



Comisión Nacional de Investigación  
Científica y Tecnológica - CONICYT



COMISIÓN NACIONAL DE INVESTIGACION CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA

VERSION OFICIAL

FECHA: 29/03/2014

**N° PROYECTO :** 1110067

**DURACIÓN :** 3 años

**AÑO ETAPA :** 2013

**TÍTULO PROYECTO :** WHAT DEFINE THE POPULATION GENETIC STRUCTURE IN MARINE PARASITES? AN EVALUATION OF THE ROLE OF A HOST S GUILD USING DIGENEA AS BIOLOGICAL MODEL.

**DISCIPLINA PRINCIPAL :** GENETICA Y EVOLUCION

**GRUPO DE ESTUDIO :** BIOLOGIA 1

**INVESTIGADOR(A) RESPONSABLE :** MARCELO ENRIQUE OLIVA MORENO

**DIRECCIÓN :**

**COMUNA :**

**CIUDAD :** ANTOFAGASTA

**REGIÓN :** II REGION

**FONDO NACIONAL DE DESARROLLO CIENTIFICO Y TECNOLOGICO (FONDECYT)**

Moneda 1375, Santiago de Chile - casilla 297-V, Santiago 21

Telefono: 2435 4350 FAX 2365 4435

Email: informes.fondecyt@conicyt.cl

# INFORME FINAL

## PROYECTO FONDECYT REGULAR

### OBJETIVOS

Cumplimiento de los Objetivos planteados en la etapa final, o pendientes de cumplir. Recuerde que en esta sección debe referirse a objetivos desarrollados, NO listar actividades desarrolladas.

Nº	OBJETIVOS	CUMPLIMIENTO	FUNDAMENTO
1	<p>1) To develop adequate molecular markers to detect genetic structure pattern in parasites populations of <i>P. cf lintoni</i> and <i>H. nimia</i>. For this we aim to:</p> <p>i. Develop a method based on molecular marker to identify the parasites species involved in the present study.</p> <p>ii. Develop de novo microsatellites markers for <i>H. nimia</i> and standardize the existing microsatellite markers to <i>P. cf lintoni</i>.</p> <p>iii. Standardize the procedure for use in natural populations of parasites.</p>	TOTAL	<p>Se amplificó 30 ind. de <i>H. nimia</i> (18S -COI) evidenciando 2 especies de <i>Helicometrina</i> solicitando cambio de modelo a 1 especie con cercanía filogenética: <i>Helicometra fasciata</i>, 52 secuencias (18S y COI), de 3 huéspedes (<i>P. humeralis</i>, <i>A. pictus</i> y <i>L. philippii</i>) evidenciaron la misma especie. Se construyó 1 librería de DNA de <i>H. nimia</i> de 3.303 secuencias con motivo de SSR. Ya que <i>H. nimia</i> constituye 2 especies, se modificó el diseño y búsqueda de partidores de microsatélites para <i>H. fasciata</i>. Se usaron secuencias de <i>H. nimia</i> probando amplificación cruzada en <i>H. fasciata</i> diseñando 50 partidores. Para la estandarización, se eligió 10 loci que amplificaron para <i>H. fasciata</i> y se observan polimórficos en agarosa al 2%. Análisis de 40 secuencias de <i>H. fasciata</i> con HRMA mostró ser útil para detectar SSR, en este caso no fue resolutiva, diseñando nuevos loci a partir de <i>H. fasciata</i>. Se generó una librería de secuencias con motivos SSR, seleccionando 20 loci evaluándose polimorfismo in silico</p>

2	<p>To evaluate the role of the ability to dispersal and complex life cycle in the genetic population structure of population in <i>P. cf lintoni</i> and <i>H.nimia</i>. For this we aim to:</p> <p>i. Collect samples from each parasites species and host species.</p> <p>ii. DNA extraction, PCR amplification and genotyping of at least 10 anonymous microsatellite loci for each parasite species.</p> <p>iii. Compare the genetic diversity and population structure across parasites populations using a spatial arrangement of strata approach.</p>	TOTAL	<p>Analisis de ind. de <i>P. cf. lintoni</i> de lapas y el pejesapo indica que independiente de la vagilidad del huesped, parásitos conforman 1 poblacion, con alta diversidad genética (<math>H_e</math>) y riqueza alélica y un <math>F_{is}</math> cercano a 0. Se detectaron 3 mecanismos de reproducción sexual: selfing y fecundación cruzada uniparental/multiparental, estrategia congruente con la <math>H_e</math> encontrada en metacercarias progeneticas libres, en oposición al único estudio relacionado en que se detecta una baja <math>H_e</math>, asociada a la capacidad de generar o no pared quística.</p> <p>Para el nuevo modelo se colectaron 139 ind., de ellos 40 se usaron para amplificación cruzada utilizando SSR diseñados para <i>H. nimia</i>, 52 fueron usados en secuenciación del 18S y COI, el resto fue usado para extracción de ADN de buena calidad para una nueva librería genómica para <i>H. fasciata</i>. Resultados sugieren que para parásitos obtenidos de <i>L. philippi</i> la <math>H_e</math> y nucleotidica es baja en contraste a lo observado en parásitos de <i>P. humeralis</i></p>
3	<p>To evaluate if alternatively, the GPS in digenea is a host species-dependent process in both invertebrate and vertebrate. For this we aim to:</p> <p>i. Compare the GPS within each host species.</p> <p>ii. Compare the GPS between the guild of host species: Fissurellids and <i>S. sanguineus</i> for <i>P. cf lintoni</i> and the fish hosts guild: <i>Acanthistius pictus</i>, <i>Anisotremus scapularis</i>, <i>Cheilodactylus variegatus</i>, <i>Paralabrax humeralis</i>, <i>Pinguipes chilensis</i> and <i>Syciases sanguineus</i> and its parasites <i>H. nimia</i></p>	TOTAL	<p>Un AMOVA jerarquizado evaluando EGP en <i>P. cf lintoni</i> no mostro diferenciación genética entre parásitos de distintos ind. de 1 mismo huesped, ni entre ind. de diferentes huespedes, excepto cuando se incluyen parásitos de <i>S. sanguineus</i>, indica que la EGP no es afectado por la vagilidad. En <i>H. fasciata</i> se compara ind. de <i>L. philippii</i> y <i>P. humeralis</i>, con COI mostrando 3 haplotipos compartidos. En parásitos de <i>L. philippii</i> se detecta una <math>H_e</math> y variación genética intra-hospedador baja. Parásitos de <i>P. humeralis</i> muestran una <math>H_e</math> y variación genética intra hospedador mayor. AMOVA no mostro diferenciación genética entre parásitos de diferentes huespedes. Estos resultados ayudarian a entender la evolución de sistema parásito-huésped ya tanto sistemas de reducida vagilidad así como el que incluye especies de peces con vagilidad diferencial, no presentan EGP y ponen a prueba el paradigma que establece que vagilidad del hospedador definitivo determinan la distribución de la <math>H_e</math> en parásitos.</p>

Otro(s) aspecto(s) que Ud. considere importante(s) en la evaluación del cumplimiento de objetivos planteados en la propuesta original o en las modificaciones autorizadas por los Consejos.

## RESULTADOS OBTENIDOS:

Para cada uno de los objetivos específicos, describa o resume los resultados. Relacione las publicaciones y /o manuscritos enviados a publicación con los objetivos específicos. En la sección Anexos incluya información adicional que considere pertinente para efectos de la evaluación.

**La extensión máxima de esta sección es de 5 páginas (letra tamaño 10, Arial o Verdana).**

Objetivo 1.

A partir de 9 loci microsatelitales ya diseñados (FONDECYT 1070898) se estandarizaron nuevas muestras con el fin de evaluar la co-ocurrencia de clones de *P. cf. lintoni* en sus diferentes hospedadores (Ver Productos informe 2012, tesis Carolina Duran.) permitiendo comparar los modelos propuestos para esta especie en términos de vagilidad. Los resultados más importantes de esta tesis indican que la co-ocurrencia de clones, es baja pero mayor a lo indicado en literatura.

Especie Hospedadora (SHI)	N° Parásitos Analizados	N° Genotipos Multilocus Únicos	% Genotipos Multilocus Únicos
<i>F. cumingi</i>	277	263	94,94%
<i>F. maxima</i>	139	133	95,68%
<i>F. latimarginata</i>	86	81	94,18%
<i>F. crassa</i>	178	176	98,88%
Total	680	653	96,32%

En base al análisis de la región V4 de SSU r RNA (18 S) en 19 individuos y del gen citocromo Oxidasa I (COI) en 11 individuos de *H. nimia* se evidenció la co-ocurrencia de 2 especies de *Helicometrina*. Estos resultados fueron informados en presentaciones en congresos nacionales /internacionales (ver productos). *H. nimia* es un digeneo con características particulares dentro de Opcoelidae, entre otras la presencia de 9 testículos y un útero espiralado, casi sin excepción todos los registros de digenea que cumplen estos dos requisitos han sido identificados como *H. nimia*. Tan sólo al analizar molecularmente especímenes obtenidos desde varios hospedadores, fue posible detectar notorias diferencias entre ambos taxa. La figura 1 muestra ejemplares de *H. nimia* obtenidos desde *P. humeralis* y *L. philippii* así como resultados de análisis de la red de haplotipos (Figura 2.A) y de delimitación de especies basados en el descubrimiento de gap en el programa ABGD (Figura 2B, 2C). Estos resultados se encuentran en revisión en una revista ISI internacional (ver producto).

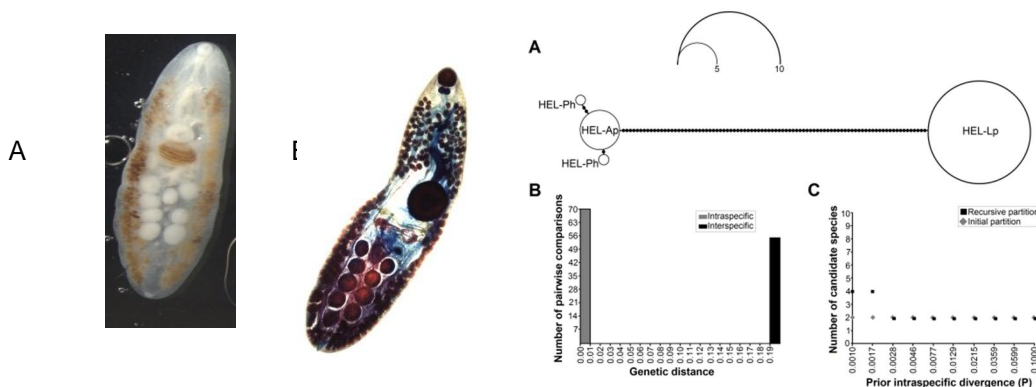


Figura 1. Especímenes de *Helicometrina* Asignados a *H. nimia*. A = Hospedador *P. humeralis*, B = Hospedador *L. philippii*

Figura 2 Resultados de un análisis ABGD que confirman que ejemplares provenientes de *P. humeralis* y *L. philippii* representan dos especies de *Helicometrina*

Ya que los objetivos originales propuestos en el proyecto no fueron alcanzables toda vez que se trata de dos especies del mismo género, se solicitó cambio de modelo de estudio a una especie cercanamente relacionada, el Opcoelidae *Helicometra fasciata*. Los análisis moleculares

realizados sobre 17 secuencias (gen 18S) así como 35 para el gen COI desde tres hospedadores, (*P. humeralis*, *A. pictus* y *L. philippii*) evidenciaron ser la misma especie. (ver productos) como se demuestra en la figura 2

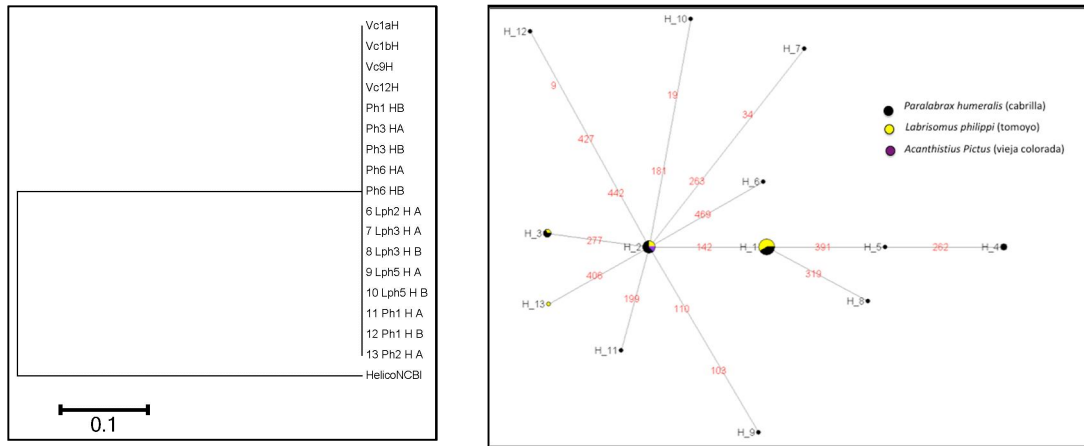


Figura 2. Árbol de NJ en base a secuencias del gen 18 S de *Helicometra fasciata* desde tres hospedadores (*A. pictus*, *P. humeralis* y *L. philippii*), un individuo de *H. nimia* fue usado como grupo externo. (Izquierda) y red de haplotipos generado a partir de secuencias del gen COI de individuos de *H. fasciata* obtenidos desde tres hospedadores (1 *A. pictus*, 22 *P. humeralis* y 1 *L. philippii*) (Derecha).

Ya que *H. nimia* constituye más de una especie, se modificó el diseño y búsqueda de partidores de microsatélites para *H. fasciata*. Como estas especies están emparentadas filogenéticamente se usó el mismo conjunto de secuencias obtenidas de *H. nimia* (presentado en informe año 1) probando amplificación cruzada en *H. fasciata*, diseñándose 50 partidores de loci de microsatélites. La estandarización del protocolo de amplificación de los loci de microsatélites se desarrolló usando High-Resolution Melting Analysis (HRMA) (ver productos). Para este análisis se trabajó en un panel de 40 individuos de *H. fasciata* (*L. philippii* = 23, *P. humeralis* = 17) y demostró que si bien la técnica es útil para detectar SSR, en nuestro caso no fue lo suficientemente resolutoria, siendo difícil identificar heterocigotos de algunos loci, por lo que se diseñaron nuevos microsatélites a partir de ejemplares de la especie *H. fasciata*.

Para la estandarización de marcadores moleculares microsatélites para *H. fasciata* construyó una librería de DNA desde aproximadamente 30 ug de ADN de un mix de 15 individuos de parásitos de la especie *H. fasciata* y fragmentada vía nebulización entre 300 y 600 pares de base (bp). El protocolo de secuenciación de "paired end" permite secuenciar ambas hebras del segmento de ADN como secuencias de hebras únicas opuestas donde solo los segmentos finales son secuenciados resultando en un mejor alineamiento de secuencias repetitivas. La librería generada fue secuenciada en la plataforma Roche 454 obteniéndose un número variable de pares de base de cada hebra de la secuencia de interés. Se obtuvieron un total de 2.276 secuencias con motivo de microsatélite y con la zona flanqueante necesaria para la generación de partidores, de los cuales se seleccionaron 20 loci evaluándose el polimorfismo de estas in silico (Tesis Magister en progreso H. Molina) (Anexo)

## Objetivo 2.

En este objetivo, focalizado en la etapa previa para *Proctoeces cf. lintoni*, se logró la extracción, amplificación y genotipificación de 684 parásitos, desde 4 especies de lapa (*Fissurella*) y del pez *Syciases sanguineus*. Se generó una publicación (ver productos) en base al análisis de 179 ejemplares de *Proctoeces cf. lintoni*. Los resultados obtenidos para este modelo indican que, independiente de la capacidad de desplazamiento de la especie hospedadora (con poca o escasa capacidad de desplazamiento) los parásitos conforman una misma unidad poblacional, tanto en

lapas como pejesapo, además de presentar una alta diversidad genética ( $H_e = 0.91$ ), alta riqueza alélica (16.3 – 20.7) y un índice de endogamia cercano a 0). (Ver productos).

Como se indica en el objetivo anterior, se evaluó además la co-ocurrencia de clones del parásito *Proctoeces cf lintoni* en distintos Hospedadores Intermediarios (*Fissurella* spp.) y Hospedador Definitivo (*Sicyases sanguineus*), resultados informados en una tesis de pre-grado (Carolina Durán UA) ya informada. Por otro lado, resultados parciales de la tesis Doctoral de Isabel Valdivia y presentados en el Simposio Ecology and Evolution of Marine Parasites, indicaron que *P. cf lintoni* presenta tres mecanismos de reproducción sexual: Autofecundación, fecundación cruzada uniparental y fecundación cruzada multiparental. (Figura 3)(ver productos). Estas estrategias son congruentes con la alta diversidad genética encontrada en metacercarias progenéticas no enquistadas, en oposición al único estudio relacionado (metacercarias enquistadas) en que se detecta una baja diversidad genética, lo que se asocia a la capacidad de generar o no pared quística.

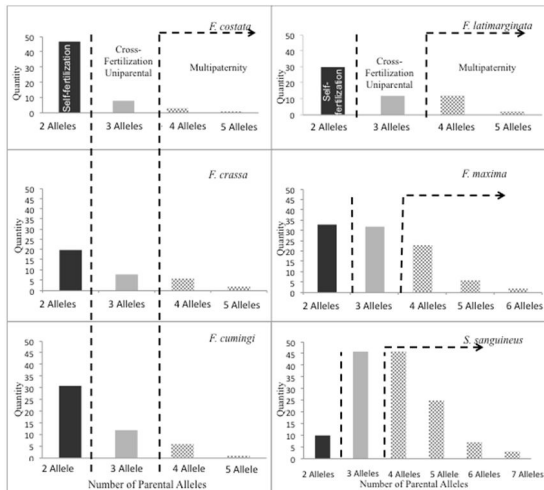


Figura 3. Tipificación de mecanismos de reproducción sexual en *P. cf lintoni*, en base al número de alelos parentales

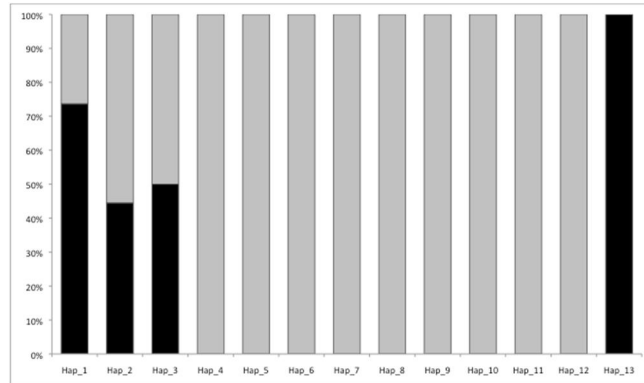
Este objetivo contempló también la EGP (Estructuración Genético Poblacional) en *H. nimia* sin embargo, resultados durante el desarrollo del proyecto demostraron que en realidad son dos especies. Para el nuevo modelo (*H. fasciata*) se han colectado 139 ejemplares, de los cuales 40 se utilizaron para amplificación cruzada utilizando microsatélites diseñados para *H. nimia*, 52 individuos fueron utilizados para la secuenciación de los genes 18S y COI, los restantes fueron utilizados para la extracción de ADN de buena calidad para la construcción de una nueva librería genómica específica para *H. fasciata*. (tesis de Magister en Desarrollo), siendo finalmente positivos para la técnica, 15 individuos.

Para *H. fasciata*, los resultados a la fecha en base al análisis de datos de secuencias del gen COI muestran mayor diversidad genética para parásitos obtenidos desde *P. humeralis* que desde aquellos obtenidos desde *L. philippi* (Ver Tabla 1). Sin embargo, se identifican un total de 13 haplotipos de los cuales 3 son compartidos entre ambas especies además se identifican dos haplotipos de alta frecuencia, siendo el haplotipo 1 más frecuente en *L. philippi* (sobre 70% de las muestras) y el haplotipo 2 más frecuente en *P. humeralis* (50%) (ver productos) (Figura 4). Actualmente se continúa trabajando para aumentar el número de individuos parásitos en ambas especies de hospedadores al menos a 30 individuos.

Tabla 1. Índices de diversidad genética estandar en *H. fasciata*.

	<i>Labrisomus philippi</i>	<i>Paralabrax humeralis</i>	TOTAL
Numero de muestras (n)	11	22	33
Numero de sitios polimórficos (s)	3	16	17
Numero de haplotipos (nhap)	4	12	13
Diversidad genética ( $H_e$ )	0,6	0,90	0,82
Diversidad nucleotídica (pi)	0,0018	0,005	0,004
Numero de diferencias entre pares de secuencias	0,87	2,19	1,76

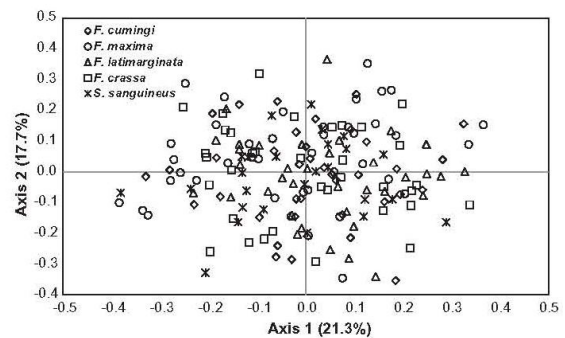
Figura 4. Frecuencias de haplotipos del gen COI para individuos de *H. fasciata* provenientes desde hospedadores. *L. philippi* (barras negras) y *P. humeralis* (barras grises).



### Objetivo 3

El análisis de AMOVA jerarquizado para evaluar la EGP en *P. cf lintoni* no mostro diferenciación genética entre parásitos obtenidos desde distintos individuos de una misma especie hospedadora ( $F_{sc}$ ), ni entre individuos desde diferentes hospedadores, excepto para cuando se incluyen parásitos obtenidos desde el hospedador definitivo, el pez *S. sanguineus* (Ver productos). Concluyéndose, que hospedadores con muy baja capacidad de desplazamiento como es el caso de las lapas y hospedadores con mayor capacidad de desplazamiento como es el caso del pez, no estarían afectando el patrón de estructuración genético poblacional en *P. cf lintoni*. (Figura 5)

Figura 5. Resultados de coordenadas principales en base a análisis de multilocus para *P. cf lintoni* en 4 hospedadores invertebrados y un hospedador vertebrado.



En el caso de *H. fasciata* se comparan individuos parásitos provenientes de dos especies de peces hospedadoras (*Labrisomus philippii* y *Paralabrax humeralis*). El diseño de muestreo incorpora la variación entre individuos parásitos provenientes de un mismo individuo hospedador (variación intra-hospedador) y entre individuos parásitos desde diferentes individuos hospedadores de una especie (variación inter-hospedador). Los resultados mostraron tres haplotipos compartidos en parásitos provenientes de ambas especies hospedadoras (Figura 6). Para parásitos provenientes de *L. philippii* se detectó una diversidad genética baja ( $H_e=0,6$ , ver tabla 1), y baja variación genética intra-hospedador (4 haplotipos: tres compartidos y uno propio). Para parásitos desde *P. humeralis* se encontró una mayor diversidad genética ( $H_e=0,9$ ), mayor variación genética intra hospedador (12 haplotipos: cuatro compartidos y ocho únicos). Sin embargo, el análisis AMOVA no mostro diferenciación genética entre parásitos provenientes desde diferentes especies hospedadoras ( $F_{ST}= -0,005$ ,  $P$  valor= $0,41$ ). Estos resultados aportan nueva información para entender la evolución del sistema parásito- huésped ya que en nuestro caso, tanto sistemas hospedador parásito de reducida capacidad de desplazamiento y que consideran hospedadores invertebrados y vertebrados (lapas y pejesapo), así como sistemas que incluyen diferentes especies de peces con vagilidad diferencial, no presentan EGP y ponen a prueba el paradigma que establece que vagilidad del hospedador definitivo determinan la distribución de la diversidad genética en parásitos.

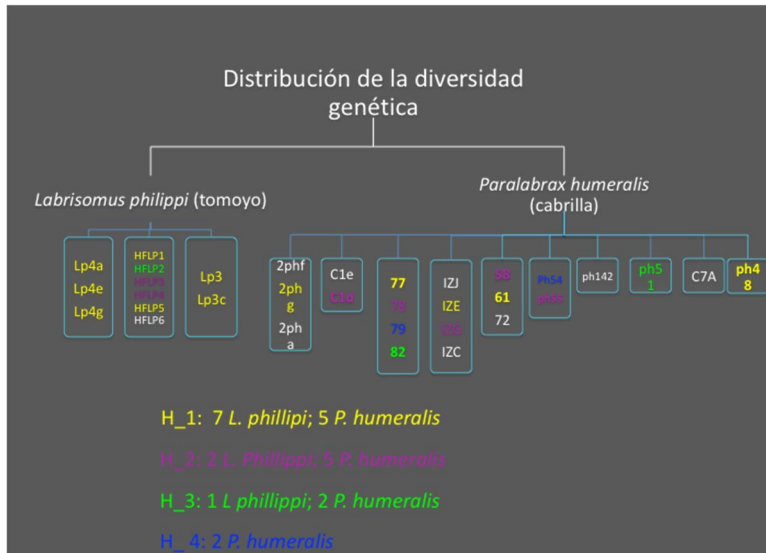


Figura 6. Distribución de la diversidad genética de *H. fasciata* en dos hospedadores. Cada caja representa a un individuo pez hospedador. De los 13 haplotipos identificados 4 son compartidos y solo 3 están presentes en parásitos de ambas especies hospedadoras. En blanco se identifican haplotipos únicos.



**DESTAQUE OTROS LOGROS DEL PROYECTO TALES COMO:**

- Estadías de investigación.
- Actividades de difusión y/o extensión en la temática del proyecto.
- Cualquier otro logro no contemplado en los ítem anteriores y que Ud. quiera destacar.

**La extensión máxima de esta sección es de 1 página (letra tamaño 10, Arial o Verdana).**

Con el financiamiento compartido del proyecto y Rectoría de la Universidad de Antofagasta, el tesista de Magister en Biotecnología Horacio Molina realizó (Septiembre-Octubre) una estadía de perfeccionamiento en la Universidad Austral de Chile, en el Centro Austral OMIS, bajo la guía de los Drs. Leyla Cárdenas y Andrea Silva. Durante esta estadía se inició el proceso de diseño de marcadores microsatelitales polimórficos para evaluar la Estructura Genética Poblacional (EGP) del endoparásito *Helicometra fasciata*, organismo no modelo de este tipo de estudios, con el cual fue posible proporcionar información genética de gran relevancia para entender procesos evolutivo en sistemas huésped-parásito, utilizando tecnología de secuenciación de última generación (NGS). (Ver Anexo)

Dos estudiantes Carolina Duran y Estela Rivera participaron como expositores activos en congresos nacionales e internacionales (ver productos) fortaleciéndose así su formación profesional.

Desde algunos Congresos de Ciencias del Mar, se ha incorporado entre las actividades programada, la "Noche de videos", que premia a los mejores videos presentados por estudiantes de Pre y Post Grado, referidos a algún tema en Ciencias del Mar. Durante el XXXIII la tesista Maria Estela Rivera V, presentó el video que obtuvo el primer lugar en la categoría pre-grado y que incluye antecedentes de su tesis.(ver [http://www.youtube.com/watch?v=IVsl3WP\\_qB0](http://www.youtube.com/watch?v=IVsl3WP_qB0)) lamentablemente el sistema no permito cargar este video en la sección Material Especial

# PRODUCTOS

## ARTÍCULOS

Para trabajos en Prensa/ Aceptados/Enviados adjunte copia de carta de aceptación o de recepción.

**N° :** 1  
**Autor (a)(es/as) :** Valdivia, IM.; Criscione, CD.; Cardenas, L.; Duran, CP.; Oliva, ME.  
**Nombre Completo de la Revista :** International Journal for Parasitology  
**Título (Idioma original) :** Does a facultative precocious life cycle predispose the marine trematode *Proctoeces cf. lintoni* to interbreeding and genetic differentiation among host species?  
**Indexación :** ISI  
**ISSN :**  
**Año :** 2014  
**Vol. :** 44  
**N° :**  
**Páginas :** 183-188  
**Estado de la publicación a la fecha :** Publicada  
**Otras Fuentes de financiamiento, si las hay :**  
CONICYT doctoral thesis support fellowship AT24091081

**Envía documento en papel :** no  
**Archivo(s) Asociado(s) al artículo :**  
IJP\_does\_a\_precocious\_lif\_cycle...pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_articulos/descarga/6237785/1110067/2013/55894/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_articulos/descarga/6237785/1110067/2013/55894/1/)

---

**N° :** 2  
**Autor (a)(es/as) :** Oliva, ME.; Valdivia, IM.; Chavez, RA.; Molina, H. Cardenas, L.  
**Nombre Completo de la Revista :** Journal of Parasitology  
**Título (Idioma original) :** Host effect on the speciation of a digenean: molecular and morphological evidence demonstrating two species of *Helicometrina Linton 1910* (Digena:Opecoelidae) in northern Chile  
**Indexación :** ISI  
**ISSN :**  
**Año :**  
**Vol. :**  
**N° :**  
**Páginas :**  
**Estado de la publicación a la fecha :** Enviada  
**Otras Fuentes de financiamiento, si las hay :**

**Envía documento en papel :** no  
**Archivo(s) Asociado(s) al artículo :**  
JPARASITOLOGY-S-14-00083\_R11.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_articulos/descarga/6237785/1110067/2013/55896/2/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_articulos/descarga/6237785/1110067/2013/55896/2/)

---

## OTRAS PUBLICACIONES / PRODUCTOS

*Sin información ingresada.*

### CONGRESOS

**N° :** 1  
**Autor (a)(es/as) :** Oliva, ME.;Valdivia, IM.; Chávez, RA.; Molina, H.; Cardenas, L.  
**Título (Idioma original) :** Evidencias moleculares y morfológicas demuestran dos especies de Helicometrina en el norte de Chile: efectos del huésped en especiación de Digenea  
**Nombre del Congreso :** XXXIII Congreso Ciencias del Mar  
**País :** CHILE  
**Ciudad :** Antofagasta  
**Fecha Inicio :** 27/05/2013  
**Fecha Término :** 30/05/2013  
**Nombre Publicación :**  
**Año :**  
**Vol. :**  
**N° :**  
**Páginas :**  
**Envía documento en papel :** no  
**Archivo Asociado :**  
Helicometrina.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87868/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87868/1/)

---

**N° :** 2  
**Autor (a)(es/as) :** Cea, G.; Valdivia, I.; Oliva, ME.; Cardenas, L.  
**Título (Idioma original) :** Nuevos marcadores moleculares tipo Microsatélites para estudiar la diversidad y estructura genética en Helicometra fasciata (Digenea)  
**Nombre del Congreso :** XXXIII Congreso Ciencias del Mar  
**País :** CHILE  
**Ciudad :** Antofagasta  
**Fecha Inicio :** 27/05/2013  
**Fecha Término :** 30/05/2013  
**Nombre Publicación :**  
**Año :**  
**Vol. :**  
**N° :**  
**Páginas :**  
**Envía documento en papel :** no  
**Archivo Asociado :**  
Cea.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87869/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87869/1/)

---

**Nº :** 3  
**Autor (a)(es/as) :** Valdivia, IM.; Oliva, ME.; Cárdenas, L.  
**Título (Idioma original) :** Primera evidencia de múltiples mecanismos de reproducción sexual en un trematodo digeneo: autofecundación, fecundación cruzada y multipaternidad  
**Nombre del Congreso :** XXXIII Congreso Ciencias del Mar  
**País :** CHILE  
**Ciudad :** Antofagasta  
**Fecha Inicio :** 27/05/2013  
**Fecha Término :** 30/05/2013  
**Nombre Publicación :**  
**Año :**  
**Vol. :**  
**Nº :**  
**Páginas :**  
**Envía documento en papel :** no  
**Archivo Asociado :**  
Valdivia.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87870/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87870/1/)

---

**Nº :** 4  
**Autor (a)(es/as) :** Oliva, ME.; Valdivia, IM.; Chávez, RA.; Molina, H.; Cárdenas, L.  
**Título (Idioma original) :** Evidencias moleculares y morfológicas demuestran dos especies de Helicometrina en el norte de Chile: efectos del huésped en especiación de digenea  
**Nombre del Congreso :** 3er Congreso Internacional de Ecología de Enfermedades  
**País :** MEXICO  
**Ciudad :** Merida  
**Fecha Inicio :** 20/11/2013  
**Fecha Término :** 23/11/2013  
**Nombre Publicación :**  
**Año :**  
**Vol. :**  
**Nº :**  
**Páginas :**  
**Envía documento en papel :** no  
**Archivo Asociado :**  
Helicometrina\_Mexico.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87871/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87871/1/)

---

**Nº :** 5  
**Autor (a)(es/as) :** Rivera, ME.; Durán, C.; Valdivia, IM.; Oliva, ME.  
**Título (Idioma original) :** Efectos del enfriamiento regional, en liberación de cercarías del caracol Litorina peruviana,

en la Bahía de Antofagasta- Chile

**Nombre del Congreso :** 3er Congreso Internacional de Ecología de Enfermedades

**País :** MEXICO

**Ciudad :** Merida

**Fecha Inicio :** 20/11/2013

**Fecha Término :** 23/11/2013

**Nombre Publicación :**

**Año :**

**Vol. :**

**Nº :**

**Páginas :**

**Envía documento en papel :** no

**Archivo Asociado :**

cercarias.pdf

[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87872/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87872/1/)

---

**Nº :** 6

**Autor (a)(es/as) :** Cárdenas, L.; Valdivia, IM.; Oliva, ME.

**Título (Idioma original) :** Análisis de la distribución de la diversidad genética en el parásito digéneo *Helicometra fasciata*: Comparación entre hospedadores

**Nombre del Congreso :** VII Reunión Anual de la Sociedad Chilena de Evolución

**País :** CHILE

**Ciudad :** Lican Ray

**Fecha Inicio :** 08/10/2013

**Fecha Término :** 11/10/2013

**Nombre Publicación :**

**Año :**

**Vol. :**

**Nº :**

**Páginas :**

**Envía documento en papel :** no

**Archivo Asociado :**

socevol.pdf

[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87873/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/6237785/1110067/2013/87873/1/)

---

## TESIS/MEMORIAS

**Nº :** 1

**Título de Tesis :** Efectos del enfriamiento regional en la emergencia de cercarias del caracol *Littorina peruviana*

**Nombre y Apellidos del(de la) Alumno(a) :** Maria Estela Rivera Veas

**Nombre y Apellidos del(de la) Tutor(a) :** Marcelo E Oliva

**Título Grado :** Pregrado  
**Institución :** Universidad de Antofagasta  
**País :** CHILE  
**Ciudad :** Antofagasta  
**Estado de Tesis :** En Ejecución  
**Fecha Inicio :** 01/04/2013  
**Fecha Término :** 30/04/2014  
**Envía documento en papel :** no  
**Archivo Asociado :**  
inscripcion\_y\_avance\_tesis\_Estela.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_tesis\\_memorias/descarga/6237785/1110067/2013/46513/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_tesis_memorias/descarga/6237785/1110067/2013/46513/1/)

---

**N° :** 2  
**Título de Tesis :** Desarrollo y búsqueda de marcadores moleculares, con énfasis en microsatelites, utilizando técnicas de secuenciación masiva (NGS) en parásitos: ¿Una herramienta para estudiar procesos evolutivos en D  
**Nombre y Apellidos del(de la) Alumno(a) :** Horacio Eduardo Molina Valenzuela  
**Nombre y Apellidos del(de la) Tutor(a) :** Isabel M. Valdivia Rojas; Marcelo E. Oliva  
**Título Grado :** Magister  
**Institución :** Universidad de Antofagasta  
**País :** CHILE  
**Ciudad :** Antofagasta  
**Estado de Tesis :** En Ejecución  
**Fecha Inicio :** 02/09/2013  
**Fecha Término :** 29/08/2014  
**Envía documento en papel :** no  
**Archivo Asociado :**  
AVANCE\_TESIS\_MAGISTER\_BIOTECNOLOGIA.pdf  
[http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4\\_tesis\\_memorias/descarga/6237785/1110067/2013/46517/1/](http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_tesis_memorias/descarga/6237785/1110067/2013/46517/1/)

---