluidos en la formulación de piensos de la industria salmonera	24	Universidad Austral De Chile		4,01	199.510.000	99.755.000	99.755.000
45	ID22110279	“desarrollo de una bioformulación basada en hongos mejoradores de suelos contaminados con metales pesados y prospección de aplicación en la recuperación de suelos agrícolas degradados por actividades antropogénicas”	24	Universidad Técnica Federico Santa María		4,00	200.000.000	100.000.000	100.000.000
46	ID22110350	Desarrollo de un innovador proceso de producción de membranas sustentables para el tratamiento de aguas	24	Universidad Católica Del Norte	Universidad Técnica Federico Santa María	3,98	200.000.000	100.000.000	100.000.000
47	ID22110071	Desarrollo de formulaciones de liberación controlada vía oral para aumentar la biodisponibilidad de oxitetraciclina:	24	Universidad De Chile		3,96	199.999.000	99.999.500	99.999.500

		optimizando una herramienta terapéutica para la producción animal intensiva							
48	ID22110102	Validación de tecnología bcr en planta de flotación industrial de minería del cobre	24	Universidad De Concepción		3,96	199.976.000	99.988.000	99.988.000
49	ID22110033	Sistema de análisis en-línea de concentrados de cobre basado en la fusión de espectroscopia raman y de reflectancia difusa	24	Universidad De Concepción		3,95	200.000.000	100.000.000	100.000.000
50	ID22110153	Diseño y validación de un sistema de medición bioinspirado para el diagnóstico online de fallos en transformadores de potencia	24	Universidad Tecnica Federico Santa María		3,94	199.330.000	99.665.000	99.665.000
51	ID22110079	Anoxismartfert: bioestimulante coadyuvante para la entrega de nutrientes desde micrositios anaeróbicos inexplorados en suelos agrícolas.	24	Universidad De La Frontera		3,89	199.400.000	99.700.000	99.700.000
52	ID22110051	Desarrollo de un prototipo de captación de agua atmosférica para el consumo humano con el fin de mitigar la escasez hídrica producida por el cambio climático	24	Universidad De Concepción		3,83	199.886.000	99.943.000	99.943.000
53	ID22110128	Escalamiento del índice de desarrollo regional como instrumento de gestión y políticas públicas a nivel territorial en Chile	24	Universidad Autonoma De Chile	Universidad Austral De Chile	3,83	192.867.000	96.433.500	96.433.500
54	ID22110344	Efficient production of plant-based proteins from lemna sp. (duckweed) for	24	Universidad Andrés Bello		3,83	199.374.000	99.687.000	99.687.000

		human consumption using nanobubbles.							
55	ID22110070	Evaluación de la eficacia y seguridad de una inmunoterapia supresora específica para alfa-sinucleína nitrada como tratamiento para la enfermedad de parkinson en un modelo preclínico	24	Fundación Ciencia Para La Vida	Universidad San Sebastian	3,81	199.979.000	99.989.500	99.989.500
56	ID22110173	Desarrollo de un nuevo bactericida basado en bacteriófagos líticos, para el control biológico del cáncer bacteriano en cerezos y la peca bacteriana en tomates, enfermedades causadas por pseudomonas syringae	24	Universidad De Santiago De Chile		3,79	200.000.000	100.000.000	100.000.000
57	ID22110012	Prototipo de recirculación acuícola y desarrollo de suplementos microencapsulados para el acondicionamiento de reproductores del ostión del norte como herramienta para sustentar la producción continua de larvas en ambiente controlado	24	Universidad Católica Del Norte	Universidad De Chile	3,78	200.000.000	100.000.000	100.000.000
58	ID22110342	Desarrollo de un polímero encapsulante de módulos fotovoltaicos en base a compuesto bioactivo bacteriano antártico	24	Universidad De La Frontera		3,76	199.700.000	99.850.000	99.850.000
59	ID22110141	Desarrollo de un candidato vacunal mucosal contra mycobacterium tuberculosis	24	Universidad De Concepción		3,75	200.000.000	100.000.000	100.000.000
60	ID22110236	Proceso estabilizador de relaves de cobre,	24	Universidad Católica Del		3,75	198.780.000	99.390.000	99.390.000

		para su uso como agregado de material de construcción		Norte					
61	ID22110199	Sistema de monitoreo de riesgo en torno a depósitos de relaves	24	Universidad De Chile		3,74	199.772.000	99.886.000	99.886.000
62	ID22110014	Desarrollo y disponibilización de índices de fragilidad y calidad de suelo para la gestión y manejo sustentable de ecosistemas en las regiones de los ríos y aysén.	24	Universidad Austral De Chile		3,67	199.724.000	99.862.000	99.862.000
63	ID22110215	Preventing hyposalivation and salivary gland dysfunction following γ -irradiation of the head and neck using injectable and release-tunable nano-sized dual-drug delivery system: pre-clinical safety and efficacy validation; a step closer to the clinic.	24	Universidad De Los Andes		3,67	200.000.000	100.000.000	100.000.000
64	ID22110190	Desarrollo de un nuevo proceso de lixiviación de calcopirita en tres etapas que permite la extracción eficiente de cobre a escala piloto	24	Universidad De Santiago De Chile		3,65	199.115.000	99.557.500	99.557.500
65	ID22110053	Validación de un protocolo de manejo de luz y oscuridad para modificar el reloj biológico de conductores durante los turnos nocturnos con el fin de mejorar su desempeño y salud.	24	Universidad De Valparaíso		3,64	199.996.000	99.998.000	99.998.000
66	ID22110107	Desarrollo de la herramienta tecnológica rescop para el diseño de recolección colaborativa de residuos sólidos	24	Universidad Andrés Bello	Pontificia Universidad Católica De Valparaíso	3,64	199.999.000	99.999.500	99.999.500

		domiciliarios en zonas urbanas							
67	ID22110018	Control de flujos de pasajeros para el análisis del nivel de servicio en estaciones de metro (pase)	24	Pontificia Universidad Católica De Valparaiso		3,62	199.620.000	99.810.000	99.810.000
68	ID22110006	Adsorbente carbonoso para tratamiento de agua, elaborado a partir de residuos de neumáticos fuera de uso	24	Universidad De Concepción		3,61	199.988.000	99.994.000	99.994.000
69	ID22110129	Sistema de inteligencia territorial para la gestión del turismo sustentable en áreas silvestres protegidas y comunidades portal.	24	Universidad Austral De Chile		3,60	199.960.000	99.980.000	99.980.000
70	ID22110101	Implementación, validación y evaluación del examen dental preventivo para la población adulta y personas mayores en la atención priMaría de salud, integrándose a los exámenes de medicina preventiva del adulto (empa) y personas mayores (empam)	24	Universidad De Chile		3,57	199.740.000	99.870.000	99.870.000
71	ID22110029	Neureka latam: aplicación móvil de evaluación neurocognitiva autoadministrable para el diagnóstico de la demencia en población chilena de adultos mayores	24	Universidad Adolfo Ibanez	Universidad De Chile	3,55	200.000.000	100.000.000	100.000.000
72	ID22110307	Proteínas unicelulares a partir de levaduras nativas producidas con residuos lignocelulósicos para la alimentación en juveniles de salmón del atlántico.	24	Universidad Católica De Temuco		3,55	199.960.000	99.980.000	99.980.000

73	ID22110028	Desarrollo de un software para el diseño automatizado de vías de saca que minimicen costos de maderero e impactos al suelo en operaciones con sistemas de cosecha terrestre	24	Universidad Austral De Chile		3,54	199.898.000	99.949.000	99.949.000
74	ID22110120	Proteorescue: terapia génica para tratar la esclerosis lateral amiotrófica (ela) mediante la mejora proteostática	24	Universidad De Chile		3,53	199.152.000	99.576.000	99.576.000
75	ID22110262	Conmutador óptico espacial de alta velocidad para operación en redes de fibras multi-núcleo	24	Universidad De Concepción	Universidad Católica De La Santísima Concepción	3,53	200.000.000	100.000.000	100.000.000
76	ID22110048	Sistema de análisis de información en plataformas educativas online: learning analytics para mejorar procesos educativos	24	Universidad De Chile	Pontificia Universidad Católica De Chile	3,52	199.978.000	99.989.000	99.989.000
77	ID22110211	Nanodispositivo multifuncional para la entrega eficiente de florfenicol en salmón del atlántico, como una herramienta de bajo costo para el tratamiento del síndrome rickettsial salmonídeo	24	Universidad Mayor		3,50	199.650.000	99.825.000	99.825.000
78	ID22110042	Desarrollo de un nuevo alimento vivo basado en huevos y larvas del cirripedio gigante austromegabalanus psittacus ("picoroco") para la mejora productiva de estadios tempranos de peces marinos	24	Universidad De Los Lagos		3,49	200.000.000	100.000.000	100.000.000
79	ID22110092	Desarrollo de un bio-adsorbente sostenible con capacidad para	24	Universidad De Concepción		3,48	199.984.000	99.992.000	99.992.000

		remover antibióticos en agua de uso en salmonicultura y en medicina humana							
80	ID22110254	Propagación masiva de cultivares elite de stevia rebaudiana b. en biorreactores de inmersión temporal para la obtención de biomasa y esteviol glicósidos a escala piloto con aplicaciones en la industria alimenticia y farmacéutica.	24	Universidad De Concepción		3,46	199.068.000	99.534.000	99.534.000
81	ID22110131	Evaluación de mucus como herramienta diagnóstica no invasiva en el manejo reproductivo en g. chilensis y s. lalandi, dos especies nativas con desarrollo acuícola emergente.	24	Universidad De Chile	Universidad Bernardo O'Higgins	3,45	200.000.000	100.000.000	100.000.000
82	ID22110256	Oxyfit: desarrollo de un prototipo modular de oxigenación basado en membranas difusivas para el reacondicionamiento (retrofit) de sistemas de tratamiento de aguas residuales convencionales.	24	Universidad San Sebastian		3,45	200.000.000	100.000.000	100.000.000
83	ID22110103	Diversificación del recurso algal emergente mazaella canaliculata a través del desarrollo tecnológico para implementar acuicultura a pequeña escala	24	Universidad Católica Del Norte	Universidad De Atacama	3,38	199.900.000	99.950.000	99.950.000
84	ID22110052	Plataforma para la identificación de las alteraciones a los bienes patrimoniales chilenos	24	Pontificia Universidad Católica De Chile		3,32	200.000.000	100.000.000	100.000.000
85	ID22110003	Celda fotoelectroquímica de flujo para la generación de hidrógeno verde	24	Universidad De Chile		3,26	196.277.000	98.138.500	98.138.500

IDeA I+D Temático

N°	CÓDIGO	TÍTULO	DURACIÓN (meses)	TIPO DE CONCURSO	BENEFICIARIA PRINCIPAL	OTRAS BENEFICIARIAS	NOTA FINAL	MONTO ADJUDICADO (\$)	MONTO AÑO 1 (\$)	MONTO AÑO 2 (\$)
1	ID22110316	Genofan: base de datos genómica para manejo y monitoreo de floraciones algales nocivas	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad Austral De Chile	Instituto De Fomento Pesquero	4,71	199.384.000	99.692.000	99.692.000
2	ID22110300	Desarrollo de esporas comerciales en base a hongos (endófitos) antárticos para la producción de verduras y hortalizas con menor demanda de riego: una herramienta para una producción sustentable en tiempos de sequía	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad Del Bio-Bio	Universidad De Talca	4,66	199.840.000	99.920.000	99.920.000
3	ID22110139	Diseño de un modelo de stocks y flujos de carbono como activo ambiental, para mitigar el cambio climático en sistemas pastoriles subantárticos	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad De Magallanes	Universidad Austral De Chile	4,62	199.995.000	99.997.500	99.997.500
4	ID22110072	Plataforma de	24	Adaptación	Universidad		4,52	198.184.000	99.092.000	

		ciencia ciudadana descentralizada basada en juegos para el seguimiento de la percepción comunitaria del riesgo de incendios, con un enfoque humano y territorial		al cambio climático y desastres de origen natural	Austral De Chile					99.092.000
5	ID22I10288	Modelo de desarrollo integral para el acompañamiento de trayectorias educativas stem/steam para liceos técnicos desde un enfoque de género	24	Igualdad género	Pontificia Universidad Católica De Valparaiso		4,45	180.541.000	90.270.500	90.270.500
6	ID22I10140	Protección sísmica de sistemas de almacenamiento industrial (racks) mediante la implementación de aislador de masa inercial	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad Católica De La Santisima Concepción		4,41	200.000.000	100.000.000	100.000.000
7	ID22I10252	Desarrollo clínico de anticuerpo humanizado anti-nucleoproteína y escalamiento comercial, contra el virus respiratorio sincicial	24	Desafío salud	Pontificia Universidad Católica De Chile		4,30	200.000.000	100.000.000	100.000.000
8	ID22I10087	Sistema de monitoreo y anticipación de la resiliencia costera: simona costa	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Pontificia Universidad Católica De Chile	Universidad Tecnica Federico Santa María	4,29	200.000.000	100.000.000	100.000.000
9	ID22I10219	Plataforma índice de saturación de destinos turísticos	18	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Pontificia Universidad Católica De Chile		4,24	154.250.000	77.125.000	77.125.000
10	ID22I10251	Evaluación de la disfunción ejecutiva en trastornos cerebrales mediante tecnologías de videojuegos	24	Desafío salud	Universidad De Chile		4,18	195.100.000	97.550.000	97.550.000
11	ID22I10318	Herramientas para	24	Adaptación	Instituto De		4,15	160.425.000	80.212.500	

		determinar las características de la población del agente causal del cáncer bacterial en cerezos: generando información clave para el desarrollo de estrategias sustentables de control		al cambio climático y desastres de origen natural	Investigaciones Agropecuarias					80.212.500
12	ID22110334	Implementación de una infraestructura de datos geoespacial geomorfológica (i2geo), para la región del biobío: una herramienta estandarizada para la planificación territorial	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad De Concepción		4,15	199.680.000	99.840.000	99.840.000
13	ID22110122	Guía metodológica para el diagnóstico y cálculo de la amenaza aluvional presente y futura	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad De Chile		4,12	199.995.000	99.997.500	99.997.500
14	ID22110123	Análisis prescriptivo basado en machine learning para la operación de plantas de tableros contrachapados de alta producción de pino radiata: paneles 4.0	24	Revolución tecnológica: inteligencia artificial y aeroespacial	Universidad Del Bio-Bio		4,11	199.154.000	99.577.000	99.577.000
15	ID22110224	Nuevas tecnologías para pinturas de terminación interior y elementos envolventes de construcciones habitacionales, resilientes bio higrotérmicamente, que incorporan nanotecnología y conceptos de química verde para mitigar efectos del cambio climático	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad Del Bio-Bio	Centro De Investigación De Polimeros Avanzados	4,10	188.901.000	94.450.500	94.450.500
16	ID22110063	Ventilación inteligente para aulas escolares	24	Adaptación al cambio climático y	Universidad Del Bio-Bio		4,01	173.761.000	86.880.500	86.880.500

		basado en sistemas de alerta y control de calidad de aire para reducir riesgos de patologías respiratorias u otras de transmisión aérea en escenarios de pandemia contaminación ambiental y restricción energética		desastres de origen natural						
17	ID22110085	Huclam: solución basada en la naturaleza para mitigar el impacto negativo de las descargas de agua mixta (residual + lluvia) en cuerpos hídricos naturales	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad Católica Del Maule		4,00	199.960.000	99.980.000	99.980.000
18	ID22110106	Marcadores moleculares para la mejora genética de semillas de moluscos bivalvos en escenario de cambio climático para apes	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Centro Tecnológico De Innovación Acuicola-Aquapacífico	Universidad Católica Del Norte	3,95	199.865.000	99.932.500	99.932.500
19	ID22110078	Programa multidimensional de promoción del bienestar en la escuela (progmpbe)	24	Desafío salud	Universidad Del Desarrollo		3,90	199.770.000	99.885.000	99.885.000
20	ID22110348	Sistema autónomo de visión artificial para análisis cloud de diseño funcional-geométrico de caminos mineros como soporte a gestión de mantenimiento predictivo	24	Revolución tecnológica: inteligencia artificial y aeroespacial	Universidad Tecnica Federico Santa María		3,81	193.331.000	96.665.500	96.665.500
21	ID22110027	Smart device de inteligencia computacional para predicción de fallas en ventiladores principales en minería subterránea	24	Revolución tecnológica: inteligencia artificial y aeroespacial	Universidad De Santiago De Chile		3,65	197.335.000	98.667.500	98.667.500
22	ID22110091	Smart submarine	24	Revolución	Universidad		3,65	200.000.000	100.000.000	

		robotic system for automatic biomass and salmon breeding process characterization for the aquaculture industry		tecnológica: inteligencia artificial y aeroespacial	Tecnica Federico Santa María					100.000.000
23	ID22I10314	Fire retardant apparatus (fra): fomentando la adaptación al cambio climático a través de la optimización del combate de incendios forestales	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad Adolfo Ibanez	Universidad Tecnica Federico Santa María	3,63	200.000.000	100.000.000	100.000.000
24	ID22I10074	Snow water equivalent, snow height and air temperature monitoring network for high mountain prototype based on open hardware development	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Corporación Centro De Estudios Avanzados En Zonas Aridas		3,57	171.963.000	85.981.500	85.981.500
25	ID22I10210	Plataforma de monitoreo satelital para la gestión y planificación de las ciudades	24	Adaptación al cambio climático y desastres de origen natural	Universidad De Playa Ancha De Ciencias De La Educacion	Universidad De Chile	3,53	200.000.000	100.000.000	100.000.000
26	ID22I10119	Inspección automática de frutas en centros de empaquetado, usando algoritmos de machine learning y machine vision	24	Revolución tecnológica: inteligencia artificial y aeroespacial	Universidad De Atacama		3,33	170.487.000	85.243.500	85.243.500

2.- APRUÉBASE la siguiente Lista de Espera, en orden de prioridad, lista de espera se podrá hacer efectiva de acuerdo a lo dispuesto en las bases concursales:

Lista de Espera IDeA I+D genérico:

N°	CÓDIGO	TÍTULO	DIRECTOR	DURACION (meses)	INSTITUCION BENEFICIARIA PRINCIPAL	NOTA FINAL	MONTO ADJUDICADO (\$)
----	--------	--------	----------	------------------	------------------------------------	------------	-----------------------

1	ID22110218	Saxifast: desarrollo de un biosensor de campo basado en un elemento de reconocimiento proteico para la detección de toxinas tipo saxitoxina	Allisson Astuya Villalón	24	Universidad De Concepción	3,24	199.994.000
2	ID22110341	Desarrollo de una plataforma de información interactiva – ecoenergy3e- basada en un modelo io híbrido de equilibrio (io-he) del sector eléctrico para la evaluación del impacto de transformaciones en la matriz energética	Esteban Gil Sagas	24	Universidad Técnica Federico Santa María	3,21	199.390.000

3.- No se establece lista de espera en IDEA I+D Temático por no existir propuestas con puntaje suficiente para adjudicar.

4.- De acuerdo a lo establecido en la Clausula 6.1 de las Bases sección ADJUDICACIÓN: "En la eventualidad que dos o más postulaciones de un mismo director o director Alterno, estén en la nómina de proyectos sugeridos a adjudicar, sólo será adjudicada la propuesta con un puntaje total más alto, no existiendo la posibilidad de que sea reemplazado dicho director o director Alterno por parte de la institución beneficiaria." Por este motivo se deja constancia que no se adjudican los siguientes proyectos:

CÓDIGO	TITULO	TIPO DE CONCURSO	INSTITUCION BENEFICIARIA PRINCIPAL	NOTA FINAL	COMENTARIO DE DUPLICIDAD
ID22110138	Protección sísmica de sistemas de almacenamiento industrial (racks) mediante la implementación de disipador de fluencia metálica	Temático Adaptación al Cambio Climático y Desastres de Origen Natural	Universidad Católica De La Santísima Concepción	4,34	El director y director alterno participan del proyecto ID22110140 adjudicado con nota 4,41
ID22110320	Desarrollo de un proceso tecnológico para la obtención de un aditivo con aporte de fibra y fructooligosacáridos (foscc) a partir de descartes de la industria de pasas	Genérico	Centro Regional De Estudios En Alimentos Saludables	3,98	La directora alterna participa del proyecto ID22110292 sugerido adjudicar con nota 4,76

5.- PÁGUESE a los adjudicatarios, ya individualizados, los beneficios pertinentes de acuerdo a la disponibilidad presupuestaria existente y lo dispuesto en las bases concursales respectivas;

6.- El Oficial de Partes deberá anotar el número y fecha de la presente resolución que complementa, en el campo "DESCRIPCIÓN" ubicado en el Repositorio de Archivo Institucional, en el documento digital de la Resolución Exentas N° 1234/2022.

7.- DISTRIBÚYASE copia de la presente Resolución a Dirección Nacional, Subdirección de Investigación Aplicada, Departamento de Finanzas y Fiscalía.

ANÓTESE, REFRÉNDESE Y COMUNÍQUESE.

UNIDAD DE PRESUPUESTO - CONTABILIDAD	
FECHA	10-08-2022
ITEM	24.03.161
CENTRO DE COSTO	FONDEF
ANALISTA	Camilo Zagal Acuña



ALEJANDRA PIZARRO GUERRERO
Director(a) Nacional (S)

APG // RMM / JVP / jic

DISTRIBUCION:

CLAUDIA PALOMINOS - Secretaria - Dirección Nacional

MARIA ELENA VILDOSOLA - Secretaria - Departamento Jurídico

NELLY JERALDO - Secretaria - Subdirección de Áreas Transversales

SANDRA VIDAL - Secretaria - Subdirección de investigación aplicada

OFICINA DE - Ejecutivo(a) Oficina de Partes y Gestión Documental - Unidad de Relación con la Ciudadanía


Firmado Electrónicamente en Conformidad con el Artículo 2º letra F y G de la Ley 19.799

1. Contenido Científico y Tecnológico

1.1 Resultados Previos

Nuestro grupo de investigación ha sido uno de los primeros en abordar la arquitectura genética de rasgos cuantitativos de calidad del fruto en ciruela japonesa (y otros frutos de carozo; Lambert et al., 2016; Biscarini et al., 2017; Ciacciulli et al., 2018), así como rasgos de comportamiento en postcosecha, y recientemente, en composición de metabolitos secundarios con actividad antioxidante (Salazar et al., 2017; Salazar et al., 2020). Para estos estudios, en una colaboración entre la Facultad de Ciencias Agronómicas y el INTA de la Universidad de Chile, se han utilizado materiales actualmente disponibles en el Programa de Mejoramiento Genético en Ciruelas de la Universidad de Chile (PMG, cuyo director es el director alterno de esta propuesta), el cual está compuesto de alrededor de 5000 individuos establecidos en condiciones de campo, y más de 40 selecciones avanzadas. En Salazar et al. (2017), nuestro equipo de investigación reportó la confección de mapas de ligamiento a partir de datos genotípicos (981 *loci* mapeados desde ~42K SNP), los cuales permitieron identificar *loci* de características cuantitativas (QTLs) asociados para rasgos como la fecha de cosecha, peso y el color de fruto, en dos temporadas. Posteriormente, este análisis fue implementado considerando una familia más numerosa ('98.99' x 'Angeleno', n =162; Salazar et al., 2020; Anexo 1 – Tabla 1) e incluyendo fenotipos tomados en 2 temporadas, lo cual sirvió para confirmar los hallazgos obtenidos en Salazar et al. (2017). Una importante cantidad de estudios previos han generado datos genómicos, y varios marcadores moleculares han sido mapeados (Carrasco et al., 2012; Fang et al., 2016; Salazar et al., 2017; Salazar et al., 2020), no obstante, nuestro grupo de investigación ha sido pionero en la búsqueda y reporte de QTLs relacionados con la calidad de la fruta de ciruela, demostrando nuestra capacidad de análisis de datos genotípicos y fenotípicos a nivel masivo.

En el contexto del proyecto FONDECYT-Regular 1191446 (PI: Igor Pacheco, Universidad de Chile, director de esta propuesta), el cual se encuentra en curso (y cuyo objetivo es realizar un mapeo fino de QTLs para características de agronómicas y de calidad y validar aquellos reportados anteriormente), se han caracterizado fenotípicamente al menos 490 individuos de ciruelo (equivalente alrededor de un 30% de la población propuesta a analizar en este proyecto), durante dos a tres temporadas, detectando valores relativamente altos de heredabilidad en sentido amplio ($H^2 \sim 70\%$) para el peso del fruto y contenido de sólidos solubles en el fruto (Anexo 1 – Figura 1), dos rasgos por los cuales las progenies de mejoramiento son evaluadas en primera instancia. En adición, en el PMG de ciruelo se han identificado 37 familias, representadas por un total de 2793 individuos (entre 20 y 188 individuos por familia), dentro del cual 13 familias (724 plantas) se encuentran en su tercer año de producción, y más de 2069 plantas producirán frutos por primera vez esta temporada (2022-2023). Esto indica que se dispone de los materiales necesarios para llevar a cabo el enfoque de predicción genómica en esta población de ciruelos. Los materiales establecidos y




fructificantes que se utilizarán en esta propuesta, y aquellos de los que se disponen datos fenotípicos y genotípicos se muestran en el Anexo 1 – Tabla 1.

1.2 Problema u oportunidad

La situación actual del mercado de la ciruela en fresco (ciruela japonesa, asiática o diploide: *Prunus salicina* L.) es alentadora para los productores chilenos, ya que en los últimos años se ha observado una mayor venta y demanda internacional de tendencia positiva (PortalFruticola, 2020). Respecto a esto último, Giacinti e Infante (2021) reportaron que en el período 2010-2019, el volumen exportado y el precio FOB han registrado alzas de un 2,3% y 0,9%, respectivamente. Dado que recientemente se han abierto nuevos mercados para las ciruelas producidas en Chile (e.g, China), la producción nacional en fresco tiene la actual necesidad de incrementar su oferta de variedades, con el fin de satisfacer las demandas de los consumidores. Esto implica contar con variedades que no solo tengan alto calibre y cuya cosecha cubra una gran parte del calendario, sino que tengan una alta calidad sensorial para el mercado de destino (esto es, presencia de aromas, alto dulzor, jugosidad y crocancia, y una baja acidez), y mantengan tales cualidades en postcosecha. Actualmente, ‘Sweet Pekeetah’ es la única variedad chilena que exhibe estas cualidades y que ha sido lanzada al mercado. ‘Sweet Pekeetah’, generada en 2011 en el laboratorio de Mejoramiento Genético y Calidad de la Fruta de la Facultad de Ciencias Agronómicas de la Universidad de Chile, está siendo masivamente plantada en Chile, y recientemente está comenzando a ser cultivada en el extranjero. Por otro lado, el número de variedades cultivadas en Chile es relativamente bajo y, en su mayoría, han sido generadas en programas de mejora genética (PMG) extranjeros (principalmente californianos, Giacinti e Infante; 2021), siendo algunas de acceso restringido (por ejemplo, variedades “club”). Si bien el caso de ‘Sweet Pekeetah’ es exitoso en términos de generación de variedades en Chile, para garantizar un liderazgo en el mercado internacional se requiere contar con una mayor cantidad de variedades, de modo de cubrir la demanda internacional. Para esto, es necesario potenciar los programas de mejora con estrategias que aumenten su eficiencia en términos de selección de cruzamientos y árboles por temporada (generación), de modo que en el mediano-largo plazo exista una significativa ganancia genética.

La mejora genética en algunas especies frutales (como el ciruelo) está dificultada por prolongados tiempos de generación (4-5 años), además de la presencia de incompatibilidad, lo cual dificulta el diseño de cruza. Esto conlleva a que, durante una temporada, de los miles de materiales que se generan, sólo una pequeña fracción de individuos puedan ser seleccionados como material potencial para la generación de una variedad. Es decir, la ganancia genética por temporada es relativamente baja. De hecho, el escenario para la mejora genética se hace aún más difícil si los rasgos a mejorar tienen una arquitectura genética compleja (i.e., poligénicos, controlados por varios genes de contribuciones aditivas, de dominancia y de interacciones entre ellos), y muestran una dependencia de las condiciones ambientales, lo cual es común para el caso de la mayoría de los rasgos que se necesitan en las nuevas variedades para que éstas sean más aceptadas en su destinación. Entre otros factores, estas condiciones han llevado a una baja tasa de recambio en las variedades cultivadas alrededor del mundo, lo cual se ha reflejado en un bajo número de variedades lanzadas por año; exceptuando a Estados Unidos, donde se han lanzado 28 variedades provenientes de PMG privados en los últimos 3 años (Giacinti e Infante, 2021).




En la actualidad, existen programas de mejoramiento genético de frutales que permanecen activos en Chile. En su mayoría, se basan en métodos tradicionales, los cuales han dado buenos resultados en términos de calidad organoléptica y comportamiento de postcosecha, no obstante, no han permitido ampliar la oferta del producto en la magnitud necesaria (o en una magnitud deseada). En consecuencia, **se identifica el problema (y oportunidad) de la necesidad de ampliar la oferta de variedades de ciruela producidas en Chile**, considerando el crecimiento en las exportaciones de este fruto, y la existencia de programas de mejora genética con resultados exitosos en términos de variedades novedosas y de alta calidad lanzadas al mercado. En este contexto, se espera que un aumento en la oferta de variedades de ciruelo en el mercado contribuya a consolidar el liderazgo de nuestro país en términos de exportación frutícola.



1.3 Análisis del estado del arte

a. Estado actual de la investigación: El mejoramiento genético en árboles frutales es una actividad de largo plazo y conlleva una mayor inversión respecto a las especies anuales, debido a la dificultad de manejo que presenta su mayor tamaño y los largos tiempos de ciclo vegetativo (≥ 2 años). A pesar de esto, históricamente se ha llevado a cabo este proceso con bastante éxito, dando lugar a miles de variedades en las distintas especies frutales. Las variedades sucesivas se han ido mejorando en el tiempo respecto de distintas características en la planta o en el producto final (fruta), lo cual ha conducido a una mayor ganancia para los productores (Badenes y Byrne, 2012). Hasta el día de hoy, el principal método de generación de nuevas genéticas es la mejora tradicional (i.e., el uso de cruces controladas mediante polinización cruzada), en el cual previamente se identifican las variedades que poseen atributos a combinar en una nueva generación, dando lugar a un individuo nuevo y genéticamente mejorado. Sin embargo, en cada generación existe un largo tiempo de espera, correspondiente a la fase juvenil de la especie correspondiente. En el caso del ciruelo, este período corresponde a 4-5 años, después del cual el mejorador puede evaluar los frutos de los individuos provenientes de las distintas cruces (o familias) generadas. Esta evaluación suele ser compleja, ya que los atributos deseados generalmente son susceptibles a variar por la acción del ambiente, tales como el dulzor (contenido de sólidos solubles; CSS), el peso del fruto (PF), la acidez, la textura, la presencia de aromas y el comportamiento en postcosecha (Anexo 1 - Figura 2).

Existen métodos prometedores de mejoramiento de plantas basados en la modificación genética, tales como la transgénesis, la cisgénesis, y recientemente la edición génica por el mecanismo CRISPR-Cas9 (Park et al., 2020; Lobato-Gómez et al., 2021). La promesa de estos métodos es de modificar en forma dirigida las regiones del genoma que controlan directamente ciertos rasgos. Aunque se han podido lanzar al mercado algunas variedades obtenidas con estos métodos (e.g., ciruela europea “HoneySweet” resistente al PPV, manzanas “Arctic®” resistentes al pardeamiento, Scorza et al., 2013; Stowe y Dhingra, 2021), además de generar cierto rechazo en la comunidad, éstos no funcionan de igual manera para todas las especies de árboles frutales. De hecho, la mayoría de las experiencias utilizando estos métodos en árboles frutales han tenido un rendimiento relativamente bajo en la generación de transformantes. Por ello, los métodos de mejoramiento tradicional continúan predominando en la generación de nuevas variedades. En Chile, existen varios programas de mejora genética (PMG) de árboles frutales, los cuales primordialmente se basan en métodos tradicionales, y caracterizados por ser relativamente recientes (< 20 años). El PMG de nectarines, liderado por la Universidad de Chile, ha lanzado al mercado 6 variedades de la serie “AndesNec” en sus 11 años de funcionamiento (Fernández, 2017). El PMG en uva de mesa, liderado por INIA-La Platina, ha lanzado la variedad “Maylen®” (Fedefruta.cl, 2019), la cual posee características sobresalientes de sabor y postcosecha. Por su parte, la Universidad de Talca, en conjunto con INIA-Quilamapu, lideran el PMG en manzanos (Redagráfico, 2020). Particularmente, el PMG del ciruelo japonés (PMG) nació en 2007 en la Universidad de Chile, en respuesta a la necesidad de disponer de nuevas ciruelas con un fuerte sello en calidad sensorial. Aunque este PMG no ha sido respaldado por una fuente de apoyo externo, se ha lanzado exitosamente al mercado chino la variedad “Sweet Pekeetah” (actualmente “Purple Honey”), la cual se caracteriza por una excelente calidad sensorial y comportamiento de postcosecha (FreshPlaza, 2021). Además de “Purple Honey”, el PMG dispone de selecciones avanzadas y alrededor de 5000 plantas en campo, provenientes de más de 40 esquemas de cruce. Aunque los resultados de los incipientes programas de mejora genética chilenos han dado muy buenos resultados en cuanto a calidad de fruta, al igual que en los PMG europeos y estadounidenses, continua la necesidad de buscar estrategias que faciliten la selección, disminuyendo los tiempos y costos, y aumentando la eficiencia de mejora.




Los avances en tecnologías de secuenciación genómica, en conjunto con estrategias ya consolidadas en los últimos 40 años en mapeo de rasgos monogénicos y los análisis de *loci* relacionados a rasgos cuantitativos (QTLs), han dado lugar al descubrimiento de regiones en el genoma cuya variación se correlaciona con la variación de una característica fenotípica. Sabiendo el efecto que tiene cada alelo (de un *locus* en particular) en un fenotipo, se puede predecir el fenotipo de cada individuo, dando paso a la llamada “selección asistida por marcadores” (Marker Assisted Selection; MAS). Esta estrategia sería especialmente útil para el caso de árboles frutales, donde la selección anticipada de individuos (permitiría disminuir el tiempo y costo de fenotipado, y con ello aumentar la eficiencia del programa de mejora de rasgos que son costosos y laboriosos de evaluar (Sousaraei et al., 2018; Bohry et al., 2021). El uso de la MAS se ha demostrado factible para seleccionar individuos con base a rasgos monogénicos y altamente heredables ($H^2 \sim 1$) (Por ejemplo, marcadores asociados a la apirenia en vid y resistencia a patógenos en manzano; Karaagac et al., 2012; Patocchi et al., 2009; Polat y Bayraktar, 2020). Por otro lado, la MAS para rasgos poligénicos, de una relativa baja heredabilidad, y de una importante influencia del ambiente, suele ser menos precisa que para características oligogénicas (Liu et al., 2016). Desafortunadamente, la mayor parte de los caracteres de interés para mejorar la calidad organoléptica y el comportamiento en postcosecha de las nuevas variedades de fruta, corresponden a este tipo de rasgos (Rawandoozi et al., 2020; Rey-Serra et al., 2021; Mengist et al., 2021). Por ello, los marcadores asociados a QTLs, con algunas excepciones (e.g., fecha de cosecha en duraznero, Pirona et al., 2013), son difícilmente aprovechables en la selección anticipada de estos rasgos.

Para abordar este problema, la selección anticipada basada en predicciones de rasgos controlados por varios genes de efecto pequeño (como en la mayoría de los rasgos cuantitativos), Meuwissen et al. (2001) propusieron el método de selección o predicción genómica (GS). A diferencia de MAS, la GS utiliza la información de miles de marcadores distribuidos uniformemente en el genoma (e.g., Polimorfismos de Nucleótido Único; SNP), de modo que todos los QTLs estén en desequilibrio de ligamiento (LD) con al menos un marcador, con el fin de predecir el valor genético de individuo (Kaler et al., 2022). Dicha predicción se realiza con base a modelos lineales mixtos, los cuales son construidos a partir de datos genotípicos y fenotipos, en donde ambos tipos de datos son obtenidos de una población de entrenamiento (TP; *i.e.*, un grupo de familias representativo de la diversidad genética del programa de mejora; Anexo 1 – Figura 3), y se utilizan para predecir el valor genético de los individuos que conforman una población de validación (VP). El predictor del mérito genético se obtiene de la mejor predicción lineal no sesgada (BLUP; Best Linear Unbiased Predictor), el cual es computado a partir del efecto que tienen todos los marcadores sobre el fenotipo de los individuos, o bien, desde la matriz de parentesco genómico entre individuos (Genomic BLUP; GBLUP). De este modo, la predicción se hace desde datos genotípicos de una población de selección (SP; Anexo 1 – Figura 4), sin necesidad de realizar un fenotipado completo de la población total. Actualmente, los datos genotípicos son determinados a partir de estrategias masivas como la genotipificación por secuenciación, en donde las variantes (SNPs) son detectadas desde la secuencia genómica de cada individuo, pudiendo detectar miles o millones de variantes que segregan en una progenie. En la actualidad, existen arreglos comerciales de SNPs desarrollados a partir de diferentes especies de plantas, y transferibles a varias especies de un mismo género (Geraldès et al., 2013; Silva-Junior et al., 2015; Bernhardsson et al., 2021), no obstante, algunas especies podrían no estar bien representadas en estos paneles de marcadores (Aguirre et al., 2019). Por otra parte, los datos fenotípicos son extraídos para los rasgos por los cuales se requiera hacer selección, desde los mismos individuos genotipificados. Existen diversos métodos estadísticos de predicción, los cuales se seleccionan conforme a los objetivos del investigador. Esta selección subyace a la arquitectura



genética del fenotipo de interés, el tamaño efectivo de la TP, entre otros (Sun et al., 2016; Schopp et al., 2017; Stejskal et al., 2018; Wang et al., 2018). La GS ha sido aplicada exitosamente en el mejoramiento genético animal (Goddard y Hayes, 2007; Azevedo et al., 2015; Lopes et al., 2018; Li et al., 2020), y a partir de la década de 2010, se comenzó su aplicación en plantas (específicamente, para trigo y maíz; Crossa et al., 2017), lográndose altos niveles de capacidad predictiva (evaluado como la correlación entre los valores fenotípicos predichos por el modelo de predicción). En el contexto de árboles, la GS ha sido extensamente aplicada en especies forestales (Grattapaglia et al., 2018; Ballesta et al., 2019; Ballesta et al., 2020), debido a la necesidad de acortar los tiempos de selección, lo cual puede tomar varios años. El método se ha mostrado promisorio incluso en especies auto-poliploides como el arándano, donde los grandes tamaños de genoma, y efectos de dosis alélica, ofrecen un gran desafío analítico (de Bem Oliveira et al., 2019; Ferrão et al., 2021); en este contexto, se ha proyectado una disminución del tiempo de generación de una variedad a tres años, obteniéndose ganancias genéticas un 86% mayores a los métodos de selección tradicionales. Respecto a especies de árboles frutales, GS ha demostrado distintas precisiones de predicción, dependiendo de la especie y característica evaluada (Iwata et al., 2016). En manzano, una de las especies frutales en que fue implementado el enfoque de GS, se obtuvo una precisión entre 0.19 a 0.5 para un total de 10 rasgos evaluados (Muranty et al., 2015). Recientemente, Roth et al. (2020) implementaron el enfoque de GS para predecir componentes relacionados a la textura de las manzanas, a partir de ~ 500 árboles, genotipados con cerca de 8000 marcadores SNP. En frutales de carozo, la GS ha sido incipientemente puesta a prueba, la cual ha demostrado una precisión relativamente alta (> 0.7 de un máximo de 1) en la predicción de características de calidad de la fruta, y proyectando la técnica como una ayuda significativa en el mejoramiento genético al ofrecer menores tiempos de obtención de variedades y la disminución en los costos de evaluación en campo. En el caso del duraznero, miembros del equipo de investigación de la presente propuesta han colaborado en el diseño y generación de datos para la aplicación de GS del peso del fruto, contenido de azúcares y acidez, de lo cual se obtuvo una precisión de un 0.65, y de 0.84 para el caso del peso del fruto en algunas familias (Biscarini et al., 2017). Recientemente, Nsibi et al. (2020) implementaron el enfoque de GS con el fin de mejorar la calidad postcosecha de damascos, en lo cual los investigadores evaluaron ~150 árboles con métricas físicas y bioquímicas, en condiciones climáticas contrastantes y en dos temporadas agrícolas. La precisión de GS superó un valor del 0.7 para los rasgos evaluados, lo cual revela el potencial valioso de GS para seleccionar y mejorar características cuantitativas en damasco. Más aun, los resultados demostraron que GS serviría incluso para seleccionar árboles en función de más de un rasgo económicamente relevante a la vez, y que habilidad de predicción de un modelo puede ser incrementada conforme aumenta el número de marcadores, hasta alcanzar un valor máximo (el cual no varía con un aumento adicional del número de marcadores). De hecho, algunos estudios sugieren que no existe una relación lineal entre el incremento del número de marcadores disponibles y la habilidad de predicción de un modelo GS (Ballesta et al., 2018; Nsibi et al., 2020), si no que una buena precisión puede ser obtenida seleccionando aquellos que son mayormente relevantes para el rasgo de interés (lo cual también podría conllevar a un menor costo de genotipado). En consecuencia, los recientes avances de GS ponen en evidencia que este enfoque puede traer ventajas en un PMG de especies con un largo período de desarrollo, tales como el ciruelo japonés, ya que, para un mismo tiempo de identificación de selecciones, la ganancia genética obtenida es mayor que en métodos de mejora tradicional. Adicionalmente, si la GS es aplicada para preseleccionar rasgos cuantitativos que sean de fácil medición y con una heredabilidad mediana-alta, las respuestas de selección serán evidentes en las



primeras generaciones de cruzas (Biscarini et al., 2017). Con base en esta evidencia, estimamos que la aplicación de la GS en el mejoramiento de ciruelas puede traer ventajas similares.

Los costos de genotipificación han ido progresivamente decreciendo los últimos años, no obstante, esto sigue siendo una limitante para la implementación de GS a gran escala. En situaciones donde no todos los individuos pueden ser genotipados, el enfoque *single step* GBLUP (ssGBLUP), una extensión del modelo general GBLUP, ha sido propuesto como un efectivo método analítico, en el cual se integra la información genómica, genealógica y fenotípica en un procedimiento de un solo paso para predecir el mérito genético de un individuo de interés, incluso sin la necesidad de proveer el genotipado completo de una población fenotipada (Miszta et al., 2009; Aguilar et al., 2010; Christensen y Lund, 2010). El enfoque de ssGBLUP ha demostrado ser tan preciso como la línea clásica de GS, por lo que se propone como la herramienta estándar de predicción en los futuros programas de mejoramiento en plantas (Cappa et al., 2019; Ratcliffe et al., 2017; Michel et al., 2021). Una importante cantidad de estudios han utilizado los principios de ssGBLUP para predecir características fenotípicas de diferentes arquitecturas genéticas en árboles (Imai et al., 2019; Ukrainetz y Mansfield, 2020; Jurcic et al., 2021), los cuales han evidenciado la superioridad de ssGBLUP sobre el enfoque tradicional de GS (en términos de precisión y capacidad predictiva) en la predicción de fenotipos complejos. Interesantemente, Imai et al. (2019) utilizaron el enfoque de ssGBLUP para predecir el peso, el contenido de azúcares y acidez de frutos de diferentes tipos de cítricos. A partir de ~ 500 individuos genotipados (de un total de 1935) con alrededor de 2000 marcadores SNPs, los autores reportaron que la precisión de ssGBLUP para individuos genotipados fue superior o similar a aquella obtenida a partir de GBLUP, especialmente para el contenido de azúcares totales en los frutos, lo cual revela el potencial que tiene la aplicación del ssGBLUP en los programas de mejoramiento en frutales.

b. Análisis de la propiedad intelectual e industrial y productos existentes en el mercado: En el contexto de plantas, el enfoque de GS ha sido aplicado a gran escala en CIMMYT (México) desde el año 2010 (Dreisigacker et al., 2021). De hecho, GS se ha implementado para seleccionar líneas de trigo en una misma generación o para seleccionar líneas en generaciones anteriores, con dos ciclos de selección anual. Para nuestro conocimiento, actualmente no existen programas de mejoramiento genético en frutales que empleen los principios de GS. Si bien múltiples publicaciones respaldan la factibilidad de la aplicación de estos métodos en mejoramiento de frutales leñosos (por ejemplo, manzana, durazno, cítricos, peral; Muranty et al., 2015; Imai et al., 2019; Nsibi et al., 2020; Minamikawa et al., 2018), no ha sido extensivamente aplicada en los programas de mejoramiento genético. En el caso de Estados Unidos, el gran número de variedades de ciruela lanzadas por año ha sido facilitada por la existencia de programas de mejora privados de alto volumen productivo, en donde se generan miles de líneas segregantes por temporada, incrementando con ello el número de variedades desarrolladas exclusivamente por métodos tradicionales. Interesantemente, el número de solicitudes de protección de métodos basados en GS para el mejoramiento genético de animales y plantas ha incrementado en la última década. Por ejemplo, Goryunova et al. (2019) solicitaron proteger un panel de marcadores SNP, lo cual se describe como una metodología para seleccionar líneas de girasol con un alto (o bajo) contenido de diferentes ácidos grasos. En este contexto, una importante cantidad de empresas han puesto a disposición paneles de marcadores SNPs en varias especies de plantas, (incluyendo especies de *Prunus*) no obstante, su implementación en GS es limitada (discutido anteriormente).

c. Normativas: La implementación de los principios de GS en especies frutales no se encuentra sujeta a normas y reglamentaciones, tanto a nivel nacional, como internacional.




1.4 Solución propuesta

En este proyecto se propone abordar el problema de la necesidad de variedades de ciruela nacionales, mediante la aplicación del enfoque de selección genómica en el Programa de Mejoramiento del Ciruelo de la Universidad de Chile. El objetivo a mediano plazo (5 años) es incrementar el potencial genético promedio de los individuos a establecer en campo, aumentando así la probabilidad de encontrar individuos con atributos de alta calidad, y de esta manera potenciar la tasa de generación de selecciones por temporada (y el nivel de calidad de las selecciones generadas), en comparación con la selección fenotípica tradicional. Más aun, la aplicación de esta metodología permitirá identificar a aquellos parentales con mayor potencial de transmitir rasgos deseados a la progenie, lo cual dará paso a un diseño de cruza apoyado por evidencia a nivel genómico. Con esto, se espera aumentar la oferta y diversificación de variedades nacionales, de modo de satisfacer los distintos mercados internacionales.

En el escenario actual, la experiencia del PMG de nectarines ha sugerido que de un total de 5000 individuos establecidos en campo por temporada (~50 familias), alrededor de 4 son identificados como selecciones tempranas tras dos años de evaluación (i.e., un 0,08% en la tasa de individuos seleccionados). Mediante el mejoramiento genético colaborativo, acompañado de evaluaciones de estas selecciones en distintos campos y distintas temporadas, las selecciones que logran convertirse en variedades son aún menos, ya que deben mostrar estabilidad en los rasgos por los cuales se seleccionaron. Asumiendo que en el caso de la ciruela se mantiene esta tendencia, y empleando este método de selección anticipada en paralelo con una mayor producción de plántulas, si un 10% - 30% de los individuos de mayor mérito genético predicho son establecidos en campo, se prevé un mayor número de selecciones identificadas para ser validadas en múltiples condiciones ambientales. Mientras mayor sea el número de selecciones, mayor será el número de variedades identificadas por temporada. En el caso de esta propuesta, la GS temprana se aplicaría para predecir el mérito genético de individuos de ciruela, luego de la aparición de su tercera hoja en invernadero (aproximadamente 6 meses después del cruzamiento). Por ejemplo, en el caso del contenido de sólidos solubles (CSS) del fruto, cuya heredabilidad promedio es de alrededor de 0.7 en familias del PMG ciruelas (rango entre 10 y 22 °Brix, promedio 16,5 °Brix), la selección de un 10% de las plantas con mayor mérito genético para CSS, prevé un aumento de hasta 2 °Brix en el promedio de este rasgo, es decir, el promedio del grupo seleccionado sería de ~ 18,5 °Brix, garantizando un alto dulzor en todos los individuos a evaluar por otros rasgos más complejos (textura, aroma, post-cosecha, etc.). Más aun, si se combina más de un rasgo a seleccionar (e.g., peso del fruto, fecha de cosecha, acidez), el tiempo requerido para llegar a un ideotipo en específico será mucho menor empleando el enfoque de GS, respecto a un programa de mejora tradicional.

En el presente proyecto, se propone generar un modelo de predicción del valor (o mérito) genético (GEBV), en base a información genotípica y fenotípica de 13 familias de ciruelo (~900 individuos), generadas a partir de 15 parentales fundadores recurrentes del PMG. Esta población será llamada “población de entrenamiento” (TP), la cual se utiliza para entrenar al modelo de predicción. Cabe señalar que un 30% de estas plantas se encuentran previamente fenotipadas para dos temporadas (2020-2021 y 2021-2022). Los modelos serán luego validados usando una “población de validación” (VP), constituida por ~300 individuos provenientes de familias relacionadas con aquellas que conforman a la TP, es decir, cruza que compartan al menos un parental con las de la TP. Los datos fenotípicos de la VP serán obtenidos en las dos temporadas que contempla este proyecto. La



validación consistirá en estimar la capacidad predictiva de los modelos de predicción para cada rasgo a estudiar. La capacidad predictiva de cada modelo será cuantificada a través la correlación entre los valores fenotípicos predichos para cada individuo y los datos fenotípicos reales, tal que mientras mayor sea el valor de esta correlación, mayor será la capacidad predictiva del modelo. El set de modelos validados para los distintos rasgos de interés será llamado “GSPlum 1.0”, los cuales además serán los que computen la mayor capacidad predictiva para cada característica fenotípica.

Posteriormente, y con el objetivo de aplicar la tecnología implementada en un contexto real de selección, el mejor modelo de predicción genómica (GSPlum1.0) será usado para predecir fenotípicamente 300 individuos (primera fruta evaluable estimada para la temporada 2024-2025), lo cuales serán genotipados pero no fenotipados. Esta población será denominada “población de selección” (SP). Un total de 15 plantas que reporten los mayores valores de GEBV serán propagadas y plantadas en 2 diferentes condiciones de campo (los cuales pertenecen a las instituciones de Biotecnía y Agrícola Garcés) para su evaluación, con el objetivo de llevar a cabo una primera aplicación real de los modelos. Dado el período de desarrollo de la planta necesario para generar frutos, la evaluación de la fruta de estas 15 plantas seleccionadas se realizará luego de finalizado el presente proyecto.

Posterior al presente proyecto, la solución propuesta se seguiría aplicando en un entorno real en las sucesivas temporadas de generación de nuevas cruzas y familias, como se describe a continuación: luego de llevar a cabo las polinizaciones controladas, estratificar las semillas resultantes y germinarlas, será necesario colectar muestras de hojas en una edad temprana de la plántula (3^a-4^a hoja), de modo de extraer DNA y someterlo a análisis de marcadores moleculares, el cual generará los datos genotípicos de entrada para el modelo de predicción. Cabe destacar que es crucial que el genotipado sea del menor costo posible, lo cual se puede lograr identificando un panel de marcadores mínimo que contenga las variantes más informativas para la predicción de los rasgos de interés (un resultado que también se desprenderá de la propuesta, SNPlumX). Luego de la predicción fenotípica por los modelos GS (un mes), se llevaría a cabo la selección de plántulas con mejores valores. Solo aquellas plantas serán establecidas en campo para su desarrollo y posterior evaluación por el mejorador. Considerando la cantidad de actividades que podemos llevar a cabo en un período de dos años, en un modelo biológico cuyo tiempo generacional es mayor, el nivel de madurez de esta tecnología al término de este proyecto será al menos de nivel TRL 4 (Tecnología validada en laboratorio).

Por lo tanto, en la presente propuesta, el nivel de desarrollo de esta metodología aplicada al PMG ciruela, culminará con la obtención de un conjunto de modelos de selección para varios rasgos de importancia para la calidad de la fruta, además de paneles económicos de genotipificación ad-hoc para cada rasgo, sumado a la identificación de 15 plantas seleccionadas mediante el enfoque GS. En conclusión, la aplicación de este método de selección anticipada representa una oportunidad para aumentar la eficiencia de un programa de mejora de ciruela, el cual permitiría poder reducir el número de plantas a evaluar en campo, y aumentar su calidad pomológica, lo que a su vez podría llevar a un aumento en la obtención de selecciones avanzadas por temporada de crusa.



1.5 Hipótesis y componente de investigación


Considerando que:

- Existe la necesidad de ampliar la oferta de variedades de ciruela producidas en Chile, considerando el crecimiento en las exportaciones de este fruto, y la existencia de programas de mejora genética con resultados exitosos en términos de variedades novedosas y de alta calidad lanzadas al mercado,
- Los datos del programa de mejora de nectarinas sugieren que un 0,08% de las plantas establecidas en campo son identificadas como selecciones,
- La GS ha probado ser exitosa en la selección de genotipos prometedores en animales, especies forestales, y hortícolas, con la promesa de disminuir y optimizar el proceso de selección de individuos (y familias),
- El uso de GS se justifica para el mejoramiento de características de naturaleza compleja, tales como el calibre (y peso del fruto), el contenido de sólidos solubles y la acidez de los frutos, entre otros rasgos,
- Se han generado modelos GS de alta precisión (≥ 0.6) en una gran variedad de frutales, tales como duraznero y en arándano, pese a la complejidad a nivel genómico de este último (naturaleza poliploide),
- La precisión y la capacidad predictiva de un modelo GS puede ser incrementada con el ajuste de parámetros, tales el número de variables predictoras (marcadores moleculares),
- La capacidad predictiva de GS puede ser incrementada conforme aumenta el número de marcadores, hasta alcanzar un valor máximo, el cual no varía con un aumento adicional del número de marcadores y permite una buena precisión seleccionando marcadores mayormente relevantes para el rasgo de interés,
- El enfoque de ssGBLUP ha demostrado ser igual o superior a la línea clásica de GS (GBLUP) (en términos de capacidad predictiva y precisión) en la predicción de fenotipos con diferentes arquitecturas genéticas,
- Se dispone de material fructificante de varias familias generadas con parentales de élite recurrentemente utilizados en el programa de mejoramiento de ciruela,
- Se cuenta con material para extracción de DNA de estas familias,
- El grupo de investigación, quienes presentan la Propuesta, han tenido experiencia de éxito en la generación y análisis de datos masivos de marcadores moleculares desde métodos de secuenciación e identificación de *loci* relacionados a características de interés económico (Salazar et al 2017, 2020), y que

Se propone la siguiente hipótesis:

“El uso de datos genotípicos y fenotípicos desde 24 familias representativas del PMG ciruela, permite el desarrollo de modelos de selección genómica de alta capacidad predictiva (≥ 0.6), en la predicción de valores genéticos para la fecha de floración, fecha de cosecha, fecha del desarrollo, peso y contenido de sólidos solubles de los frutos de ciruelo”.

Para probar esta hipótesis, se construirán modelos de predicción genómica del mérito genético y el fenotipo, en base al material del programa de mejoramiento de ciruelo previamente descrito. Adicionalmente, parte de la de investigación estará centrada en la definición de paneles de SNPs



que garanticen un alto nivel de capacidad predictiva en la predicción de los rasgos fenotípicos de interés, a un menor costo (un panel de marcadores con la menor densidad posible de SNPs que garantice el nivel de capacidad predictiva esperado). Además, se tomarán datos genotípicos y fenotípicos de alta calidad en al menos dos temporadas de cosecha, para las características mencionadas anteriormente, con el fin de obtener modelos de predicción estables bajo diferentes condiciones ambientales. La construcción, validación y refinamiento de los modelos prevé un proceso de análisis de datos mayor, como núcleo experimental de esta propuesta. El mayor desafío científico de esta propuesta es la obtención de datos genómicos de calidad, y modelos de predicción de valor genético con una alta capacidad predictiva, esperando que sea similar a aquella reportada en duraznero (65% para peso del fruto y 72% para CSS; Biscarini et al., 2017).



ÁREA DE DESARROLLO DE LA TECNOLOGÍA (Marcar una sola opción)		ÁREA DE IMPACTO FINAL (Marcar una opción)	
Agropecuaria	X	Agropecuaria	X
Alimentos Funcionales		Alimentos Funcionales	
Cs. Sociales y Educación		Cs. Sociales y Educación	
Energía y Aguas		Energía y Aguas	
Forestal		Forestal	
Infraestructura		Infraestructura	
Manufactura		Manufactura	
Minería		Minería	
Pesca y Acuicultura		Pesca y Acuicultura	
Salud		Salud	
Tecnología de la Información y Comunicación		Tecnología de la Información y Comunicación	

Ciencias del Clima	Vulnerabilidad y Adaptación	Mitigación (factores de emisión de GEI, tecnologías de bajas emisiones de GEI, etc.)	
Atmósfera	Recursos hídricos	Eficiencia energética	
Criósfera	Biodiversidad	Energías renovables no convencionales (ERNC)	
Océanos	Silvoagropecuario	Procesos industriales	
	Pesca y Acuicultura	Transporte	
	Salud	Gestión de Residuos	
	Infraestructura, energía, vivienda, transportes	Sumideros (bosques)	
	Ciencias sociales y económicas	Estudios de variables para factores de emisión GEI	
	Riesgo de desastres		
No se relaciona con cambio climático			X



1.6 Objetivos

1.6.1 Objetivo General

Habilitar el enfoque de predicción genómica (ssGBLUP) en el PMG de ciruelas de la Universidad de Chile, para los rasgos fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles de en frutos de esta especie.

1.6.2 Objetivos Específicos

Objetivo 1.- Desarrollar un panel de datos genotípicos para al menos 1200 individuos del Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.

Objetivo 2.- Caracterizar fenotípicamente al menos a 1200 individuos del Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile, para los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles del fruto.

Objetivo 3.- Desarrollar modelos de predicción genómica (ssGBLUP) de los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, fecha del desarrollo, peso y contenido de sólidos solubles del fruto, evaluados en el Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.

Objetivo 4.- Evaluar la capacidad predictiva y validar los modelos de selección genómica (ssGBLUP) para los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles del fruto, evaluados en el Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.



1.7 Metodologías de investigación y desarrollo

Objetivo 1.- Desarrollar un panel de datos genotípicos para al menos 1200 individuos del Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.

En Anexo 1 – Figura 5 se muestra un mapa conceptual que representa el flujo de trabajo, descrito *in extenso* a continuación:

1. Extracción de DNA de 1500 individuos (TP + VP + SP)

a. Material vegetal. Todos los materiales, variedades, selecciones e individuos de cruza que se considerarán en esta propuesta serán recolectados de la estación experimental German Greve de Rinconada de Maipú, de la Universidad de Chile. Para este estudio, se han considerado tres tipos de poblaciones, empleadas en diferentes pasos de la construcción de modelos de selección genómica, las cuales se detallan en los puntos 1.a.i, 1.a.ii y 1.a.iii. El pedigrí de las familias seleccionadas para esta propuesta se muestra en el Anexo 1 – Tabla 1.

i. Población de entrenamiento (TP). Esta población será conformada por un total de 900 individuos de la primera generación filial (F1) provenientes de 18 cruza entre 16 parentales (F0) (Anexo 1 – Tabla 1). Al momento de iniciar este proyecto, todas las plantas consideradas para formar esta población estarán produciendo frutos. La información fenotípica de esta población será utilizada para entrenar los modelos de predicción genómica.


ii. Población de validación (VP). Esta población será constituida por 300 individuos F1 provenientes de los 18 cruzamientos mencionados en el punto Obj1-1.a.i. Las plantas que conforman esta población fructificarán por primera vez, en la temporada 2023-2024 (primer año de ejecución de la presente propuesta). Esta población será utilizada para validar y evaluar la capacidad predictiva de los modelos de predicción genómica.

iii. Población de selección (SP). Esta población será constituida por 300 individuos F1 (diferentes a los miembros de la VP), provenientes de 6 cruza entre algunos de los parentales F0. Las plantas de esta población fructificarán por primera vez en la temporada 2024-2025 (segundo año de ejecución de la presente propuesta). A diferencia de VP y TP, esta población no será fenotípicamente evaluada, puesto que será utilizada en la prueba de concepto de selección mediante predicción genómica.

b. Toma de muestras y extracción de DNA. Previamente, el equipo de investigación de la presente propuesta ha recolectado muestras de hojas jóvenes (Octubre 2021) de los individuos que conforman las poblaciones VP y SP, las cuales se encuentran conservados a -80°C. Las hojas de los individuos de la SP serán recolectadas en el primer año de este proyecto. A partir de 800 mg de tejido foliar, se extraerá DNA genómico de los materiales mencionados en Obj.1.a., utilizando el kit comercial E.Z.N.A. HP PLANT DNA KIT (Omega Biotek, EUA). Para aquellos DNA de las poblaciones TP, VP y SP, se requerirá una concentración mayor a 20 ng/μL en 100 μL, con un índice OD260/280 > 1,7, medida en espectrofotómetro Nanodrop (ThermoFisher Scientific, EUA). Adicionalmente, se extraerá DNA de la población F0 (ver punto Obj1-2.a), la cual requerirá de un total de 500 ng medido con el kit QUBIT (ThermoFisher Scientific, EUA).

2. Re-secuenciación de 16 parentales fundadores del PMG ciruela y llamada de variantes SNP.

a. Secuenciación genómica. Con el objetivo de disponer de la información del mayor número posible de variantes genómicas de los 16 parentales que originan las poblaciones de este estudio (VP, SP y TP), se llevará a cabo una secuenciación de genoma completo de alta profundidad desde




los DNA extraídos de estos materiales (Obj1-1b). Los DNA serán enviados a BGI Americas (EUA), donde serán secuenciados con la plataforma DNBseq (Huang et al., 2017), mediante construcción de librerías DNBseq PE150 (cotización en Anexo 2). Por cada variedad analizada, esperamos obtener un total de 28 Gpb (post filtrado y recorte), que corresponden a una cobertura de 100x, considerando un tamaño de genoma de 285 Mpb para ciruelo (Liu et al., 2020). Las secuencias serán subidas por BGI a un servidor ftp, para su descarga en formato fastq. La cobertura esperada permitirá una llamada robusta de una gran cantidad de SNPs, de modo de representar lo más cercanamente posible al total de la variabilidad genómica de las variedades analizadas (F0).

b. Llamada de variantes SNP. Una vez obtenidas las secuencias genómicas, las lecturas de secuencia (*reads*) serán filtradas en cuanto a calidad y procesadas para su posterior mapeo y análisis de variantes. El análisis de calidad de las secuencias será realizado con FastQC v.11.9 (Q30). El recorte y filtrado de las lecturas se realizará utilizando Trimmomatic v.0.39. El mapeo de variantes será basado en el genoma de referencia de *Prunus salicina* L. cv. 'Sanyueli' v.2.0 (disponible en www.rosaceae.org/Analysis/9450778; Liu et al., 2020) en BWA-MEM v.0.7.17. El llamado de variantes SNP se efectuará con el programa GATK-HC v.4.1.9.0. Este proceso será efectuado de forma independiente para los sets de secuencias de cada variedad, para luego generar un archivo vcf que reunirá las variantes de todos los parentales. De acuerdo a resultados previos de nuestro grupo de investigación (Salazar et al., 2019), se espera obtener un promedio cercano a 400 K SNPs para las 15 líneas fundadoras. Este panel de alta densidad de marcadores (llamado SNPlum-HD), representará el universo de variantes presentes en las variedades fundadoras del PMG de Ciruelas y será fundamental para la imputación de genotipos 2dRAD-seq (ver punto Obj1-4.a y Obj1-4.b).

3. Genotipificación por secuenciación (2bRAD-seq) para las poblaciones VP, TP y SP.

a. Librerías y secuenciación. Dado que no existen, a la fecha, paneles de genotipificación de SNP a gran escala para ciruelo japonés, en este proyecto se empleará la estrategia de genotipificación por secuenciación 2bRAD-seq, en la cual se caracteriza las secuencias en miles de sitios uniformemente distribuidos en el genoma y hace posible la detección de las variantes de cualquier individuo de manera flexible, sin limitarse a un número fijo de marcadores SNPs. En este tipo de aproximación, se reduce la complejidad del DNA al secuenciar fragmentos generados por el uso de enzimas de restricción IIB, las que además garantizan uniformidad en el tamaño de las lecturas generadas (Wang et al., 2012). Los DNA de los 1500 individuos de las poblaciones (TP, VP y SP) serán enviados en formato de placas de 96 pocillos al Instituto IGATech (Udine - Italia), donde se llevará a cabo un control de calidad de los DNA y se construirán librerías 2bRAD-seq (150 PE), las cuales serán secuenciadas con una plataforma HiSeq Xten, generando ~1 Gpb por individuo (cobertura promedio de 4x). Los datos crudos (fastq) serán depositados en un servidor ftp para su posterior análisis.

b. Genotipificación desde datos 2bRAD-seq. El filtrado y recorte de las secuencias obtenidas en el punto anterior se hará de manera similar a Obj1.2.a. Para el empalme entre lecturas (*reads*) y alineamiento de las lecturas contra el genoma de referencia, se utilizarán los paquetes Pear v.0.9.6 y SOAP (Li et al., 2008), respectivamente. El genotipificado se efectuará utilizando el software RADtyping (Fu et al., 2013), utilizando una aproximación de máxima verosimilitud. Posteriormente, se eliminarán todas las variantes que reporten una tasa de datos nulos < 80%, una MAF > a 0.01, y con un número de alelos distinto a 2. Se verificará la validez de las llamadas de SNP 2bRAD-seq mediante comparación cruzada con las variantes obtenidas en Obj1.2.b, tal que si una variante SNP (llamada desde 2bRAD-seq) no ha sido llamada desde la re-secuenciación de progenitores F0, ésta



no será considerada. Con esta aproximación y según los resultados previos mostrados en el siguiente párrafo, se espera llegar a un mínimo de 5000 SNPs de alta calidad, cuyos genotipos para los 1200 individuos (900 TP y 300 VP) individuos serán uno de los datos de entrada para la construcción y validación de los modelos para los distintos rasgos a fenotipificar. Este panel de +5000 SNPs (densidad de marcadores media) se llamará “SNPlum-MD”.


Cabe destacar que nuestro equipo de investigación ha utilizado exitosamente las estrategias de genotipificación similares a la presente propuesta, mediante GBS de una progenie F1 (‘98.99’ x ‘Angeleno’; n = 162), y la comparación cruzada con datos de re-secuenciación del genoma de los progenitores, lo cual permitió obtener un total de 7429 SNPs que segregaron correctamente. (Salazar et al., 2020). Con 1200 individuos, un total de 5000 SNPs debiera ser suficiente para saturar los bloques de LD presentes en la TP y VP, y con ello representar a los genotipos de los 1200 individuos con una buena resolución a nivel genómico.

4. Imputación de datos genotípicos.

a. Imputación de genotipos en las TP y VP desde SNPs de progenitores F0. Los productos de re-secuenciación 100x de la población F0 (SNPlum-HD) serán utilizados para imputar (predecir) los genotipos de las poblaciones TP y, de modo de saturar la cantidad de marcadores incluidos en los modelos GS, y de esta manera, incrementar su capacidad predictiva en la predicción de los rasgos fenotípicos. Mediante el uso del panel SNPlum-HD, las posiciones de acuerdo con el genoma de referencia, y la información del pedigrí de las familias, se imputarán los genotipos 2bRAD-seq de las progenies (SNPlum-MD, en TP+VP, n = 1200 individuos), de acuerdo con Yoshida et al. (2018), en el software FImpute v2.2 (Sargolzaei et al., 2014). La precisión de la imputación de datos se calculará como la correlación entre los genotipos verdaderos y los imputados para la descendencia genotipificada mediante 2bRAD-seq, según lo descrito en el punto Obj1.3). Los SNP imputados con una precisión < 0,9 se descartarán para los análisis de predicción genómica. Después de la imputación, la calidad de los genotipos también se filtrará considerando el equilibrio de Hardy-Weinberg (valor p < 1E-3), MAF < 0,05 y la tasa de llamada para SNP/muestras < 0,90. El control de calidad de los genotipos se realizará mediante el módulo PREGSF90, implementado en el software estadístico BLUPF90. El panel de SNP imputado para los 1200 individuos (TP+VP) se llamará SNPlum-HDi.

5. Análisis de paternidad por SNPs y constitución de pedigrís definitivos.

a. Los miembros de las poblaciones descritas en el punto Obj1-1.a han sido generados por polinizaciones controladas, diseñadas para el PMG de ciruela. No obstante, la probabilidad de cruzamientos inespecíficos y baja exactitud del pedigrí de las poblaciones puede ser un factor importante para la implementación y evaluación de los modelos GS. De hecho, la información de pedigrí es necesaria para establecer el modelo ssGBLUP en los objetivos específicos 3 y 4. Por lo tanto, la presente propuesta también contemplará determinar el pedigrí de cada individuo a nivel genotípico, y de esta manera complementar la información necesaria para la construcción de los modelos GS. Para ello, se analizarán los genotipos de la población F0 y de 1500 individuos (TP, VP y SP) en un conjunto de SNPs que permitan la identificación del parental dador de polen (padre) de cada individuo, asumiendo conocer la identidad de la madre. En cada familia se considerará un set distinto de SNPs, que dependerá de los genotipos en los padres. Estos SNP serán tomados desde las llamadas de variantes efectuada en el punto 3, y deberán cumplir con ser homocigotos en la madre, heterocigotos en el supuesto padre y estar distribuidos en todo el genoma. De este modo, se identificarán aquellos individuos heterocigotos para estos SNPs, i.e., aquellos individuos que porten el alelo exclusivo de cada supuesto padre se considerarán como los miembros de cada familia. El



análisis de paternidad será implementado en *Apparent*, un paquete disponible en las librerías de R (Melo y Hale 2019).

Objetivo 2.- Caracterizar fenotípicamente al menos a 1200 individuos del Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile, para los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles del fruto.


1. Fenotipificación en las poblaciones TP y VP en dos temporadas. La caracterización fenotípica de al menos 2000 árboles será realizada de acuerdo a Salazar et al. (2020). Para cada uno de los individuos de las TP y VP, así como sus correspondientes progenitores, se registrará la fecha de floración (FF) cuando un 50% de las flores del árbol se hayan abierto completamente. La fecha de cosecha (FC) será registrada como el día en que los frutos alcancen un índice IAD entre 1 y 1,4 (medido con el dispositivo DAmeter; Sinteleia, Italia), y una firmeza cercana de 40 N. La métrica tanto para FF y FC será expresada como el número de días transcurridos desde el 1 de julio del mismo año de evaluación. En el momento de cosecha, se recolectarán 10 frutos por individuo, uniformes en tamaño y color externo, los cuales se mantendrán a 20 °C por 24 h. Después de este período, a cada fruto se medirá la masa con una balanza de laboratorio y su contenido de sólidos solubles con un refractómetro digital PAL-BX|ACID5 (Atago, Japón). Estos análisis se harán para las temporadas 2023-2024 y 2024-2025, obteniendo así datos fundamentales para la construcción de modelos GS para fecha de floración (FF), fecha de cosecha (FC), peso del fruto (PF) y contenido de sólidos solubles del fruto (CSS).

Objetivo 3.- Desarrollar modelos de predicción genómica (ssGBLUP) de los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, fecha del desarrollo, peso y contenido de sólidos solubles del fruto, evaluados en el Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.

1. Construcción y desarrollo de modelos de predicción genómica: Para la predicción de los rasgos fenotípicos mencionados en el objetivo 2, se utilizará el enfoque de single-step GBLUP (ssGBLUP), el cual consiste en el uso combinado de información genómica, de pedigrí y fenotípica en un procedimiento de un solo paso para predecir un fenotipo (o bien, el mérito genético) de interés. El modelo de predicción se describe por la siguiente fórmula (Biscarini et al., 2017):

$$y = Xb + Qv + Za + e \quad (1)$$

donde y es el vector de observaciones fenotípicas para un rasgo (Obj2), b es un vector de efecto fijo de la temporada (esto es, 2023-2024 y 2024-2025) y v corresponde al efecto del índice IAD en cada réplica, el cual es incorporado en el modelo como una covariable; X y Q son las matrices de incidencia que relaciona y con b y v , Z es la matriz que relaciona a con y , a es el vector de efectos aditivos y e es el vector de residuos. Se asume que, a tiene distribución normal $\sim N(0, H\sigma_a^2)$ donde H corresponde a la matriz de numerador o de coeficientes de Wright (A ; basado en la información de pedigrí (corregida a nivel genotípico; ver Objetivo 1, punto 5) combinada con la matriz de parentesco genómico G (VanRaden, 2008). σ_a^2 corresponde a la varianza genética aditiva. Este método se ha aplicado en especies vegetales de polinización abierta como *Citrus* y *Eucalyptus* (Imai et al., 2019; Cappa et al., 2019), los cuales han demostrado tener una mejor capacidad predictiva que el método tradicional de GBLUP para rasgos de diferentes arquitecturas genéticas. En el caso



de los modelos ssGBLUP, la matriz aditiva combinada de parentesco (H ; Legarra et al., 2009; Aguilar et al., 2010), es descrita de la siguiente manera (inversa):

$$H^{-1} = A^{-1} + [0 \ 0 \ 0 \ G^{-1} - A_{22}^{-1}] \quad (2)$$

donde A^{-1} es la matriz de relación de numerador inversa, A_{22}^{-1} es la inversa de una matriz de relación basada en pedigrí para plantas genotipificadas (toda la TP en este caso) y G^{-1} es la matriz inversa de relación genómica. Por lo tanto, la siguiente ecuación es utilizada para predecir los valores genéticos a partir del modelo ssGBLUP:

$$\hat{u} = (Z'MZ + \lambda H^{-1})^{-1} Z'My \quad (3)$$


donde $\lambda = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2}$ y M es una matriz de proyección. Las matrices A^{-1} y H^{-1} se calcularán utilizando el software airemlf90 y preGSf90, respectivamente; y \hat{u} (GEBV, predictores de valor genético en base a genotipo y datos genealógicos) se calcularán utilizando el software airemlf90, implementados en BLUPF90 (Aguilar et al., 2010 y 2011; Misztal et al., 2002).

Objetivo 4.- Evaluar la capacidad predictiva y validar los modelos de selección genómica (ssGBLUP) para los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles del fruto, evaluados en el Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.

1.- Validación cruzada de los modelos de predicción genómica ssGBLUP. La capacidad predictiva de los modelos ssGBLUP será determinada basado en una validación cruzada. Teniendo en cuenta que la capacidad predictiva de un modelo depende de factores adicionales al número de variables predictoras y los supuestos analíticos del modelo (esto es, tamaño efectivo de población, estructura genética de población, historial de selección, entre otros), los individuos que conformarán las poblaciones TP y VP serán aleatoriamente seleccionados. La capacidad predictiva de cada modelo de predicción será calculada como el valor de correlación de Pearson entre las observaciones fenotípicas en bruto de la VP y los valores predichos por el modelo entrenado a partir de la TP. Las observaciones fenotípicas se dividirán aleatoriamente en 5 subconjuntos, de aproximadamente el mismo tamaño (Biscarini et al., 2017). En este contexto, las observaciones en uno de los subconjuntos serán consideradas como datos perdidos, y serán predichas por el modelo entrenado con el resto de los individuos. El valor de capacidad predictiva informado será el valor promedio de cada valor de correlación entre el fenotipo observado y observación predicha en cada ciclo de validación. Cumpliendo con estos objetivos, se podrá demostrar la hipótesis de esta propuesta.

2.- Determinación de un set de SNPs de baja densidad (SNPlumX). Como resultado adicional en esta propuesta, proponemos establecer un panel de baja densidad de SNPs. Este panel (SNPlumX) ha sido ideado para ofrecer una alternativa a un costo mínimo de genotipificación, aplicable a los modelos generados en esta propuesta, en futuras temporadas de cruza y selección, y para distintos rasgos. Por lo tanto, el modelo ssGBLUP, descrito anteriormente para cada característica, será implementado considerando diferentes densidades de marcadores: 100, 500, 1000..., n ; con n como el número máximo de marcadores disponibles. Los sets de marcadores serán seleccionados de acuerdo a la magnitud de los efectos (rankeados por su valor absoluto) de estos marcadores sobre cada rasgo fenotípico, según el siguiente modelo (Resende et al., 2012):


$$y = X\beta + Zm + \varepsilon$$



donde, y es el vector de observaciones fenotípicas para un rasgo, β es el vector de efectos fijos (descrito anteriormente), X es la matriz de incidencia que relaciona y y con β , Z es la matriz que relaciona m con y , m corresponde al efecto de los marcadores sobre cada fenotipo (más detalles en Resende et al., 2012). La capacidad predictiva será estimada para cada modelo ssGBLUP, con diferentes densidades de marcadores, por lo tanto, el modelo de predicción con el valor más alto de capacidad predictiva será llamado como “GSPlum1.0”. El valor estadísticamente diferente, y más alto, será determinado por un análisis de varianza, en conjunto con una prueba de Tukey de comparación de medias, en cual se compararán los valores promedio de capacidad predictiva para cada modelo.

3. Genotipificación de población de selección con panel SNPlumX. La población SP será genotipada utilizando el panel de SNP que permitió la mayor capacidad predictiva para cada rasgo (Modelo GSPlum1.0), mediante la tecnología SNP-SEQ (LGC labs, EUA; anexo 2), donde se realizará una predicción de los valores fenotípicos esperados por el modelo GSPlum1.0. De este modo, se pondrá a prueba y simulará un contexto real la utilidad de los modelos ssGBLUP en la predicción y selección de los rasgos fenotípicos de interés (y para futuras poblaciones candidatas a selección por predicción genómica).

4. Propagación de individuos con mayores GEBV. Finalmente, con el objetivo de validar empíricamente la utilidad de la selección basada en ssGBLUP, ~ 15 plantas (5%) que reúnan los mayores valores GEBV en los rasgos PF (2,5% de la SP) y CSS (2,5% de la SP) serán establecidas en condiciones de campo y serán propagadas (6 réplicas por individuo seleccionado) con el fin de evaluar su superioridad en cuanto a los caracteres bajo selección. Cabe señalar que escogimos sólo los rasgos PF y CSS, ya que corresponden a un primer criterio de selección en campo. Se incluirán adicionalmente en esta prueba dos individuos con los GEBV más bajos para ambos rasgos (6 réplicas por individuo), para comprobar la efectiva diferencia fenotípica entre los extremos estimados por estos modelos.



Declare las certificaciones o permisos especiales con que debe cumplir su propuesta. Seleccione con una "X" la opción correspondiente.

Declare las certificaciones o permisos especiales con que debe cumplir su propuesta. Seleccione con una "X" la opción correspondiente.

CERTIFICADO	Marque su opción con una "X"
Ética	
Bioética	
Bioseguridad	
Sitio Arqueológico	
Área Silvestre	
Introducción de especies protegidas	
Bases de datos que contengan información sensible	
Otro (señale cual)	
No necesita certificaciones o permisos especiales	X

1.8 Resultados comprometidos

1.8.1 Resultado de producción e hitos

Título del Resultado de Producción e Hitos	Breve Descripción
Resultado Producción N°1 “Modelos de predicción genómica para cinco rasgos de importancia productiva y de calidad en ciruela (GSPlum 1.0)”	<p>GSPlum 1.0 consistirá en un modelo lineal mixto capaz de relacionar la magnitud en un fenotipo de un individuo (como el peso del fruto o el contenido de sólidos solubles) con su genotipo (miles de SNP), pedigrí, teniendo en cuenta el efecto de variables ambientales como la temporada. Una vez consolidado el modelo (relaciones fenotipo-genotipo de 1200 individuos), será utilizado para predecir el dato fenotípico de uno o varios individuos a partir sólo de sus datos genotípicos en una población de validación de modelo (VP) y selección (SP).</p> <p>El modelo será construido con datos genotípicos (panel SNPlum-HDi) y fenotípicos (2 temporadas) de 900 individuos (población entrenamiento, TP), el cual será validado con datos genotípicos y fenotípicos de 300 individuos (población validación, VP), y puesto a prueba a escala experimental en 300 individuos (población selección, SP).</p> <p>GSPlum 1.0 podrá predecir el mérito genético en rasgos frutales de forma anticipada (plantas de 3-4 meses de edad), permitiendo llevar a cabo una selección temprana de plantas, antes de llevar a desarrollo en campo. Esto permitirá manejar un mayor número inicial de plantas, reducir costos de campo, y concentrar esfuerzos de caracterización de fenotipos complejos (textura, post-cosecha) en una menor cantidad de plantas. Se espera que GSPlum 1.0 tenga una capacidad predictiva de al menos un 70%, y permita aumentar la tasa de generación de selecciones avanzadas respecto de las plantas en campo.</p>
Hito N°1 “Obtención de matrices genotípicas y paneles SNP”	<p>Caracterización genotípica (mediante marcadores SNP) de 20 variedades fundadoras del PMG de ciruela, y en 1200 individuos provenientes de cruzamientos entre estas variedades. Esto se obtendrá complementando la re-secuenciación de genoma completo (100x), la genotipificación 2bRAD-seq e imputando los genotipos. Estos datos son cruciales para la generación y validación de los modelos GSPlum.</p>
Hito N°2 “Datos fenotípicos en dos temporadas”	<p>Determinación de datos de fecha de floración, fecha de cosecha, período de desarrollo del fruto, peso del fruto y contenido de sólidos solubles del fruto, para 1200 individuos (poblaciones TP y VP), cruciales para la construcción y validación inicial de los modelos de predicción genómica.</p>

Hito N°3 “Modelo de predicción final”	Obtención del modelo lineal mixto GSPlum 1.0, y sus respectivas matrices aditivas que relacionan fenotipo y genotipo (matrices H, A, G, Z, M y M'), las cuales permitirán el cálculo de los méritos genéticos predichos y fenotipos predichos para cada individuo, sobre la base de cada característica fenotípica evaluada. Estos méritos genéticos serán calculados considerando al menos dos temporadas de evaluación.
Hito N°4 “Evaluación de ventajas y desventajas de GS”	Evaluación y comparación de los escenarios de la aplicación (y no aplicación) de los modelos GSPlum 1.0 para cada rasgo fenotípico, lo cual será chequeo en condiciones de campo.

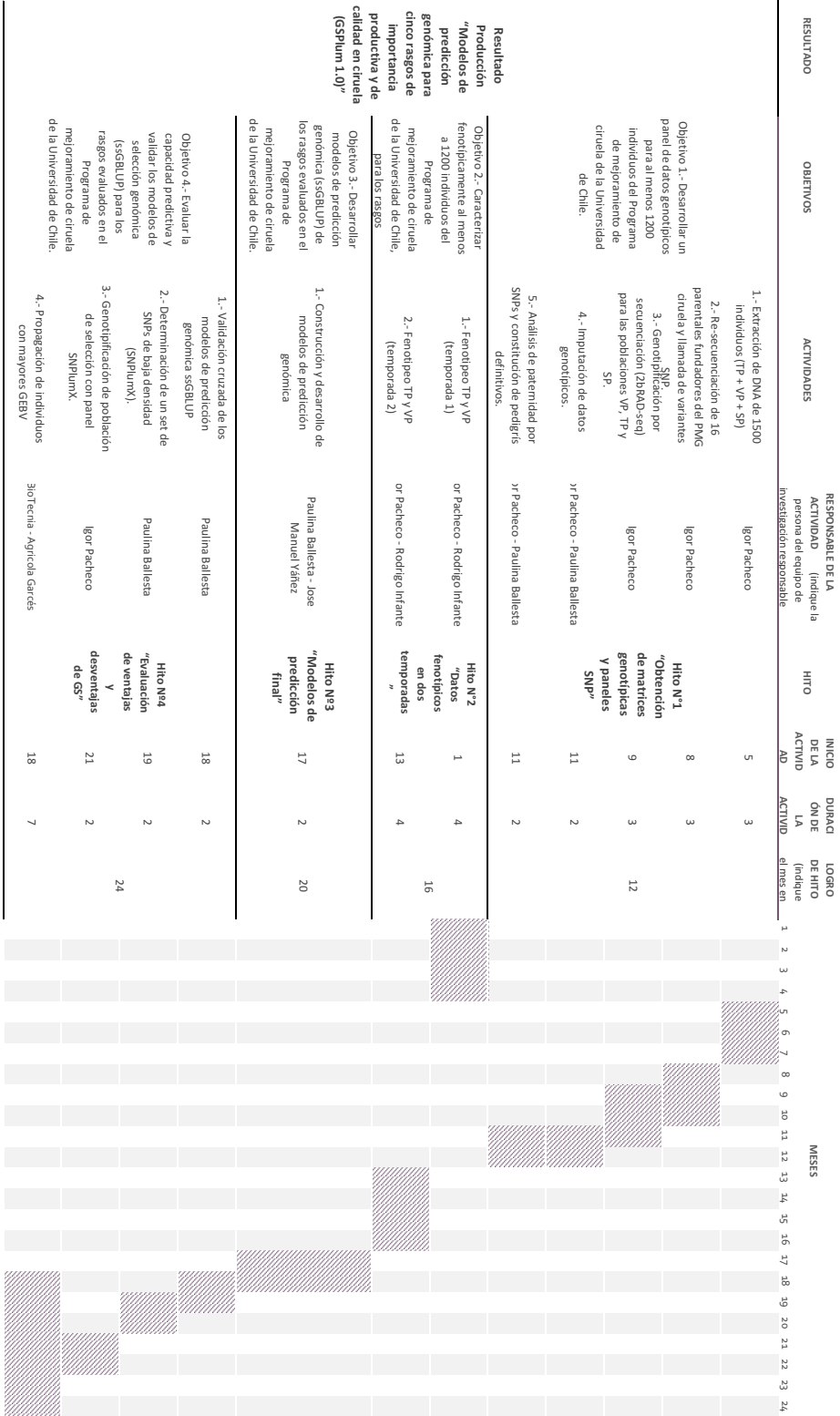
1.8.2 Otros resultados

Nombre del Resultado	Breve descripción
Resultados de Protección “Panel SNPlumX” para cada rasgo fenotípico.	Se solicitará la protección del Derecho del Obtentor en Chile, Estados Unidos y Europa para el uso en selección genómica para cada uno de los rasgos estudiados en esta propuesta, de un set de secuencias y variantes de bajo costo de genotipificación, a utilizarse como marcadores genéticos en los modelos GS de alta capacidad predictiva (GSPlum 1.0).
Resultado Producción Científica N°1 “Paneles de baja densidad de SNPs (SNPlumX) en ciruelo japonés”	SNPlumX es un conjunto de paneles de SNP (uno para aplicar al modelo de predicción de cada rasgo), que permitirá genotipificar a bajo costo cualquier individuo, selección o variedad de ciruelo japonés (<i>Prunus salicina</i> L.). Consiste en información respecto a variantes a nivel genómico, las cuales se encuentran mapeadas de acuerdo al genoma de referencia de <i>P. salicina</i> . Este panel de marcadores será generado a partir de 20 variedades fundadoras del PMG de ciruelos (SNPlum-HD) y de las variantes imputadas en los 1200 individuos incluidos (SNPlum-HDi). Desde estos paneles, compuestos de ~400000 SNP, se seleccionará un número mínimo de SNPs, informativos para los modelos de cada rasgo. Su validación se llevará a cabo al momento de genotipificar una población de prueba de selección (SP, n=300).



	<p>Dado su bajo costo (aprox. 3,9 usd/muestra), estos paneles podrán reemplazar otras plataformas de genotipificación rápida como los marcadores microsatélite (SSR), los cuales son menos informativos que los SNP, laboriosos y de mayor costo.</p>
<p>Resultado de Producción Científica N°2. “Análisis de diversidad genética en el PMG de ciruelos” y “Evaluación de rendimiento al aplicar selección genómica en ciruelos”</p>	<p>Ambos tipos de estudios se desarrollarán en el marco de dos tesis de pregrado y/o magíster, los cuales conducirán a la publicación de artículos científicos en revistas de corriente principal.</p>
<p>Resultado de Colaboración</p>	<p>Consolidación de la colaboración entre empresas agrícolas y un programa público de mejoramiento genético, a través de la aplicación de tecnologías de predicción basadas en genotipos. Este resultado se plasmará hacia el final del período de ejecución de esta propuesta en un acuerdo formal de colaboración entre las entidades participantes, además de eventuales nuevos participantes. En estos acuerdos se establecerán las condiciones en que cada participante trabaje con las selecciones identificadas (y eventualmente variedades), y contribuya al futuro empaquetamiento de esta tecnología para otros modelos o rasgos.</p>
<p>Resultado de Formación de Capacidades “Entrenamiento postdoctoral en modelos de predicción genómica”</p>	<p>Formación de dos profesionales especializados en el análisis genético avanzado en frutales. Preparación de un profesional con grado de doctor en cada una de las etapas que lleva a la aplicación de selección genómica en programas de mejora frutal de ciruelo.</p>

1.9 Planificación de actividades (carta Gantt)






2. Estrategia de desarrollo y de transferencia tecnológica y estimación del impacto económico y social.

2.1 Producto, proceso o servicio a desarrollar.

En este proyecto se buscará aplicar una metodología de selección en base a información genómica, para acelerar los ciclos de selecciones avanzadas y generación de nuevas variedades en los programas de mejora genética frutal. El proceso que se pretende desarrollar consiste en la construcción de modelos de predicción de rasgos fenotípico de interés comercial, a partir de datos genotípicos masivos, los que en esta propuesta serán tomados desde familias que conforman el Programa de mejora genética de ciruelos, actualmente activo. Los métodos que serán aplicados (modelo GSplum1.0), permitirán una selección anticipada de individuos, prometiendo una reducción en los esfuerzos de análisis fenotípico a gran escala para caracteres decisivos en las primeras fases de la selección (estos son, peso del fruto y sólidos solubles). Luego de implementar esta herramienta de selección, y considerando los resultados esperados, se busca tener un impacto con la generación de dos diferentes productos/servicios, explicados a continuación.

1. Generación de variedades. Como se ha mencionado a lo largo de la presente propuesta, la aplicación de la selección genómica en el PMG de ciruelas (basada en “GSplum1.0”), no generará directamente un producto comercializable (e.g., variedad como material patentable), sino que proporcionará una metodología que permita optimizar y generar una mayor producción de selecciones avanzadas, algunas de las cuales (luego de ser probadas en distintas temporadas y condiciones de campo), podrán convertirse en variedades. Con esto, enfatizamos que el uso de este enfoque traerá al PMG de ciruelas una mayor oportunidad de generar propiedad intelectual. Cabe señalar que las selecciones generadas en el PMG ciruela, son constantemente exhibidas en jornadas de campo a productores del rubro, cuya opinión acerca de la calidad de las nuevas selecciones de fruta es crucial para identificar variedades potenciales. Prevemos un impacto directo en el número de variedades generadas cada 4 años (tiempo generacional del ciruelo), el cual está dado por disponer de un mayor número de opciones para seleccionar de forma colaborativa. Como se detalla en la próxima sección (2.2. Ventajas comparativas), la generación de un mayor número de variedades traerá una serie de beneficios para el sector frutícola, así como una serie de externalidades en las regiones de producción de ciruelas. La aplicación de una metodología que potencie la creación de propiedad intelectual (como son las variedades vegetales) podría generar un cambio de la posición de Chile en el mercado mundial, proyectándose no sólo como a un productor/exportador de fruta, sino que como un proveedor de nuevas genéticas de *elite* en la fruticultura mundial. Por estas razones, y considerando que el principal beneficiario de esta propuesta es una universidad pública, consideramos que los modelos de predicción genómica de alta capacidad predictiva (GSPlum1.0) generados en esta propuesta pueden ser considerados como bienes de interés público.

2. Panel de genotipificación de baja densidad “SNPlumX”. Este producto de investigación ha sido inicialmente proyectado para genotipificar de manera económica (3,9 usd/muestra) nuevas generaciones de plántulas, en los sucesivos ciclos de selección anticipada del PMG de ciruelas, y que




permita predecir diferentes rasgos fenotípicos de interés para los productores de ciruelos. Sin embargo, el Panel de marcadores SNP podría ser aplicado en otros programas de mejora genética del mundo, el cual podría suponer una ganancia en términos de royalties para el equipo de trabajo, que podría incluso sostener la genotipificación de plántulas para la aplicación de los modelos GSPlum. Además, este panel puede ser aplicado para el reconocimiento certero de variedades, de modo de mantener un nivel de trazabilidad de las plantas propagadas, y así proteger la propiedad intelectual de las variedades generadas en los distintos PMG, en un rubro donde la propagación ilegal de variedades vegetales es frecuente. Por último, este panel podrá utilizarse en estudios de investigación de la genética de caracteres complejos (análisis de QTL y GWAS), en un contexto académico. En este proyecto, SNPlumX será presentado como un producto cuyos datos serán generados a través de un servicio externo (plataforma SNP-SEQ de LGC-Biosearch Technologies). Sin embargo, en etapas futuras de desarrollo de servicio, su ejecución podrá llevarse a cabo en los laboratorios de las beneficiarias (U. de Chile).

2.2 Ventajas competitivas.

Los resultados previos obtenidos por el PMG de ciruela sugieren que, en promedio por temporada, por cada 2500 plántulas que se transfieren a condiciones de campo, sólo 3 de ellas (~0,12%) son identificadas posteriormente como selecciones. A modo de proyección, si la aplicación del modelo GSplum1.0 permitiera seleccionar un 20% de las plantas con mejor mérito genético para un rasgo (o más de uno), y además es acompañada de un aumento en un 50% en la generación de plántulas, las pruebas de campo estarían llevándose a cabo con un total de 750 plantas por temporada, proyectándose en promedio 4,5 selecciones por temporada de cruzamiento, y lográndose un 0,6% de selecciones, lo cual representa un número de selecciones 5 veces mayor por temporada. Este escenario también conlleva a un importante ahorro en recursos de campo. Si además se considera que por cada generación de cruza (4 años) es posible aumentar en promedio 1,5 °Brix del CSS de frutos, tomando como base genética a la variedad 'Purple Honey' (inicialmente llamada 'Sweet Pekeetah', 18 °Brix, madre de varias progenies que forman parte de GSplum1.0), se podría obtener a un menor plazo variedades con 20 °Brix. En este escenario hipotético se podría fácilmente reemplazar a "Sugar Plum" (*Prunus domestica* L. cv. 'D'Agen' consumida en fresco en los mercados chinos por su alto dulzor), por variedades chilenas de ciruela japonesa.

La reciente apertura del mercado chino (cuyos consumidores prefieren fruta más dulce) a las exportaciones de fruta chilena abre una importante ventana de ingresos para el sector frutícola. Suponiendo la generación de una variedad que reemplace a "Sugar Plum", para que su superficie plantada proyectada al 2023 sea de 180 Ha (proyección de 'Purple Honey'), considerando una productividad promedio de 21 Ton por hectárea y un precio similar al actual de 'Sugar Plum' (US\$ 1,22/Kg FOB; El Mercurio, 2020), durante los primeros años de la propagación de la variedad se obtendrían ganancias de 4,7 millones de dólares al año, con las externalidades socio-económicas positivas que esta ganancia traería a las regiones de producción de ciruelas en Chile. Además, debemos considerar las utilidades que obtendrían los viveros que comercialicen la nueva variedad: para la plantación de 180 Ha, se venderían unas 280.000 plantas, de un valor de 840 mil dólares. Por último, debemos considerar las nuevas entradas para el PMG por concepto de regalías por la explotación de propiedad intelectual, considerando un royalty de 2 dólares por planta, una extensión 180 Ha plantadas (x 1500 plantas/Ha = 270.000 plantas) llevaría una recaudación aproximada de 540 mil dólares.



Adicionalmente, el aumento en la tasa de identificación de selecciones podría potenciar la disponibilidad de tipologías de fruto aptas para distintos tipos de consumidores, como europeos o estadounidenses, los cuales muestran preferencias por frutos más grandes y con una mayor acidez.

2.3 Identificación de etapas futuras y tiempo estimado para la comercialización y/o masificación.

Una vez consolidado el funcionamiento de los modelos GSPlum y el panel SNPlumX, se proyectan las etapas que se detallan a continuación. Estas consideran la mejora de los modelos y el aumento de los rasgos a predecir. Además, permitirán aplicar estos modelos a una mayor cantidad de contextos genéticos y de diferentes rasgos a predecir.

1. Perfeccionamiento de los modelos (*e.g.*, GSPlum v 2.0), mediante la inclusión de nuevas familias generadas con variedades provenientes de otros programas de mejora (EUA, Sudáfrica, China, España, Italia, Australia) con el objetivo de aumentar el *background* genético, y con ello predecir su pedigrí con una alta capacidad predictiva. El logro de este objetivo se proyectaría desde el año 2024, período en que se podrían establecer colaboraciones con otros programas de mejora. La ampliación en el número de familias a considerar a futuro, tendrá una repercusión en la generación de un nuevo panel de genotipificación a baja densidad.

2. Predicción de rasgos adicionales. Se proyecta la generación de modelos de predicción para características de mayor complejidad como la textura y comportamiento de post-cosecha, y de caracteres vegetativos, aplicables a la generación de porta-injertos mejorados, tales como el vigor, eficiencia del uso de agua y resistencia a enfermedades, en un plazo de 4 años (2025).


3. Diseño de cruza basado en los méritos genéticos genómicos (GEBV) (desde 2024). La estimación de los valores genéticos en base a genotipos SNP, además de la identificación de las plántulas más prometedoras en términos de los rasgos analizados, permitirá identificar líneas parentales, los cuales serán utilizados para diseñar nuevos cruzamientos, y proyectar los valores genéticos de los individuos resultantes. Esto tendrá un posible impacto en una mejora genética progresiva de los rasgos de interés para la comercialización de la ciruela.

4. En el caso de un efectivo aumento en la eficiencia del PMG de ciruelas gracias al uso de los modelos de predicción GSPlum, una etapa futura será el empaquetamiento del servicio de selección genómica para otras especies frutales. Como se indicó en la sección “Estado del arte”, en Chile existen al menos 6 programas de mejora genética de frutales activos, los cuales podrían ser beneficiados con la aplicación de estos modelos de predicción y selección.

2.4 Mercado potencial o población objetivo.

Como se mencionó anteriormente, la generación de nuevas variedades en un plazo de 6 a 8 años tendrá un impacto directo en las empresas productoras y exportadoras asociadas con el PMG de ciruelas, y en viveros que puedan comercializar las plantas de las nuevas variedades. Este crecimiento en el sector de producción y exportación frutícola nacional, traerá externalidades socio-económicas positivas, como la mayor oferta de trabajos y el aumento de ingresos en las regiones productoras de ciruela.

La aplicación de GSPlum1.0 en PMG de ciruelos en el extranjero (*e.g.*, España, Sudáfrica, China), así como la aplicación de la selección genómica en otras especies frutales, están consideradas como



las posibilidades que se visualizan en un futuro, y que podrían facilitar la implementación de un servicio de predicción genómica aplicado a árboles frutales. Si bien el mercado es relativamente pequeño en términos de número de potenciales usuarios (a nivel nacional), la construcción de un servicio de selección genómica podría ser un servicio permanente, el cual permitiría generar utilidades de volumen estable en el mediano plazo, tal que sostengan actividades de investigación para la generación de nuevas metodologías de predicción que demuestren una mejor capacidad predictiva.


2.5 Entidades Asociadas y Colaboradoras

2.5.1 Pertinencia Entidades Asociadas.

En este proyecto participarán como entidades asociadas las empresas Agrícola Garcés Ltda. y la empresa Biotecnia Espinosa y Urzúa Ltda., que comparten en su quehacer el interés por la generación y uso de materiales mejorados genéticamente para potenciar la actividad frutícola del país. La empresa Agrícola Garcés Ltda., fue fundada en 1965 por Hernán Garcés Vial en San Francisco de Mostazal (VI región). En 1975, llevaron a cabo la primera exportación de fruta tomando el nombre de la comuna en que fue fundada (San Francisco). En sus más de mil hectáreas de campos productivos y desde el año 1999, Agrícola Garcés Ltda. ha experimentado un fuerte crecimiento en todas sus áreas, lo que ha llevado a la compañía a ser un líder en el mercado mundial de cerezas. La misión de la empresa es ser la mejor productora de cerezas y fruta fresca para el consumidor, manteniendo una alta sustentabilidad en sus actividades productivas. Sus exportaciones durante la temporada 2016-2017 corresponden a 40.195 toneladas, las que ascienden a los US\$ 65.722.596. La empresa tiene un fuerte interés por contribuir a la generación y evaluación nuevas variedades de fruta adaptadas al ambiente productivo nacional, participando en iniciativas de mejoramiento genético en frutales tales como el proyecto “‘Sweet Pekeetah’: Un modelo tecnológico-comercial para una nueva variedad chilena de fruta” de Fondef (IT1710069).

Por su parte, Viveros Biotecnia Ltda., es una empresa líder en la propagación *in-vitro* de plantas frutales en laboratorio, y desarrollo de plantas en invernadero, cuyos productos y servicios principales son la obtención de plantas terminadas, y el apoyo de testeo en campo de nuevas variedades. Ha apoyado constantemente proyectos de innovación y aplicación de conocimiento, por ejemplo, en proyectos de mejoramiento del kiwi (D09I1136) y uso de residuos orgánicos para sustratos agrícolas (D03I1063). Viveros Biotecnia ha formado parte de las empresas que colaboran estrechamente con el PMG de ciruelos, participando en la propagación de plantas de la variedad ‘Sweet Pekeetah’. En la presente propuesta, esta empresa contribuirá en la propagación de materiales tempranamente seleccionados, para ser validados en sus campos. Tras el término de la presente propuesta, el equipo de investigación de Biotecnia continuaría colaborando con nuestro equipo de trabajo en la ampliación de la tecnología de selección genómica generada hacia rasgos de compleja evaluación (e.g., características de portainjerto), así como en la participación en la validación de futuras selecciones hechas con el método generado en esta propuesta.

2.6 Estrategia de desarrollo y negocio o masificación



El proceso de selección genómica será llevado a cabo en el INTA-Universidad de Chile, asistiendo al PMG ciruelas (Fac. Cs. Agronómicas – Universidad de Chile) en la generación de selecciones. Será el PMG ciruelas el propietario de las variedades protegidas, y como tal será el recaudador de regalías por explotación de propiedad intelectual. En caso que los resultados de colaboración sean positivos, Agrícola Garcés y Biotecnia Ltda. podrían tener acceso a las primeras pruebas en campo de las variedades seleccionadas. En el mediano plazo, y en caso de que los resultados del proyecto sean positivos, se deberían identificar empresas de viveristas que puedan tener acceso a la comercialización y distribución de plantas de las variedades obtenidas mediante la aplicación de GSPlum 1.0. La plantación de estas variedades en empresas productoras de fruta, y su posterior exportación, generarán ingresos por royalties (*fee* por planta y por caja exportada) que, de acuerdo a las prácticas actuales, serán recaudados en el PMG ciruelas, quienes destinarían un porcentaje de estas ganancias para mantener el funcionamiento anual de GSPlum y su aplicación en el PMG. Este aporte continuo al equipo investigativo servirá por una parte para seleccionar anticipadamente un porcentaje de las plántulas del PMG generadas en cada temporada, que tengan un mayor mérito genético predicho (con el consecuente aumento en la eficiencia de uso de recursos y cantidad de selecciones identificadas), y por otra parte para mejorar constantemente la capacidad predictiva y cobertura de las predicciones de los modelos (amplitud de diversidad genética), así como las herramientas de genotipificación utilizadas.

Respecto del uso y masificación de la herramienta de genotipificación SNPlumX, el INTA-Universidad de Chile (institución del Director del presente proyecto) podrá ser el prestador exclusivo del servicio de genotipificación (*e.g.*, genotipificaciones necesarias para la aplicación de GSPlum 1.0 en temporadas sucesivas de cruzamientos). Este servicio será promocionado en reuniones científicas y ferias comerciales inherentes al ámbito frutícola (*e.g.*, congreso Eucarpia, feria Fruit Attraction, etc.), dirigido a programas de mejora y centros de investigación extranjeros. Una parte de las entradas generadas por concepto de servicio de genotipificación serán recaudadas por el equipo GSPlum para sostener su actividad en el tiempo.

En el caso de que el proceso de selección genómica en ciruelos sea exitoso, podrá ser promocionado a nivel nacional e internacional como un servicio de selección genómica para el mejoramiento genético de frutales, el cual podrá ser empaquetado en propuestas posteriores de Investigación Aplicada, además de poder constituir un servicio de consultorías de mejora genética basada en genómica. En el Anexo 1 – Figura 6, se esquematiza la estrategia de desarrollo. Los destinatarios serán programas de mejora genética nacionales e internacionales, tal como se mencionó anteriormente. Si bien el mercado no es amplio en términos de número de posibles clientes, el servicio ofrecido puede extenderse durante varias temporadas, siendo posible la recaudación de recursos adicionales.

3. Capacidades Científicas y tecnológicas, de gestión y mecanismos de colaboración

3.1 Definición detallada de cargos y funciones

Investigación Científica y Tecnológica

Nombre / RUT	Institución	Cargo en el proyecto	Funciones y capacidades críticas que aporta al proyecto	Dedicación HH/mes	\$MM /HH	Actividades a desarrollar en el proyecto (individualizadas en la carta Gantt)
Igor Pacheco / 13.917.033-4	Universidad de Chile (INTA)	Director	Coordinación general del proyecto. Supervisión de producción de datos y logros de objetivos e interacción entre el equipo de trabajo. Ha participado anteriormente en la aplicación de modelos GBLUP en duraznero, específicamente en la generación de datos fenotípicos y genotípicos, además de su posterior análisis.	36 HH/mes	6670	<ul style="list-style-type: none"> • Supervisión investigador PhD • Chequeo de datos generados • Coordinación entre equipo de trabajo • Escritura de informes, hitos y resultados • Dirección de tesis • Establecimiento de poblaciones • Toma de muestras y extracción de DNA para genotipificación • Envío de muestras para secuenciación (reseq. 100x y 2bRAD-seq) • Análisis de resultados y comparación entre métodos de selección
José Manuel Yáñez / 13.907.649-4	Universidad de Chile (FAVET)	Investigador	Construcción de modelos de predicción de valores genéticos. Experiencia en genómica acuícola y en generación de modelos GBLUP y aplicación en la selección de salmones resistentes a enfermedades.	36 HH/mes	4450	<ul style="list-style-type: none"> • Supervisión del PhD en la generación de modelos ssGBLUP con la TP, • validación y refinamiento de modelos ssGBLUP con VP • Imputación de genotipos para generar SNPlum-HDi

Rodrigo Infante / 8.190.128-7	Universidad de Chile (FCAgr)	Investigador	Director del PMG de Nectarines (2010 – 2021) y del PMG de ciruela. Responsable de generación de 5 variedades de duraznos/nectarines y 1 de ciruela, además de gran número de selecciones avanzadas.	36 HH/mes	4450	<ul style="list-style-type: none"> Supervisión en la toma de datos fenotípicos para PF y CSS en 1200 individuos durante dos temporadas.
Paulina Andrea Ballesta Muñoz / 17.041.554-k	Universidad de Chile (INTA)	Investigador PhD	Doctora en Ciencias mención Ingeniería Genética Vegetal, con gran experiencia en análisis genético estadístico y bioinformática.	24 HH/mes	9400	<ul style="list-style-type: none"> Análisis de datos de paternidad. Envío de muestras a secuenciación Llamadas de SNP desde reseq y 2bRAD-seq: análisis bioinformático. Análisis de datos fenotípicos Corrida de modelos ssGBLUP Elección de SNP para SNPlum500.

Apoyo Administrativo

NN2 (por reclutar)	Universidad de Chile (INTA)	Coordinador(a) contable-financiero (a) del proyecto	Profesional o técnico nivel superior con experiencia en administración, adquisiciones y rendiciones de proyectos FONDEF.	24 HH/mes	8000	<ul style="list-style-type: none"> Gestión de adquisiciones Responsable de rendiciones FONDEF Relación con plataforma FONDEF
--------------------	-----------------------------	---	--	-----------	------	---

3.2 Aporte a la formación de capital humano y capacidades de I+D+i

En este proyecto se destinarán recursos para la formación de dos estudiantes de pregrado o magister en las áreas de biología, biotecnología, bioquímica y/o ciencias agropecuarias.

Cada estudiante estará financiado por un período de 8 meses, en los cuales deberán ser partícipes en la generación de los resultados del proyecto.

Durante el primer año, uno de los estudiantes se dedicará a la generación de datos genotípicos mediante 2bRAD-seq, y la llamada de variantes SNP por métodos bioinformáticos (Objetivo 1/Resultado 1).

Durante el segundo año, el (la) estudiante(a) reclutado(a), generará datos que serán parte del resultado 2, para la comparación de modelos de predicción genómica, considerando diferentes parámetros, y posiblemente en la determinación de la capacidad predictiva en la predicción por modelos GS.

Las labores encomendadas a los(as) tesistas que se recluten permitirán que estos últimos generen capacidades de análisis genómico-bioinformático y de genética-estadística de alta exigencia, mediante el uso de herramientas de análisis de última generación, y aplicadas a la generación de propiedad intelectual y variedades de origen chileno.

Cabe señalar que, en el reclutamiento de tesistas, se dará preferencia a estudiantes mujeres, con el objetivo de dedicar los esfuerzos en la formación de profesionales en el área de la genética aplicada a la producción agropecuaria y al mismo tiempo que contribuimos en la disminución de las brechas de género actualmente existentes en el medio científico.

3.3 Declaración de participaciones comprometidas en otros proyectos

Nombre	2022	2023	2024	2025
1. Igor Pacheco (Director)	Fondecyt 1191446: 88 HH/mes	Fondecyt 1191446: 88 HH/mes	--	--
2. Rodrigo Infante (Director Alterno)	16PTECFs- 66647: 32HH/mes	INNOVA- 16PTECFs-66647: 32HH/mes	INNOVA- 16PTECFs-66647: 32HH/mes	INNOVA- 16PTECFs- 66647: 32HH/mes
3. José Manuel Yáñez (Investigador)	Fondecyt- FAESP: 12 HH/mes Fondecyt - 1191256: 36 HH/mes	--	--	--
4. Paulina Ballesta (investigadora)	Fondecyt 3220494: 150 HH/mes	Fondecyt 3220494: 150 HH/mes	Fondecyt 3220494: 150 HH/mes	--



Moneda 1375
Santiago, Chile
Tel: 56 22 365 4400
www.anid.cl

Gobierno de Chile

Santiago, 23 de diciembre de 2022

CERTIFICADO DE DISPONIBILIDAD PRESUPUESTARIA

De conformidad al presupuesto aprobado para esta institución, en el Decreto Afecto N° 863 de junio de 2022, de la Universidad de Chile, certifico que a la fecha del presente documento, la institución, cuenta con el presupuesto para el financiamiento de la adquisición indicada en Resolución Exenta N° 4263 que autoriza la adquisición del instrumento de laboratorio DAmeter, más despacho, por el monto total de EUR 3.024.- (Tres mil, veinte y cuatro Euros)-

Imputación Presupuestaria	: 2. Compra de Bienes y Servicios 2.6. Otros Servicios
Código Auge	: 120301004
Código Centro de Costo	: 13010803.4603.002 (7067)
Saldo Centro de Costo	: \$ 74.798.500.-

Felipe Urra W.

Director Económico y Administrativo

**COMITÉ ASESOR INTA
ACTA N° 132 DE 2022 ADQUISICIONES
COMITÉ D.U. 1261 DE 2021**

En virtud de lo dispuesto en el artículo N° 8 del Decreto Universitario Exento N° 1261 de Octubre de 2021 que delega facultades a Decanos(as), Directores(as) de institutos, Prorector(a), Virrectores(as) y Director(a) General de Hospital Clínico, que establece que los Decanos(as) de Facultad y Directores(as) de institutos, según corresponda, deberán asesorarse por un Comité de la respectiva Facultad o Instituto para la dictación de los actos que aprueben bases de licitación, tratos directos, adjudicaciones, u otras actuaciones asociadas a los procedimientos de contratación pública establecidos en la Ley N°19.886 y su Reglamento. Este comité operará de acuerdo a lo señalado en el mismo decreto.

Fecha	23 de diciembre de 2022
Materia	Adquisiciones
Asistentes	Todos

Res. Ex. N°	Materia	Monto
4263	Autoriza TD para la adquisición del instrumento de laboratorio DAMeter, más despacho.	EUR 3.024.-
4264	Autoriza TD para la adquisición del servicio de secuenciación.	USD 4.163,40.-
4265	Autoriza TD para la adquisición del servicio de publicación de artículo de investigación en revista "Nutrición Hospitalaria".	EUR 450,00.-

Sobre las bases de lo expuesto, la comisión acuerda autorizar dar curso a los procesos de adquisiciones indicados precedentemente.

Para constancia firman los asistentes,

Sr. Felipe Urra W.
Director Económico y
Administrativo

Prof. Miguel Arredondo Olgún
Subdirector – Ministro de Fe

Prof. Ana María Ronco
Macchiavello
Directora Escuela de
Postgrado

Prof. Francisco Pérez Bravo
Director