

BR

Biological Research

EVP-2008-0363
MA.



Volumen 41 (Suplemento A) 2008

**LI REUNIÓN ANUAL DE LA
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE**

**II REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN**

**XLI REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE**

**XV REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE**

Biological Research

is the continuation since 1992 of
**ARCHIVOS DE BIOLOGÍA Y
MEDICINA EXPERIMENTALES**

founded in 1964

Founding Editor:

Jorge Mardones

Past Editors:

Tito Ureta,

Patricio Zapata,

Manuel Krauskopf

Jorge Garrido

This Journal is the official organ of the
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE
Legal personality N° 2.521 (4.6.54)
RUT 70-397.400-7

Legal address: Canadá 308

Santiago 9, Chile

(Legal Advisor and Representative)

Juan Guillermo Valenzuela

This journal is partly subsidized by the
"Funds for Publication of Scientific
Journals" of the National Commission
of Scientific and Technological
Research (CONICYT), Chile

Yearly subscription US\$ 250

Payable to

Sociedad de Biología de Chile

Correspondence to

BIOLOGICAL RESEARCH

Sociedad de Biología de Chile

Canadá 253, piso 3º, Dpto. F.

PO Box 16164, Santiago, Chile

Fax (56-2) 225 8427

Phone (56-2) 209 3503

E-mail socbiol@biologiachile.cl

Internet: www.biologiachile.cl

Indexed by Scielo, Medline, Biosis,
Embase, Lilacs, Periodica, Research
Alert, Science Citation Index Expanded
(ISI), Web of Science (ISI)

Abstracted in Biological Abstracts, Excerpta
Medica, Index Medicus and Medlars

ISSN: 0716-9760

ISSN versión electrónica: 0717-6287

Editor-in-Chief(S)

Manuel J. Santos

Pontificia Universidad Católica de Chile

Santiago, Chile

Associate Editor

Ricardo Moreno

Pontificia Universidad Católica de Chile

Santiago, Chile

Associate Editor

Christian González

Universidad de Chile

Santiago, Chile

Assistant Editors

Yolanda Zambrano (Production)

Gregory Montgomery (Editing and Proofreading)

Sociedad de Biología de Chile

Editorial Board

Oscar Burrone ICGEB, Trieste, Italy

Juan Bacigalupo Universidad de Chile, Chile

Enrique Brandan Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile

Philipe Bouvet École Normale Supérieure du Lyon, France

Gonzalo Bustos Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile

Juan José Cazzulo Universidad Nacional San Martín, Argentina

Víctor Cifuentes Universidad de Chile, Chile

Leopoldo De Meis U. Federal Rio de Janeiro, Brazil

Sonia Dietrich Institute of Botany, São Paulo, Brazil

Carlos González Universidad Austral de Chile, Chile

Joan Guinovart Universidad de Barcelona, Spain

Cecilia Hidalgo Universidad de Chile, Chile

Carlos Hirschberg Boston University, USA

Nibaldo Inestrosa P. Universidad Católica de Chile, Chile

Carlos Jerez Universidad de Chile, Chile

Rosalba Lagos Universidad de Chile, Chile

Ramón Latorre Centro de Neurociencia de Valparaíso, Chile

Martín Montecino Universidad de Concepción, Chile

Juan Olate Universidad de Concepción, Chile

Adrián Palacios Universidad de Valparaíso, Chile

Manuel Rieber IVIC, Venezuela

M.A.Q. Siddiqui State University of New York, USA

Marc Thiry Université de Liège, Belgium

Tito Ureta Universidad de Chile, Chile

Pablo Valenzuela Fundación Ciencia para la Vida, Chile

Claudio Vázquez Universidad de Santiago, Chile

Ennio Vivaldi Universidad de Chile, Chile

Una vez más la comunidad de biólogos chilenos, cobijados en el seno de la Sociedad de Biología de Chile, celebra su LI Reunión Anual. Continuando con la tradición de realizar esta actividad en conjunto con Sociedades Afiliadas, este año la realizaremos con la XLI Reunión Anual de la Sociedad de Genética de Chile, la XV Reunión Anual de la Sociedad de Ecología de Chile y la II Reunión Anual de la Sociedad Chilena de Evolución.

Durante la presente Reunión se presentarán 15 Conferencias, 7 Simposia, 2 Talleres, 308 Comunicaciones Libres (126 como presentaciones orales y 182 como paneles). Una actividad muy destacable que se realizará, es la presentación de Trabajos de Incorporación que ofrece una oportunidad para que los aspirantes a socios de nuestra Sociedad los presenten ante sus pares. En esta ocasión, 5 son los candidatos a constituirse en nuevo socios.

Actualmente, existen múltiples oportunidades para que los biólogos chilenos puedan presentar sus trabajos de investigación específicos en reuniones de sus Sociedades particulares. Por ello, la Sociedad de Biología de Chile, en su calidad de confederación de sociedades, ha optado por desarrollar sus Reuniones Anuales privilegiando temas transversales, que sean atractivos para todos los biólogos. Es así como en la presente Reunión Anual se tratarán temas tan importantes como es el caso de "Darwin y la Teoría moderna de Evolución", "Aspectos inmunológicos de poblaciones linfocitarias específicas" y "Aspectos neuronales de la vía de señalización Wnt".

Este año la conferencia Inaugural será dictada por el destacado inmunólogo Dr. F. Zavala, Profesor de Johns Hopkins University, Baltimore USA, y abordará el tema: "Diferenciación, Circulación y Propiedades Funcionales de Linfocitos T-Cd8⁺ de Memoria"

La tradicional Conferencia "Dr. Hermann Niemayer" estará a cargo del Dr.

N. Inestrosa, Profesor de la Pontificia Universidad Católica de Chile, quien fuera distinguido recientemente con el Premio Nacional de Ciencias-2008 y quien tratará el tema de "Vía de Señalización Wnt: Diferenciación Pre y Postsináptica"

Por otra parte, la Conferencia "Premio GrupoBios-Sociedad de Biología de Chile" será ofrecida por el ganador del Premio respectivo del año 2007, el Dr. E. Gianoli, de la Universidad de Concepción, y versará sobre aspectos de "Ecología funcional y evolutiva de plantas trepadoras".

En el área de la Genética diversas conferencias sobre interesantes temas serán tratadas por diferentes genetistas nacionales e internacionales. Es así como el Dr. A Ngom, de la University of Windsor, Ontario, Canada, abordará el tema "Novel Computational Intelligence Methods For Microarrays Análisis"; el Dr. A.C. Codón, del Departamento de Genética, Universidad de Sevilla, España, tratará el tema "*Saccharomyces Cerevisiae* en la elaboración de los Vinos de Jerez"; y como es tradicional en la Sociedad de Genética de Chile se dictará la Conferencia Dr. Danko Brncic, que este año estará a cargo del Dr. M. Santos, de la Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, con el tema: "De las afecciones Genéticas Humanas a la biogénesis de un organelo. El caso de los peroxisomas". A su vez, los socios Dr. C. Valenzuela y el Dr. R. Fernández-Donoso tratarán los temas "Restricciones epistémicas del modelo de Hardy-Weinberg" y "Evolución de los cromosomas sexuales de los mamíferos: ¿está desapareciendo el cromosoma Y"?, respectivamente. Ambos del Programa de Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

En el área de la Evolución contaremos con las conferencias ofrecidas por el Dr. N. Eldredge, de la Division of Paleontology The American Museum of Natural History New York, USA, sobre "Darwin and Modern Evolutionary Theory" y por el Dr. M. Gallardo de la Universidad Austral de

Chile con el tema: "Duplicaciones Genómicas y Tetraploidía en Mamíferos".

En el área de las Ciencias Fisiológicas, contaremos con la conferencia "Aclimatización Fisiológica a la Hipoxia Crónica" a cargo del Dr. R. Iturriaga de la Facultad Ciencias Biológicas de la Pontificia Universidad Católica de Chile. En el área de la Botánica, el Dr. Lohen Cavieres abordará el tema: "Anticipando respuestas al Cambio Climático Global en los Andes de Chile Central", y en el área de la Virología contaremos con la participación de la Dra. M. Roth de UMDNJ-Robert Wood Johnson Medical School, Piscataway, NJ, USA, quien tratará el tema: "Targeting entry of Retroviral/Lentiviral Vectors".

Los diferentes Simposia abarcarán interesantes temas tales como: "Adaptación Animal: de los Microambientes a la Colonización del Espacio Aéreo", "Mejoramiento Genético Vegetal", "200 años del natalicio de Darwin", "Especiación", "Técnicas Moleculares en Estudios de Ecología y Evolución", "Problemas Actuales en Genética y Evolución: El lugar de las teorías".

Un simposio que en Reuniones Anuales ha tenido un gran impacto, es el denominado "Ciencia de Frontera", que la Sociedad de Biología de Chile y la Academia Chilena de Ciencias organizan en conjunto. Este año contaremos con la participación de los Dres. S. Bollo Dragnic (Universidad de Chile), quien tratará el tema: "Biosensores nanoestructurados: mejorando sensibilidad y selectividad"; del Dr. J. H. Ortega (Universidad de Chile), con el tema "Problemas inversos ¿es posible detectar lo invisible y ocultar lo visible", y del Dr. Pinto Lincoñir L. (Universidad de Chile) con el tema: "Análisis de proveniencia de sedimentos para comprender la evolución morfoestructural de cuencas sedimentarias y cordilleras".

Por la importancia que cada vez adquieren los temas éticos y bioéticos en el ámbito científico, la Comisión de Ética y Bioética de la Sociedad de Biología de

Chile, integrada por los socios Dres. José Luis Arias, Ricardo Bull, Manuel Santos, Tito Ureta y Carlos Valenzuela, ha instituido la realización de un Taller sobre diferentes tópicos de Bioética, como una actividad regular de las Reuniones Anuales de la Sociedad. Este año, este tradicional Taller de Bioética abordará el problema de "Honestidad y Deshonestidad Científica y Académica", lo que seguramente estimulará un debate entre los socios.

La Comisión de Docencia, integrada por los socios y socias: Drs. Claudio Barros (Q.E.P.D.), María Soledad Berríos, José Navarro, Rossana Ginocchio y Manuel Santos, este año abordará el tema "Aprendizaje de la Biología basado en situaciones problemáticas (ABSP) a cargo de nuestro socio y Doctor en Didáctica de las Ciencias, Profesor Dr. Mario Quintanilla, de la Pontificia Universidad Católica de Chile.

Finalmente, deseo expresar mi profundo agradecimiento a los miembros de la Comisión Organizadora de la presente Reunión Anual, constituida por los Drs. Claudio Martínez (Presidente de la Sociedad de Genética de Chile), Eduardo Palma (Presidente de la Sociedad de Biología Evolutiva de Chile), Audrey Grez y Luis Contreras (Sociedad de Ecología de Chile), Margarita Vega (Secretaria de la Sociedad de Biología de Chile), Héctor Toledo (Tesorero de la Sociedad de Biología de Chile), Patricio Ojeda y Christian González (Directores de la Sociedad de Biología de Chile). También deseo agradecer la labor editorial del presente número de Biological Research, realizado por los Editores Asociados de nuestra revista, Drs. Ricardo Moreno y Christian González, y la excelente labor secretarial a cargo de la Secretaria Sra. Yolanda Zambrano y la colaboración de Jacqueline Bermejo (Secretaria de la Sociedad de Genética de Chile).

Espero que todos disfrutemos de esta Reunión Anual.

DR. MANUEL J. SANTOS

Presidente de la Sociedad de Biología de Chile 2007-2008

**LI REUNIÓN ANUAL DE LA
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE**

**II REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN**

**XLI REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE**

**XV REUNIÓN ANUAL
SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE**

SOCIEDADES AFILIADAS

Sociedades de Botánica de Chile

Sociedad Chilena de Ciencias Fisiológicas

26 al 29 de noviembre 2008

Gran Hotel Pucón

Auspiciadores

GALÉNICA S.A. BIOTECNOLOGÍA

GENESYS CHILE LTDA.

Patrocinantes

CONICYT

VICERRECTORÍA DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO - UNIVERSIDAD DE CHILE

FACULTAD DE CIENCIAS, UNIVERSIDAD DE CHILE

FUNDACIÓN CHILENA PARA BIOLOGÍA CELULAR

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS, PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE

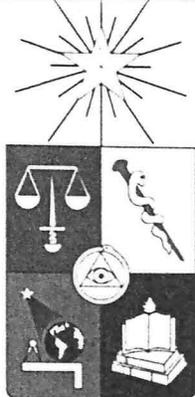
ALFABETA ARTES GRÁFICAS

ACADEMIA CHILENA DE CIENCIAS

CONFERENCIAS

ST 21
TO 10
DTC 2
BY 10
ST 21

ST 21
TO 10
DTC 2
BY 10
ST 21



**XIII CONCURSO NACIONAL
PROYECTOS DE INNOVACIÓN DE
INTERÉS PÚBLICO E
INNOVACIÓN PRECOMPETITIVA**



GOBIERNO DE CHILE
CORFO

**INNOVA CHILE
2007**

**DESARROLLO DE UNA FUENTE
NATURAL EFICIENTE DE
ASTAXANTINA A PARTIR DE
LEVADURAS**

**Dir. Proyecto: Dr. Víctor Cifuentes Guzmán.
Centro de Biotecnología
Universidad de Chile**

Objetivo:

Desarrollar una nueva fuente natural del pigmento astaxantina proveniente de levaduras para reducir los costos de producción de salmónidos y aumentar la competitividad internacional del sector salmonicultor nacional.



AquaChile



Código de proyecto:
Monto del proyecto:
Monto financiado por comité
INNOVA CHILE - CORFO:
Inicio del proyecto:
Duración del proyecto:
Empresas Asociadas:

07CN13PZT-17
\$ 534.559.054.-

\$ 334.063.000.-
Noviembre, 2007.
36 Meses.

GIST BROCADES CHILE S.A.
EMPRESAS AQUA CHILE S.A.
vcifuentes@uchile.cl
(+56-2) 9787346
(+56-2) 2729378

Contacto:
Fono:
Fax:

CONFERENCIA INAUGURAL

DIFERENCIACIÓN, CIRCULACIÓN Y PROPIEDADES FUNCIONALES DE LINFOCITOS T-CD8⁺ DE MEMORIA (Differentiation, trafficking and functional properties of memory CD8⁺ T-cells).

Zavala, F.

Johns Hopkins University, Baltimore, USA.

Células T-CD8⁺ representan uno de los mecanismos inmunológicos más eficientes para el control o eliminación de infecciones intracelulares de origen viral, bacteriano o parasitario. La activación de estas células ocurre en órganos linfoides que drenan los sitios de infección. Una vez activados, estos linfocitos sufren cambios drásticos en la expresión de receptores de superficie (integrinas y receptores de quimocinas) que les permiten egresar de órganos linfoides (en 2-3 días) y emigrar a tejidos infectados. Estas células efectoras rápidamente adquieren la capacidad de producir citoquinas/factores líticos para eliminar infecciones y eventualmente se diferencian en células de memoria (días 20-30).

La población de memoria está formada por sub-sets de células que exhiben diferentes fenotipos y propiedades funcionales. Estos sub-sets difieren en su capacidad de producir citoquinas y factores líticos, su potencial de proliferación y el tejido donde residen. Algunos sub-sets secretan múltiples citoquinas/factores líticos simultáneamente (polifuncionales), otros están restringidos a la producción de 1-2 factores (monofuncionales). Después de 45-60 días las células de memoria que residen en tejidos no linfáticos disminuyen gradualmente, y aumentan las de los nódulos linfáticos. Las células de órganos no linfáticos tienen una capacidad limitada de proliferación y tienden a exhibir un patrón monofuncional. Las células de memoria que residen en nódulos linfáticos son diferentes: exhiben un fenotipo de superficie distinto, son polifuncionales, con alta capacidad proliferativa y renuevan el pool de memoria.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

SACCHAROMYCES CEREVISIAE EN LA ELABORACIÓN DE LOS VINOS DE JEREZ (Production of Sherry wines by *Saccharomyces cerevisiae*).

Codón, AC.

Departamento de Genética, Universidad de Sevilla, Sevilla.

En el proceso de elaboración de los vinos de Jerez intervienen dos tipos de levaduras pertenecientes a la especie *S. cerevisiae*. 1) **Las levaduras de fermentación** son las responsables de metabolizar los azúcares presentes en el mosto para su conversión a etanol y CO₂. Estas levaduras tienen una serie de características deseables como la capacidad de fermentar con rapidez mostos con un 20-25% de azúcar, alta tolerancia a etanol, CO₂ y altas temperaturas, baja producción de acidez volátil y capacidad para producir metabolitos que afecten de manera positiva a las propiedades organolépticas. 2) **Las levaduras de velo de flor** intervienen durante la crianza biológica del vino de Jerez formando una película sobre la superficie del vino y presentan una serie de características deseables como resistencia a etanol, altas temperaturas, producción de acetaldehído, etc.

El objeto de nuestro trabajo es la selección, caracterización y mejora de estas cepas mediante el aumento de la capacidad fermentativa y la mejora de las propiedades organolépticas en cepas fermentativas o el aumento de resistencia a condiciones de estrés (etanol, temperatura, etc.) y la capacidad de formar y mantener el velo en levaduras de flor. Para ello hemos seguido distintas estrategias: clonación de transportadores de azúcares y genes de resistencia a estrés, obtención de mutantes superproductores de aminoácidos, etc.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

DARWIN AND MODERN EVOLUTIONARY THEORY.

Eldredge, N.

Division of Paleontology The American Museum of Natural History New York, New York USA.

Charles Darwin is of course correctly identified as the progenitor of modern evolutionary theory. But the work he did while a young naturalist on the Beagle in 1830s gave him an initial viewpoint on "transmutation" that was very different from his "mature" perspective on evolution that he developed in his *Origin of Species* (1859).

In Patagonia, Darwin was quickly struck by the differential longevities of fossil taxa; he focused on endemism and patterns of replacement among "allied forms." He surveyed the avifauna of Patagonia looking for geographic patterns of replacement of species and "varieties"—and noticed as early as 1834 in the Malvinas Islands that island species tend to be distinct from mainland relatives—and even differ from island to island. Reading Lyell's anti-Lamarckian diatribe (1832) introduced him to the ideas of the Italian geologist Gianbattista Brocchi, who equated the births and deaths of individuals with the births and deaths of species. Darwin was searching for a scientific explanation of species births long before he arrived in Chile; but it was there, in Valdivia in February 1835, that he wrote his first distinctly "transmutational" notes.

Arriving home in 1836, Darwin soon dropped his focus on spatiotemporal replacement patterns. Discovering natural selection in 1838, Darwin began to see evolution primarily as a matter of adaptive change. He essentially dropped his initial "taxic" stance for a purely (anatomical) transformational position. By the time he wrote the *Origin*, he was downplaying the importance of isolation, minimizing the "reality" of species, denying the existence of stasis—and not mentioning mass extinctions and faunal turnovers—all of which topics he had openly explored as a young man.

Restoring these themes has been a major focus of evolutionary biology since the mid-20th century.

CONFERENCIA DR. HERMAN NIEMEYER F.

VÍA DE SEÑALIZACIÓN WNT: DIFERENCIACIÓN PRE Y POSTSINÁPTICA (Wnt Signalling Pathway: Pre and Post-synaptic Differentiation).

Inestrosa, N.C.

Centro de Envejecimiento y Regeneración (CARE), Centro de Regulación Celular y Patología "Joaquín V. Luco" (CRCP), Instituto Milenio (MIFAB), Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.
FONDAP N° 13980001

La formación de la sinapsis en el sistema nervioso central es un proceso complejo que ocurre en un período prolongado del desarrollo. Actualmente, se ha demostrado la existencia de varias moléculas que influyen el cuándo y dónde la sinapsis se forma. Este proceso consiste en la expresión de moléculas específicas en los lados pre y postsinápticos que están involucradas en la regulación de la transmisión sináptica. Por otro lado, la vía de señalización Wnt es esencial para el desarrollo neuronal y la mantención del sistema nervioso central. En este trabajo se revisará cómo diversos ligandos Wnts afectan diferencialmente el desarrollo de terminales pre y postsinápticos en neuronas hipocámpales de rata. El ligando canónico Wnt-7a, estimula la agrupación de proteínas presinápticas e induce la exocitosis de vesículas sinápticas, aumentando la liberación de neurotransmisor en el circuito CA3-CA1. Por otro lado, el ligando no canónico Wnt-5a, recluta a la proteína postsináptica-95 (PSD-95) desde el citoplasma hacia la región postsináptica. Además, aumenta los niveles en la superficie celular del receptor glutamatérgico tipo NMDA, lo que funcionalmente se traduce en un incremento en las corrientes glutamatérgicas en el hipocampo de rata. Estos resultados indican que la vía de señalización Wnt modula diferencialmente el desarrollo de la sinapsis neuronal central.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE CIENCIAS FISIOLÓGICAS

ACLIMATIZACIÓN FISIOLÓGICA A LA HIPOXIA CRÓNICA (Physiological acclimatization to chronic hypoxia).

Iturriaga, R.

Facultad Ciencias Biológicas. P. Universidad Católica de Chile.

Financiado por FONDECYT 1070584.

Los mamíferos de tierras bajas expuestos en forma crónica a hipoxia sostenida desarrollan respuestas de aclimatización a nivel celular (cambios de expresión génica y proteica), tisular (angiogénesis) y sistémico (hiperventilación, hipertensión pulmonar y aumento de la hemoglobina). Menos se sabe de los procesos de aclimatización a la Hipoxia Intermitente Crónica (HIC) que constituye el patrón más común de exposición crónica, como ocurre en el síndrome de Apnea Obstructiva del Sueño (AOS), caracterizado por numerosos episodios cíclicos de hipoxia-reoxigenación. Los pacientes con AOS desarrollan hipertensión y potenciación de las respuestas ventilatorias y cardiovasculares a la hipoxia, atribuibles a un aumento de la reactividad de los quimiorreceptores arteriales. Los efectos de la HIC son difíciles de evaluar en humanos, donde no es posible controlar el patrón hipóxico y separar sus efectos de otras comorbilidades. Para entender los mecanismos involucrados en la aclimatización a la HIC se han usado modelos animales. En gatos y ratas sometidos a hipoxia cíclica (1 min seguido por 4 min normoxia, por 8 horas al día) por periodos cortos de 4-10 días, encontramos potenciación de las respuestas quimiosensoriales y ventilatorias a la hipoxia, cambios en la variabilidad cardíaca, pero no en la presión arterial. Solo después de 21 días las ratas desarrollan hipertensión. Tenemos evidencias que un aumento local de la endotelina-1 en el cuerpo carotideo contribuye a la potenciación quimiosensorial inducida por la HIC. Recientemente encontramos que el ácido ascórbico suplementado en el agua (1,25 mg/ml), previene en ratas sometidas a HIC por 21 días los aumentos de presión arterial, los cambios en la variabilidad cardíaca y la potenciación de las respuestas quimiosensoriales inducidas por la hipoxia, sugiriendo que el estrés oxidativo también contribuye al aumento de la reactividad quimiosensorial inducida por la HIC.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

RESTRICCIONES EPISTÉMICAS DEL MODELO DE HARDY-WEINBERG (Epistemic restrictions of Hardy-Weinberg's model).

Valenzuela, C.Y.

Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La ciencia creyó que la matemática era el desideratum de precisión. Matematizar era la perfección de la ciencia. Pero no hay una demostración que un proceso biológico o físico matematizado gane en precisión biótica o física. Al contrario, cada vez es más claro que el supuesto que la matemática es aplicable a la realidad física o biótica sin errores es falso. La realidad no tiene por qué ser continua, Gaussiana, homoscedástica, lineal, simétrica, aditiva, asociativa, transitiva y todas las otras propiedades que los axiomas matemáticos implican. Es cierto que se han desarrollado álgebras genéticas que no tienen algunas de estas propiedades, pero conservan la mayoría de ellas. Hemos demostrado que al aplicar el teorema de Hardy-Weinberg muchas veces se altera el conocimiento de la realidad por sus simples exigencias matemáticas. Una desventaja del heterocigoto puede ser vista como una ventaja y viceversa. Un proceso de selección en contra de una clase puede ser visto como un proceso a favor de ella. Además los supuestos de Hardy-Weinberg son lógicamente imposibles de cumplir porque implican inconsistencia interna (población infinita y panmíctica, no mutación, etc.).

**CONFERENCIA
PREMIO GRUPO BIOSCHILE-
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE
CHILE**

ECOLOGÍA FUNCIONAL Y EVOLUTIVA DE PLANTAS TREPADORAS (Functional and evolutionary ecology of climbing plants).

Gianoli, E.

Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, CASEB.

Las plantas trepadoras utilizan soportes externos para alcanzar estratos superiores, lo que les confiere mayor biomasa y éxito reproductivo. El hábito trepador ha aparecido en más de 130 familias durante la evolución de las plantas. En general, las plantas trepadoras exhiben mayor abundancia y diversidad en ecosistemas tropicales que en zonas templadas, probablemente debido a limitaciones para establecerse en ambientes fríos. Estas especies constituyen hasta el 40% de la diversidad de bosques tropicales y su dominancia muestra una tendencia creciente en bosques amazónicos. En cuanto a la flora invasora, las plantas trepadoras están sobrerrepresentadas e incluyen a algunas de las especies más nocivas. En esta conferencia se presentan resultados de trabajos en ecología evolutiva y funcional de plantas trepadoras en ecosistemas templados, incluyendo especies nativas e introducidas. En particular, se discutirán patrones macroevolutivos que indican que el hábito trepador es un atributo clave en la evolución de las plantas superiores, confiriéndole una mayor diversificación a los clados que lo presentan. Se mostrará experimentalmente que el patrón de heterogeneidad ambiental ha seleccionado niveles contrastantes de plasticidad fenotípica en poblaciones de plantas trepadoras. A escalas poblacionales y comunitarias, se presentarán resultados que muestran respuestas fenotípicas (morfológicas, fisiológicas, químicas, conductuales) con valor funcional frente a la presión de factores abióticos (intensidad luminosa, disponibilidad de agua en el suelo), factores bióticos (herbivoría, disponibilidad de soporte) y la interacción entre ellos.

**CONFERENCIA
SOCIEDAD DE GENÉTICA DE
CHILE**

EVOLUCIÓN DE LOS CROMOSOMAS SEXUALES DE LOS MAMÍFEROS: ¿ESTÁ DESAPARECIENDO EL CROMOSOMA Y? (Evolution of Mammalian Sex Chromosomes: Is the Y chromosome disappearing?).

Fernández-Donoso, R.¹, Berríos, Soledad¹, Page, Jesús² & Manterola, Marcial.

¹Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Universidad Autónoma de Madrid. Proyecto FONDECYT #1080090

Los Mamíferos habrían surgido hace 170 millones de años en el Jurásico tardío. Se han clasificado en dos Subclases: los Theria, compuesta a su vez por las Infraclases Eutheria (placentados) y Metatheria (marsupiales) y los Prototheria (monotremas), todos ellos con sistemas de determinación cromosómica sexual de tipo XY, con importantes semejanzas y diferencias estructurales y funcionales. Las semejanzas indican el muy probable origen común de los cromosomas sexuales a partir de un sistema XY ancestral. Las diferencias en cambio, apuntan a las intrincadas historias de evolución cromosómica que han tenido los tres linajes de mamíferos. Estos procesos han dado origen a variaciones en el número de los cromosomas sexuales, en el tamaño de los cromosomas X, a la "erosión" del cromosoma Y, como también a distintas formas de apareamiento y segregación, a cambios del contenido génico de X e Y, y a modificaciones de los mecanismos de improntas e inactivación meiótica (MSCI) de los cromosomas sexuales. En este trabajo se analizará y discutirá la peculiar evolución de los cromosomas sexuales de los mamíferos, sobre la base de recientes aportes originales de nuestro grupo y de los inquietantes resultados últimamente publicados sobre *Echidna* y *Platypus* (Monotremas).

**CONFERENCIA
SOCIEDAD DE GENÉTICA
DE CHILE
DR. DANKO BRNCIC**

DE LAS AFECCIONES GENÉTICAS HUMANAS A LA BIOGÉNESIS DE UN ORGANELO. EL CASO DE LOS PEROXISOMAS (From Human Genetic Disorders t).

Santos, M.J.

Laboratorio de Bioquímica Celular y Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, msantos@bio.puc.cl
Financiamiento: FONDECYT-1040792 y Puento 07/2007, VRAID, PUC.

Los peroxisomas son organelos subcelulares, aún misteriosos, que poseen un contenido (matriz) rodeado por una membrana simple. Su biología está siendo posible de comprender gracias a la existencia de mutaciones que afectan su biogénesis.

En seres humanos el descubrimiento de pacientes con Síndrome de Zellweger (una afección recesiva letal) que presentaban mutaciones que comprometían la biogénesis peroxisomal, generando "fantasmas peroxisomales" (Santos et al., Science, 239: 1536-1538, 1988), motivó intensa investigación sobre esta afección. Posteriormente, se definieron otras Afecciones que comprometen la Biogénesis Peroxisomal (ABP), mostrando una gran heterogeneidad genética con 14 grupos de complementación distintos.

La caracterización genética y celular de estas afecciones, llevó a concebir un modelo de biogénesis normal de los peroxisomas humanos. En él, los genes involucrados se denominan "PEX" y "peroxinas" sus proteínas. La presencia de "fantasmas peroxisomales" en la mayoría de las ABP es compatible con un modelo de biogénesis de peroxisomas a partir de organelos preexistentes. Sin embargo la ausencia total de peroxisomas en otras ABP y su reaparición al reintroducir el gen PEX normal, sugiere una síntesis de novo, probablemente involucrando el retículo endoplásmico.

La caracterización genética de las ABP está permitiendo conocer el mecanismo normal de biogénesis de los peroxisomas.

**CONFERENCIA SOCIEDAD DE
BIOLOGÍA DE CHILE**

**TARGETING ENTRY OF RETROVIRAL/
LENTIVIRAL VECTORS**

Mazari, P. Sarangi, A. Zhang, X. and **Roth, M.**
UMDNJ-Robert Wood Johnson Medical School,
Piscataway, NJ

The ability to target viral entry to specific cells improves the safety for use of vectors for gene delivery.

Our laboratory has developed a system to retarget retroviral entry through the screening of random libraries generated within the receptor binding domain of the FeLV envelope (Env). Through using this system, two novel viral Env:host receptor pairs have been identified. This first viral Env (A5 isolate) utilizes the SLC35F2 protein as its receptor, a putative transporter protein of unknown function. Current research has focused on a second isolate, referred to as CP (constrained peptide), as it encodes an internal cysteine loop. Viral binding studies with the CP Env protein and mutants correlated receptor binding with viral titer.

In order to isolate the viral receptor, a cDNA library was generated from 143B cells. Through library screening we have identified a cDNA that encodes the viral receptor, with 100% sequence homology to the G-protein coupled receptor 172A (GPR172A). GPR172A is reported to be the gamma-hydroxybutyrate receptor and also serves as the receptor for a pig endogenous retrovirus (PERV-A). The implications of a single-round of infection selecting a receptor for a distant endogenous virus will be discussed.

A second approach to target viral gene delivery is being examined, utilizing lentiviral particles pseudotyped with a modified Sindbis viral Env capable of binding exogenous antibodies through an internal ZZ domain (Morizono, K et al., Nat Med, 2005. 11:346). This system is being developed for targeting stem cells within a mixed population.

CONFERENCIA SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

DUPLICACIONES GENÓMICAS Y TETRAPLODÍA EN MAMÍFEROS (Genome Duplications and tetraploidy in Mammals).

Gallardo, M. H.

Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Financiado por Proyecto FNC 1070217.

La repetida existencia de duplicaciones génicas y genómicas en animales y vegetales ha revitalizado las ideas de Susumo Ohno, acerca de su importancia y rol creativo en la evolución. Cada evento de duplicación genómica (poliploidización) produce reclutamiento de las familias génicas redundantes hacia nuevos roles metabólicos. Además, se asocia directamente con la diferenciación organísmica y la complejidad de los planes corporales. La poliploidía está presente en 50-70% de las angiospermas, pero no es tolerada en los mamíferos debido al efecto de dosis génica. El descubrimiento del roedor alotetraploide, *Tympanoctomys barrerae* ($2n = 102$) constituye una novedad evolutiva que ejemplifica paradigmáticamente la plasticidad genómica de los roedores. Las múltiples traslocaciones de los cromosomas X han roto la continuidad de los elementos cis-reguladores que percutan la señal de inactivación cromosómica. La diploidización funcional y estructural de los genes, sumada a los reordenamientos cariotípicos en *T. barrerae*, han sido claves en su viabilidad, homeostasis del desarrollo y mantención de los mecanismos sensibles a la dosis génica. Adicionalmente, las adaptaciones morfofuncionales de *T. barrerae* le han conferido ventajas para vivir en ambientes hipersalinos no aptos para sus ancestros diploides. Al igual que en las plantas con genomas duplicados cuyo rango distribucional sobrepasa el de sus ancestros, la distribución de *T. barrerae* es mayor que la de todos los octodóntidos conocidos.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE BOTÁNICA DE CHILE

ANTICIPANDO RESPUESTAS AL CAMBIO CLIMÁTICO GLOBAL EN LOS ANDES DE CHILE CENTRAL (Anticipating Responses To Global Climate Change In The Central Chilean Andes).

Cavieres, L.A., Sierra-Almeida A., Hernández, C.,
Molina-Montenegro M. & Bravo, L.A.

Departamento de Botánica, Universidad de Concepción
e Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

FONDECYT 1030710, P05-02 F ICM

En Chile conocemos bastante poco respecto a cómo responderán nuestros ecosistemas al fenómeno de calentamiento global. Los ecosistemas de alta montaña se consideran como uno de los sistemas más sensibles a este fenómeno, y se ha propuesto que con el aumento de la temperatura las plantas que habitan zonas bajas migrarán hacia mayores elevaciones. Esto supone que las especies tienen la capacidad de tolerar las temperaturas congelantes que ocurrirán a mayores altitudes. Mientras las especies típicamente altoandinas tienen una capacidad para tolerar muy bajas temperaturas, las especies de baja altitud no toleran mucho el congelamiento, sugiriendo que tendrían una capacidad limitada para migrar a mayores elevaciones. Por otro lado, experimentos de calentamiento indican que el aumento de la temperatura en verano tendrá efectos nocivos para el reclutamiento de plantas en bajas altitudes. Estos efectos en cambio serán positivos en altitudes mayores, indicando que las respuestas al cambio climático en Chile central serían mucho más complejas de lo presupuestado. No obstante se requieren más estudios y de más largo aliento para evaluar los impactos reales del cambio climático en comparación a otros impactos más inmediatos como es la transformación de los hábitats naturales.

CONFERENCIA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

NOVEL COMPUTATIONAL INTELLIGENCE METHODS FOR MICROARRAY ANALYSIS

Ngom, A.

School of Computer Science, University of Windsor,
Ontario, Canada.

Oligonucleotide microarrays are widely used tools, in molecular biology, providing a fast and cost effective method for monitoring the expression of thousands of genes simultaneously. In order to measure the expression level of a specific gene in a sample, one must design a microarray containing short strands of known DNA sequences of 8 to 30 bp, called oligonucleotide probes, that are complementary to the gene's segments, called targets. These targets, if present in the sample, should bind to their complementary probes by means of hybridization. Typically, the total length of a probe used to hybridize a gene is only a small fraction of the length of the gene. The success of a microarray experiment depends on how well each probe hybridizes to its target. Expression levels can only be accurately measured if each probe hybridizes to its target only, given the target is present in the biological sample at any concentration. However, choosing good probes is a difficult task since different sequences have different hybridization characteristics. Novel computational intelligence methods are discussed in order to improve the microarrays technology.



SIMPOSIO SOCIETAD DE
SECCION

ADAPTACION ANIMAL DE LOS
INDUSTRIACION DEL

CONGRESO DEL POLICIA ADUANA Y
A LA VIDA DE LOS

SIMPOSIOS

SIMPOSIO SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE SECCION ZOOLOGÍA

ADAPTACIÓN ANIMAL: DE LOS MICROAMBIENTES A LA COLONIZACIÓN DEL ESPACIO AÉREO

Coordinador: Mauricio Canals

ÁCAROS DEL POLVO: ADAPTACIONES A UNA VIDA OCULTA (House dust mites: adaptations to an hidden life).

Casanueva, M.E.

Departamento de Zoología, Universidad de Concepción. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Concepción.

Gracias a la capacidad que tienen de adaptarse a distintos hábitats, los ácaros se han distribuido con enorme éxito por todo el planeta y en todos los ambientes conocidos. Así, hay especies terrestres y acuáticas; las hay que habitan a más de 5 000 m de altura o en los abismos marinos; otras resisten las altas temperaturas de los manantiales termales o las heladas aguas de los mares árticos. Sin embargo, entre los sitios más poblados de ácaros está el polvo de habitación.

Los ácaros del polvo son pequeños animales microscópicos (miden aproximadamente 0.3 milímetros de longitud), que habitan en casi todo el mundo, prefiriendo zonas de clima templado y humedad alta.

Como dependen de la humedad y la oscuridad, sus lugares favoritos para vivir son colchones, almohadas, peluches y alfombras. En estos lugares encuentran su alimento favorito: las escamas de piel humana y animal. Es así que en un colchón ha sido posible encontrar más de dos millones de estos ácaros.

El éxito de este grupo de ácaros en muchos y diversos medios ambientes se puede ver reflejado, por ejemplo, en la diversificación de adaptaciones de los siguientes tipos:

Fisiológicas (respiración, osmorregulación)

Morfológicas (cutícula, setas supracoxales, morfometría del sistema reproductivo)

Comportamiento sexual (cópula, estrategias de reproducción) y no sexual (distribución espacial vs luz, T° y RH)

Desarrollo ontogenético.

ESTRATEGIAS DE DESPLAZAMIENTO Y ALIMENTACIÓN EN HORMIGAS, Y SUS IMPLICANCIAS ADAPTATIVAS (Displacement and feeding strategies in ants, and their adaptive implications).

Torres-Contreras, H.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Patrocinio: Fondecyt 2010001 y 3060064.

La estructura del hábitat restringe las trayectorias, el transporte de alimento y la adquisición de información en los animales. Las hormigas son un buen modelo de estudio para abordar estas problemáticas pues presentan trayectorias complejas, son forrajeadores de lugar central y son altamente eficientes en procesar información desde su entorno. Las relaciones que se establecen entre heterogeneidad del paisaje, desempeño locomotor y eficiencia de forrajeo fueron analizadas en la especie *Dorymyrmex goetschi* (subfamilia Dolichoderinae). Los resultados muestran que estas hormigas incrementan sus velocidades de locomoción cuando se desplazan hacia y desde parches de alimento distantes del nido, y que los contactos entre compañeras de nido y la generación de un trabajo colectivo ("sistema de posta") mejoran la tasa de remoción de recursos. Por otra parte, el principal mecanismo de comunicación utilizado por hormigas granívoras del género *Pogonomyrmex* que forrajean en grupo (especies norteamericanas), es la producción de pirazinas que funcionan como feromonas de camino. Es decir, el uso de estos semioquímicos permite el reclutamiento y orientación de las obreras hacia los parches de recursos. En la especie sudamericana *Pogonomyrmex vermiculatus* (subfamilia Myrmicinae), que exhibe un forrajeo en solitario, se investigó cuál es la restricción que impide la expresión de una estrategia de forrajeo en grupo. Se encontró que, en contra de lo esperado, las obreras de *P. vermiculatus* no solo producen pirazinas, sino que además perciben estos compuestos y los usan como feromonas de camino, lo cual permite una temprana detección del alimento y una mayor eficiencia de forrajeo.

ADAPTACIONES MORFOLÓGICAS Y FISIOLÓGICAS EN DIPTERA HEMATÓFAGOS (Morphological and Physiological adaptations in hematophagous Diptera).

González, C.R.

Instituto de Entomología Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación.

La hematofagia es un hábito raro en Insecta, encontrándose representada en 4 órdenes de insectos: Phthiraptera, Hemiptera, Siphonaptera y Diptera, aunque también, esporádicamente, se presenta en Noctuidae (Lepidoptera) y Menoponidae (Phthiraptera: Amblycera). Este hábito se ha desarrollado independientemente al menos 21 veces, en los distintos grupos de Arthropoda hematófagos. La evolución de este hábito de alimentación sugiere 2 caminos evolutivos: primero, prolongadas asociaciones entre vertebrados e insectos que inicialmente no presentaban especializaciones para la hematofagia; y segundo, desarrollo del hábito en insectos que estaban morfológicamente preadaptados para perforar superficies, como en los insectos entomófagos. En los dípteros, los cuales tienen gran incidencia en el ámbito médico y veterinario, al actuar como vectores biológicos y mecánicos de serias enfermedades, la hematofagia se ha desarrollado, independientemente, en 9 familias. Los dípteros hematófagos presentan variadas adaptaciones morfológicas y fisiológicas para la detección y alimentación en sus hospederos vertebrados, que incluyen desde adaptaciones en sus piezas bucales, presencia de quimiorreceptores que detectan CO₂, vapor de agua o ácido láctico, detección de señales visuales para localizar sus hospederos, también la presencia de mecano receptores en el extremo de sus armaduras bucales que entregan información de la correcta posición de estas para la penetración y la presencia de saliva, con distintos agentes, que impiden la coagulación de la sangre de su hospedero.

ADAPTACIONES A INTERFERENCIAS EN LA COMUNICACIÓN SONORA EN ANUROS (Adaptations to interferences in anuran sound Communications).

Penna, M., Velásquez, N.

Programa de Fisiología y Biofísica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

FONDECYT 1080459 y CONICYT D-21060849.

Los animales utilizan diversos mecanismos para sobrellevar la interferencia producida por ruidos. Sin embargo, no se han realizado estudios que evalúen experimentalmente cómo diversas especies confrontan estas interferencias en condiciones naturales. Exploramos el efecto de ruidos abióticos en la actividad vocal de machos de dos especies de *Eupsophus* y el efecto de señales heteroespecíficas en machos de especies de *Batrachyla*.

En el campo, machos fueron expuestos a ruidos naturales y un ruido sintético pasa-banda, a una intensidad moderada (66 dB SPL). Además, machos de *B. taeniata* fueron expuestos a cantos coespecíficos y de dos especies congenéricas. En el laboratorio se realizaron registros unitarios de neuronas auditivas mesencefálicas de *E. calcaratus* en presencia de ruido.

La actividad vocal de *E. calcaratus* incrementó, en tanto que la de *E. emiliopugini* no varió ante ruidos abióticos. *B. taeniata* aumentó notablemente su actividad vocal con el ruido pasa-banda y la redujo en presencia de cantos heteroespecíficos. Un 40% de las neuronas de *E. calcaratus* mantuvieron o incrementaron sus respuestas a tonos en presencia de ruidos de intensidad creciente.

Las respuestas vocales de estos anuros revelan estrategias contrastantes de comunicación en condiciones de interferencia. Las respuestas neuronales de *E. calcaratus* en presencia de ruido son congruentes con el aumento de la actividad vocal de este anuro ante tal interferencia.

LA COLONIZACIÓN DEL MEDIO AÉREO EN MAMÍFEROS (The colonization of the air in mammals).

Canals, M.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Para los murciélagos, volar es un desafío que combina tamaños pequeños, altos gastos metabólicos, altitudes elevadas y bajas temperaturas. Esto lo enfrentan con grandes cambios estructurales y funcionales. El límite de tamaño corporal no parece impuesto por el vuelo en sí mismo. La potencia mecánica requerida para el vuelo crece más rápidamente que el consumo de oxígeno en los quirópteros contribuyendo a establecer un límite superior de alrededor de 1.5 kg. Las extremidades están completamente condicionadas por el vuelo. El patagio vascularizado, con músculos para su tensión, contribuyen al vuelo, mientras que el aductor del quinto dígito provoca el perfil arqueado. La morfología alar presenta una gran variabilidad, asociada a la biomecánica y energética del vuelo, y con aspectos ecológicos y conductuales como el patrón de vuelo, conducta de forrajeo y selección de hábitat. En la comunidad de especies de murciélagos chilenos se pueden reconocer 4 grupos funcionales en los que destacan los vespertilionidos con su alta maniobrabilidad y baja velocidad como corresponde a murciélagos de áreas arboladas. Entre las adaptaciones cardiovasculares se encuentran: tamaño cardíaco aumentado con dominio del corazón derecho, retorno venoso regulado, alto hematocrito, glóbulos rojos pequeños, mayor concentración de Hb y transporte de oxígeno, mayor volumen pulmonar, alvéolos pequeños, fina membrana alvéolo-capilar, alta frecuencia respiratoria, alta capacidad de difusión de oxígeno y vía aérea con mínima producción de entropía.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

Coordinadora: Marina Gambardella

SITUACIÓN ACTUAL DE LOS ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS (OGM) (Current Situation Of The Genetically Modified Organisms (Ogm)).Gambardella, M. y Prehn D.
Pontificia Universidad Católica de Chile.

Existe consenso entre científicos y expertos en que los alimentos transgénicos constituyen una solución tecnológica efectiva para enfrentar la creciente demanda alimentaria en forma sostenible.

Desde 1996 hasta el 2007 la superficie de OGM a nivel mundial ha pasado de 1,7 millones de hectáreas cultivadas en 6 países hasta los 114,3 millones de hectáreas en 21 países. Prácticamente la totalidad de la superficie se concentra en soya, maíz, algodón y colza (canola), aunque a nivel experimental se tienen modificaciones en casi la totalidad de las especies cultivadas.

Entre los objetivos de la modificación genética más desarrollados se encuentran, la resistencia a herbicida e insectos. La tendencia en los últimos años es desarrollar variedades transgénicas más complejas, modificando genes reguladores que tienen efectos sobre la productividad. Destacan las tolerancias a estreses abióticos y una mayor eficiencia en el uso del nitrógeno. Se espera que estos eventos sean protagonistas de la agricultura biotecnológica en los próximos años.

En diversos países existe una clara regulación que permite el desarrollo y el aumento de la superficie con este tipo de productos. En Chile en cambio, el sistema normativo es insuficiente y ambiguo, influyendo directa e indirectamente en la capacidad para desarrollar esta tecnología. A pesar de ello, la superficie cultivada con OGM ha aumentado progresivamente, superando las 24.464 ha en la temporada 2007-2008, representada en su totalidad por semillas de reexportación.

EL FITOMEJORAMIENTO GENÉTICO EN CHILE: LOGROS Y DESAFÍOS FUTUROS (Plant breeding in Chile: achievements and challenges).Muñoz, C.
Instituto de Investigaciones Agropecuarias.

El mejoramiento genético (MG) nace con la agricultura. En Chile lo inician las culturas prehispánicas que cultivaron importantes especies como el maíz, la papa, los porotos, el mango (cereal) y otras. Luego los españoles introdujeron las plantas cultivadas en Europa. El MG moderno se inicia en el siglo XIX, con la creación de diferentes instituciones como la Quinta Normal de Agricultura, la Estación Experimental

Agronómica de la Sociedad Nacional de Agricultura, el Instituto Agronómico y, en el Ministerio de Agricultura, el Departamento de Genética y Fitotecnia, el Departamento de Investigaciones Agrícolas y el Instituto de Investigaciones Agropecuarias. El rápido desarrollo científico y tecnológico del Siglo XX abrió nuevas oportunidades: la genómica, proteómica y metabolómica permiten la identificación de los genes responsables de importantes caracteres agronómicos; los marcadores moleculares permiten hacer el MG más eficiente, rápido y preciso; y, la transgenia, permite sobrepasar las barreras al flujo génico impuestos por la especiación. Con la irrupción de los Derechos de Propiedad Intelectual se abren nuevas oportunidades de negocios. Todo lo anterior crea un escenario favorable para hacer MG en Chile, sin embargo aún no se cuenta con legislaciones adecuadas que regulen el acceso a los recursos genéticos, la producción y comercialización de Organismos Genéticamente Modificados y la protección de la propiedad intelectual. También se debe contar con capital humano capacitado y el Estado y las empresas dispuestos a invertir.

RECURSOS FITOGENÉTICOS Y MEJORAMIENTO VEGETAL EN CHILE (Genetic resources and plant breeding in Chile).Pertuzé, R.
Universidad de Chile.

Chile es conocido por su aislamiento geográfico, y por la gran diversidad de ecosistemas en toda su extensión. Ambos elementos permiten una enorme gama de especies de las cuales el 51% son endémicas y se adaptan a diversas condiciones (altitudes, pluviometría, salinidades, entre otros). Mucha de la diversidad ha dado origen a especies cultivadas (papas, frutillas, tomates) o son fuente importante de variabilidad para otros. Solo un 13% de nuestra flora tiene usos conocidos, pero aún queda mucho por investigar para aprovechar el alto valor estratégico de nuestro germoplasma. Actualmente en Chile existen 31 instituciones que participan en la conservación *ex situ* de recursos fitogenéticos y de ellas el 82% se conserva como semillas, más del 85% representan especies cultivadas y el 50% son cereales. Desde 1985 INIA viene desarrollando un Programa de Recursos Genéticos y en 1995 fue designado como curador Nacional de los Recursos Genéticos, hoy conserva la mayor cantidad de especies y accesiones a nivel nacional y cuentan con una red de bancos a lo largo del país: un banco base y otros tres bancos activos. Chile participa de redes internacionales de recursos genéticos, así como de diversos tratados, convenios y estrategias mundiales (CDB, TIRFG, COP) para la protección y conservación de los recursos genéticos. Es nuestra labor conservar, caracterizar, utilizar y compartir estos tesoros y asegurar una justa repartición de los beneficios de estos.

SIMPOSIO SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

ESPECIACIÓN

Coordinador: Marco Méndez

MUTACIONES CROMOSÓMICAS Y ESPECIACIÓN EN REPTILES DE CHILE (Chromosome mutations and speciation in reptiles from Chile).

Lamborot, M.

Laboratorio de Citogenética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Numerosos organismos animales y vegetales cercanamente relacionados entre sí pueden diferir en las características cromosómicas, a veces en grados extremos. Desde el punto de vista cromosómico en Iguania (13 familias, más de 60 géneros), la mayoría de los géneros con bajo número de especies presentan una dotación cromosómica diploides $2n = 36$ (12 macro + 24 microcromosomas) considerada primitiva. Son los géneros con más de 80 especies como *Anolis*, *Sceloporus* y *Liolaemus* los que concentran la mayor variabilidad cromosómica del grupo.

Liolaemus con más de 190 especies está restringido al cono sur de Sudamérica: Chile cuenta con 85 taxa entre especies y subespecies y endémicas en más del 65% y gran variación cromosómica. Distinguimos un grupo cromosómicamente conservativo y otro que incrementa su número diploide. Esta situación proporciona una excelente oportunidad para explorar procesos evolutivos en especiación. Sin embargo, para comprender la posible relación causal entre cambios cromosómicos y especiación analizaré en detalle dos especies modelo de amplia distribución: *Liolaemus monticola* con diversas razas cromosómicas de complejidad creciente de sur a norte, zonas de hibridación, altos polimorfismos y *L. chiliensis* con situaciones de triploidía y mosaicismo. Estas serán analizadas usando diferentes marcadores independientes: aloenzimáticos, ADNmt, citogenéticos mitóticos y meióticos, morfológicos, estructura poblacional, zonas de hibridación, etc., para tratar de entender el papel que juegan los reordenamientos cromosómicos en la biodiversidad de este grupo.

POBLACIONES ALTOANDINAS, FILOGENIA MOLECULAR Y REORDENAMIENTOS CROMOSÓMICOS EN EL GRUPO "PALLUMA" DE *PHYMATURUS* (SQUAMATA, LIOLAEMIDAE) (High andean populations, molecular phylogeny and chromosomal rearrangements of the "Palluma" group of *Phymaturus* (Squamata, Liolaemidae)).

Velo, A.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Agradecimientos. Depto. Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La diversidad de especies de *Phymaturus* en Chile está subestimada. En la actualidad solamente son reconocidas *P. palluma* y *P. vociferator*. Nuevas poblaciones altoandinas inicialmente asignadas como *P. cf. palluma*, tienen un patrón distribucional alopátrico y presentan características cromosómicas y moleculares particulares sin intergradación, que conforman al concepto evolutivo de especie. La incorporación de estos nuevos taxa en un análisis comparativo utilizando caracteres moleculares (DNAm), con las restantes especies del grupo "Palluma" (= *Flagellifer*) confirma el estatus monofilético para este grupo, geográficamente distribuido en ambas vertientes de la cordillera de Los Andes. Las especies de la vertiente Pacífica, muestran diferencias en el número diploide determinadas por el número de microcromosomas y principalmente por el número de pares metacéntricos y telocéntricos en el sector de macrocromosomas. Sin embargo, el número de brazos cromosómicos (NF) en este sector permanece constante. La naturaleza de estos cambios permite postular la existencia de reordenamientos del tipo fusiones céntricas que dan como resultado los cariotipos observados. La variabilidad cromosómica observada es discutida en el contexto del modelo distribucional y la estructura social de las poblaciones de los *Phymaturus*.

**ESPECIACIÓN EN AMBIENTES EXTREMOS:
EL CRUSTÁCEO ARTEMIA COMO MODELO**
(Speciation in extreme environments: the brine
shrimp *Artemia* as a model).

Gajardo, G.

Laboratorio de Genética & Acuicultura. Universidad
de Los Lagos. Osorno. ggajardo@ulagos.cl.
Financiamiento Fondecyt 1061190.

El crustáceo *Artemia* es un organismo paradigmático cuya historia de vida refleja su respuesta evolutiva para sobrevivir a las condiciones extremas propias de los lagos hipersalinos, su ambiente natural. Estos se distribuyen en zonas tropicales y subtropicales de todos los continentes en forma de parches semejantes a islas. Las características ecológicas de estos ejercen una fuerte presión para la diferenciación interpoblacional, por ejemplo fluctuaciones en salinidad, temperatura, oxígeno y composición iónica. Adicionalmente, se sabe que organismos tolerantes a la salinidad exhiben una tasa de evolución molecular de alrededor tres veces superior que los de agua dulce, de manera que *Artemia* es un modelo promisorio para estudiar la dimensión evolutiva de la respuesta al estrés y el fenómeno de especiación, particularmente desde una perspectiva experimental. Este trabajo discute la validez del modelo de especiación por divergencia adaptativa propuesto para *Artemia* a la luz de la información actual disponible a diferentes niveles de organización (cromosomas, marcadores genéticos nucleares –codificantes y no codificantes– y mitocondriales). Alternativamente, se discute el modo ecológico de especiación que contempla flujo génico pero en el cual las presiones selectivas locales adquieren relevancia para mantener la identidad genética y la adaptación de las poblaciones divergentes. A nivel experimental se evalúan las predicciones relacionadas con el aislamiento reproductivo en ambos casos en experimentos de aislamiento reproductivo del tipo “selección múltiple”, con énfasis en las especies *A. franciscana* y *A. persimilis* que se encuentran en Chile.

**MODELOS DE ESPECIACIÓN EN AUSENCIA
DE BARRERAS GEOGRÁFICAS EN
INSECTOS NEOTROPICALES** (speciation
models in the absence of geographical barriers
in neotropical insects).

Frías, D.

Instituto de Entomología, Universidad Metropolitana
de Ciencias de la Educación.

Proyectos DIUMCE: DI, 1/09/2002, FIBAS 11/04;
04/06; 06/08.

Hay consenso en que las especies se originan cuando surgen nuevos mecanismos de aislamiento reproductivo, sin embargo hay discrepancias en el rol que poseen las barreras extrínsecas en el origen de las especies animales. Un problema en los modelos de especiación simpátrica y parapátrica es probar que las especies efectivamente se formaron en ausencia de barreras extrínsecas. En este estudio, se analizan aspectos de la biología evolutiva de Dípteros fitófagos de los géneros *Acinia*, *Celidosphenella* y *Trupanea* (Tephritinae) y de insectos hematófagos del género *Mepraia* (Reduviidae). En el género *Trupanea* la especiación simpátrica se relaciona con el surgimiento por hibridación de uno de los hospederos. *Acinia hendeli* y *A. mallochi* viven en la misma planta hospedera, en el tallo y en la flor, respectivamente. *C. diespasmene* y *C. simulata* coexisten en las inflorescencias de las mismas plantas huéspedes. En los 3 casos, la distribución geográfica de la especie supuestamente más reciente está incluida en la distribución geográfica de la especie ancestral lo que sugiere especiación simpátrica a través de una impronta conductual hacia la planta huésped. *M. spinolai* y *M. gajardoii* presentan una distribución parapátrica que sugiere especiación semigeográfica en cascada; modificaciones en la cromatina constitutiva y surgimiento de nuevos cromocentros implicarían barreras meióticas, un bajo valor de adecuación de los heterocigotos y distribución clinal de estas especies.

SIMPOSIO SOCIEDAD CHILENA DE EVOLUCIÓN

200 AÑOS DEL NATALICIO DE DARWIN

Coordinador: Rodrigo Medel

EVOLUCIÓN APLICADA EN MEDICINA, AGRICULTURA, BIOTECNOLOGÍA, CONSERVACIÓN, INGENIERÍA Y ECONOMÍA (Applied evolution in Medicine, Agriculture, Biotechnology, Conservation, Engineering, and Economy).

Spotorno, A.E.

Laboratorio de Citogenética Evolutiva de Mamíferos, Programa de Genética Humana, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

La Biología Evolutiva, aunque constituye el cuerpo teórico más explicativo e incluyente de las ciencias biológicas, clásicamente ha tenido solo algunas aplicaciones en Medicina y Agricultura, i.e. resistencia a antibióticos, mejoramiento animal y vegetal; en lo principal sus paradigmas no fueron debidamente integrados. En los dos últimos decenios, las aplicaciones de la Evolución se han multiplicado e incorporado a múltiples campos, culminando con la reciente aparición de la revista *Applied Evolution*. Pionera en estas expansiones es la Medicina Evolucionaria, fundada en 1991 como Medicina Darwiniana (ver *RevMedChile* 133:231, 2005), ya madura y reconocida. Las aplicaciones de la I Teoría de Darwin, descendencia con modificación, son ahora esenciales para rastrear nuevas enfermedades, identificar especies, variedades y filogenias en Medicina, Salud Pública, Farmacología, Antropología, Conservación y Biodiversidad, "resucitar" moléculas ancestrales en Biotecnología, y analizar genomas en Bioinformática y sus modificaciones por cambios climáticos. Los usos de la II Teoría de Darwin, selección natural, incluyen ahora "evolución dirigida" en Biotecnología para diseñar y mejorar nuevas moléculas naturales y artificiales y sus protocolos de aplicación en Medicina, Agricultura y Farmacología, así como a la evolución de programas computacionales en Ingeniería y Economía. Para algunos, la Evolución ha llegado a ser una "ciencia estratégica" (*Evol* 61:239, 2007).

DARWIN EN CHILE Y LA REIVINDICACIÓN DEL PAPEL LA HISTORIA NATURAL EN LA CIENCIA (Darwin in Chile, and the recovery of the role of Natural History in science).

Armesto, J.J., Charrier, A., Willson, M. F.

Fundación Senda Darwin, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Chile y CASEB, Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

El joven naturalista Charles Darwin recorrió Chile a bordo del *Beagle* entre el Cabo de Hornos e Iquique, entre junio de 1834 julio de 1835. Esta etapa del viaje por la costa oeste de Sudamérica duró aproximadamente 13 meses (en contraste a un solo mes en la Islas Galápagos), e incluyó excursiones a los valles interiores en Chile centro y Norte Chico, atravesando la cordillera andina frente a Mendoza. En su Diario de Viaje, Darwin dedica seis capítulos a Chile, describiendo aspectos que van desde los paisajes, geología, clima, ecología y conducta de especies animales y plantas colectados u observados en diferentes ambientes, hasta las características de los habitantes nativos y sus costumbres sociales y economía de la época. En esta presentación revisamos estas temáticas, usando los textos originales del Diario y Correspondencia del naturalista, resaltando cómo las observaciones de campo constituyen fundamento de posteriores desarrollos teóricos o hipótesis de trabajo que son esenciales para la investigación científica de los fenómenos naturales pasados y actuales. Vinculamos este análisis a un esquema conceptual que revaloriza el papel de la Historia Natural, y la observación sistemática en terreno, en la formulación de teorías e hipótesis inductivas y plausibles en los campos de la evolución y ecología.

LA CONTRIBUCIÓN DE DARWIN AL CONOCIMIENTO DE LA FAUNA Y FLORA DE CHILE (Darwin's contribution to knowledge of the fauna and flora of Chile).

Jaksic, F. & S. A. Castro

CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile,
Universidad de Santiago de Chile. fjaksic@bio.puc.cl

La contribución de Darwin al conocimiento de la fauna de vertebrados terrestres (i.e., anfibios, reptiles, aves y mamíferos) incluye cuatro aspectos: (a) Darwin fue colector de numerosos especímenes, muchos de los cuales resultaron ser especies o subespecies nuevas y algunos de los cuales inclusive representaban géneros nuevos. (b) Darwin mismo describió taxonómicamente una cierta cantidad de especies, la mayoría de las cuales posteriormente pasaron a la sinonimia. (c) Darwin describió observaciones de historia natural de varios de los organismos que vio o colectó a lo largo de su viaje por Chile, la mayoría de ellas en la parte patagónica, sur y central del país. (d) Darwin, como inspirador de otros taxónomos, recibió el honor de ser dedicado varias especies o subespecies chilenas, que por lo tanto llevan el apelativo binomial o trinomial de *darwini*. Curiosamente, el hallazgo taxonómico más espectacular de Darwin en Chile, el zorro *Pseudalopex fulvipes*, no recuerda a su descubridor ni en su nombre científico ni vernáculo (zorrito chilote). Por otra parte, la contribución de Darwin al conocimiento de la flora vascular (i.e. helechos, gimnospermas y angiospermas) se sintetiza como: (a) fue colector de numerosos especímenes, material que posteriormente fue utilizado como Tipo en la descripción de nuevas taxa; (b) fue descriptor de observaciones de historia natural de algunas especies de plantas y de la vegetación; (c) finalmente, diversas especies, subespecies, variedades y formas de la flora chilena han sido dedicadas a Darwin como lo indica el epíteto específico de dichas taxa.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE ECOLOGÍA DE CHILE

TÉCNICAS MOLECULARES EN ESTUDIOS DE ECOLOGÍA
Y EVOLUCIÓN

Coordinador: Juan C. Opazo

SOBREMICROSATÉLITES, PROMISCUIDAD, CANIBALISMO Y CICLOS DE VIDA EN INVERTEBRADOS MARINOS (Regarding microsatellites, promiscuity, cannibalism and life cycle strategies in marine invertebrates).**Brante, A.**

Depto. Ecología Costera, Universidad Católica de la Ssma. Concepción. Laboratorio Internacional Asociado Franco-Chileno - LIA DIAMS.
Beca doctoral CONICYT.

Uno de los principales problemas que presenta el estudio del comportamiento reproductivo de las especies, es determinar el éxito reproductivo real de hembras y machos. Esto es especialmente complicado cuando las hembras pueden aparearse con más de un macho o almacenar espermios. El uso de nuevas herramientas moleculares en el área de la ecología reproductiva ha dado solución a una serie de problemas y limitaciones que presentan los métodos más convencionales de cuantificación del éxito reproductivo. Estos avances han permitido evaluar diferentes hipótesis de una forma más directa y exacta, en donde la estimación del éxito reproductivo real es una variable determinante. En el presente trabajo, se muestra un ejemplo del uso de marcadores microsatelitales para estudiar la ecología reproductiva del gastrópodo marino *Crepidula coquimbensis* (Callyptraeidae). Esta especie presenta fecundación interna, conducta de agregación y las hembras encapsulan e incuban sus crías. Un aspecto interesante de *C. coquimbensis*, es que los embriones presentan canibalismo intracapsular. Se cuantificó la potencialidad de almacenar espermios por parte de las hembras, la frecuencia de multipaternidad dentro de la camada y el éxito reproductivo real de los machos. Además se evaluó el potencial efecto que tienen estos factores sobre la intensidad del canibalismo y sus implicancias en la estrategia de desarrollo embrionario.

DISPERSIÓN Y CONECTIVIDAD EN EL AMBIENTE MARINO: ¿POR QUÉ USAR MARCADORES MOLECULARES? Marine dispersal and conectivity: Why use molecular markers?**Cárdenas, L.**

Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.
Fondecyt-Iniciación 11080068.

Un aspecto central en la ecología marina es determinar los factores que regulan la abundancia y distribución de las poblaciones y especies. Un componente crítico para lograr esta meta es establecer la extensión de la conectividad (i.e. el intercambio de individuos entre poblaciones separadas geográficamente). El paradigma de conectividad establece que invertebrados marinos con fases larvales de gran duración se encuentran distribuidos en rangos geográficos extensos, tienen capacidad de dispersar a grandes distancias y consecuentemente tienen altos niveles de flujo genético y bajos niveles de diferenciación genética entre sus poblaciones; esto si son comparados con especies que carecen de una fase larval o con aquellas donde la duración larval es reducida. El uso de marcadores moleculares en ecología ofrece numerosas oportunidades para poner a prueba esta hipótesis y resultados controversiales han sido obtenidos desde otras latitudes. Más aún, no hay una idea clara sobre la interacción entre los diferentes factores (ambientales contemporáneos e históricos, características intrínsecas de la especie) en la distribución de la biodiversidad en el ambiente marino. Dada su variación ambiental latitudinal, la costa chilena es un laboratorio ideal para poner a prueba la hipótesis de conectividad y estudiar el efecto de factores contemporáneos e históricos en especies marinas con diferentes ciclos de vida y contrastantes rangos geográficos de distribución. Recientemente, el uso de marcadores moleculares en especies marinas chilenas ha entregado apoyo al paradigma de conectividad, pero también ha demostrado la importancia de factores ambientales en la distribución de la diversidad genética en el mar.

CONTRIBUCIÓN DE LAS HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA EL ESTUDIO DE LOS RASGOS DE HISTORIA DE VIDA EN PLANTAS (Contribution of molecular tools to the study life history traits in plants).

¹Guillemin, M.L.

²Faugeron S., ³Destombe C., ³Billard E., ^{2,3}Tellier F., ²Correa J. A., ³Valero M.

¹Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. ²Departamento de Ecología and Center for Advanced Studies of Ecology and Biodiversity, Casilla 114-D, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ³Evolution et Génétique des Populations Marines (EGPM), UMR CNRS/UPMC 7144, Station Biologique de Roscoff, 29682 Roscoff, France.

Dentro de los diferentes rasgos de historia de vida que caracterizan las especies, los caracteres reproductivos son de particular importancia. Este papel fundamental surge porque los caracteres reproductivos influyen en el modo de transmisión de los genes, en el éxito reproductivo y en la conectividad entre poblaciones. En plantas se ha demostrado que los caracteres reproductivos afectan la organización de la diversidad genética, las respuestas a la selección, y el patrón de diversificación evolutiva. Las algas, caracterizadas por una diversidad excepcional de ciclos de vida y estrategias reproductivas, representan un modelo interesante de estudio. Últimamente, el aumento de los estudios de ecología molecular en algas, que combinan el empleo de marcadores moleculares y las herramientas matemáticas de la genética de poblaciones, han permitido evidenciar el impacto de diferentes caracteres reproductivos sobre la distribución de la variabilidad genética a diferentes escalas geográficas. En el presente trabajo se muestran ejemplos del uso de marcadores moleculares para estudiar la ecología reproductiva y su impacto genético en diferentes especies de algas.

EVOLUCIÓN DE FAMILIAS MULTIGÉNICAS EN MAMÍFEROS: LAS BETA-GLOBINAS COMO MODELO DE ESTUDIO (the evolution of mammalian gene families: the beta-globin gene family as a model).

Opazo, JC^{1,2}, Hoffmann, FG². & Storz JF

²Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile. School of Biological Sciences, University of Nebraska.

Financiamiento: NSF, DEB-0614342 NIH R01 HL087216 - 01A2

Los proyectos de secuenciación de genomas completos han planteado el desafío de explicar los mecanismos que dan cuenta de la estructura genómica en las especies que hoy existen. Lo anterior se ha visto facilitado dados los recientes avances en el entendimiento de las relaciones filogenéticas en distintos grupos, ya que representan un marco natural para el estudio de la variación. A través de estos proyectos se ha determinado que un gran número de los genes que observamos son miembros de familias multigénicas. Distintos modelos han sido planteados para explicar la evolución de estos grupos de genes (e.g. evolución concertada). La familia multigénica de las beta-globinas ha sido extensamente estudiada tanto desde un punto de vista fisiológico como evolutivo, por lo que representa un excelente modelo para estudios de variación genómica. En este trabajo, y utilizando la familia multigénica de las beta-globinas como modelo de estudio, se ilustran los distintos modelos evolutivos que explican la evolución de estos grupo de genes. Los análisis aquí realizados muestran que distintos modelos evolutivos han confluído para explicar la variación en estructura de esta familia multigénica en mamíferos. Particularmente interesantes son el origen independiente en mamíferos monotremas, y la retención diferencial de genes de expresión temprana en la radiación inicial de mamíferos placentados.

SIMPOSIO CIENCIA DE FRONTERA

Coordinador: Christian González

BIOSENSORES NANOESTRUCTURADOS: MEJORANDO SENSIBILIDAD Y SELECTIVIDAD.

Bollo Dragnic, S.

Laboratorio de Bioelectroquímica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Desde el descubrimiento de los materiales nanométricos la nanotecnología se ha transformado en una de las áreas de trabajo más vanguardistas en el desarrollo científico actual. La nanotecnología se define como la creación de materiales funcionales, dispositivos y/o sistemas de control que funcionan en la escala de 1-100 nm. Estos materiales presentan propiedades electrónicas, ópticas, térmicas y catalíticas especiales lo que les permite tener grandes proyecciones en campos tan variados como la física, química, biología, medicina y las ciencias de los materiales. Dentro de los materiales que más impacto han tenido encontramos las nanopartículas metálicas, que poseen propiedades diferentes a aquellas del mismo material a gran escala, y materiales que poseen solo una de sus dimensiones en escala nanométrica, como los nanotubos de carbono y los nanoalambres, que presentan muy buenas propiedades electrocatalíticas. En esa presentación revisaremos los aspectos más importantes de estos materiales, desde su generación, caracterización hasta el gran impacto que han tenido en el desarrollo de de biosensores y biosensores enzimáticos, entre otros.

PROBLEMAS INVERSOS ¿ES POSIBLE DETECTAR LO INVISIBLE Y OCULTAR LO VISIBLE?

Ortega, J. H.

Departamento de Ingeniería Matemática & Centro de Modelamiento Matemático, Universidad de Chile.

Los llamados Problemas Inversos en ecuaciones en derivadas parciales son aquellos problemas en los que nos interesa encontrar ciertos parámetros físicos o condiciones geométricas del medio, en este caso el fenómeno se encuentra modelado por una ecuación en derivadas parciales y para determinar estas incógnitas realizamos mediciones u observaciones en una parte accesible del medio.

Este tema es de gran interés debido a su amplio campo de aplicaciones, por ejemplo, la reconstrucción del interior del cuerpo humano por medio no invasivos, como el ultrasonido o mediciones eléctricas o magnéticas en la piel. Otras aplicaciones son la localización de cuerpos inmersos en un medio inaccesible o la determinación de fuentes contaminantes, entre otras.

En esta charla discutiremos este tipo de problemas y su relación con recientes estudios sobre la posibilidad de "hacer invisibles" los cuerpos (cloaking).

ANÁLISIS DE PROVENIENCIA DE SEDIMENTOS PARA COMPRENDER LA EVOLUCIÓN MORFOESTRUCTURAL DE CUENCAS SEDIMENTARIAS Y CORDILLERAS.

Pinto Lincoñir, L.

Departamento de Geología, Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Universidad de Chile.

Uno de los tópicos más interesantes en las ciencias de la tierra es descifrar la historia morfoestructural de cuencas sedimentarias y cordilleras registrada en las rocas. Estos rasgos geomorfológicos parecieran ser inmutables en la naturaleza, sin embargo, pasan por varios estados desde sistemas totalmente extensionales como las cuencas de trasarco tipo Japón hasta sistemas compresivos como la cordillera de los Andes. Estos sistemas tan dinámicos a escala geológica son los que han albergado la vida, registrada en variados fósiles tanto en las zonas cordilleranas como en las depresiones. Uno de los procesos más importantes que condiciona esta evolución es la tectónica de placas, por medio de factores tales como el ángulo y velocidad de subducción y ángulo de oblicuidad en los márgenes convergentes tipo chileno. Existen diversas herramientas que tratan de develar la historia morfoestructural de las cuencas sedimentarias y cordilleras, entre las que cuenta el análisis de proveniencia de sedimentos. Los productos de erosión desde las zonas alzadas en las cordilleras son llevados hasta las depresiones que definen la cuenca y, por lo tanto, el estudio de la composición y edad de estos depósitos sedimentarios es capaz de mostrar la historia de erosión y paleogeografía de una zona dada.

SIMPOSIO SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE

PROBLEMAS ACTUALES EN GENÉTICA Y EVOLUCIÓN:
EL LUGAR DE LAS TEORÍAS

Coordinador: Germán Manríquez

LUGAR DE LAS TEORIAS DE EVOLUCIÓN EN EL ESTUDIO DE HOMO SAPIENS: ¿BIOLOGÍA VS. CULTURA, O PROCESOS EVOLUTIVOS BIOCULTURALES? (The role of Evolutionary Theories in the study of H. sapiens: it is the dichotomy between Biology and Culture adequate to understand the biocultural character of human evolution?)

Manríquez, G.

Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina y Departamento de Antropología, Facultad de Ciencias Sociales (Universidad de Chile).
Financiado parcialmente por Fondecyt 1050279.

La competencia intra e interespecífica por los recursos, así como la variación y herencia de fenotipos que confieren a sus portadores un diferencial de cortejo, apareamiento, reproducción y/o sobrevida, sirvieron de fundamento a Darwin para formular sus teorías de evolución (selección natural, selección sexual y de descendencia modificada a partir de un ancestro en común). Habitualmente, se afirma que este marco teórico modificó la visión antropocéntrica característica de la época predarwiniana. Ciertamente, en las disciplinas biológicas el enfoque evolutivo constituye la base de los estudios sobre los cambios observados en las poblaciones de H. sapiens. Sin embargo, en las Ciencias Sociales aún existen escuelas de pensamiento que consideran a la visión darwiniana reduccionista e insuficiente para explicar la complejidad de los cambios que ocurren en las sociedades humanas. Esta posición se expresa en el dilema biología vs. cultura. Se discute la pertinencia de tal dicotomía, y se fundamenta el enfoque biocultural de los procesos evolutivos de H. sapiens como herramienta analítica de las Ciencias Sociales.

ARQUETIPOS, ANCESTROS Y EL CONCEPTO DE HOMOLOGÍA

Aboitiz F.

Departamento de Psiquiatría y Centro de Investigaciones Médicas Escuela de Medicina Pontificia Universidad Católica de Chile.

El concepto predarwiniano de homología era un elemento clave que permitía establecer la identidad de los distintos componentes del plan corporal en los distintos organismos, el cual adquiriría diversas formas al reificarse en distintos contextos. Con el surgimiento de la teoría de la evolución, este concepto adquirió una dimensión histórica, al referirse a estructuras presentes en un ancestro común. Si bien la teoría de Darwin ha demostrado ser la proposición más robusta que se ha generado en la historia de la biología, la evidencia actual señala que la idea de la deformación de un plan estructural es compatible con los mecanismos embriológicos que subyacen a los cambios evolutivos. Sin embargo, este plan no parece definirse en términos de una arquitectura de componentes discretos, sino que consiste en el establecimiento de campos morfogenéticos continuos o semicontinuos, donde se puede modular la influencia relativa de los distintos morfógenos que contribuyen a él. De esta manera, la tendencia a buscar homologías para todas las estructuras observadas en distintas especies puede ser una piedra de tope para la biología evolutiva moderna, y en muchos casos convendría adoptar una visión dinámica donde se deforman diferencialmente los distintos campos morfogenéticos en los distintos linajes. Propongo ejemplos concretos de la evolución del telencéfalo para ilustrar esta proposición, donde el origen de la corteza cerebral de los mamíferos puede ser visto como un fenómeno de "dorsalización" de la vesícula telencefálica en que los componentes dorsales del plan morfogenético fueron exacerbados a expensas de los componentes ventrales.

ENSUEÑOS NEUTRALES, PESADILLAS SELECTIVAS Y DELIRIOS AUTOPOIÉTICOS (Neutral illusions, selective nightmares and autopoietic madness).

Valenzuela, C.Y.

Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Hay cuatro modelos evolutivos: Teoría Sintética de la Evolución; Evolución Neutral o Casi Neutral, Deriva Natural (Autopoesis) y Diseño Inteligente (no lo veremos aquí). Los neutralistas siguen soñando con la fijación neutral o casi neutral, haciéndola sinónima de substitución; aunque termodinámicamente la fijación neutral o casi neutral son imposibles si hay mutación directa y reversa recurrente. Esto parte del error de confundir los estados de absorción de las matrices estocásticas con los estados de fijación y pérdida alélica. La imposibilidad de la fijación neutral hace al neutralismo imposible. La teoría sintética de la evolución incorporó el gen Mendeliano, la mutación, la selección reproductiva a la herencia con variación y selección por mortalidad diferencial de Darwin-Wallace; pero la selección en todos los loci de los genomas hace a esa teoría imposible y el conocimiento de genomas completos deja muchos huecos no satisfechos todavía. Por otra parte variaciones por deriva no han podido ser descartadas por los sintéticos evolutivos cuyas pesadillas pansselectivas continúan. La autopoesis implica invarianza ¿cómo puede haber evolución (variación) si los seres vivos son invariantes? Se acuñó el concepto de deriva estructural: las partes anatómicas derivan localmente en sus posiciones unas respecto de las otras. No cabe duda que la discusión evolutiva está, al menos en Chile, muy entretenida.

LAS RESTRICCIONES DEL NEODARWINISMO (The restrictions of Neodarwinism).

Frías, D.

Instituto de Entomología, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación

Financiado con proyecto DIUMCE: FIBAS 06/08

El Neodarwinismo se basa fundamentalmente en la selección natural, el Mendelismo, los genes estructurales y las mutaciones, especialmente aquellas con efecto reducido. Sin embargo, desde sus orígenes, las macromutaciones, la heterocromatina y la genética del desarrollo no fueron debidamente consideradas como fuerzas evolutivas trascendentes. Con el advenimiento de la genética molecular y la secuenciación genómica ha quedado al descubierto la importancia del ADN repetido, lugar donde se localizan los genes no transcripcionales y los pseudogenes: estos últimos, constituidos preferentemente por ADN de retrovirus y que, junto a las bacterias, son responsables de las transferencias genéticas horizontales, mecanismo genético insospechado en la Teoría Sintética. La heterocromatinización en sectores eucromáticos se ha relacionado con la determinación del sexo y con el balance genético entre machos y hembras en los eucariontes. La epigénesis y la impronta genómica son mecanismos hereditarios alternativos a la herencia Mendeliana. Se hace necesario establecer vínculos más

estrechos entre la Teoría Sintética, la epigenética, la virología y la genética del desarrollo, orientando los estudios genómicos hacia el descubrimiento de sistemas genéticos propios de los eucariontes que ayuden a la comprensión de las bases genéticas del origen de las especies, sus relaciones filogenéticas y su evolución.

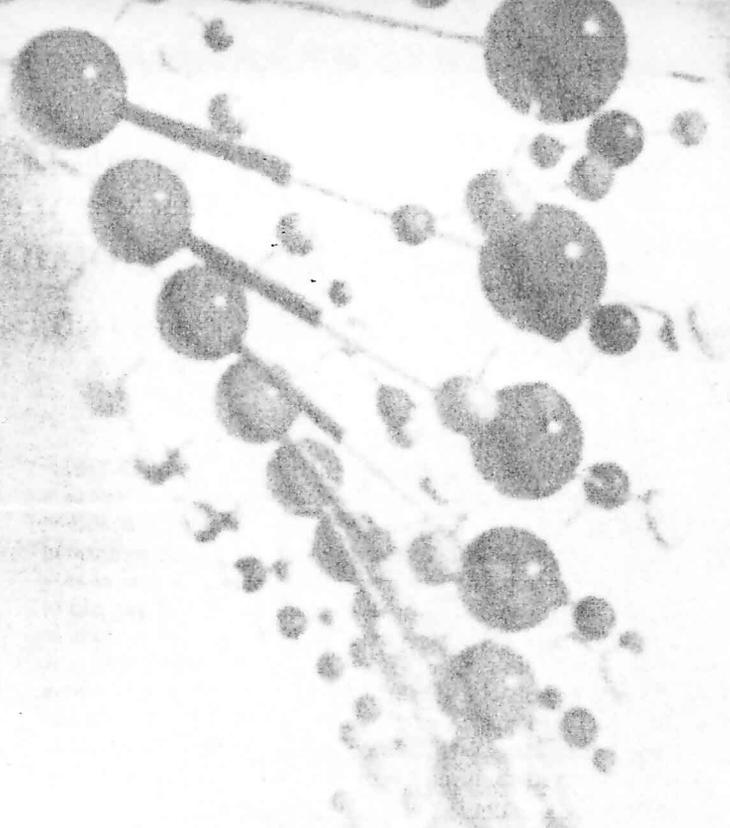
¿ES NECESARIA UNA SÍNTESIS EVOLUTIVA EXTENDIDA? (Do we need an extended evolutionary síntesis?).

Nespolo, R.F.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile.

Financiamiento: PBCT.

La llamada "Síntesis Moderna" (SM) es aceptada por muchos como el paradigma actual en biología evolutiva, el cual estaría construido sobre la base de sus predecesores, el darwinismo y el neodarwinismo. Los avances de la genética, genómica, transcriptómica y biología del desarrollo han cambiado notablemente la visión original del proceso evolutivo. Esta visión original, una teoría de genes más que de formas, presentaba las lógicas limitaciones relacionadas con la ausencia de conocimiento en cuanto a numerosos aspectos relativos a la retroalimentación entre genes-fenotipo-ambiente y selección natural. Una teoría basada en las formas es necesaria, lo cual no necesariamente significa romper con lo desarrollado. Más bien significa extender la conceptualización actual a los nuevos conocimientos emergidos del estudio del genoma, su estructura, sus productos y las dinámicas de sus transformaciones para llegar al fenotipo. Dada la universalidad de la variación y diversidad de los sistemas biológicos, las declaraciones dogmáticas a favor o en contra de concepciones determinadas (en su mayoría sesgadas por la especialidad del declarante) relativas a una supuesta "esencia" del proceso evolutivo no parecen ser útiles para lograr una explicación científica seria y precisa. Parece ser que el primer paso en elaborar una síntesis extendida es olvidar la búsqueda de reglas absolutas y no perder de vista el pluralismo propio de sistemas tan variables como los que explican la biodiversidad presente y pasada. Es probable que elementos clave en esta nueva síntesis emanen de conceptos tan transversales como plasticidad fenotípica, herencia epigenética, teoría de complejidad, y teoría de evolución en paisajes adaptativos n-dimensionales.



TALLER

**TALLER
COMISIÓN DE ÉTICA Y BIOÉTICA
SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE**

Coordinador: Tito Ureta

**TALLER DE BIOÉTICA: HONESTIDAD
Y DESHONESTIDAD CIENTÍFICA Y
ACADÉMICA.**

Santos, MJ^{1,4}; Ureta T^{2,4} y Valenzuela C^{3,4}.

¹Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, ²Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, ³Facultad de Medicina, Universidad de Chile, ⁴Comité de Ética y Bioética, Sociedad de Biología de Chile.

El avance de la ciencia depende de la veracidad de la experiencia científica. La fe pública se basa en que el científico y el académico comunicarán lo que fidedignamente han encontrado. Si la adhesión a ese principio no se cumple, la comunicación de la experiencia científica se vuelve incierta, peligrosa y hace perder tiempo y energía a la comunidad científica con resultados impredecibles. La virtud por la que el científico se atiene estrictamente a la

verdad de lo que puede testimoniar es la honestidad, la que a su vez es una forma de otra virtud más general que es la humildad. Humildad viene de humus=tierra (polvo, el ser humano es polvo y al polvo vuelve bíblicamente hablando), y es la virtud de atenerse a la verdad de lo que uno es, de lo que uno es capaz de hacer y de lo que uno da testimonio, ni más ni menos. En el momento actual, la competencia por publicaciones, cargos y ascensos académicos ha aumentado el número y profundidad de la deshonestidad científica. La honestidad, o su ausencia, aparece en muchas otras situaciones académicas como en las evaluaciones de proyectos, artículos, tesis y otros documentos. El evaluador debe inhabilitarse si no es competente y si no lo hace comete una falta grave, pero también la comete el que siendo competente no la asume, pudiendo hacerlo, por no agregar competidores a sus investigaciones. También es deshonesto el que, sabiendo que la proposición es buena, prefiere una mala calificación. Es necesario que la educación en la carrera científica y académica incorpore una parte importante en la formación ética virtuosa. ¿Es posible enseñar la honestidad?

TALLER COMISIÓN DE EDUCACIÓN SOCIEDAD DE BIOLOGÍA DE CHILE

Coordinador: Mario Quintanilla

TALLER DE APRENDIZAJE DE LA BIOLOGÍA BASADO EN SITUACIONES PROBLEMÁTICAS (ABSP) (factory of learning of the biology based on problematic situations).

Quintanilla, M.

Facultad de Educación Pontificia Universidad Católica de Chile.

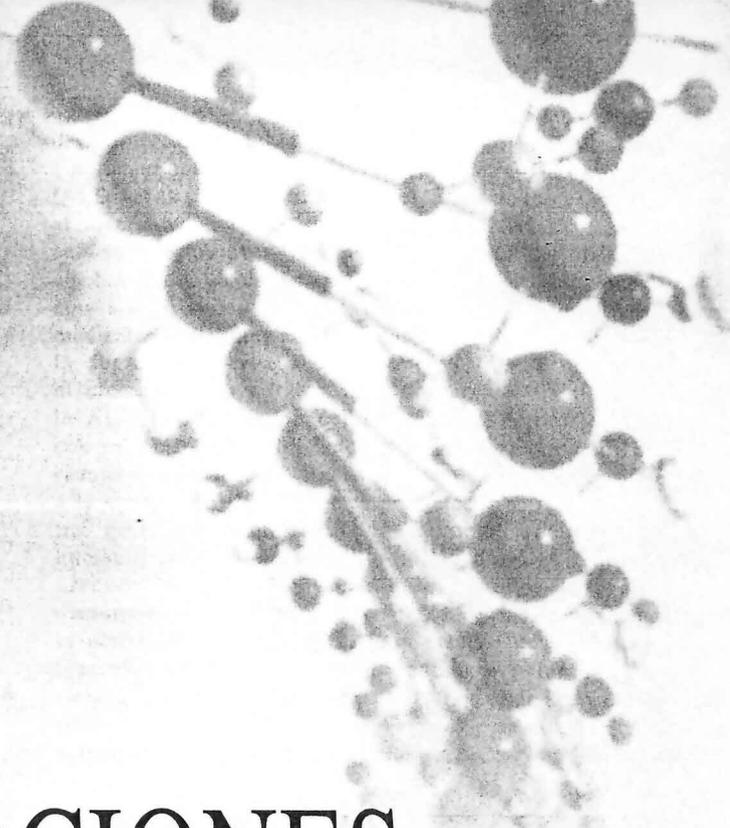
Comisión de Educación Sociedad de Biología de Chile.

Proyecto FONDECYT 1070795.

Los conocimientos científicos se generan a partir de la necesidad de resolver situaciones problemáticas que requieren asumir la actividad científica como un proceso continuo y permanente. Por eso nos parece necesario que docentes y estudiantado (futuros científicos), en el proceso de su formación, tengan ocasión de enfrentar auténticos problemas con la ayuda del profesorado y de ensayar las estrategias de solución que contribuyen a ampliar sus conocimientos. Así entonces, los *tipos de problemas*

científicos tienen la facultad de desarrollar competencias de *resolver problemas* como lo hacen a menudo los científicos en el mundo real. Por tanto compartimos la idea de que para 'aprender biología de verdad', haremos 'problemáticos' las distintas nociones científicas vinculantes con el conocimiento biológico. Quisiéramos insistir en el hecho de que *resolver problemas* no signifique una 'tarea de hacer', sino 'una actividad científica' con la cual los estudiantes generen los nuevos conocimientos que se consideran fundamentales para convertirse en profesionales competentes en el campo de las ciencias o donde quienes enseñan ciencia la comprendan como un proceso de desarrollo que se amplía más allá de la evaluación tradicional.

Para avanzar en esta dirección este primer Taller de Educación Científica de la Biología (TEC-Bio 1), basado en el proyecto FONDECYT 1070795 en curso que dirige el coordinador de este taller, pretende proporcionar a docentes y estudiantado un espacio de reflexión y diálogo teórico y práctico sobre cómo identificar, caracterizar y promover 'buenas preguntas' que anticipen aprendizajes científicos basados en la resolución de problemas.



INCORPORACIONES

INCORPORACIONES

DINÁMICA DE LA CROMATINA AUTOSÓMICA EN ASINAPSIS DURANTE LA MEIOSIS DE HETEROCIGOTOS ROBERTSONIANOS (*Dynamic of unsynapsed autosomal chromatin during meiosis of Robertsonian Heterozygotes*).

Manterola, M¹, Page, J², Vasco, C³, Berríos, S¹, Garagna, S³, Henríquez-Apablaza, T¹, González-Vergara, M¹, Manieu, C¹ & Fernández-Donoso, R¹.

¹Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Biología Celular, Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid. ³Dipartimento Biologia Animale, Università degli Studi di Pavia.

Patrocinio: R. Fernández-Donoso.

FONDECYT #1080090, MECESUP UCH0306, Beca VAA, Universidad de Chile.

La meiosis impone serias restricciones a la propagación de translocaciones Robertsonianas (Rbs) en las poblaciones naturales. La aparición de heterocigotos, implica la formación de trivalentes con asinapsis en las regiones cromosómicas participantes del reordenamiento siendo muy poco conocida la fenomenología meiótica que ocurre en estas regiones. En este trabajo hemos estudiado la presencia y dinámica de silenciamiento meiótico de la cromatina en asinapsis (MSUC) de ratones heterocigotos Rbs. Hemos encontrado que las regiones asinápticas de los trivalentes incorporan proteínas como γ H2AX, ATR, ubiH2A y SUMO-1, de una manera temporal específica durante la profase I, y que los espermatocitos portadores de trivalentes asinápticos no son eliminados durante Paquiteno, sino que progresan normalmente hasta diploteno. Sin embargo, una masiva muerte celular ocurre durante las metafases I y II. Los resultados obtenidos contribuyen a esclarecer la dinámica de la progresión de la profase meiótica en individuos portadores de trivalentes asinápticos, proporcionan nuevos antecedentes respecto al mecanismo de acción del MSUC y permiten entender cómo se propagarán los cambios cromosómicos Rbs pese a las barreras meióticas.

RNAS INTERFERENTES PEQUEÑOS (SIRNAS) CONTRA LA DESHIDROGENASA ALDEHÍDICA-2: DESARROLLO DE HERRAMIENTAS PARA LA INVESTIGACIÓN EN ALCOHOLISMO (*Short interfering RNAs (siRNAs) against aldehyde dehydrogenase-2: development of tools for alcohol research*).

Cortínez, G., Sapag, V.¹, Israel, Y.

Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas y Facultad de Medicina. Universidad de Chile.

Financiamiento: FONDECYT N° 1040555, Iniciativa Científica Milenio P99-031F, NIAAA R01 015421, Universidad de Chile PG/105/02 y CONICYT AT-403111.

Patrocinio: Y. Israel.

El etanol es metabolizado a acetaldehído por la deshidrogenasa alcohólica y luego oxidado a acetato por la

deshidrogenasa aldehídica-2 (ALDH2*1). Los individuos que tienen una deshidrogenasa aldehídica de baja actividad (ALDH2*2) sufren un aumento del acetaldehído sanguíneo al ingerir alcohol, experimentando rubor facial, náusea y cefalea, efectos aversivos que los protegen del abuso de alcohol y del alcoholismo. Este fenotipo protector podría emularse disminuyendo la expresión del gen ALDH2 mediante RNAs interferentes pequeños (siRNAs) que guían la degradación específica de un mRNA. Se determinó el efecto de tres siRNAs dirigidos contra el mRNA de la ALDH2 de rata en células HEK-293 transfectadas con un plásmido codificante de la ALDH2. Dos siRNAs redujeron en 65-75% la actividad de la ALDH2. En base a la secuencia del siRNA más prometedor se construyeron tres genes que, controlados por el promotor del RNA U6 humano, codifican sendas horquillas de RNA (shRNA) precursoras del siRNA escogido. Uno de los genes disminuyó en 50% tanto la cantidad de mensajero como la actividad de la ALDH2. Este estudio demuestra que los siRNAs sintetizados químicamente y las shRNAs sintetizadas in vivo disminuyen la actividad de la ALDH2 y pueden constituir herramientas valiosas para estudios en el campo del alcoholismo.

VIRUS PAPILOMA HUMANO (HPV) EN CARCINOMAS ESCAMOSOS DE PULMÓN (*Human papillomavirus in squamous cell lung carcinomas*).

Aguayo, F., Castillo, A., Koriyama, C., Corvalán, A., Eizuru Y y Akiba, S.

Laboratorio de Patología Molecular y Epidemiología, Centro de Investigaciones Médicas, P. Universidad Católica de Chile; Centro de enfermedades virales crónicas y Departamento de Epidemiología y Medicina preventiva, Universidad de Kagoshima, Kagoshima, Japón.

Patrocinio: S. Ampuero.

Supported by the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology, Japan.

El rol desempeñado por el Virus Papiloma Humano (HPV) en el desarrollo del cáncer pulmonar es controversial. Mediante PCR-Southern blot y secuenciación, hemos analizado la presencia de HPV en 165 casos de cáncer pulmonar de distintos países del mundo. Usando real-time PCR, se ha determinado el estado de integración de HPV-16 y usando inmunohistoquímica, se ha analizado la expresión de HPV E6. Se detectó HPV en 29/69 (42%) de carcinomas escamosos, 6/83 (7%) de adenocarcinomas y en 3/13 (23%) de carcinomas de células pequeñas. Estas diferencias fueron estadísticamente significativas ($p < 0.001$). El genotipo más frecuente fue HPV-16 (16%) el cual estuvo integrado en una mayoría de casos positivos. La expresión de E6 fue detectada en 12% de los casos HPV-16 positivos. La variante asiático-americana de HPV-16 fue prevalente en carcinomas escamosos de pulmón de Chile, mientras que la variante europea fue más frecuente en cáncer cervical. Nuestros datos indican que la infección por HPV está asociada específicamente al carcinoma escamoso de pulmón. Se requieren estudios adicionales para el establecimiento de un posible rol etiológico de HPV en cáncer pulmonar.

LA PROPORCIÓN DE LIANAS EN LA FLORA LEÑOSA VARÍA PARALELAMENTE CON LA ELEVACIÓN Y LATITUD (Elevational parallels of latitudinal variation in the proportion of lianas in woody floras).

Jiménez-Castillo, M¹, Wiser S. K², & Lusk C. H³.

¹Instituto de Ecología y Evolución Universidad Austral de Chile, Valdivia; ²Landcare Research, Lincoln, New Zealand; ³Department of Biological Sciences, Macquarie University, Australia.
Patrocinio R. Nespolo.

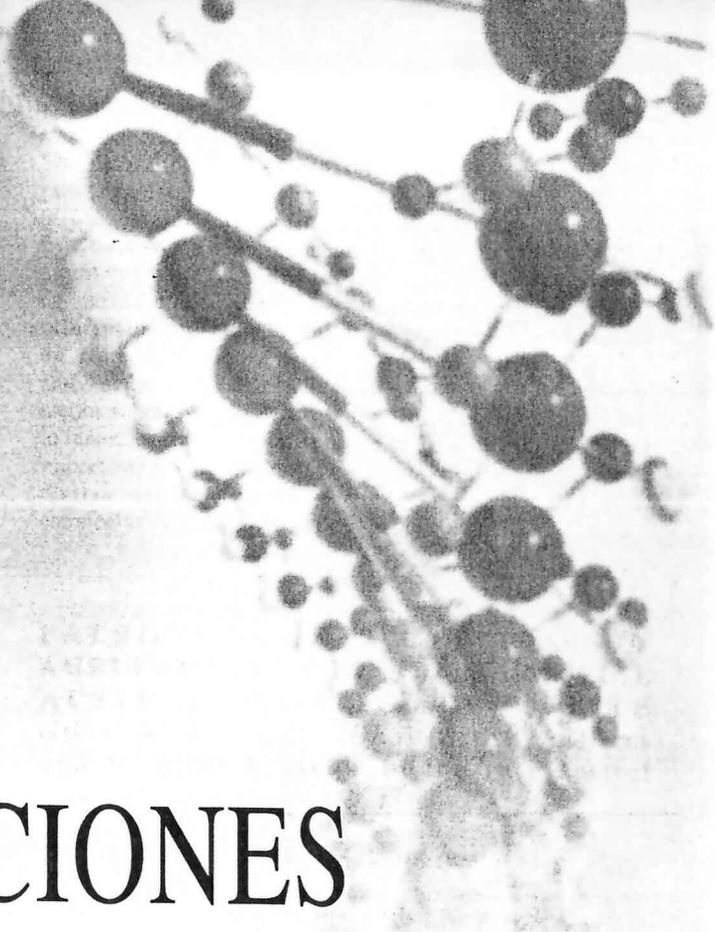
Está bien documentado que la representación de lianas en la flora leñosa disminuye fuertemente hacia los polos. Este patrón ha sido explicado por la vulnerabilidad de sus vasos al embolismo por frío, que provocaría la disminución de su capacidad competitiva en estos ambientes. Si esto es así, se puede esperar que la representación de lianas en la flora leñosa varíe simultáneamente en altitud y latitud. Para probar esta predicción, se registró la presencia de todas las especies leñosas del bosque templado lluvioso en 22 parcelas de 2.500 m² (Chile) y en 296 parcelas de 100 a 400 m² (Nueva Zelanda), distribuidas en dos gradientes altitudinales respectivamente. En Nueva Zelanda las parcelas fueron obtenidas del National Survey data base. Los resultados mostraron una disminución monotónica de la riqueza de especies de lianas en los cuatro gradientes, mientras que la riqueza de árboles y arbustos mostró patrones variados. La proporción de lianas respecto al total de la flora leñosa se correlacionó negativamente con la altitud en los cuatro gradientes, cayendo de entre un 15% a 35% de representación a los 200 msnm, hasta 0% de representación muy por debajo del límite altitudinal de vegetación. Los límites de distribución altitudinal y latitudinal de las especies estudiadas fueron marginalmente correlacionados en los gradientes de Chile, pero no lo fueron en Nueva Zelanda. Finalmente, la disminución de la representación de lianas en la flora leñosa ocurre paralelamente, tanto con el incremento de altitud como latitud, lo que es consistente con la hipótesis que plantea que la distribución global de lianas está restringida por la intolerancia de su sistema vascular al frío.

VARIACIÓN GEOGRÁFICA EN RESPUESTA A LA ACLIMATAción TÉRMICA EN *ZONOTRICHIA CAPENSIS*: ¿ESTÁN CORRELACIONADAS LA FLEXIBILIDAD FISIOLÓGICA Y LE HETEROGENEIDAD AMBIENTAL? (Geographic variation in the response to thermal acclimation in *Zonotrichia capensis*: are physiological flexibility and environmental heterogeneity correlated?)

Cavieres G.¹, Sabat P.^{1,2}

¹Departamento de Ciencias Ecológicas Universidad de Chile. ²Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Patrocinio: P. Sabat.
FONDECYT 1050196.

Se ha propuesto que hábitats con baja productividad, pueden favorecer a individuos con bajas tasas de gasto energético. En aves, algunos estudios han mostrado que la tasa metabólica basal (BMR) y la pérdida total de agua evaporativa (TEWL) es menor en aves desérticas comparadas con las que viven en ambientes méxicos. Sin embargo la contribución de la plasticidad fenotípica de aves a este patrón ha sido escasamente estudiada. Evaluamos la flexibilidad fisiológica BMR, TEWL) de *Zonotrichia capensis* a lo largo de un gradiente de aridez en Chile. Evaluamos la hipótesis de que poblaciones de ambientes variables exhibirán mayor flexibilidad fisiológica que poblaciones de ambientes estables. Los valores de BMR y TEWL exhibieron una asociación positiva con la latitud, es decir, aves de ambientes más productivos y menores temperaturas presentaron mayores BMR y TEWL. Paralelamente, la población del ambiente más estable no fue afectado por la aclimatación térmica, pero sí lo fueron aves de ambientes marcadamente estacionales. Estos resultados apoyan la hipótesis de una correspondencia entre variabilidad ambiental y flexibilidad fisiológica.



COMUNICACIONES
ORALES

BR

ECOLOGÍA

VARIACIÓN ESTACIONAL DE ATAQUES A GANADO DOMÉSTICO COMPARADO CON PRESENCIA DE *PUMA CONCOLOR* EN UN FRAGMENTO DE BOSQUE NATIVO EN LA PRECORDILLERA DE LA ARAUCANÍA.

Bonacic, C.¹, Laker, J.², Gálvez, N.¹ y Murphy, T.³

¹Fauna Australis, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.

²Macaulay Institute, UK. ³Wildlife Conservation Research Unit, Oxford.

Agradecimientos: Darwin Initiative, Wildlife Trust Alliance y SAG.

El conflicto entre ganaderos y carnívoros es una temática de conservación de importancia mundial. Nuestra área de estudio, cerca de Pucón en la precordillera de La Araucanía presenta fragmentos grandes rodeados de actividad ganadera. Evaluamos la tendencia estacional de ataques a ganado doméstico según la percepción de ganaderos en la matriz agrícola y la actividad real de pumas en un área boscosa circundante (> 200 ha). Durante el verano del 2008 realizamos encuestas a propietarios (n=10), que bordean el fragmento, sobre prevalencia temporal de los ataques. Para corroborar la percepción comparamos las denuncias realizadas al SAG para la Araucanía. Determinamos presencia en cámaras trampa entre el 2006 y 2008 por un total de 440 trampas noche ($\mu 88 \pm 35SD$) con tres unidades a 500 m. Se encontró que los ataques se concentran en invierno a pesar de actividad continua de puma durante el año. Los datos se contraponen con creencias populares que el puma migra localmente durante el verano a zonas altas. Por último, sugiere que los ataques invernales se deben a la baja disponibilidad de presas silvestres.

MOVIMIENTO, DEMOGRAFÍA Y GENÉTICA DE *CEROGLOSSUS CHILENSIS* (COLEOPTERA: CARABIDAE) EN EL BOSQUE MAULINO FRAGMENTADO: IMPLICANCIAS PARA SU CONSERVACIÓN (Movement behavior, demography and genetics of *Ceroglossus chilensis* (Coleoptera: Carabidae) in the fragmented Maulino forest: implications for its conservation).

Donoso, D.S.¹, Grez, A.A.², Poulin, E.¹, Estades C.³

¹Facultad de Ciencias, ²Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, ³Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Chile.

DIMULT06/22-2, FONDECYT1050745, FIA-PI-C-2003-1-F-51, ICM P05-002, PFB 023.

El bosque maulino subsiste principalmente como fragmentos pequeños y aislados rodeados por plantaciones de pino y es conservado en solo dos reservas. *Ceroglossus chilensis*, carábido endémico de los bosques de *Nothofagus*, alcanza mayores densidades en los fragmentos de bosque maulino que en el bosque continuo y en las plantaciones de pino. Los altos tamaños poblacionales observados en los fragmentos

están asociados a una mayor diversidad genética (COI). Sin embargo, estas poblaciones presentan una mayor estructuración genética en relación a las del bosque continuo, la que es independiente de la distancia entre fragmentos. Este aislamiento sería producido por la existencia de barreras al intercambio de individuos. Por un lado, la conducta de movimiento evitaría que abandonaran los fragmentos, principalmente cuando colindan con áreas desprovistas de cobertura (i.e., caminos). Además, las condiciones ambientales en las plantaciones de pino podrían producir una menor sobrevivencia de los individuos que se dispersan. Por lo tanto, los fragmentos de bosque estarían cumpliendo un rol importante en la mantención de poblaciones genéticamente diversas de *C. chilensis* lo que obliga a considerarlos en las estrategias de conservación de este bosque.

PATRONES DE ACTIVIDAD Y AGRUPAMIENTO EN EL MARSUPIAL AUSTRAL MONITO DE MONTE (*DROMICIOPS GLIROIDES*) (Activity patterns and huddling behavior in the rare austral marsupial *Dromiciops gliroides*).

Franco, L.M.¹, Quijano, A.¹, Barrientos, K.¹, Mora, J.P.¹ & Soto-Gamboa, M.¹

¹Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Agradecimientos: DID, UACH, CONICYT, Rufford Small Grant.

Los marsupiales, al igual que en mamíferos placentados, presentan una alta diversidad de estrategias fisiológicas y conductuales que les permiten vivir y mantenerse en ambientes extremos. Este estudio tuvo como objetivos: (1) describir los periodos de actividad diarios y anuales en *D. gliroides*, y (2) describir los patrones de agrupamiento durante el sopor. El estudio se realizó en el bosque experimental San Martín durante el verano de 2007 utilizando 108 trampas tipo tomahawk. Posteriormente, se colocaron cuatro trampas cámara a 2 y 3 m de altura desde el suelo. Las variables morfológicas registradas no mostraron diferencia significativa entre sexos. Sin embargo, cuando las comparamos entre meses y sexo, el peso difirió significativamente entre meses, y el ancho de la cola entre sexos. Por otra parte, la proporción de sexos fue relativamente constante y no mostró diferencia significativa entre meses. Sin embargo, los machos fueron más abundantes que las hembras. Nosotros sugerimos que el monito de monte permanece activo durante toda la noche, sin embargo, tiene mayor actividad entre las 2:00-4:00 horas. Finalmente, mostramos datos preliminares que evidencian el agrupamiento como una estrategia importante para la sobrevivencia de este marsupial en los bosques de Sudamérica Austral.

CADENAS TRÓFICAS ALTERADAS EN EL BOSQUE MAULINO FRAGMENTADO: AVES INSECTÍVORAS, HERBIVORÍA Y ADECUACIÓN BIOLÓGICA DE *ARISTOTELIA CHILENSIS* (Altered trophic cascades in the fragmented maulino forest: insectivorous birds, herbivory and fitness of *Aristotelia chilensis*).

De la Vega, X.P.¹, Grez A.A.² & Simonetti J.A.¹.
¹Facultad de Ciencias y ²Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.
 FONDECYT 1050745.

La fragmentación del hábitat puede generar efectos en cascada. En el bosque maulino las aves insectívoras son más abundantes en los fragmentos que en el bosque continuo, la insectivoría aumenta, en tanto la abundancia de insectos defoliadores y la defoliación disminuyen en los fragmentos, sugiriendo alteraciones en la cadena trófica. Nosotros evaluamos experimentalmente si la reducción en la herbivoría en los fragmentos resulta del aumento de la abundancia de aves. Para ello, excluimos las aves de árboles y analizamos la abundancia de insectos defoliadores, pérdida de área foliar y producción de frutos en *Aristotelia chilensis* en el bosque continuo y los fragmentos durante dos temporadas. La exclusión de aves se traduce en un incremento significativo en la superficie foliar removida tanto en el bosque como en los fragmentos en la segunda temporada de crecimiento, pero ello no resulta en cambios en la producción de frutos. Así, la fragmentación modifica la herbivoría mediante cambios en la insectivoría, confirmando que además de modificar la abundancia de las especies remanentes, la fragmentación modifica la intensidad de las interacciones tróficas, aunque ello no se traduce en cambios en la adecuación biológica de las plantas.

MODELACIÓN DE NICHO POTENCIAL COMO HERRAMIENTA PARA LA DETERMINACIÓN DEL ESTADO DE CONSERVACIÓN (Potencial niche modelation as a tool for conservation status determination).

Letelier, L.^{1,2}, García, P.¹, Sotomayor, D.¹ & Squeo, F.A.¹

¹Departamento de Biología y Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas, Universidad de La Serena e Instituto de Ecología y Biodiversidad. ²Doctorado en Biología Vegetal, Universidad de Sevilla. lealg79@gmail.com

Patrocinio: F.A. Squeo. Proyecto ICM (Código P05-002) y CONICYT M-58080091.

La modelación del nicho potencial (MNP) –área que reúne las condiciones ambientales que permitirían el desarrollo y crecimiento de una especie– se utiliza como una herramienta para proyectar la distribución de especies. Por otro lado, la determinación de estados de conservación de especies utilizando criterios UICN, utiliza entre sus parámetros el área de ocupación y extensión de la presencia. Se propone la MNP como alternativa para establecer la distribución espacial de las especies al momento de determinar sus estados de conservación. Evaluamos 25 especies de plantas endémicas

de la Región de Atacama utilizando OpenModeller v1.0.6 y el algoritmo: Genetic Algorithm for Rule-Set Prediction. Comparando el área modelada con el área de ocupación y extensión de la presencia definidos en Squeo et al. (2008) para la determinación de estados de conservación, se observó entre un 79 y 73% de similitud, respectivamente. El área modelada evaluada como extensión de la presencia determina que 14 especies entren en categoría de amenaza, mientras que evaluada como área de ocupación no presenta variación. Estos resultados apoyan la idea que la MNP es una herramienta potente para apoyar la determinación de estados de conservación.

EFFECTOS DE LA PÉRDIDA DE HÁBITAT NATIVO SOBRE LA HERBIVORÍA FLORAL Y POLINIZACIÓN EN *VIOLA PORTALESIA* (Effects of habitat loss on floral herbivory and pollination in *Viola portalesia*).

Espinoza, C., Bustamante, R., Medel, R.
 Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile.
 Financiamiento: Anillo PBCT ACT34/2006.

La pérdida de hábitat nativo puede afectar la calidad e intensidad de las interacciones biológicas. La polinización suele ser afectada a través de una reducción en la abundancia y riqueza o cambios en los patrones de forrajeo de las especies polinizadoras. La pérdida o interrupción de los servicios de polinización puede afectar negativamente la fecundidad de las plantas. Sin embargo, el efecto de la pérdida de hábitat nativo puede tener impactos menos obvios sobre los polinizadores. En este trabajo se evaluó experimentalmente el efecto del daño floral sobre la producción de semillas de *Viola portalesia* en ambientes contrastantes del bosque de Ruil (bosque nativo y matriz de pino). A pesar de la diferencia en composición y tasa de visitas de los ensambles de polinizadores, no se detectaron efectos del daño floral sobre la producción de semillas, lo cual sugiere que los polinizadores no discriminan entre flores dañadas y no dañadas. Sorpresivamente la producción de semillas fue mayor en el hábitat de Pino que en la Reserva. Diferencias en los ensambles de polinizadores y sus especies dominantes, así como en la flora acompañante pueden dar cuenta de los resultados obtenidos.

RELACIONES ENTRE LA ALTERACIÓN DE LA ESTRUCTURA DEL HÁBITAT Y LA DIVERSIDAD FUNCIONAL DE LA COMUNIDAD DE AVES EN EL BOSQUE CADUCIFOLIO COSTERO DE CONCEPCIÓN (Associations between human induced small-scale changes in the vegetation structure and functional diversity of bird assemblage in the Concepcion coastal deciduous forest).

Colin, N.¹ & Victoriano, P.^{1,2}

¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Centro de Investigaciones en Ecosistemas Patagónicos.

Financiamiento DIUC-CIEP 205.113067-1SP.

El fragmento de bosque caducifolio de Concepción, inserto en la cuenca del estero Nonguén (72°00' LS; 36°52' LW), posee sitios con diferente grado de alteración vegetal, lo cual podría influir en la estructura comunitaria de su avifauna. Con el objetivo de determinar si la complejidad y composición funcional avifaunística se relaciona con la degradación del bosque caducifolio de esta área, se determinaron tres categorías de intervención: bosque prístino (1), intermedio (2), y altamente alterado (3). En cada categoría se realizaron conteos mediante percepción de cantos y avistamientos. Para caracterizar estructuralmente el hábitat se estimó la densidad y distribución de alturas de especies arbustivas y arbóreas, mediante transectas de 50 m. Los patrones observados en la diversidad funcional, se interpretan en el marco de la hipótesis de perturbaciones intermedias, donde la complejidad comunitaria se comportaría curvilinealmente respecto a la magnitud de las perturbaciones. Se discuten los resultados respecto a su aplicación en la evaluación de comunidades al momento de buscar una explicación a la pérdida o alteración de biodiversidad.

DESINTEGRACIÓN FENOTÍPICA Y RELAJO SELECTIVO MEDIADO POR POLINIZADORES SOBRE LA ENREDADERA *BOMAREA SALSILLA* EN AMBIENTES FRAGMENTADOS (Phenotypic decoupling and pollinator-mediated selective relaxation on *Bomarea salsilla* in fragmented habitats).

Valdivia, C.E., Rivera-Rei, A.A., Simonetti, J.A. Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Conicyt 23070138, Fondecyt 1050745.

La reducción del hábitat y creación de bordes reduce la diversidad y abundancia de polinizadores. Acoplado a esto hay una reducción en la frecuencia de visitas a las flores y una disminución en la adecuación de las plantas, pudiendo afectar las dinámicas microevolutivas. En Tregualemu evaluamos los efectos de la fragmentación y creación de bordes sobre las dinámicas microevolutivas de la enredadera *Bomarea salsilla*. Comparamos el centro de bosque continuo (hábitat prístino) con los bordes de bosque continuo, centro de fragmento y borde de fragmento (hábitats perturbados), en términos de la selección fenotípica mediada por polinizadores sobre rasgos reproductivos y vegetativos, y la magnitud y patrones de integración fenotípica de estos. La fragmentación y creación de bordes afectaron negativamente las interacciones planta-polinizador y, consecuentemente, la producción de semillas. Además la cantidad, pero no la magnitud, de rasgos o combinaciones de estos bajo selección por los polinizadores fue significativamente menor que en el centro del bosque continuo. Acoplado a la reducción en el número de eventos selectivos, en general los rasgos estuvieron más desintegrados en los fragmentos y bordes que en el centro del bosque continuo. Estos resultados indican que la fragmentación del bosque y la creación de bordes deterioran fuertemente las dinámicas microevolutivas de las plantas.

MICROBIOLOGÍA

EFFECTO DE LA PRECIPITACIÓN ÁCIDA DE NITRÓGENO REACTIVO SOBRE LA DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA BACTERIANA DE SUELOS ÁRIDOS (Effect of acid reactive nitrogen deposition on the diversity of bacterial microbiota from arid soils).

Orlando, J. y Carú, M.

Facultad de Ciencias. Universidad de Chile.
FONDECYT 1080280.

La baja abundancia y actividad de la microbiota de suelos áridos sugiere que podrían ser sensibles al ingreso o pérdida de nutrientes, como nitrógeno, especialmente por la producción antropogénica de Nitrógeno reactivo (Nr). Se evaluó el efecto de la precipitación ácida de Nr sobre la diversidad genética y metabólica de la microbiota de suelo árido del desierto y suelo semiárido del matorral esclerófilo, mediante ensayos de microcosmos. La composición taxonómica de nitrificadores se determinó mediante construcción de genotecas. El suelo árido posee mayor riqueza de filotipos que el semiárido. En ambos suelos, los clones del gen *amoA* se agruparon con bacterias del género *Nitrosospira*, aunque presentan diferencias en la estructura de acuerdo a los perfiles de T-RFLP. A su vez, los tratamientos aplicados produjeron cambios en la diversidad genética de los nitrificadores durante la incubación de los microcosmos. Los factores edáficos que mejor explicaron la diferencia en la estructura fueron: pH, materia orgánica y nitrato. La diversidad metabólica de la comunidad microbiana, medida por CLPP, fue diferente entre los suelos. Los factores edáficos que mejor explicaron esta varianza fueron pH y materia orgánica. La presencia activa de estos grupos bacterianos sugiere que desempeñarían un papel en el balance de nutrientes en estos suelos.

ESTUDIO DE INTERACCIONES PROTEÍNA-PROTEÍNA MEDIADAS POR DOMINIO N-TERMINAL DE LA INTEGRASA DEL VIRUS DE LA LEUCEMIA MURINA DE MOLONEY (M-MULV) Studies of protein-protein interactions mediated by the N-terminal domain of Moloney murine leukemia virus (M-MuLV).

Henríquez, D¹., Toledo, H.² y León, O¹.

Programas de Virología¹ y Biología Celular², ICBM, Facultad de Medicina, U. Chile.

El dominio N-terminal de unión a zinc HHCC es altamente conservado tanto en integrasas retrovirales como en retrotransposasas. Para HIV y M-MuLV este dominio es crítico para las actividades catalíticas de la enzima completa (procesamiento en 3' y transferencia de hebra). El dominio N-terminal promueve la multimerización de la enzima en presencia de zinc y a su vez complementa una proteína carente de este dominio (IN 106-404) en los ensayos de integración concertada. Este trabajo pretende determinar las zonas de contacto proteína-proteína presentes

en la conformación dimerica del dominio N-terminal por medio de entrecruzamiento químico con ditiobis sulfuro hidroxisuccinimida (DTSSP) acoplado a espectrometría de masas. Mediante FPLC y HPLC se aislaron dos péptidos entrecruzados principales producto de entrecruzamiento intermolecular. La identificación de estos péptidos y de los residuos involucrados en la reacción de entrecruzamiento permitirá determinar las regiones en las interfaces del dímero. Por otra parte el dominio N-terminal puede complementar la función de una integrasa que carece de este dominio, sin embargo no se ha demostrado físicamente si hay una interacción de tipo proteína-proteína. En este trabajo se estudió este tipo de interacción mediante unión a resinas. Ensayos preliminares indican que el dominio N-terminal es capaz de asociarse a la enzima truncada en forma estable. Estos resultados concuerdan con resultados previos en que se observa que el dominio N-terminal aislado no une DNA y por lo tanto en la complementación la interacción proteína-proteína es muy importante.

CONSTRUCCIÓN DE UNA CEPA BIOSENSORA BASADA EN EL SISTEMA DE "QUORUM SENSING" (QS) DE ACIDITHIOBACILLUS FERROOXIDANS

Gallardo, M.J., Guiliani N.

Unidad de Comunicación Bacteriana, Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Proyecto FONDECYT: 1040676.

Un biosensor es un sistema compuesto por un material biológico y una parte transductora que convierte una señal bioquímica en una señal cuantificable. Mediante ingeniería genética se pueden diseñar biosensores bacterianos. Estos consisten en una cepa de bacteria que contiene una proteína reguladora capaz de controlar específicamente la expresión de un segundo componente que es un gen reportero. Cuando existe en el medio una molécula química capaz de unirse a la proteína reguladora esta lo reconoce y luego activa la transcripción del gen reportero. Las acil homoserina lactonas (AHLs) son molécula que participan en el mecanismo de comunicación celular denominado QS. Un biosensor a AHLs debe contar con 3 elementos principales i) una regulador transcripcional, ii) una secuencia promotora blanco y iii) un gen reportero fusionado a esta secuencia, como *lacZ* o el operón *lux*. La cepa biosensora debe carecer de la sintasa de AHL, así solamente se activara el gen reportero en presencia de AHLs exógenas. Se diseñó y construyó un sistema biosensor, basado en el sistema QS funcional de *A. ferrooxidans* en la bacteria *Escherichia coli* JM109. Esta cepa contiene 2 plásmidos con orígenes de replicación compatibles. El primero contiene una fusión transcripcional entre la región promotora del gen *afel* y el gen reportero *lacZ* (*pafel-lacZ*). El segundo plásmido, vector de expresión en el cual se clonó el gen *afeR*, siendo la expresión de la proteína AfeR, inducible e independiente de AHL (*pafeR*). Se vio que la cepa biosensora responde a AHL.

ESTABILIDAD CONFORMACIONAL DEL DIMERO DE FTSZ SILVESTRE Y LAS MUTANTES PUNTUALES F40W E Y222W DE *ESCHERICHIA COLI* (Conformational stability of wild type FtsZ dimer and F40W and Y222W point mutants of *E. coli*).

Montecinos, F. Lagos, R. y Monasterio, O.
Laboratorio de Biología Estructural y Molecular,
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,
Universidad de Chile.
Financiado por FONDECYT #1050677.

FtsZ es la proteína clave en la división celular de *Escherichia coli* (EcFtsZ). EcFtsZ es la primera en ubicarse en el sitio de división donde forma el anillo Z y es necesaria para reclutar a todas las proteínas que conforman el divisoma bacteriano. La proteína purificada polimeriza en forma dependiente de GTP. La estructura tridimensional de FtsZ muestra dos dominios, el dominio amino con un plegamiento tipo Rossmann donde se une el nucleótido y el dominio carboxilo con un plegamiento tipo corismato mutasa que participa en la interacción con otras proteínas del divisoma bacteriano. EcFtsZ presenta una desnaturación reversible y en dos etapas indicando la presencia de un intermediario termodinámico. Hemos propuesto que el intermediario se debe a la liberación del nucleótido desde el sitio activo. En contraste, se sugirió que el intermediario se debería a la desnaturación en etapas donde la primera etapa corresponde a la separación de los dominios y la segunda a la desnaturación de los dominios. En este trabajo, mediante un análisis de filtración en geles se confirmaron resultados preliminares de FCS (fluorescent correlation spectroscopy) que mostraron la presencia de monómeros, dímeros y trímeros en solución. Con esta información, se modelaron las curvas de desnaturación de EcFtsZ usando un modelo de desplegamiento que considera el estado polidisperso de la proteína. En este modelo de desplegamiento se observó que el intermediario corresponde a la disociación de los dímeros en monómeros debida a la desestabilización de la interacción entre ambos. Se cuantificó la constante de disociación de los oligómeros a monómeros con experimentos de dilución.

REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL DE LA RUTA DE BIOSÍNTESIS DE ASTAXANTINA EN *X. DENDRORHOUS* (Transcriptional regulation of the astaxanthin biosynthesis pathway in *X. dendrorhous*).

Marcoleta A., Alcaíno J., Carmona M., Lozano C., Niklitschek M., Sepúlveda D., Baeza M., Cifuentes V.
Centro de Biotecnología, Facultad de Ciencias,
Universidad de Chile.
Financiado por ENL 08/06, VID U de Chile,
CONICYT (A.M.), Beca Fundación María Ghilardi V.
(C.L.)

Xanthophyllomyces dendrorhous es una levadura con la particular capacidad de sintetizar astaxantina. La astaxantina es un pigmento carotenoide de gran interés industrial, dado que constituye uno de los ingredientes alimentarios de mayor costo en la industria de la salmónicultura, además

de poseer diversos efectos beneficiosos sobre la salud humana. Por este motivo *X. dendrorhous* ha sido objeto de múltiples investigaciones que han permitido, entre otras cosas, identificar y clonar los genes responsables de la biosíntesis de carotenoides. Sin embargo, aún se desconocen los mecanismos regulatorios que subyacen la ruta de carotenogénesis. Diversas evidencias sugieren la existencia de regulación transcripcional de algunos de los genes estructurales de la vía, destacando el caso de los genes *crtI*, *crtYB* y *crtS*.

En este trabajo se estudió el efecto de la glucosa y el etanol sobre la transcripción de los genes *crtI*, *crtYB* y *crtS*. Adicionalmente se realizó un mapeo por geles de retardo (EMSA) de la zona promotora del gen *crtS*, de modo de identificar posibles regiones reguladoras a través de la detección de sitios de unión a proteínas nucleares. Resultados preliminares indican que el etanol posee un efecto inductor de la transcripción de los genes estructurales *crtI*, *crtYB* y *crtS*, mientras que la glucosa no tendría efecto sobre dicho proceso. Los ensayos EMSA muestran que diferentes regiones del promotor del gen *crtS* unen con distinta afinidad proteínas nucleares, lo que ha permitido ir acotando los posibles sitios regulatorios.

EXPRESIÓN DE LOS GENES DE CAROTENOGÉNESIS DE CEPAS SOBREPDUCTORAS DE LA LEVADURA *XANTHOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS* EN METABOLISMO AEROBIO Y FERMENTATIVO.

Lozano, C., Sepúlveda, D., Alcaíno, J., Marcoleta, A., Barahona, S., Baeza, M. y Cifuentes, V.
Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias,
Universidad de Chile.
Financiamiento: ENL 08/06, VID U de Chile. Beca
Fundación María Ghilardi (C.L.), CONICYT (A.M.) y
MECESUP (J.A.).

Xanthophyllomyces dendrorhous es la única levadura carotenogénica capaz de fermentar glucosa, producir etanol y carotenoides, siendo la astaxantina su principal pigmento. Además, puede utilizar succinato como fuente de carbono no fermentable, en el cual incrementa su producción de pigmentos a diferencia de glucosa. En este trabajo se estudió la biosíntesis de carotenoides en dos cepas mutantes desreguladas (*atxS1* y *atxS2*), las cuales sintetizan mayor cantidad de pigmentos (5.5 y 4.2 veces más que la silvestre, respectivamente).

El estudio de la expresión de los genes de carotenogénesis a nivel de los RNA mensajeros en la cepa *atxS1* es distinto a la cepa silvestre, al igual que su producción de pigmentos en glucosa, la cual comienza en fase exponencial temprana, similar a la cepa silvestre en medio mínimo succinato, lo que sugiere que la síntesis de pigmento en esta cepa desregulada sería constitutiva.

El uso de estas cepas nos demuestra sus potenciales usos como fuentes naturales de astaxantina y el estudio de las mismas nos ayudará a comprender el complejo proceso del control genético de la carotenogénesis en la levadura.

DILUCIDACIÓN DE LA ETAPA INTERMEDIA DE BIOSÍNTESIS DE ASTAXANTINA EN *XANTHOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS* (Elucidation of the intermediate stage of the astaxanthin biosynthesis in *X. dendrorhous*).

Niklitschek, M., Marcoleta, A., Lozano, C., Alcaíno, J., Barahona, S., Baeza, M. y Cifuentes, V.
 Centro de Biotecnología. Facultad de Ciencias. Universidad de Chile.
 Financia ENL 08/06, V.I.D., U. de Chile.
 Proyecto MECESUP UCH-0106, Fundación María Ghilardi y CONICYT.

La levadura basidiomicete *X. dendrorhous* sintetiza el terpenoide astaxantina como principal pigmento carotenoide, compuesto de gran importancia biotecnológica por su utilización como colorante y antioxidante. Los estudios de la ruta de biosíntesis de astaxantina en *X. dendrorhous* se han enfocado casi exclusivamente en la etapa tardía de la síntesis de los terpenos. Sin embargo, en otros organismos se ha observado que las etapas previas tienen un rol fundamental en la cantidad final de pigmento producido.

En este trabajo se estudió la etapa intermedia de biosíntesis de terpenos en *X. dendrorhous*. Para esto, se determinó mediante PCR la presencia de los genes *crtE* y *FPS*, que codificarían a las enzimas GGPP sintasa y FPP sintasa respectivamente. Además, se clonó y secuenció completamente un fragmento *Bam*HI de 11.429 pb que contenía al gen *crtE* y se definió su ORF en 2.053 pb. Adicionalmente, se clonó por RT-PCR su cDNA en un fragmento de 1.131 pb, indicando la presencia de 8 intrones. Su actividad GGPP sintasa se demostró por complementación heteróloga. Finalmente, se obtuvieron cepas de *X. dendrorhous* heterocigotas para el gen *crtE*, produciendo un 42% menos de pigmentos.

DETERMINACIÓN DE GENES DE VIRULENCIA EN *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* METICILINO RESISTENTE (SAMR) AISLADOS DE PACIENTES DEL HOSPITAL REGIONAL VALDIVIA (Virulence genes detection in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from patients at Hospital Regional Valdivia).

Medina, G¹, Otth, C¹, Otth, L¹, Fernández, H¹, Wilson, M¹.

¹Instituto de Microbiología Clínica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile.
 Financiamiento DID-UACH-S-2007-63.

Staphylococcus aureus es el patógeno nosocomial más aislado a nivel mundial. Su importancia clínica radica en sus múltiples factores de virulencia. La proteína Leucocidina de Panton-Valentine (PVL), codificada por los genes *lukS-PV/lukF-PV*, es un factor de virulencia propio de SAMR comunitarios que induce la lisis de polimorfonucleares mediante la formación de poros en la membrana celular. La proteína de unión al colágeno (CNA) y las proteínas de unión al fibrinógeno (ClfA/ClfB) codificadas por los genes *cna* y *ClfA/ClfB*, respectivamente, pueden estar presentes indistintamente en todo tipo de cepas de *S. aureus*. Estas proteínas poseen un importante rol en la adhesión a células endoteliales, en la colonización de la zona anterior de las nares y en catéteres. En este estudio se determinó la presencia de los genes *lukS-PV/lukF-PV*, *ClfA/ClfB* y *cna* en 110 cepas SAMR aisladas de pacientes hospitalizados del Hospital Regional Valdivia. El gen *ClfA* se detectó en la totalidad de las cepas, no obstante solo una de ellas no presentó el gen *ClfB*. Solo en dos cepas se detectó el gen *cna*. Por otra parte, los genes *lukS-PV/lukF-PV* no fueron detectados, descartando la existencia de cepas SAMR comunitarias.

ECOLOGÍA II

CAMBIO DE USO DEL SUELO: UN ANÁLISIS ESPACIO-TEMPORAL EN TRES PAISAJES CONTRASTANTES (Land use change: a spatio-temporal analysis in three contrasting landscapes).

Echeverría, C.¹, González, D.¹, Nahuelhual, L.², Rey-Benayas, J.M.³, Newton, A.⁴

¹Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Forestales, Laboratorio de Ecología de Paisaje.

²Universidad Austral de Chile, ³Universidad de Alcalá, España. ⁴Bournemouth University, Inglaterra.

Agradecimientos: Jennifer Schulz y Nayadet Cid (REFORLAN).

Si bien los bosques nativos de Chile son reconocidos internacionalmente, existe poca información acerca de la tendencia en el estado de conservación de estos ecosistemas y sus posibles impactos en la biodiversidad. Se compararon los patrones espaciales de cambio de uso del suelo de las regiones de Valparaíso, Maule y Los Lagos durante 30 años. Además, se analizaron los factores socioeconómicos y ambientales determinantes del cambio de uso del suelo (CUS). Los resultados mostraron que los tres paisajes estudiados exhibieron una considerable pérdida de bosques nativos a una tasa anual de 1,43%, 4,4% y 1,1% respectivamente. Los bosques presentaron una progresiva fragmentación dado por aumento en el número de parches pequeños y disminución de la conectividad. Estos cambios estuvieron explicados por factores socioeconómicos y ambientales dados por una expansión de: cultivos agrícolas en Valparaíso, plantaciones forestales en el Maule y praderas ganaderas en Los Lagos. Los paisajes estudiados se diferencian por presentar diversas causas de CUS, pero se asemejan en una continua fragmentación y pérdida de hábitat forestales. Estrategias de conservación de la biodiversidad deberían considerar los patrones y procesos que operan en un paisaje altamente fragmentado.

VARIACIÓN GEOGRÁFICA Y FLEXIBILIDAD FENOTÍPICA EN EL GASTO ENERGÉTICO Y ASIMILACIÓN DE NUTRIENTES EN TRES POBLACIONES DE *ZONOTRICHIA CAPENSIS* (Geographic variation and phenotypic flexibility in energy expenditure and nutrient assimilation in three populations of *Zonotrichia capensis*)

Maldonado, K.^{1,2}, González-Vejares, S.¹, Cavieres, G.¹ & Sabat, P.^{1,3}

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Casilla 653, Santiago, Chile. ²Instituto de Filosofía y Ciencias de la complejidad, IFICC, Santiago, Chile. ³Centro para Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Casilla 114-D, Santiago, Chile.

Patrocinado por: Pablo Sabat K.

Debido a que la eficiencia en la adquisición, procesamiento, gasto y asignación de la energía es crítica en la sobrevivencia y éxito ecológico de los organismos, se espera que los individuos modifiquen sus rasgos en respuesta a diferencias en disponibilidad o composición nutricional. En concordancia con esto, se ha demostrado que la tasa de recambio de nutrientes está directamente relacionada al metabolismo energético y a la cantidad de alimento transportado y asimilado a través del tracto digestivo. En aves, se ha documentado una disminución en las tasas de gasto energético conforme disminuye la disponibilidad de alimento. A su vez, variaciones en la actividad enzimática y en el tamaño del intestino han sido relacionados con la composición de nutrientes en la dieta y con la tasa de ingesta de alimentos, respectivamente. A diferencia de los estudios anteriores, en este trabajo se investigan la variación geográfica en la actividad de tres enzimas digestivas, la tasa metabólica basal (TMB) y el grado de flexibilidad de estas, en tres poblaciones de chincoles que enfrentan distintos niveles de productividad primaria. Se encontró que la actividad enzimática de las aves provenientes de la zona más árida, es menor para las tres enzimas analizadas; sin embargo esta población presenta flexibilidad fenotípica en el largo del tracto digestivo. La TMB no difiere entre poblaciones, no obstante, presenta diferencias poblacionales en la capacidad plástica frente a cambios en la composición química de la dieta.

VARIACION EN LAS ESTRATEGIAS FOTOPROTECTORAS EN DOS PLANTAS ALPINAS DE CHILE CENTRAL (Variation in the photoprotective strategies in two alpine plant species of central Chile).

Molina-Montenegro, M.A.,^{1,2} Gallardo, J.,¹ Bravo, L.A.¹ and Cavieres, L.A.^{1,2}

¹Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Chile. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad, Santiago, Chile.
FONDECYT 1060710; 1060910 y P02-051-F ICM.

Las zonas alpinas son ambientes estresantes para la sobrevivencia y desempeño fisiológico de las plantas. Bajas temperaturas y episodios de alta intensidad lumínica son condiciones típicas de estas zonas pudiendo causar fotoinhibición y fotodaño. Diferentes estrategias tanto morfológicas como fisiológicas presentan las plantas para evitar las condiciones adversas de estas zonas. *Taraxacum officinale* y *Phacelia secunda* son dos especies en la zona alpina de Chile central, creciendo desde el nivel del mar hasta los 3.700 m. Mientras *T. officinale* no presenta una variación morfológica a lo largo del gradiente, *P. secunda* varía significativamente con la altitud. En el presente estudio, se planteó la hipótesis que *T. officinale* y *P. secunda* evitan la fotoinhibición gracias a una adaptación fisiológica y morfológica, respectivamente. 25 individuos de cada especie provenientes de los 1.600 y 3.600 m fueron llevados al laboratorio para mediciones ecofisiológicas, bajo condiciones fotoinhibitorias (5°C y 1.700 $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$). En general, *T. officinale* proveniente de ambas altitudes no mostraron diferencias en los parámetros fisiológicos, presentando altos desempeños. No obstante, *P. secunda* proveniente de los 3.600 mostraron significativamente un mayor desempeño fisiológico que aquellos de los 1.600 m. Mientras *T. officinale* presenta una alta plasticidad fisiológica, *P. secunda* es morfológicamente adaptada al ambiente en la cual crece. Finalmente, concluimos que las estrategias para evitar la fotoinhibición en ambientes alpinos serían más bien específicas de cada especie y no una generalidad en las comunidades vegetales alpinas.

DIFERENCIAS EN LA RESISTENCIA AL CONGELAMIENTO ENTRE PLÁNTULAS Y ADULTOS EN ESPECIES DE LOS ANDES DE CHILE CENTRAL (Frost resistance differences between seedlings and adults in plant species of the central Chilean Andes).

Sierra-Almeida, A.^{1,2}; Cavieres, L.A.^{1,2} & Bravo, L.A.¹

¹Departamento de Botánica, Casilla 160-C, Universidad de Concepción, Concepción; ²Instituto Milenio de Ecología y Biodiversidad (IEB), Casilla 653, Santiago, Chile.
Agradecimientos: FONDECYT, N°1060910 (L.A.B.), N°1060710 (L.A.C.); P05-002 ICM; Beca Doctorado CONICYT.

La temperatura bajo cero durante el período de crecimiento es considerada la mayor causa de mortalidad de plántulas

en áreas alpinas. Esta mortalidad se atribuye a la menor habilidad de resistir temperaturas congelantes que tienen las plántulas respecto de los adultos. Sin embargo, mientras en algunas especies las plántulas son efectivamente menos resistentes que sus adultos, otras especies han mostrado ser igualmente resistentes en ambos estados. Además, las plantas que crecen más cercanas al suelo están expuestas a condiciones térmicas más rigurosas que aquellas que crecen a mayor distancia de este, generando diferencias en el mecanismo de resistencia al congelamiento que poseen (i.e. evasión vs tolerancia). Dada la diferencia de estatura entre plántulas y adultos, particularmente en especies arbustivas, es probable que sus mecanismos de resistencia también sean distintos. Por ello, en este trabajo 1) comparamos el grado de resistencia al congelamiento en 13 especies de los Andes de Chile central en dos estados de desarrollo: plántula y adulto y 2) evaluamos diferencias en el tipo de mecanismo entre plántulas y adultos de una misma especie en relación con su forma de crecimiento. Los resultados indican que las plántulas son menos resistentes al congelamiento que los adultos en 10 de las 13 especies estudiadas. Además, 6 especies mostraron diferencias ontogenéticas en el mecanismo de resistencia al congelamiento, pero estas no tiene relación con la forma de crecimiento del adulto.

EXPORTACIÓN DE NITRÓGENO A MÚLTIPLES ESCALAS EN UNA CUENCA DEL SUR DE CHILE (Nitrogen exports at multiple-scales in a southern Chilean watershed).

Little, C.^{1,6}, Cuevas, J.G.², Soto, D.³ Lara, A.^{4,6}, Pino, M.^{5,6}.

¹Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Forestales. ²Instituto de Investigaciones Agropecuarias. ³FAO. ⁴Instituto de Silvicultura. ⁵Instituto de Geociencias. ⁶Universidad Austral de Chile.
Agradecimientos: Fondecyt N°1085024, CRN II #2047(IAI), y Núcleo Científico FORECOS.

Evaluamos la exportación de nitrógeno en 16 puntos de la cuenca del río San Pedro (39°20' S - 40°12' S) durante el período de estiaje. Utilizando regresión múltiple estudiamos la dependencia entre algunas especies de nitrógeno y el uso del suelo. Encontramos una relación negativa entre la exportación de N inorgánico (NID) y la presencia de lagos y ríos, sugiriendo que estos actúan como trampas. Las exportaciones de NID, N orgánico disuelto (NOD) y N-total, estuvieron positivamente asociadas con áreas descubiertas de vegetación. La relación NID/NOD no tuvo una tendencia clara respecto a la proporción de uso de suelo agropecuario y en general los valores se mantuvieron bajo la unidad, denotando bajas cantidades de N biodisponible. Los resultados sugieren que las propiedades naturales del paisaje explican la mayor parte de la variación en la exportación de nitrógeno, mientras que los usos de suelo asociados a actividades antropogénicas no fueron detectables. Este estudio documenta una condición relativamente prístina de los ríos en la cuenca, probablemente mantenida por una gran proporción de bosques nativos que esta sostiene, incluyendo la vegetación ribereña asociada.

**FLUJO DE NUTRIENTES EN BOSQUES
TEMPLADOS BAJO DISTINTOS ESTADOS
SUCESIONALES, SUR DE CHILE (Nutrients
fluxes in temperate forest with different
succession stages, southern Chile.)**

Almonacid, L.; Padilla, E.; Godoy, R & Barrientos, M.
Instituto de Microbiología y Botánica, Universidad
Austral de Chile.

Los ecosistemas boscosos nativos de lento crecimiento se caracterizan por un abastecimiento de nutrientes en forma interna, donde la economía de nutrientes juega un rol importante en plantas adaptadas a sitios de baja fertilidad.

Con el objetivo de evaluar la relación de la composición y estructura de los tipos de bosques con respecto a la acumulación de mantillo, se realizó un estudio comparativo en 7 microcuencas experimentales, 3 correspondientes a bosques secundarios y cuatro a bosques adultos, en la precordillera andina (39° S, 72° W) 600-1400 m s.n.m., sur de Chile.

El material vegetal fue secado y fraccionado en: (Oa) ramas y pequeños trozos de madera (Ob), material vegetal reconocible (Oc), material en avanzado proceso de descomposición y (Od) correspondiente a humus, con el fin de determinar la concentración de N, P, Na, K, Ca y Mg.

En general los bosques secundarios presentaron montos mayores de mantillo que los bosques adultos, los valores fluctuaron entre 20,08-22,08 y 11,41-21,04 ton ha⁻¹, respectivamente. En cuanto a los montos de nutrientes se observó una tendencia similar a obtener mayores montos en los bosques deciduos. Los resultados son discutidos considerando la calidad nutritiva del mantillo, como estrategia conservativa y de retorno potencial de nutrientes.

Escuela de Graduados, Fac. Ciencias-UACH.

**RECOLONIZACIÓN POSTGLACIAL DE
EUCRYPHIA CORDIFOLIA EN LOS BOSQUES
TEMPLADO LLUVIOSOS DEL SUR DE
SUDAMÉRICA (Post-glacial recolonization of
Eucryphia cordifolia in the temperate rainforest
of southern South America)**

Segovia, R.A.^{1,2}, Pérez, M.F.^{2,3}, Hinojosa, L.F.^{1,2}

¹Lab. Paleocología, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad. ³CASEB, Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica.

Agradecimientos: FONDECYT 1060041; Premio BBVA; IMEB P05-002; PFB-23

El patrón de distribución de la biota del sur de Sudamérica evidencia los efectos que sufrieron estas especies frente a las glaciaciones del pleistoceno. Aún está en discusión el tipo y cantidad de refugios que habrían albergado a estas especies durante el Último Máximo Glacial (UMG). *Eucryphia cordifolia* corresponde al componente más termófilo del bosque valdiviano. Evidencia palinológica sugiere que durante los períodos glaciales su rango se habría contraído a zonas costeras al norte de los 41°S y que su incorporación al bosque valdiviano estaría asociada a los máximos de

temperatura del holoceno temprano. Evaluamos el patrón de distribución de la variabilidad del fragmento trnV-ndhC de ADN de cloroplasto de *E. cordifolia*. Encontramos siete haplotipos en la secuenciación de 140 individuos de 22 poblaciones. La relación entre haplotipos fue resuelta usando Método de Máxima Verosimilitud, Análisis Bayesiano y redes de haplotipos. Considerando el patrón de distribución de la variabilidad genética, sugerimos las posibles localidades de origen de recolonización posterior al UMG y su dinámica de distribución como respuesta a cambios en las condiciones de temperatura durante el holoceno.

**DISTRIBUCIÓN ESPACIAL DEL MUÉRDAGO
TRISTERIX APHYLLUS EXPLICADA POR
MODELOS AUTORREGRESIVOS (The spatial
distribution of the mistletoe *Tristerix aphyllus* is
accounted by autorregressive models).**

¹Rivera-Hutinel, A., ²Medel, R.

¹Departamento de Ecología, P. Universidad Católica de Chile. ²Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Financiamiento: CONICYT, IDEAWILD, Anillo PBCT ACT 34/2006.

Se estudiaron los factores relacionados con la distribución espacial del muérdago *Tristerix aphyllus*, una planta parásita de cactáceas. Se utilizaron como variables predictoras atributos morfológicos de sus especies hospederas (*Echinopsis chilensis* y *Eulychnia acida*) y las relaciones espaciales del muérdago y sus hospederas. A través del monitoreo a hospederas georreferenciadas durante 2 años, se estimó la autocorrelación espacial de las variables. La altura de los hospederas presentó autocorrelación espacial positiva y los hospederas se distribuyeron en agregados, indicando que el muérdago habita en un ambiente espacialmente heterogéneo. La distribución del parásito se asoció positivamente entre vecinos, siendo el tamaño del agregado de ~40 m. Análisis con dos modelos autorregresivos (AR y SAR) revelaron que la probabilidad de ocurrencia de *T. aphyllus* se asoció positivamente con la altura y el número de columnas de los cactus, mientras las espinas apicales redujeron la ocurrencia del muérdago. El modelo AR, asociado a dispersión limitada, no logró explicar toda la varianza espacial. El modelo SAR en cambio, removió la autocorrelación espacial de los residuales. El patrón espacial contagioso que muestra *T. aphyllus* es explicado por la heterogeneidad espacial de la población hospedera y por la dispersión limitada de propágulos hacia los vecinos.

EVOLUCIÓN I

RESPUESTAS MICROEVOLUTIVAS DE *LIOLAEMUS TENUIS* (DUMERIL & BIBRON, 1837) EN ESCENARIOS DE DIFERENTE ESTABILIDAD CLIMÁTICA Y ESTRUCTURA GEOGRÁFICA (Microevolutionary responses of *Liolaemus tenuis* (Dumeril & Bibron, 1837) (Squamata: Liolaemidae) in scenarios with different climatic history and contrasting geographic structure).

Victoriano, P.^{1,3}, J. C. Ortiz¹, C. Muñoz¹ y J. W. Sites².

¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Department of Integrative Biology, Brigham Young University, USA. ³Centro de Investigación en Ecosistemas Patagónicos. CIEP. Coyhaique.

Financiado por NSF-OISE0530267 Y DIUC-CIEP205.113067-1SP.

La reconstrucción de la historia microevolutiva de una especie puede ayudar a proyectar hipótesis sobre consecuencias demográficas y evolutivas frente a futuros cambios ambientales. Nosotros reconstruimos la historia filogeográfica de una especie de lagartija de amplia distribución en Chile, *L. tenuis*, mediante secuencias de ADN_m (citb y 12S), con el fin de comprender sus respuestas frente a escenarios de estabilidad climática histórica y geografías contrastantes. Nosotros esperamos una disminución de diversidad, estructuración, y estabilidad en los Ne en un sentido norte-sur. Las relaciones de parentesco en esta especie fueron altamente consistentes con la geografía, con mayores largos de rama promedio en los clados del norte, mayor diversidad nucleotídica y haplotípica, e inferencias de equilibrio (D de Tajima), respecto a los clados del sur. De acuerdo a un análisis de NCPA, apoyado por otros análisis independientes, se detectó un predominio de inferencias de expansión de rango desde aproximadamente los 39°S hacia el sur. Esta especie habría respondido con importantes cambios demográficos (reducciones de Ne, deriva génica, cambios distribucionales), tanto en áreas que fueron cubiertas por glaciares, como periglaciares. *L. tenuis* puede ser considerada como una especie más sensible a cambios climáticos que otros *Liolaemus* codistribuidos (e.g. *L. pictus*), lo cual podría asociarse a factores idiosincráticos de esta especie.

POTENCIALES REFUGIOS GLACIARES Y VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA ALGA ROJA, *GRACILARIA GRACILIS* (GRACILARIALES, RHODOPHYTA), EN EL ATLÁNTICO NOROESTE (Potential glacial refugia and genetic variability of the red alga, *Gracilaria gracilis* (Gracilariales, Rhodophyta), in the North-West Atlantic)

¹Gaitán-Espitia J.D., ²Destombe C., ²Valero M., ¹Guillemin M-L. (marielaure.guillemin@gmail.com)

¹Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia Chile. ²Evolution et Génétique des Populations Marines (EGPM), UMR CNRS/UPMC 7144, Station Biologique de Roscoff, BP 74, Place Georges Teissier, 29682 Roscoff, France.

Gracilaria gracilis coloniza los fondos rocosos intermareales de Europa desde la costa atlántica de Marrueco hasta Noruega y se encuentra en cuatro de las provincias biogeográficas cruzando tres zonas de transición. La distribución actual de muchas especies marinas costeras está debida principalmente a los cambios climáticos durante los periodos glaciares cuaternarios, y en particular durante el Último Máximo Glacial (LGM, hace 19.000 a 23.000 años). Según los últimos estudios, existirían al menos dos refugios glaciares en el Atlántico Norte, uno en el sur cerca de la Península ibérica, que refleja el límite sur del hielo durante el LGM, y el otro en el mar de Irlanda. *G. gracilis* es una macroalga perenne con bajos índices de reclutamiento y mortalidad, al igual que una limitada capacidad de dispersión, lo que permite realizar un seguimiento genético de la colonización postglacial mediante un marcador molecular mitocondrial (el espaciador de la cyclo-oxygenase II y III) y subsecuentemente comprobar los diferentes escenarios históricos de migración propuestos para esta zona.

¿PERUMYTILUS PURPURATUS O BRACHIDONTES PURPURATUS EN LAS COSTAS CHILENAS Y ARGENTINAS? ANTECEDENTES GENÉTICOS, ECOLÓGICOS Y PALEONTOLÓGICOS (¿*Perumytilus purpuratus* or *Brachidontes purpuratus* at the Chilean and Argentine coasts? Genetical, ecological and paleontological precedents)

Astorga, MP, Aguirre, M. Guíñez, R.

Universidad Austral de Chile. Universidad Nacional de La Plata, Argentina. Universidad de Antofagasta, Chile.

Agradecimientos FINANCIAMIENTO: DID-UACH y FONDECYT 1050848.

El chorito maico *Perumytilus purpuratus* es un bioingeniero ecosistémico que se distribuye desde el Ecuador al estrecho de Magallanes por el Pacífico, y hasta Santa Cruz por el Atlántico argentino. Mediante el estudio de la morfometría del registro fósil y de individuos actuales se ha establecido la historia evolutiva del género *Brachidontes* en la costa pacífica y atlántica del cono sur de Sudamérica, donde se ha propuesto que la especie denominada *Perumytilus purpuratus* correspondería a *Brachidontes purpuratus* y habría sido originada a partir del proceso de colonización de este género a Sudamérica, diversificándose en las diferentes especies del género presentes en el hemisferio sur.

Para explorar el estatus taxonómico de *P. purpuratus* se utilizó: i) análisis genético mediante secuenciación de la región 16S de ADNr (525 bp), ii) análisis morfométrico y iii) reconstrucción de su historia evolutiva. Para el análisis se usaron muestras de esta especie desde diferentes localidades de las costas de Chile y de Argentina, incluyéndose además otras especies del género *Brachidontes*. Los resultados usando reconstrucción filogenética muestran una consistente divergencia entre las muestras de *P. purpuratus* de la costa chilena y aquellas obtenidas desde la costa argentina, siendo estas últimas agrupadas con las especies del género *Brachidontes*.

ORIGEN Y DIVERSIDAD GENÉTICA DEL COSMOPOLITA CARACOL DE TIERRA, *HELIX ASPERSA*, EN CHILE (Origin and genetic diversity of the cosmopolitan land snail *Helix aspersa* in Chile).

Artacho^a, P., Guiller^b, A., Nespolo^a, R.F. & Poulin^c, E.

^aInstituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, ^bLaboratoire de Parasitologie Pharmaceutique, Université de Rennes, ^cLaboratorio de Ecología Molecular, Universidad de Chile.

La introducción de especies exóticas ha sido reconocida como una de las principales amenazas a la biodiversidad. Sin embargo, aún se desconocen completamente los mecanismos (e.g. conductuales, genéticos) que hacen a una especie "buena invasora". En este estudio analizamos la diversidad genética y relaciones filogenéticas del caracol de tierra, *Helix aspersa* (Gastropoda, Pulmonata) en su área de origen (norte de

África), rango de introducción histórico (noroeste de Europa) y un área de reciente introducción (Chile), mediante el uso de microsátélites y un gen mitocondrial (citocromo b). Esta especie ha colonizado desde el holoceno numerosos ambientes perturbados antropogénicamente, alcanzado actualmente una distribución cosmopolita, e incluso alcanzando el estatus de peste en muchos de ellos. Los resultados del análisis filogenético indican que las poblaciones de *H. aspersa* en Chile podrían haber sido introducidas desde poblaciones europeas. Las bajas diversidades nucleotídicas y haplotípicas asociadas con la ocurrencia de 2 grupos de haplotipos de baja divergencia podrían ser indicativas de un único evento de introducción. La baja diversidad genética de las poblaciones chilenas comparadas con las poblaciones europeas y nativas podría sugerir cuellos de botella o efectos fundadores, lo cual requiere de mayores análisis.

DIFERENCIACIÓN POBLACIONAL DE SIGMODONTINOS (RODENTIA: CRICETIDAE) PATAGÓNICOS Y FUEGUINOS (Population differentiation of Patagonian and Fuegian sigmodontines [Rodentia: Cricetidae]).

D'Elía, G.¹, Lessa, E.P.² y Pardiñas, U.F.J.³.

¹Departamento de Zoología, U. de Concepción, Concepción, Chile. ²Facultad de Ciencias, U. de la República, Montevideo, Uruguay ³Centro Nacional Patagónico, Puerto Madryn, Chubut, Argentina.

Agradecimientos: NGS 7813-05, CONICET PIP 6179, FONDECYT 11070157.

En este trabajo se dan a conocer los patrones filogeográficos y niveles de diferenciación genética de poblaciones de 13 especies de sigmodontinos patagónicos y fueguinos. Se reconocen distintos patrones genealógicos y estructuración geográfica. *Calomys musculinus*, *Eligmodontina morgani*, *E. typus*, *Graomys griseoflavus*, *Oligoryzomys longicaudatus*, *Phyllotis xanthopygus* y *Reithrodon auritus* presentan genealogías llanas y carecen de estructura geográfica marcada. *Chelemys macronyx* y *Loxodontomys micropus* presentan genealogías llanas con cierto grado de estructuración geográfica. *Abrothrix longipilis*, *A. olivaceus*, *Euneomys chinchilloides* y *Geoxus valdivianus* presentan genealogías profundas y estructuradas geográficamente. Algunos de los clados poblacionales recobrados (e.g., los dos mayores de *A. longipilis*, la muestra total de *C. musculinus*) presentan señal de crecimiento poblacional que, junto a la falta de estructura interna, se interpreta como señal de expansión reciente. Los quiebres filogeográficos encontrados son latitudinales y no coinciden con las divisiones fitogeográficas mayores (bosque, estepa, monte). A la luz de estos patrones se discute el papel de algunos rasgos geomorfológicos del territorio patagónico (e.g., ríos Senguer y Deseado) en la estructuración geográfica de algunas especies. Finalmente, se descartan modelos previos de recolonización postglacial para explicar la diversidad actual del ensamble de sigmodontinos patagónico-fueguino.

FILOGEOGRAFÍA Y DINÁMICA METAPOBLACIONAL DEL CHUNGUNGO, *LONTRA FELINA*, USANDO MARCADORES MOLECULARES (Phylogeography and metapopulation dynamics of marine otter, *Lontra felina*, using molecular markers)

Vianna, J.A.^{1,2}; Ayerdi, P.²; Medina-Vogel, G.²; Faugeron, S.¹

Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas¹; Universidad Andrés Bello, Escuela de Medicina Veterinaria². CONICYT, Rufford Small Grant, UNAB proyecto-D.I.

El chungungo posee una distribución discontinua a lo largo de la costa de Perú y Chile (6°S-56°S), debido al uso exclusivo de costa rocosa, y evitando playas de arena. Para esta especie amenazada por las actividades del hombre, es importante entender el rol de la estructura fragmentada del hábitat en la distribución y conectividad de las poblaciones. Analizando la región control del DNA mitocondrial a partir de muestras de fecas y tejidos (n=123, 18-42°S), incluyendo cuatro áreas con diferentes grados de tamaño de fragmento y asilamiento, encontramos una alta diversidad haplotípica (0.78-0.53) y baja nucleotídica (0.0031-0.0009) ambas reduciendo del norte hacia sur, lo que concuerda con la presencia de mayores tamaños poblacionales en el norte. La especie posee una fuerte estructura poblacional ($F_{st}=0.74$) y un patrón de asilamiento por distancia también asociado al grado de asilamiento de los fragmentos de roca, sin embargo presentan también barreras completas al flujo génico, como lo detectado entre el norte y sur de los 30°15'S de latitud. El asilamiento debido a las playas de arena también pudo ser observado utilizando seis loci de microsatélites que además permitieron una mayor comprensión del tamaño poblacional y comportamiento espacial de la especie.

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS DEMOGRÁFICOS Y GENÉTICOS POBLACIONALES INFERIDOS A PARTIR DE INFORMACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES: RESULTADOS PRELIMINARES DE UN PEQUEÑO FELINO CHILENO, LA GÜIÑA (*LEOPARDUS GUIGNA*) (Estimation of demographic and genetic population parameters inferred using information from molecular markers: Preliminary results on a small chilean felid, the guigna (*Leopardus guigna*)).

Napolitano, C.¹, Bennett, M.² y Poulin, E.¹

¹Laboratorio de Ecología Molecular, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ²Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Agradecimientos: Beca ICM P05-002 PFB 023 del Instituto de Ecología y Biodiversidad y Buin Zoo.

La güiña (*Leopardus guigna*) es el felino más pequeño de Chile y Sudamérica, y uno de los más pequeños del mundo. Ha sido descrita como especialista del bosque nativo, por lo que está considerada *En Peligro* en Chile debido a la destrucción de su hábitat. El desarrollo de los marcadores moleculares son una herramienta cada vez más importante para responder a preguntas esquivas en ecología y biología de la conservación, especialmente en el estudio de especies difíciles de capturar e incluso de observar, como son los felinos. En el presente estudio se estimaron distintos parámetros demográficos y genéticos poblacionales de la güiña, a partir de una genotipificación multilocus obtenida para cada individuo muestreado. Se utilizaron diversos marcadores moleculares y DNA de la especie obtenido desde dos tipos de muestras biológicas: muestras sanguíneas recolectadas de forma directa a través de la captura de individuos y muestras fecales recolectadas de forma no invasiva en terreno. La estimación de estos parámetros poblacionales es de gran relevancia para evaluar el estado de las poblaciones estudiadas y su eventual persistencia en el área, facilitando los esfuerzos de investigación y conservación de este pequeño felino y su ecosistema en el territorio nacional.

INFERENCIA BAYESIANA PARA EVALUAR LA DEMOGRAFÍA HISTÓRICA DE LA LANGOSTA *JASUS FRONTALIS* (H. MILLNE EDUARS, 1837) EN LAS ISLAS DEL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ
 Bayesian inference to evaluate the historical demography of spiny lobster *Jasus frontalis* (H. MILLNE EDUARS, 1837) in Juan Fernández archipelago

^{1,2}Porobic J., ²Ernst B., ^{1,2}Canales-Aguirre C.,
²Galleguillos R. & ¹Hernandez C.E.

¹Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática Departamento de Zoología, y ²Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Financiamiento: DIUC-207.112.098-1.0

El archipiélago de Juan Fernández se caracteriza por un gran número de especies endémicas, entre ellas *Jasus frontalis*. Se postula que la historia demográfica de esta especie fue modelada por afloramiento de hábitat (i.e. cordilleras submarinas) y aumento en las corrientes circumpolares, debido a procesos de glaciación que afectaron esta zona. Proponemos que el alto tiempo de permanencia en el plancton de sus larvas, en conjunto con el aumento hacia el norte de la corriente circumpolar y el afloramiento de hábitat, provocaron un aumento en el tamaño poblacional efectivo durante la historia de esta especie. Para evaluar esta hipótesis se utilizó una aproximación Bayesiana, la cual además permitió evaluar los flujos migracionales y sus fluctuaciones a través del tiempo. Los resultados muestran que los tamaños poblacionales presentan alta probabilidad de haber aumentado hace aproximadamente 55 mil años, coincidente con el último período glacial. También se observa un fuerte flujo génico reciente entre las islas, que indican tamaños poblacionales y tasas de inmigración constantes, con una baja estructuración poblacional y alta probabilidad de que el ancestro común más reciente provenga de Selkirk. Estos resultados sugieren que el último período glacial fue el principal modelador de la demografía histórica.

ECOLOGÍA III

SELECCIÓN DE MICROHÁBITAT TÉRMICO Y TEMPERATURA PREFERENCIAL EN LA ARAÑA *PARAPHYSA PARVULA* (TERAPHOSIDAE) (Thermal microhabitat selection and preferential temperature in the spider *Paraphysa parvula* (Theraphosidae).

Veloso, C., Marfull, R., Lühr, D y Canals, M.
 Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
 Fondecyt 1080038.

La sensibilidad térmica en ectotermos es un carácter clave para entender su desempeño fisiológico, conductual y reproductivo. La selección de microhábitat térmicos debe estar fuertemente regulada, lo que debiera reflejarse en la selección de temperaturas corporales preferenciales. Se trabajó con individuos de una población de la araña *Paraphysa parvula*, que habita por sobre los 2.400 m.s.n.m., en los Andes de Chile central. En terreno a cada individuo no reproductivo ($n = 104$) y reproductivo ($n = 14$) se le midió la temperatura corporal (T_b) y su masa corporal (m_b), así como la temperatura de distintos sustratos. En el laboratorio se trabajó con 27 individuos, en un gradiente de 70 cm de longitud y con un diferencial térmico de 60 °C (10 a 70 °C). Para individuos no reproductivos, la T_b preferencial en terreno fue de $28,8 \pm 4,0$ °C (rango 17,8 -37,0 °C) y la m_b promedio fue de $1,0 \pm 1,61$ g (rango 0,2-7,6 g), y para hembras reproductivas la T_b fue de $29,3 \pm 2,8$ °C (rango 23,1-31,8 °C), con una m_b promedio de $5,3 \pm 1,6$ g (rango 3,54-7,8 g). En el laboratorio, la T_b preferencial fue de $31,7 \pm 2,3$ °C (rango 26,2-36,8 °C) y la masa corporal promedio fue de $3,69 \pm 3,30$ g (rango 0,4-11,4g). En ambos casos (terreno y laboratorio) la T_b no se correlacionó con la masa corporal ($p > 0,05$). Los datos sugieren que *P. parvula* termoregula conductualmente en terreno y que la T_b preferencial es cercana a los 32 °C, y no depende de la masa corporal. La T_b preferencial de postura está dentro de este rango de temperaturas.

IMPRONTA DE LA CONDUCTA EN LA LEY DE PODER DE TAYLOR EN DOS ESPECIES DE CORVIDOS *Imprint of Behavior and Population Dynamics on Taylor's Power Law in Two Corvid Species.*

Samaniego, H* & Milne, BT.

Department of Biology, University of New Mexico, Albuquerque, NM 87131, USA. *Instituto de Silvicultura, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

La ley poder que relaciona la abundancia media y su varianza (Taylor's Power Law, TPL), ha sido bien documentado desde su primera descripción en 1961 por Taylor. El exponente de esta relación de poder por lo general varía entre especies, sin embargo las causas de esta variación es aún objeto de debate. En este trabajo se comparan los exponentes de TPL entre Piñón Jays (*Gymnorhinus cyanocephalus*, PIJA) y el Western Scrub Jay (*Aphelocoma californica*, WESJ). Estas dos especies presentan sistemas sociales radicalmente diferentes y sus diferencias en comportamiento pueden parcialmente explicar diferencias significativas entre sus respectivos exponentes. Se analizan los procesos subyacentes que generan los valores esperados del tamaño de la población y su varianza. Utilizando un modelo probabilístico, identificamos y estimamos las tasas de los procesos más importantes involucrados en la generación de los exponentes de la TPL. A pesar de que PIJA y WESJ comparten una relación funcional entre la abundancia media y procesos de colonización y extinción, estas especies difieren en gran medida en su distribución estadística de la colonización, la extinción, el número medio de colonos, la probabilidad de abundancia nula y tamaño de la poblacional. Por lo tanto, mostramos cómo diferentes aspectos de los procesos que generan el proceso poblacional afectan el exponente de la TPL, ofreciendo así las directrices empíricas para interpretar las diferencias en la relación de escalamiento entre media y la diferencia de tamaño poblacional.

VARIACIONES EN BIODIVERSIDAD DENTRO Y FUERA DE UN ÁREA PROTEGIDA (*Biodiversity variations inside and out of protected area*).

¹Aldana, M., ¹Molina, P., ¹Mora, A., ²Ojeda, F.P., ³Espinoza, J., ⁴Pulgar, J.

¹Facultad de Ecología & Recursos Naturales, ²CASEB PUC, ³Cs. Básicas Universidad Santo Tomás, ⁴Departamento Cs. de la Salud, Universidad Andrés Bello.

Agradecimientos: Proyecto DI 05-08 Universidad Andrés Bello.

En las últimas décadas, la diversidad biológica ha llegado a ser un aspecto de interés científico a nivel mundial, debido a las amenazas crecientes a la sobrevivencia de ciertas especies y a la pérdida de variabilidad genética. En este sentido, la creación de zonas de manejo, donde se da una explotación controlada de los recursos bentónicos, se observa una recuperación notable de especies de importancia comercial. Sin embargo, poco se conoce de los efectos de la protección

de ciertas especies sobre la estructura y dinámica del ensamble completo donde estas especies están inmersas. En este estudio se evaluaron las variaciones en diversidad dentro y fuera de un área de manejo de recursos bentónicos, en Chile central. Los resultados hasta ahora indican fuertes variaciones en la estructura comunitaria del intermareal rocoso, playas de arena y submareal, donde lo más notable, es la ausencia de organismos en playas de arena dentro del área de manejo, cambios compositionales en el intermareal rocoso y en los componentes del plancton.

PUESTA A PRUEBA DE LAS HIPÓTESIS DE ISOMORFIA *VERSUS* DEPENDENCIA DE ESTADO EN RASGOS FISIOLÓGICOS Y DE HISTORIA DE VIDA (*Testing the isomorphic versus state-dependent hypotheses in physiological and life history traits*).

Catalán, T.P., Folguera, G., & Bozinovic, F.

Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, 6513677, Chile.
FONDAP 1501-0001, Programa 1.

Las estrategias de desarrollo pueden ser interpretadas como reflejo del control interno de los organismos, permitiendo visualizar los ajustes fisiológicos necesarios para hacer frente a las condiciones ambientales a través del desarrollo. Al respecto, se han planteado dos hipótesis competentes para explicar el patrón de respuesta que pueden expresar frente a determinadas condiciones térmicas. Por un lado, la primera propone respuestas similares durante el desarrollo. Mientras, la hipótesis alternativa denominada de "estado-dependiente", sugiere que las respuestas a la variación ambiental pueden depender del momento de desarrollo en el que se encuentre el individuo. El objetivo de este trabajo fue contrastar ambas hipótesis bajo tres regímenes térmicos constantes (15, 22.5 y 30 °C) durante las primeras 14 semanas de desarrollo del isópodo terrestre *Armadillidium vulgare*. Estudiamos las variables: tasa metabólica, masa corporal y longitud corporal. Los resultados indican que la tasa metabólica y masa corporal son dependientes del estado interno de los individuos en el desarrollo, mientras la longitud presenta una respuesta isomórfica.

CORRELATOS PROXIMALES DE LA DISPERSIÓN EN EL ROEDOR *O. DEGUS*: MASA CORPORAL Y AMBIENTE SOCIAL (Proximal correlates of dispersal in the rodent *O. degus*: body mass and social environment).

Quirici, V. & Ebensperger, L.

Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad & Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Desde un punto de vista proximal, se ha planteado que el comportamiento de dispersión se desencadenaría luego de que los individuos sobrepasan un tamaño corporal mínimo (hipótesis de cambio ontogenético, H1). Alternativamente, se ha planteado que la dispersión ocurriría en respuesta a un aumento de las interacciones agresivas producto de competencia por recursos (hipótesis de competencia, H2). Si los individuos dispersan luego de alcanzar un tamaño umbral (H1) se espera que los juveniles que dispersan presenten un mayor tamaño que individuos que no lo hacen. Si las interacciones agresivas constituyen el mecanismo proximal principal (H2) se espera registrar una correlación entre la frecuencia de estas interacciones y la ocurrencia de dispersión. Dado que individuos que dispersan producto de interacciones agresivas serían animales subordinados, se espera además que aquellos que dispersan presenten un menor tamaño comparado con aquellos que permanecen filopátricos. Se estudió una población de *O. degus* en la Estación Experimental Rinconada de Maipú en primavera de 2007, verano de 2008 y otoño de 2008. Se cuantificaron los movimientos de dispersión mediante el método de captura-marcaje-recaptura a partir de una grilla de 1 ha y a lo largo de seis transectos lineales (con estaciones de trapeo a 40, 80 y 120 m) a partir de esta. Además, se registró el comportamiento de individuos previamente identificados. Los resultados se evalúan en el contexto de las hipótesis de cambio ontogenético y de competencia. Discutimos que la dispersión puede ser explicada en términos proximales mediante un continuo hormona-masa corporal-agresión.

REGENERACIÓN DE ESPECIES EN EL "LÍMITE ARBÓREO" DEL CENTRO Y SUR DE CHILE (Regeneration of treeline species in Central and South Chile).

Piper, F.^{1,2,3}, Fajardo, A.² y Cavieres, L.^{1,3}

¹Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160C, Concepción, Chile. ²Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia, Bilbao 449, Coihaique, Chile. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Casilla 653, Santiago, Chile. Agradecimientos: Fondecyt 3080057, P05-02 F ICM.

Los límites arbóreos altitudinales son explicados principalmente por las bajas temperaturas que afectan a los árboles adultos. *Nothofagus pumilio* y *N. antarctica*, especies del "límite arbóreo" en el centro y sur de Chile, son altamente tolerantes a las bajas temperaturas en su etapa adulta. Sin embargo, su regeneración podría ser susceptible a las bajas temperaturas. Utilizando la altitud como proxy, se estimó el efecto de la temperatura sobre la regeneración de

estas especies en sitios de precipitación contrastante (36°S, 40°S y 46°S). La densidad de plántulas fue analizada con ANCOVAs (altitud como variable y el ambiente lumínico como covariable). La densidad de plántulas decreció con la altitud en los tres sitios, sugiriendo limitación por bajas temperaturas. La regeneración no se relacionó con la apertura del dosel. La mayor densidad fue encontrada en el límite arbóreo más húmedo, y la menor densidad fue registrada en el límite arbóreo más seco, sugiriendo limitaciones por estrés hídrico. Se discuten los roles relativos de las bajas temperaturas y la sequía en la regeneración de estas especies en el límite arbóreo.

FACTORES INVOLUCRADOS EN LA INVASIBILIDAD POSTFUEGO EN EL MATORRAL MEDITERRÁNEO DE CHILE CENTRAL (Factors involved on post-fire invasibility in the Mediterranean matorral of central Chile).

Gómez-González, S.^{1,2}, Torres-Díaz, C.¹, Valencia, G.^{1,2}, Torres, P.¹ & Cavieres, L.A.^{1,2}

¹Dpto. Botánica, Universidad de Concepción, Concepción. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Santiago.

Financiamiento: MECESUP UCO-0214, CONICYT AT-24060008, P05-002-F ICM.

Numerosos estudios han demostrado que el fuego favorece la invasión de plantas alóctonas en diversos ecosistemas. Sin embargo, aún se conoce poco sobre los factores involucrados en la invasión postfuego. En este estudio: i) evaluamos si el fuego favorece la invasión de plantas en el matorral y ii) determinamos qué factores (banco de semillas vs. presión de propágulos) están mayormente asociados al patrón de invasión tras un incendio. Para ello, estudiamos la emergencia y el establecimiento de las especies en áreas quemadas y no quemadas de 4 sitios de matorral costero. Además, cuantificamos la presión de propágulos en las áreas quemadas. El fuego no incrementó la invasión de especies alóctonas en el matorral. La supervivencia banco de semillas fue más relevante que la presión de propágulos en explicar este patrón de invasión. La alta capacidad de emergencia de las herbáceas nativas tras el fuego determinó la resistencia a la invasión. Los resultados sugieren que la presión de propágulos adquiere menor relevancia en el proceso de invasión cuando la comunidad es resistente a la perturbación. Las especies nativas son más resistentes de lo que se había propuesto para el matorral chileno.

EVOLUCIÓN II

RELACIONES FILOGENÉTICAS DEL GÉNERO *AGATHEMERA* (INSECTA, PHASMATODEA) (Phylogenetic relationships of *Agathemera* genus (Insecta, Phasmatodea)).

Vera, A.^{1,2}, Pastenes, L.¹, Camousseight, A.³, Merino, F.⁴, Veloso, C.⁴ y Méndez, M.¹.

¹Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile; ²Departamento de Biología, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación; ³Entomología, Museo Nacional de Historia Natural; ⁴Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Agradecimientos: FONDECYT 1080072.

El género *Agathemera* Stål, 1875 está constituido por ocho especies distribuidas en ambas vertientes de la cordillera de Los Andes (19°S - 50°S). Este género habita desde el nivel del mar hasta los 4.200 m s.n.m. En diversos ambientes, desde estepas hasta el interior de bosques. *Agathemera* junto con *Anisomorpha* y *Autolyca* han sido reunidos en la tribu Anisomorhini, agrupación que se encuentra bajo discusión. Recientemente se ha propuesto reubicar *Agathemera* para constituir con este único género la familia Agathemeridae y el suborden Agathemerodea interpretándose como el grupo hermano de los restantes Phasmatodea. El objetivo de ese trabajo fue elaborar una hipótesis filogenética de las especies del género *Agathemera*. Se utilizó como grupo externo a *Autolyca*, *Anisomorpha* y dos Verophasmatodea andino patagónicos. Se secuenciaron dos genes mitocondriales COI (709pb) y 16S (501pb), los que fueron analizados utilizando: Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. Se discuten la hipótesis filogenética resultante y su relación con la distribución de las especies.

SISTEMÁTICA DE LAS ESPECIES DEL GÉNERO *PERINEREIS* (POLYCHAETA: NEREIDIDAE) DE LA COSTA DEL PACÍFICO SURESTE (Systematic of the *Perinereis* species (Polychaeta: Nereididae) from the Southeast Pacific coast).

Sampértegui, S., Canales-Aguirre, C., Carrasco, F., & Hernández, C.E.

Laboratorio Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Agradecimientos: AGCI-Gobierno de Chile, Escuela de Graduados UdeC, DIUC-207.113.098-1.0, CONA C12F 06-06.

Especies de la familia Nereididae son las más abundantes y conspicuas, sin embargo, su taxonomía morfológica ha sido difícil de evaluar debido a la gran uniformidad en la arquitectura anatómica. Por otro lado, relaciones de parentesco entre las diferentes especies son poco conocidas, aun entre especies del mismo género, llevando a la designación de especies *sibling*. Nuestro objetivo fue evaluar

la validez específica del poliqueto de estuario *P. gualpensis*, Jelds 1963, así como estimar las relaciones filogenéticas entre esta especie y las demás del género registradas en ambientes marinos costeros de Chile: *P. falklandica*, *P. longidonta* y en especial con la especie morfológicamente más parecida *P. vallata*. Para evaluar este objetivo se emplearon análisis filogenéticos (i.e. Máxima Parsimonia, Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana) usando secuencias del gen mitocondrial COI (670pb), y 48 caracteres morfológicos filogenéticamente informativos. Los resultados validaron a *P. gualpensis* y *P. vallata* como dos especies independientes y claramente definidas. La reconstrucción filogenética molecular no reconoce al clado de las cuatro especies de *Perinereis* como monofilético, si bien ubica a *P. gualpensis* más cercanamente emparentada a *P. vallata* y *P. longidonta*, reconociendo a estas como sus más probables ancestros marinos vivientes.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO EN LA FAMILIA RAJIDAE. POSICIÓN FILOGENÉTICA DE *DIPTURUS CHILENSIS* EN RAJIDAE DE AGUAS CHILENAS (Phylogenetic analysis in the family Rajidae. Phylogenetic position of *Dipturus chilensis* in the Rajidae Chilean waters).

Bórquez, J., Ferrada, S. & Galleguillos, R.
Programa Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas.

Los elasmobranquios representan el grupo de vertebrados más antiguo con registros fósiles que datan desde 350-400ma. En la bibliografía científica se evidencian complicaciones taxonómicas con reubicaciones de grupos taxonómicos y con incorporaciones de nuevas especies.

En Chile se han reconocido un total de 30 especies de batoideos. La captura de rayas deja en evidencia similitudes morfológicas que reflejan la necesidad de avanzar en el conocimiento de la posición filogenética de las especies. El objetivo de este estudio fue evaluar la monofilia de los géneros chilenos pertenecientes a la familia Rajidae e identificar a nivel de especies de *Dipturus* si existe una significativa diferenciación entre ellas.

Fueron obtenidas 46 secuencias no redundantes para representantes de la familia Rajidae en Chile a partir de una matriz de 498 pb del gen mitocondrial de la citocromo oxidasa (COI).

El árbol de máxima verosimilitud (ML) y el árbol de consenso de Bayes, muestran topologías similares que soportan la monofilia de los géneros de batoideos de aguas chilenas. *Dipturus chilensis* conserva una identidad filogenética claramente diferenciada del resto de los géneros. Siendo posible distinguir en clados independientes a secuencias nuevas no redundantes de *D. chilensis* con soportes significativos, que sugieren la existencia de especies independientes.

RELACIONES FILOGENÉTICAS DE LAS ESPECIES DE *ORESTIAS* DEL COMPLEJO *AGAZISSII* DEL ALTIPLANO SUR (Phylogenetic relationships of the *Orestias* species of the *agazissii* complex of Southern Altiplano).

Scott^{1,2}, S., Méndez¹, M. Vila², I

Laboratorio de Genómica Evolutiva, Universidad de Chile. ² Laboratorio de Limnología, Universidad de Chile.

Financiado Proyecto Fondecyt 1061256, 1080390, Proyecto Domeyko. Sergio Scott es becario Conicyt.

El género *Orestias* Valenciennes (1839), es endémico de la cuenca interandina de Perú, Bolivia y Chile presentando una distribución entre 14° y 22°S. Se ha postulado que el proceso de fragmentación de poblaciones pleistocénicas habitantes de los grandes paleolagos sería el responsable de la actual distribución de estas especies. Para la región del Altiplano Sur se han descrito actualmente seis especies de *Orestias*. En este trabajo se evaluó las relaciones filogenéticas de este grupo, utilizando evidencia total: los genes mitocondriales ND2, Citocromo b y D-Loop (3.150 sitios nucleotídicos) y 13 caracteres morfológicos. Los resultados muestran que las poblaciones de los salares de Ascotan y Carcote, ambas descritas como *O. ascotanensis*, corresponderían a unidades evolutivas distintas. Para el caso de *O. agazissii*, descrita para las localidades de Isluga y Huasco, se encontró que no corresponderían al mismo linaje, siendo la primera más cercana a *O. puni* del Titicaca. Finalmente, para las especies de *Orestias* descritas para el Parque Nacional Lauca, no se encontró resolución dentro de este grupo a nivel filogenético, pero sí se encontró soporte para proponerlo como un mismo linaje, diferenciado del resto de las especies de *Orestias* estudiadas.

REEVALUACIÓN FILOGENÉTICA DE BIVALVOS DULCEACUÍCOLAS: CON ESPECIAL REFERENCIA EN LA FAMILIA UNIONIDAE (BIVAVIA: UNIONOIDA) (Phylogenetics revision of Mussels freshwater with special reference to Unionidae family (Bivalvia, Unionoida)).

Fuentealba, C¹., Reid, B². y González, F³.

¹Departamento de Zoología, Universidad de Concepción. ²Centro de Investigación de Ecosistemas de la Patagonia (CIEP), ³Departamento de Biología Celular, Universidad de Concepción.

El orden Unionoida, de amplia distribución, reúne solo a bivalvos dulceacuícolas. Su registro fósil sugiere un origen en Norteamérica a comienzos del Triásico (220 Ma) antes de la ruptura del Gondwana. Actualmente representado por 6 familias Etheriidae, Mycetopodidae, Iridinidae, Hyriidae, Margaritiferidae y Unionidae, siendo esta última la más diversa (707 spp). Desde el punto de vista taxonómico existe conflicto con el uso de caracteres diagnósticos clásicos (morfología externa/interna) para definir los límites taxonómicos a nivel de familia. En el siguiente trabajo se propone una reevaluación de las relaciones filogenéticas de Unionidae y la posición de los géneros *Lemiox*, *Psilunio*,

Popenaias y *Venustaconcha* utilizando secuencias del gen citocromo oxidasa I. La reconstrucción filogenética se realizó en base a Máxima Parsimonia y Máxima Verosimilitud, usando como grupo externo al género *Neotrigonia*.

Los resultados confirman la monofilia de Unionidae. De los géneros considerados en este estudio, solo *Psilunio* forma parte de la familia Unionidae. Los géneros *Lemiox*, *Popenaias* y *Venustaconcha* conforman un grupo aparte de Unionidae.

En base a esta evidencia es posible proponer nuevas categorías taxonómicas para delimitar a nivel de familia las especies incluidas en nuestro estudio.

LÍMITES DE ESPECIES Y EVALUACIÓN DE LOS GRUPOS DE ESPECIES DE TUCO-TUCOS, GÉNERO *CTENOMYS* (RODENTIA, CTENOMYIDAE) Species limits and evaluation of the species groups among tuco-tucos, genus *Ctenomys* (RODENTIA, CTENOMYIDAE).

Parada, A.^{1&3}; D'Elía, G.², Palma R. E.¹, Lessa, E.P.³

¹Departamento de Ecología & CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile ²Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Chile ³Laboratorio de Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay.

Agradecimientos: FONDAP-CASEB 1501-0001. PEDECIBA, Uruguay.

El género *Ctenomys* se caracteriza por su gran diversidad de especies. Aquí se evalúan varios grupos de especies ya propuestos, a la vez que se analiza por primera vez de manera formal la posición filogenética de varias formas presentes en la extensa distribución del género. Este estudio considera secuencias del gen codificante del citocromo b, analizadas mediante Máxima Parsimonia y Verosimilitud e inferencia Bayesiana. El mismo cuenta con la cobertura taxonómica y geográfica más densa hasta la fecha (99 secuencias). Nuestros análisis indicarían que *Ctenomys sociabilis* es hermano de un clado formado por los restantes tucos. Dentro de este último hay una politomía, formada por ocho linajes multiespecíficos y otros monoespecíficos. Se recuperaron con buen apoyo los siguientes grupos de especies previamente esbozados: Boliviano-Matogrossense, Boliviano-Paraguay, *C. opimus*-*C. fulvus*, Chaco, *C. mendocinus* y *C. puniti*-*C. talarum*. Se sugieren los siguientes dos grupos: *C. torquatus* y Patagónico. El patrón de diversificación reflejado dentro y entre los grupos, es más complejo que el reconocido anteriormente y no es asimilado en el esquema clasificatorio actual. Se presentan las principales discordancias.

RECONSTRUCCIÓN FILOGENÉTICA Y ESTIMACIÓN DE LOS TIEMPOS DE DIVERGENCIA ENTRE ESPECIES DE *NACELLA* (PATELLOGASTROPODA: NACELLIDAE) (Phylogenetic reconstruction and divergence time estimation among *Nacella* species (Patellogastropoda: Nacellidae).

González Wevar, C.A.¹, Nakano, T.², Cañete, J.I.³, Poulin, E.¹

¹Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Chile. ²Department of Geology and Paleontology, National Museum of Nature and Science, Tokio, Japan. ³Departamento de Recursos Naturales, Universidad de Magallanes, Punta Arenas, Chile.

Agradecimientos: Proyectos INACH B_01_07, INACH 02-02 y 13-05, IDEAWILD, Instituto de Ecología y Biodiversidad ICM P05-002, PFB 023.

La historia biogeográfica de *Nacella* está relacionada con la separación del supercontinente Gondwana. Actualmente, su distribución incluye distintas regiones biogeográficas en el océano Austral (Chile Central, Magallanes, Antártica, Kerguelén y Nueva Zelanda). Ocho especies habitan la región Magallánica, una la Península Antártica (*N. concinna*), una Chile Central (*N. clypeater*), y las restantes cinco islas subantárticas. En base a distribución actual, *Nacella* constituye un buen modelo para estimar los tiempos de divergencia de la fauna marina bentónica en el océano Austral.

Se realizaron reconstrucciones filogenéticas con dos marcadores mitocondriales (COI y Cytb) utilizando inferencia bayesiana. Además, se utilizó un método bayesiano para estimar los tiempos de divergencia entre los linajes de *Nacella* sin asumir Reloj Molecular.

Los resultados obtenidos indican que el origen de *Nacella* es más recientes que lo esperado bajo la hipótesis de especiación vicariante. Las cuatro especies de la región magallánica muestran elevados niveles de similitud en sus secuencias lo que es evidencia de un origen Plio-Pleistocénico, seguido de una rápida diversificación morfológica y ecológica.

DIVERGENCIA MOLECULAR ENTRE LAS ESPECIES DE PULPOS COSTEROS DE CHILE CONTINENTAL Y DEL ARCHIPIÉLAGO DE JUAN FERNÁNDEZ MOLECULAR (Divergence between coastal octopuses from continental Chile and Juan Fernández Archipelago).

Pardo-Gandarillas, M.C., Ibáñez, C.M. & Poulin E. Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

Agradecimientos: Corporación IEB (P05-002 ICM), PFB 023, CONICYT 21061195, MECESUP UCO-0214.

Un mayor distanciamiento geográfico entre las islas oceánicas y el continente sudamericano permiten un alto grado de endemismo de la fauna marina bentónica. Recientemente se ha propuesto que los pulpos bentónicos del archipiélago de Juan Fernández representarían especies endémicas, donde la escala de tiempo de la divergencia de estas especies en relación a las continentales, podría estar relacionada con la edad geológica del archipiélago. Para poner a prueba dicha hipótesis obtuvimos secuencias del gen mitocondrial 16S de las especies de pulpos costeros de Chile y del archipiélago de Juan Fernández. Para esto, se realizaron análisis de relaciones filogenéticas y se estimaron los tiempos de divergencia entre las especies de pulpos continentales y oceánicas a través de inferencia Bayesiana. La estimación de los tiempos de divergencia molecular separa las especies de pulpos de la costa de Chile de los oceánicos por al menos 2 millones de años, tiempo cercano al rango de estimación de edad de las islas oceánicas que se levantaron sobre la placa de Nazca durante el plio-pleistoceno (2.5 a 6 millones de años). De esta manera se propone que los pulpos colonizaron tempranamente el archipiélago convirtiéndose desde entonces en especies insulares endémicas.

BIOLOGÍA CELULAR

EFECTO DE LA GLICOSILACIÓN SOBRE LA ESTRUCTURA DE LA MUCINA MUC5AC EXPRESADA EN CULTIVOS PRIMARIOS DE EPITELIO RESPIRATORIO HUMANO (Effect of the glycosilation upon structure mucin MUC5AC in primary cultures of human respiratory epithelium).

Espinosa, M.*, Pouchucq, L.**, Villalón, M.**,
Monasterio, O.*

Universidad de Chile*, Pontificia Universidad Católica de Chile**.

FONDECYT 1080679, FONDECYT 1050677,
CONICYT Beca M.E.

El moco de diversos epitelios mucosecretorios está formado principalmente por agua y mucinas, que son glicoproteínas poliméricas de alto peso molecular y alto contenido de O-glicosilaciones. MUC5AC es una de las mucinas más expresadas en el epitelio respiratorio. Se determinó el efecto de las O-glicosilaciones sobre el tamaño de MUC5AC secretada en cultivos primarios de epitelio respiratorio humano. Estos se trataron con 0,2 ó 2 mM de Benzyl-GalNAc, un inhibidor de la O-glicosilación. MUC5AC se purificó a partir de medios condicionados mediante centrifugación zonal en gradiente de cloruro de guanidinio. Se determinó la densidad y la presencia de MUC5AC en cada fracción de la gradiente. Por inmuno blot se evidenciaron dos poblaciones de MUC5AC en la condición control, con densidades de 0,59-0,82 g/mL y 1,22-1,28 g/mL. El tratamiento con 0,2 mM de Benzyl-GalNAc disminuyó notoriamente la población de alta densidad, la que desapareció completamente con 2 mM del inhibidor, sugiriendo que la inhibición de la O-glicosilación altera drásticamente la secreción y la estructura oligomérica de MUC5AC. Estos resultados demuestran que el uso de Benzyl-GalNAc constituye una excelente herramienta para estudiar la capacidad secretoria de MUC5AC en función de su O-glicosilación y su contribución a las propiedades reológicas del mucus.

REGULACIÓN DE LA ACTIVIDAD DEL CANAL TRPM4 MEDIANTE FOSFORILACIÓN EN RESIDUOS DE SERINA (TRPM4 channel activity is modulated phosphorylation on serine residues).

Cerda, O.¹, Park, K. S.², Leiva-Salcedo, E.¹, Penna, A.¹, Pérez, H.¹, Armisén, R.¹, Trimmer, J.², Stutzin, A.¹

¹Centro FONDAP de Estudios Moleculares de la Célula (CEMC) e ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile y ²Department of Neurobiology, Physiology and Behavior, College of Biological Sciences, University of California, Davis CA 95616, USA.

Financiado por FONDAP 15010006. OC fue financiado por Beca de Doctorado CONICYT y Mecesup UCH 0036. ELS fue financiado por Beca de Doctorado Mecesup UCH0306. AP fue financiado por Beca de Doctorado Mecesup UCH104.

TRPM4 es un canal catiónico no selectivo activado por Ca^{2+} intracelular e impermeable a Ca^{2+} que se expresa en un amplio rango de tejidos y que participa en la regulación de procesos tales como la activación de linfocitos T, vasoconstricción miogénica y reacciones alérgicas. A pesar de la relevancia fisiológica de TRPM4, no existe mayor información relacionada con la regulación de la actividad de TRPM4. En el presente trabajo se demuestra el papel de la fosforilación de residuos de serina en la modulación de la actividad TRPM4. Usando una aproximación proteómica (ensayos de inmunoprecipitación y LTQ-MS/MS), se encontraron cuatro residuos de serina fosforilados (S255, S839, S1102 y S1103) en células HEK293. Además, se encontró que el aumento de Ca^{2+} intracelular estaría involucrado en los cambios de estado de fosforilación de los residuos S255, S1102 y S1103. Estudios funcionales empleando experimentos de sustitución mediante mutagénesis sitio-dirigida y *patch clamp*, demostraron que la desfosforilación del residuo S255 es necesaria para la activación de TRPM4, mientras que la fosforilación del residuo S839 es requisito para la actividad del canal.

EFECTO DEL HIERRO EN LA DEGENERACIÓN DENDRÍTICA INDUCIDA POR MPP+. UN MODELO DE LA ENFERMEDAD DE PARKINSON (Effect of iron on MPP+-induced dendritic degeneration. A model of Parkinson disease).

Gómez, F., González-Billault, Ch., Núñez, M.T.
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias e Instituto Milenio DCB, Universidad de Chile.
Financiado por proyecto ICM P05-001-F.

Estudios en tejidos postmortem de pacientes con enfermedad de Parkinson (EP) y en ratones tratados con 1-Metil-4-fenilpiridinio (MPP+), una neurotoxina que inhibe la actividad del complejo I mitocondrial utilizada para generar Parkinson experimental, han mostrado que el largo de las dendritas y la densidad de las espinas sinápticas, disminuyen significativamente en neuronas dopaminérgicas de la Sustancia Nigra pars compacta (SNpc). Sin embargo, la etiología de los cambios morfológicos y su relación con los cambios funcionales en la célula no ha sido descrita con claridad. En este trabajo se caracterizó el efecto de MPP+ sobre la integridad del árbol dendrítico de neuronas mesencefálicas de rata en su octavo día de cultivo in vitro y se determinó la influencia de los niveles de hierro celular en este proceso de degeneración. Se observó que al aplicar MPP+ las neuronas sufrieron de manera dosisdependiente una drástica reducción de su árbol dendrítico en las primeras 24 horas de tratamiento. Tratamientos conjuntos con MPP+ y una concentración alta (40 μ M) de hierro, aceleraron el proceso de degeneración, mientras que en neuronas crecidas en un medio bajo en hierro (2 μ M), la degeneración dendrítica fue menor. Estos resultados muestran que el hierro es un cofactor relevante en la degeneración del árbol dendrítico inducida por la neurotoxina MPP+ y sugieren que la acumulación de hierro bajo condiciones de inhibición del complejo I mitocondrial es un posible mecanismo de muerte de las neuronas dopaminérgicas de la SNpc observada en la EP.

EFFECTO DE ALTAS CONCENTRACIONES DE GLUCOSA Y OXLDL SOBRE LA LIBERACIÓN DE CITOQUINAS PROINFLAMATORIAS EN CÉLULAS MONONUCLEARES DE SUJETOS CONTROLES INFECTADAS CON CITOMEGALOVIRUS Y CÉLULAS DE PACIENTES DIABÉTICOS TIPO II (Effect of high glucose concentration and oxLDL on the release of proinflammatory cytokines in cytomegalovirus-infected mononuclear cells from normal subject and mononuclear cells from type II diabetic patients).

Bustamante¹, M., Catherine Guzmán¹, Fredy Díaz¹, Mirna Muñoz¹, Álvaro Llancaqueo¹, Luis Núñez¹, Laura Campos¹, Lilibiana Véjar¹, Javier Grandón¹, Coralía Rivas², Juan Carlos Vera², Hans Jürgen Gross³ & Max Bachem³.

¹Laboratorio de Diagnóstico Molecular, Facultad de Medicina, Universidad Católica de la Santísima Concepción. ²Dpto de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. ³Dpto de Química Clínica, Facultad de Medicina, Universidad de Ulm, Alemania. Financiado por Proyecto FONDECYT 1040977.

La diabetes mellitus tipo 2 es un factor de riesgo independiente en el desarrollo de la aterosclerosis, cuyas manifestaciones clínicas (cardiopatía coronaria, accidente vascular cerebral y enfermedad oclusiva arterial periférica) constituyen la primera causa de morbilidad y mortalidad en el mundo occidental. El proceso fisiopatológico de la asociación de diabetes y aterosclerosis aún no se conoce del todo, pero se considera que en la génesis del proceso ateromatoso del paciente diabético estarían involucrados múltiples factores, entre los cuales están: i) la modificación oxidativa de las lipoproteínas de baja densidad (LDL), ii) las altas concentraciones de glucosa circulante que se encuentran en la sangre de estos pacientes e iii) infecciones provocadas especialmente por citomegalovirus y Chlamydia. Todos estos factores contribuyen no solo a la formación de la placa, sino también son determinantes en la ruptura de la misma, principalmente debido a la inducción de la expresión de EMMPRIN y MMPs, lo cual finalmente redundará en la vasculopatía oclusiva ya mencionada.

Utilizando citometría de flujo, sistema Bioplex (Luminex, BioRad), inmunofluorescencia, zimografía y western blot hemos cuantificado la liberación de citoquinas en respuesta al efecto de varias concentraciones de glucosa sobre células mononucleares de sujetos normales infectadas con citomegalovirus y células de pacientes diabéticos sometidas a estrés oxidativo representado por lipoproteínas oxidadas. Los resultados indican que las lipoproteínas oxidadas inducen la liberación de citoquinas inflamatorias en linfocitos y en monocitos/macrófagos, tanto de sujetos controles como de pacientes diabéticos, este efecto se ve aumentado significativamente cuando las células se cultivan en presencia de altas concentraciones de glucosa y más aún si las células se encuentran infectadas con citomegalovirus. La liberación de citoquinas inflamatorias por parte de las células de pacientes diabéticos es significativamente mayor que lo observado en las células obtenidas de sujetos controles. Por otro lado, oxLDL, las altas concentraciones de glucosa y

la infección por citomegalovirus favorecen la expresión de EMMPRIN y las activación de MMPs.

Estos resultados indican que la condición de hiperglicemia e infección viral favorece el estado inflamatorio desencadenado por las lipoproteínas oxidadas, estableciéndose un efecto sinérgico que podría ser el responsable de los daños endoteliales y las complicaciones ateroscleróticas tempranas observadas en los pacientes diabéticos.

PROLIFERACIÓN PEROXISOMAL EN UNA LÍNEA CELULAR NEURONAL HUMANA (Peroxisomal proliferation in a human neuronal cell line).

Santos, M., Toro, A., Godoy, J. y Inestrosa, N. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Financiamiento: FONDAF Grant 13980001, Grant de Instituto Millennium para Biología Aplicada y Fundamental.

Los peroxisomas son organelos esenciales, que a través de sus enzimas de matriz como la catalasa, que detoxifica el H₂O₂, están involucrados en el balance oxidativo celular. Ello es de gran interés en enfermedades neurodegenerativas vinculadas al estrés oxidativo, como el Alzheimer.

Si bien los peroxisomas se distribuyen dentro del citoplasma, en neuronas también se aprecian en las dendritas, axones y neuritas en crecimiento. Existen datos que confirman su importancia en la integridad/desarrollo de los procesos neuronales. Anteriormente hemos mostrado que la adición de proliferadores peroxisomales (PP), a cultivos de neuronas hipocámpales de rata, atenúa el efecto neurotóxico del péptido β-amiloide (Aβ) (Santos et al. J.Biol.Chem 28: 41057-41068, 2005). Sin embargo, en líneas neuronales humanas no existen estudios similares.

En este trabajo evaluamos la proliferación peroxisomal en una línea neuronal humana (SH-SY5Y), mediante el tratamiento con dos PP: 1) 4-fenil butirato (4-PBA), cuyo mecanismo de acción es desconocido; 2) Wy-14.643 (Wy), que produce su efecto transactivador de PPAR-α. Tanto en células SH-SY5Y no diferenciadas como diferenciadas, el 4-PBA o Wy produjeron un aumento significativo en el número de peroxisomas, y la actividad de catalasa.

Estos resultados que muestran una proliferación peroxisomal en una línea neuronal humana, pueden servir para evaluar su posible efecto neuroprotector.

LOSS OF SURVIVIN EXPRESSION IN THE GASTRIC MUCOSA INFECTED WITH HELICOBACTER PYLORI IS LINKED TO APOPTOSIS IN GASTRIC CELL LINES (La pérdida de expresión de survivina en la mucosa gástrica infectada con *H. pylori* se asocia con apoptosis en líneas celulares gástricas).

Valenzuela, M., Pérez-Pérez G.¹, Corvalán, A.², Toledo, H.³, and Quest, A F G⁴ (aquest@med.uchile.cl)
⁴FONDAP Center for Molecular Studies of the Cell (CEMC), ³Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ²Departamento de Anatomía Patológica, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ¹Department of Medicine, New York University School of Medicine, NY, USA.
 Supported by: FONDAP 15010006 (AFGQ), FONDECYT 1085193 (HT), and a MECESUP 115 PhD Student Fellowship(MV).

Gastric atrophy, as consequence of an imbalance between apoptosis and proliferation, is considered an early event in the genesis of gastric cancer associated with *H. pylori* infection. Unlike in other tissues, the inhibitor of apoptosis protein survivin was found to be expressed in normal gastric mucosa. Thus, we investigated whether *H. pylori* positive-gastritis was associated with changes in survivin levels. Survivin expression in gastric mucosa was evaluated by immunohistochemical analysis. The gastric cancer cell lines MKN45 or AGS or MKN45 cells stably transfected with a survivin-encoding plasmid (pEGFP-survivin) were co-cultured with different *H. pylori* strains. Changes in the protein levels of survivin, bcl-xl and bcl-2 were assayed by Western blotting. Apoptosis was determined by DNA laddering and phosphatidylserine exposure. Viability was assessed by the MTS assay. The results obtained indicate that infection with *H. pylori* decreased survivin levels in the mucosa of gastritis patients. Exposure of gastric cells lines to *H. pylori* lead to loss of survivin, while other anti-apoptotic proteins like bcl-2 and bcl-xl did not decrease. Survivin down-regulation correlated with apoptosis and loss of cell viability in MKN45 cells. Ectopic expression of survivin in MKN45 cells was sufficient to prevent apoptosis in response to *H. pylori* infection. In conclusion, survivin expression decreased in gastric cells exposed to *H. pylori* and correlated with cell death implicating survivin as an important survival factor of the gastric mucosa.

EL TALLO VITELINO HUMANO: UN INDICADOR ANÁTOMO - FUNCIONAL DE CIRCULACIÓN VITELINA EMBRIONARIA (Human vitelline stalk: An anatomo-functional indicator of vitelline circulation).

Pereda, J.
 Unidad de Embriología Humana. Escuela de Medicina.
 Universidad de Santiago de Chile.
 Financiado por DICYT (Chile).

En humano, el tallo vitelino (TV) es el único vínculo anatómo-funcional entre el embrión y el saco vitelino.

Representa, la vía obligada de transporte entre ambos compartimentos. Se sostiene que por el TV cursa una circulación arterio-venosa, sin embargo no existen evidencias experimentales que así lo demuestren. Conocer la estructura del TV es determinante en la evaluación del tipo y número de vasos sanguíneos que por él transitan. En este trabajo aportamos evidencias que demuestran la existencia de un solo vaso sanguíneo en el TV próximo al intestino medio. Por medio de microscopía de luz y electrónica de barrido se estudió la estructura de TVs pertenecientes a 5 embriones normales (4 - 8ª semana) colectados desde salpingectomías realizadas por embarazo tubario. Los TV se cortaron en tres segmentos: uno proximal al saco vitelino, uno medio y otro distal, próximo al intestino medio. En los TVs estudiados se observó: la presencia de dos vasos sanguíneos en el segmento proximal y segmento medio, y la existencia de un solo vaso sanguíneo en el segmento distal. Concluimos desde una perspectiva morfológica que después de la semana 4 del desarrollo el flujo de sangre hacia el cuerpo del embrión sería unidireccional. Este hallazgo contradice el concepto de una circulación vitelina bidireccional.

AQUAPORINAS 1 Y 3 ESTÁN PRESENTES EN EL EPITELIO ENDOCERVICAL HUMANO.

Searovic, P¹, Michea, L², Figueroa, H¹ y Arraztoa, JA¹.

¹Obstetricia, Ginecología y Biología de la Reproducción, Universidad de los Andes. ²Instituto de Ciencias Biomédica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Financiado por FAI MED-004-08; FONDECYT 1050690.

Las propiedades viscoelásticas del moco cervical, producido por el endocervix, están determinadas principalmente por el contenido de agua que atraviesa por el epitelio endocervical. Esto determina las condiciones de fertilidad de la mujer. El paso paracelular de agua a través del endocervix es el paradigma clásico que explicaría las variaciones hídricas del moco cervical en respuesta a hormonas. Sin embargo, nada se sabe del mecanismo transcelular en este tejido. El flujo de agua a través de las membranas celulares ocurre por canales formados por las aquaporinas (AQPs), proteínas reguladas por hormonas sexuales. Hasta la fecha se han clonado 11 de estos genes en humano, sin embargo no se ha descrito la presencia de estas estructuras en endocervix humano. En este contexto, creemos que las AQPs podría formar un mecanismo de paso de agua adicional al paracelular en endocervix. En este trabajo se reportó la expresión y distribución celular de AQP 1 y 3, mediante RT-PCR e inmunofluorescencia, respectivamente, en Células Endocervicales Humanas (CEH), obtenidas de cultivo primario. Se caracterizó la forma glicosilada y no glicosilada de ambas aquaporinas de CEH, mediante un análisis por Western blot y se determinó su variación por el tratamiento con hormonas sexuales. Estos resultados sugieren que las aquaporinas 1 y 3, presentes en endocervix humano, podrían tener una participación en los cambios de permeabilidad al agua de este tejido y estar involucradas en la producción de moco cervical durante el ciclo menstrual normal.

GENÉTICA I

EL POLIMORFISMO T241M DEL GEN *XRCC3* Y RIESGO DE CÁNCER DE MAMA EN LA POBLACIÓN CHILENA *XRCC3-T241M polymorphism and breast cancer risk in Chilean population*).

Dubois, K.¹, de Mayo, T.¹, González-Hormazábal, P.¹, Margarit, S.³, Blanco, R.¹, Gómez, F.⁴, Gaete, D.¹, Bravo, T.⁴, Waugh, E.⁵, Peralta, O.², Reyes, JM.⁶, Jara, L.¹.

¹Programa de Genética Humana, ICBM, y ²Departamento de Ginecología y Obstetricia, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, ³Facultad de Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, ⁴CONAC, ⁵Clínica Santa María, ⁶Clínica Las Condes.

Financiamiento: FONDECYT 1060094, CONAC.

El gen *XRCC3* codifica para una proteína que participa en la reparación de fracturas de doble hebra del DNA. La variante T241M (c.722C>T, rs861539) se ha propuesto como un alelo de baja penetrancia asociado al cáncer de mama (CM). En población chilena no se ha evaluado asociación entre esta variante y riesgo para CM. Se realizó la genotipificación de este polimorfismo en 247 casos de CM familiar y 457 controles sanos mediante RFLP. La frecuencia del genotipo T/T fue mayor en casos (9.7%) respecto a controles (4.8%), diferencia que fue estadísticamente significativa ($p=0.010$) (OR=2.12 [95%CI 1.17 - 3.88]). Estos datos permiten sugerir que las mujeres con antecedentes familiares de CM, portadoras del genotipo T/T, poseen riesgo de desarrollar Cáncer de Mama 2.1 veces mayor.

ANÁLISIS MUTACIONAL DE LOS GENES ENAMELINA Y ENAMELISINA EN PACIENTES AFECTADOS CON AMELOGÉNESIS IMPERFECTA (*Mutational Analysis of the Enamelin and Enamelysin genes in patients affected with Amelogenesis Imperfecta*).

Urzúa B.¹, Adorno D.¹, Ortega A.¹, Morales I.¹, Maturana C.¹, Acuña S.¹, Ruiz R.¹, Barahona S.², Cifuentes V.².

Facultades de ¹Odontología y ²Ciencias, Universidad de Chile.

Proyecto PRI-ODO 07/003.

Las *Amelogenesis Imperfecta* (AI) son desórdenes hereditarios, clínica y genéticamente heterogéneos, que afectan el desarrollo del esmalte. Los genes en los que se han encontrado mutaciones causales son: amelogenina (*AMELX*), enamelinina (*ENAM*), enamelisina (*MMP20*), calicreína 4 (*KLK4*), distal less 3 (*DLX3*), y familia con similitud de secuencia 83, miembro H (*FAM83H*).

El propósito del estudio fue analizar molecularmente, mediante PCR y secuenciación directa, ocho mutaciones reportadas en el gen *ENAM* y tres mutaciones en el gen *MMP20*, en ocho probandos de familias chilenas afectadas

con AI. Basados en antecedentes de literatura y genealógicos, proponemos que pacientes afectados con AI de tipo hipoplásica presentan alguna de las mutaciones descritas en el gen *ENAM* y aquellos afectados con AI hipocalcificada o hipomadura portan alguna de las mutaciones reportadas en el gen *MMP20*.

De un total de 100 secuencias propuestas en el estudio, se ha analizado un 84% de ellas y hasta el momento no se ha encontrado ninguna de las mutaciones reportadas en ambos genes. Se han detectado variantes de secuencia, probablemente polimórficas, cuyo significado está siendo evaluado. Estos resultados sostienen la heterogeneidad genética, de locus y alélica, que caracteriza a esta patología del esmalte.

DAÑO CROMOSÓMICO EN CASOS DE CÁNCER DE MAMA PORTADORES DE LAS VARIANTES *IVS24-9DEL*, *IVS38-8T>C* Y *5557G>A* DEL GEN *ATM* (*Chromosomal damage in breast cancer cases carriers of *IVS24-9delT*, *IVS38-8T>C* and *5557G>A* *ATM* variants*)

González-Hormazábal, P.¹, Pincheira, J.¹, Valenzuela-Labra, R.¹, Bravo, T.², Gómez, F.², Waugh, E.³, Margarit, S.⁴, Reyes, JM.⁵, Jara, L.¹.

¹Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, ²CONAC, ³Clínica Santa María, ⁴Facultad de Medicina-Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, ⁵Clínica Las Condes.

Financiamiento: FONDECYT 1060094, CONAC

ATM participa en la reparación de fracturas de doble hebra del DNA (DSB) y en la activación del checkpoint G2/M. Las mutaciones en *ATM* son alelos de susceptibilidad de baja penetrancia para CM hereditario. Recientemente propusimos que los portadores de las variantes *IVS24-9delT*, *IVS38-8T>C* y *5557G>A* del gen *ATM* tienen un mayor riesgo de desarrollar CM (BMC Cancer 8:117). Para estudiar el efecto de estas variantes sobre la función de *ATM*, se evaluó frecuencia de fracturas cromatídicas (fc) y duración media de fase G2 en cultivos de linfocitos de 5 casos de CM portadores de estas variantes y 6 controles sanos. Las células de los casos presentaron un mayor %fc con respecto a controles, en condición basal (2.9 ± 1.0 versus 1.7 ± 0.5 , $p<0.05$) y expuestas a rayos-x (0.4Gy) (23.6 ± 6.3 versus 16.2 ± 3.8 , $p<0.05$). La duración media de G2 fue similar en casos y controles en condición basal y radioinducida. Esta respuesta está de acuerdo a lo observado en células de portadores de mutaciones en *ATM* que producen proteína trunca. Los resultados sugieren que estas variantes podrían afectar solo los mecanismos de reparación de DSB en fase G2, y de esta forma explicar su asociación con CM en los portadores.

ESTUDIO DE FISH EN MOSAICOS DE SÍNDROME DE TURNER. ANÁLISIS COMPARATIVO EN DISTINTOS TEJIDOS (FISH in the study of Turner syndrome in mosaics. Comparative analysis of different tissues).

Alliende, M.A¹., Curotto, B¹, Lizama, D¹, Orphanopoulos, D², Villanueva, J².

¹Laboratorio Citogenética Molecular INTA U. de Chile. ²Hospital Base de Puerto Montt.

El síndrome de Turner es una afección genética frecuente con una incidencia de 1 en 5.000 recién nacidos. Es producido por una monosomía del cromosoma X. En 55% de los casos el cariotipo es 45,X; también se presentan en mosaico 45,X/46,XX (10%) y en alteraciones estructurales del cromosoma X: i(Xq) (20%), r(X)(5%), deleción Xp (5%). Para el tratamiento hormonal y conductas quirúrgicas en estas pacientes, es importante determinar la presencia de mosaico y los porcentajes de las diferentes líneas celulares.

Se estudiaron con FISH 11 pacientes con fenotipo Turner; 2 con cariotipos normales en linfocitos 46,XX, 9 con mosaicos: 7 45,X/46,XX, 1 45,X/46,X,der(X) y 1 45X/46,X,der(Y). El FISH se realizó en núcleos interfásicos (NI) de células descamativas de mucosa bucal y células epiteliales urinarias, con la sonda centromérica CEPX y mezcla 1 y 2 del panel subtelomérico ToTelVysion.

En las 11 pacientes se detectó la presencia de diferentes poblaciones celulares; en solo 2 casos la frecuencia del mosaicismo fue similar en todos los tejidos estudiados. En los 2 casos 46,XX se detectaron núcleos con una señal (2-6%) en los otros tejidos.

Los resultados obtenidos demuestran la importancia de incluir técnicas moleculares complementarias a la citogenética clásica, para establecer el mosaico y caracterizar las alteraciones estructurales en estas pacientes.

VARIACIONES EN EL NÚMERO DE COPIAS DE SEGMENTOS DE ADN EN EL GENOMA DE INDIVIDUOS CHILENOS (*Genomic DNA Copy-Number Variations in Chilean Individuals*)

Martínez, V¹, Adonis, M¹, Lam, WL² y Gil, L¹

¹Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Chile ²British Columbia Cancer Agency, Vancouver-Canada.

Agradecimientos: Genome Canada, Government of Canada Awards Program, MECESUP-UCH0306.

Las variaciones de número de copias (VNCs) corresponden a amplificaciones/pérdidas de segmentos de ADN \geq 1Kb. Pueden afectar la expresión génica y alterar la arquitectura nuclear. Recientemente, se ha determinado su alta prevalencia y dispersión en todo el genoma humano. Este estudio tiene como objetivo identificar y caracterizar VNCs en el genoma de individuos chilenos.

Se analizaron 40 muestras de ADN extraído desde linfocitos. La determinación se realizó utilizando hibridación genómica comparativa en microarreglos de ADN con cobertura del genoma completo.

647 loci exhiben VNCs. Un 48,7% corresponden a amplificaciones y 49,1% a pérdidas. La mayor frecuencia se registró en 16p13.33, 1p36.32 y 20q13.33. El 28,1% (182) de las VNCs no han sido previamente descritas. De estas, 109 corresponden a amplificaciones y 67 a pérdidas, abarcando 182 y 142 genes, respectivamente. Entre las funciones involucradas están la depresión sináptica de largo plazo y la biosíntesis de glicoesfingolípidos.

Se ha determinado la localización, frecuencia y funciones implicadas en VNCs en el genoma de individuos chilenos. Asimismo, se verificó que un 30% no han sido previamente descritas. Esta información permite un mejor entendimiento de la constitución genómica, así como también de eventos asociados, por ejemplo, a procesos neoplásicos.

FRECUENCIA DEL POLIMORFISMO C677T DE LA ENZIMA METILEN TETRAHIDROFOLATO REDUCTASA (MTHFR) EN DISTINTOS GRUPOS CLÍNICOS DE POBLACIÓN CHILENA (Frequency of C677T polymorphism of 5, 10-methylentetrahydrofolate reductase (MTHFR) in Chilean clinical groups).

Toro, J¹, Alliende, MA¹, Hirsch, S², Curotto, B¹, López, B², Leiva, L², Barrera, G², de la Maza, P², Bunout, D².

¹Laboratorio de Citogenética Molecular, ²Nutrición Clínica INTA U. de Chile.

Financiamiento: Fondecyt proyecto #1050380.

Las frecuencias génicas y genotípicas del polimorfismo C677T de la enzima MTHFR presentan variaciones étnicas y regionales. El gen está localizado en el cromosoma 1(1p36.3), codifica para una enzima clave en el metabolismo del folato y la homocisteína y el polimorfismo consiste en una mutación puntual en la posición 677 del exón 4. El genotipo 677TT se asocia a la disminución del 65% de la actividad enzimática y está relacionado con malformaciones congénitas, defecto de cierre del tubo neural (DCTN) y algunos cánceres. Objetivo: Determinar si la frecuencia del polimorfismo 677C \rightarrow T de la MTHFR en madres de niños con DCTN y en pacientes con cáncer de colon y/o poliposis es diferente a la población general.

Pacientes y Métodos: Se ha determinado el polimorfismo 677C \rightarrow T del gen MTHFR mediante PCR y digestión con la enzima Hinf I en 58 madres de niños con DTN, 47 de un total de 210 individuos sometidos a colonoscopia por sospecha clínica de poliposis o cáncer de colon (CPCC) y 248 controles sanos.

Resultados: Para las madres la frecuencia del alelo T/genotipo TT fue 0,54/0,21; para los CPCC hasta ahora estudiados 0,63/0,00 y para los controles normales 0,60/0,17.

Conclusión: Las frecuencias génicas y genotípicas para las madres y controles mostraron concordancia con el equilibrio de Hardy-Weinberg. Las frecuencias del genotipo TT del polimorfismo C677T no muestran diferencias significativas entre los grupos clínicos estudiados.

ANÁLISIS DE DESBALANCES CRÍPTICOS EN REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A RETARDO MENTAL (Analysis of genomic regions with cryptic unbalances associated with mental retardation).

Curotto, B., Alliende, M.A., Cortés, F., Pizarro, L., Lizama, D.
Laboratorio Citogenética Molecular INTA U. de Chile.

El uso de métodos de citogenética molecular como la fluorescencia e hibridización in situ (FISH) y amplificación de múltiples sondas dependientes de ligación (MLPA) en la investigación y diagnóstico, han permitido reconocer nuevas entidades clínicas expandiendo el conocimiento acerca del espectro fenotípico de síndromes reconocibles y aumentando el número de casos con alteraciones cromosómicas crípticas en niños con retraso mental (RM) de causa desconocida.

Objetivo: Analizar el significado clínico de las alteraciones cromosómicas subteloméricas observadas en pacientes con RM con o sin dismorfias, referidos al laboratorio para análisis con el panel de sondas subteloméricas (ToTelVysion), en relación a su herencia y las regiones genómicas involucradas. Resultados: De un total de 231 casos estudiados, 12 (5.19%) fueron alterados: 8 deleciones y 4 translocaciones desbalanceadas que involucraron 2 cromosomas, de estas dos fueron heredadas.

Conclusiones: El desarrollo de estas y otras metodologías (MLPA) complementarias a la citogenética clásica han permitido detectar alteraciones cromosómicas crípticas, especialmente duplicaciones, difíciles de pesquisar solo con FISH, como causa etiológica del RM.

Para la interpretación de resultados y el consejo genético, es importante estudiar a los padres, ya que aproximadamente 50% de estas alteraciones se heredan desde una translocación balanceada y porque se han detectado deleciones y duplicaciones en algunas de estas regiones en familiares normales, consideradas como polimorfismos.

ESTUDIO MEDIANTE MICROSATÉLITES DE LOS CLONES DE *TRYPANOSOMA CRUZI* PRESENTES EN TRIATOMINOS CAPTURADOS POR EL PROGRAMA DE ERRADICACIÓN DE LA INFESTACIÓN DOMICILIARIA DEL MINISTERIO DE SALUD (Study by microsatellite of *Trypanosoma cruzi* clones of captured triatomines by the Erradication Program of Domiciliary Infestation of Health Minister).

¹Venegas, J., ¹Coñoepean, W., ¹Miranda, S., ²Jercic, M.I., ³González, C., ⁴Gajardo, M., ¹Rojas, T., ¹Díaz, F., Pichuantes, S., Sánchez, G.¹

¹Programa de Biología Celular y Molecular. ICBM, Facultad de Medicina. U. de Chile, ²Instituto de Salud Pública. U. Metropolitana de Ciencias de la Educación, ⁴Facultad de Odontología U. de Chile.⁴

Financiado por proyecto FONDECYT 1070837.

La enfermedad de Chagas es una infección parasitaria causada por *Trypanosoma cruzi*. En Chile, el Ministerio de Salud decretó la interrupción de la transmisión vectorial el año 2000. Sin embargo, triatomíneos silvestres peridomiciliarios pueden transmitir el parásito, como son *Mepraia spinolai* y *Mepraia gajardoi*. Sin un control permanente de los vectores domiciliarios, estos pueden volver a recolonizar. Para identificar los clones de *T. cruzi* presentes en los vectores, se utilizaron tres marcadores microsatélites altamente polimórficos. Se analizaron 96 triatomíneos procedentes de las regiones III, V y Metropolitana. Se observó que el linaje más prevalente es TcIIb y el menos prevalente el TcIIa. En la Región Metropolitana, en solo un 7% de las muestras, se detectó el linaje IId, a diferencia de la III y V Región (40% y 24,4%, respectivamente). Estos resultados sugieren que diferentes clones de *T. cruzi* circulan en las distintas regiones geográficas de Chile.

ECOLOGÍA IV

EFFECTOS DE LA TEMPERATURA AMBIENTAL EN LA HABILIDAD TERMORREGULATORIA Y LA CAPACIDAD DE DIFUSIÓN DE OXÍGENO DURANTE EL DESARROLLO DE *PHYLLOTIS DARWINI* (Effects of environmental temperature on oxygen diffusion capacity and thermoregulatory ability during post-natal development in *Phyllotis darwini*).

Canals, M¹, Figueroa, DP¹, Miranda, JP¹ & Sabat, P^{1,2}

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Casilla 653, Santiago-Chile. ²Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity.

Estudiamos la plasticidad fenotípica de las estructuras respiratorias responsables del intercambio de oxígeno y la respuesta metabólica en *Phyllotis darwini*. Los aclimatamos a alta (30°C) y a baja temperatura (15°C) durante el desarrollo. Encontramos temperaturas corporales más altas al nacimiento y tasas de desarrollo de la capacidad termorregulatoria más altas en el grupo aclimatado a bajas temperaturas, lo que podría estar explicado por efectos maternos que podrían resultar en mayor cantidad de grasa parda. La temperatura ambiental no afectó el volumen pulmonar, el grosor de la barrera alvéolo-capilar ni la densidad de superficie alveolar. Y en consecuencia, tampoco la capacidad de difusión de oxígeno. *Phyllotis darwini* mostró los cambios respiratorios esperados de acuerdo a su desarrollo ontogénico, pero no mostró plasticidad fenotípica. Encontramos un exacto ajuste entre las demandas funcionales y el desarrollo estructural como predice la simorfosis, con factores de seguridad cercanos a uno. A pesar de esto, al bajar los requerimientos en el adulto en coeficiente de seguridad aumenta lo que indica que el adulto adquiere más estructura que la requerida para sus capacidades máximas.

USO DE LA RADIACIÓN DIRECTA Y DIFUSA EN PLANTAS: EFECTO DEL TAMAÑO Y AMBIENTE LUMÍNICO (Whole plant direct and diffuse radiation utilization: effect of size and light environment).

Coopman, R.E., Corcuera L.J., Bravo L.A., Saldaña A. Departamento de Botánica, Universidad de Concepción. (FONDECYT-1070551; CONICYT-AT-24071033).

La captura lumínica en plantas depende de la cantidad y distribución de la radiación directa (Rdir) y difusa (Rdif) y arquitectura de copa, que son modificadas por el tamaño de las plantas (TP). Planteamos que la proporción Rdif/Rdir destinada a fotoquímica aumenta con TP y la sombra. Evaluamos 40 plantas (5-60 cm), en <5% y 30-35% de apertura del dosel. El efecto de TP y del ambiente lumínico en el uso de Rdir/Rdif en *Nothofagus nitida* fue examinado con Y-Plant y evaluaciones fotosintéticas en terreno. En

ambos ambientes, la captura de Rdir aumentó más que la de Rdif con TP. En claros el flujo fotoquímico (Ffot) por Rdir y Rdif fue similar y aumentó con TP. Rdir generó más flujo no fotoquímico que Rdif y este aumentó con TP. Bajo dosel el Ffot por Rdif fue mayor que por Rdir. Esta diferencia aumentó con TP. Dado que Rdir fue saturante y que la integral diaria de Ffot por Rdif fue mayor que la de Rdir, el Ffot de Rdif fue mayor y aumentó con TP, acentuándose en ambientes sombríos. A diferencia de las plantas bajo el dosel, que utilizan más Rdif que Rdir en procesos fotoquímicos, las de claros utilizan Rdir y Rdif en proporciones similares.

AMBIENTES DE ALTA-MONTAÑA PONEN A PRUEBA LAS HIPÓTESIS ACTUALES SOBRE INVASIONES BIOLÓGICAS (Alpine habitats challenge current hypothesis about biological invasions).

Quiroz, C.L.^{1,2}, Yáñez-Valdés, M.J.^{1,2} & Cavieres, L.A.^{1,2}

¹Dpto. Botánica, Universidad de Concepción, Concepción ²Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Santiago.

Agradecimientos: CONICYT AT-24050159, P05-002-F ICM.

Varios factores han sido identificados como claves en el proceso de invasión de especies exóticas, aunque aún no ha sido posible predecir totalmente cuándo o cómo un proceso o mecanismo es el más importante para el éxito de la invasión. Nuestro objetivo fue evaluar el rol de distintos procesos y mecanismos en el establecimiento de *Taraxacum officinale* en las comunidades de alta-montaña del área de estudio, enfocándose particularmente en la presión de propágulos, restricciones abióticas, perturbaciones y resistencia por atributos comunitarios de la comunidad residente. La aproximación utilizada comprendió evaluación de patrones, caracterización de los distintos tipos de comunidades encontradas en el área de estudio y experimentos con diferentes estados del ciclo de vida de *T. officinale*. Los resultados indican que los factores más importantes para el éxito de la invasión de *T. officinale* son la presión de propágulos y las características abióticas del parche que recibe la semilla. Contrariamente a lo esperado, no se encontraron indicios de resistencia biótica por parte de la comunidad residente. Más aún, las perturbaciones no siempre serían promotoras de la invasión. Por otra parte, los factores relevantes para cada estado del ciclo de vida varían dependiendo de la etapa evaluada, y pueden variar entre años.

FECUNDIDAD Y DEPENDENCIA DE POLINIZADORES EN *ESCHSCHOLZIA CALIFORNICA* EN UN GRADIENTE ALTITUDINAL: UN EXPERIMENTO DE CAMPO (Fecundity and pollinator dependence in *Eschscholzia californica* across an altitudinal gradient: a field experiment).

Arredondo-Núñez A, Bustamante RO.

Laboratorio de Ecología Terrestre, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Agradecimientos: ICM P05/002.

La altitud es considerada como un factor limitante para la invasibilidad de una especie debido a restricciones tanto abióticas como bióticas. Incrementando la altura se reduciría la disponibilidad de polinizadores, restringiendo la reproducción en especies autoincompatibles. *Eschscholzia californica*, originaria de California es considerada autoincompatible en su ambiente nativo. En Chile habita orillas de caminos, desde el nivel del mar hasta los 2.256 msnm.

Se trabajó en dos poblaciones al extremo del gradiente altitudinal: Algarrobo (3 msnm) y Farellones (2.256 msnm). En cada una se marcaron al azar 30 plantas, de ellas 4 botones florales, 2 controles y dos experimentales que fueron excluidos de polinizadores. Al finalizar el experimento, se colectaron los frutos ya maduros y se contó el número de semillas producidas.

Se detectaron diferencias significativas entre poblaciones, y entre tratamientos. Sin embargo, al evaluar las diferencias en cada población se observó que al excluir polinizadores en Farellones, se redujo significativamente la fecundidad mientras que en la población de Algarrobo este decrecimiento no fue estadísticamente significativo.

Así, se demuestra que esta especie es altamente dependiente de polinizadores a alta altitud, sin embargo a baja altura no lo es. Se discuten las causas y las consecuencias de estas diferencias entre poblaciones.

PATRÓN LATITUDINAL DE DISTRIBUCIÓN DE TAMAÑOS DE LOS TENEBRIÓNIDOS EN CHILE (Latitudinal pattern of body size distribution in chilean Tenebrionidae)

Labra, F.A. & Lardies, M.A.

CIENCIA-UST, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Santo Tomás, Ejército 146.

Financiamiento: FONDECYT 1080123, CIENCIA-UST.

El estudio del tamaño corporal permite abordar preguntas fundamentales, tales como: cuáles son las fuerzas evolutivas y selectivas que moldean las distribuciones de tamaño corporal, y por otra parte cuáles son las causas que determinan el tamaño de los individuos durante su ontogenia. El tamaño corporal se correlaciona significativamente con el fitness en numerosas especies, especialmente en insectos. Se ha planteado que la variación geográfica en tamaño corporal cumple patrones generales, como la Regla

de Bergmann en ectotermos. El objetivo de este trabajo fue evaluar si la distribución de tamaños corporales de una familia de coleópteros es invariante a lo largo de un gradiente latitudinal, o si por el contrario hay un aumento en el tamaño corporal. Se analizaron los tamaños corporales de la familia Tenebrionidae a lo largo de 34° de latitud en Chile. A escala nacional, la distribución de tamaños corporales es unimodal en escala logarítmica, con un sesgo hacia tamaños pequeños, contrariamente a lo reportado en otros grupos de organismos. Al examinar la variación latitudinal, se observa que los valores mínimos se hacen menos extremos hacia el sur, mientras que aumenta el valor medio, apoyando la regla de Bergmann. Se discuten estos resultados y su relación con otros patrones biogeográficos.

¿CÓMO COMPARTIR?, EL CASO DE LA COEXISTENCIA DE VISITANTES FLORALES EN *OENOTHERA CAESPITOSA* (ONAGRACEAE) How to share?, a lesson from the coexistence of flower visitors in *Oenothera caespitosa* (Onagraceae).

Villagra, CA, Artz, DR & Raguso, RA.

Department of Neurobiology and Behavior, Cornell University, Ithaca, NY.

The coexistence of flower visitors could enhance a plant's chances to receive at least one effective pollinator through generalized pollination. This depends, among other factors, on the interactions between visitor behavior and floral phenotype. We studied this relationship in the evening primrose *Oenothera caespitosa* ssp. *caespitosa* (Onagraceae) in Jackson Hole, WY. We quantified the frequency, timing and behavior of insect visitors during two activity periods; the evening of anthesis and following morning. Only *Lasioglossum lusoria* bees visited flowers during both periods. We measured corolla diameter, nectar tube (hypanthium) length and flare, and anther-stigma distance (herkogamy). During evening *L. lusoria* bees collected pollen from flowers with longer hypanthia, whereas *Sphinx vashti* hawkmoths tended to drink nectar from flowers with long hypanthia and positive herkogamy. Also, the flower parasite, *Mompha definitella*, visited flowers with more widely flared hypanthia. In the morning, pollen collecting bees included *L. lusoria*, visiting flowers with wider corollas, and *Andrena anograe*, which tended to visit flowers with positive herkogamy. *Sphinx vashti* moths and *A. anograe* were significantly more likely to contact the stigma during visits. Thus, the presentation of flower advertisements and rewards in *O. caespitosa* is related with the coexistence of at least two classes of effective visitors that could ensure pollination services in each others' absence.

EL DAÑO FOLIAR MODIFICA RESPUESTAS FENOTÍPICAS A LA SOMBRA EN PLÁNTULAS DE *ARISTOTELIA CHILENSIS* (Foliar damage modifies phenotypic responses to shade in *Aristotelia chilensis* seedlings?).

Salgado-Luarte, C & Gianoli, E.
ECOLFUN. Dpto. Botánica. UDEC.
CONICYT-21050805, CONICYT-24080064.

En bosques de dosel cerrado las plantas se ven sometidas a la vez a ambientes de sombra y a daño foliar producido por herbívoros o patógenos. Cuando las plantas están en ambientes de sombra despliegan una serie de respuestas fenotípicas a nivel fisiológico y morfológico destinadas a maximizar la captura de luz. Dada la limitación de recursos, se espera que plantas sometidas a la vez a daño foliar y sombra restrinjan sus respuestas fenotípicas. Por medio de un experimento factorial (ambiente lumínico y daño foliar) de invernadero evaluamos la hipótesis de que el daño foliar restringe significativamente las respuestas fenotípicas a la sombra en plántulas de la especie *Aristotelia chilensis*, especie pionera cuyas plántulas y juveniles son capaces de sobrevivir bajo el dosel del bosque. Nuestros resultados muestran que el daño foliar modifica significativamente algunas respuestas fenotípicas a la sombra (interacción ambiente lumínico *daño foliar significativo) incrementando el aumento en el número de hojas, la elongación de entrenudos y la disminución de *Amax*. Por otro lado el daño limitó la modificación del ángulo foliar, el cambio en la forma de la hoja y el aumento de SLA. Estos resultados apoyan parcialmente nuestra hipótesis.

COALESCENCIA Y QUIMERISMO NATURAL EN PARCHES DE *CODIUM* (CHLOROPHYTA) EN CHILE CENTRAL (Coalescence and Natural Chimerism in patch of *Codium* (Chlorophyta) from Central Chile).

González, AV. & B. Santelices.
Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Agradecimientos a: CONICYT AT-4040047 (AG) y FONDECYT 1660474 BS).

En ambientes intermareales de Chile central, talos costrosos de *Codium* son dominantes en biomasa y cobertura, alcanzando superficies de hasta 20 m². Estos talos excluyen por sobrecrecimiento a otras algas e invertebrados sésiles, dominando y estructurando la comunidad media intermareal. Basados en características morfológicas y ecológicas, se ha propuesto que la dominancia de *Codium* deriva de su capacidad de coalescer, proceso solo descrito en las algas rojas. En este trabajo se evalúa la hipótesis de coalescencia natural, a nivel morfológico y genético, dentro y entre parches de *Codium*. Resultados microscópicos, ultraestructurales y genéticos indican que la coalescencia dentro y entre parches presenta un patrón similar. Cuando dos parches se encuentran, numerosas evaginaciones sinciales, altamente pigmentadas, se diferencian, expanden y adhieren al sustrato tapizando el área que separa los parches. De esta zona entremezclada, emergen nuevos filamentos, formando una verdadera continuidad entre parches. Genéticamente, genes organelares (*rbcL*, *Trn-Gly*, y mitocondrial *rLSU*), revelan una alta frecuencia de heterogeneidad genética dentro de los parches de *Codium*, sugiriendo coalescencia entre sincicios genéticamente distintos. Este estudio no solo confirma la coalescencia en *Codium* sino que constituye el primer reporte de coalescencia y quimerismo en algas verdes.

GENÉTICA II

CONTRASTANDO PATRONES DE ESTRUCTURA GENÉTICA EN CAMÉLIDOS SILVESTRES DEL PERÚ (Contrasting patterns of genetic structure in wild camelids in Peru).

¹Marín, J.C.; ²Casey, C.S.; ³González, B.; ¹Aravena, N.; ¹Varas, V.; ⁴Wheeler, J.C. y ⁵Bruford, M.W.

¹Universidad del Bío-Bío, ²Lincoln University, ³Universidad de Chile, ⁴CONOPA, ⁵Cardiff University.

Dos camélidos silvestres en Apéndice 2 de CITES ocurren en Perú. Hoy 150.000 vicuñas muestran recuperación desde un fuerte cuello de botella en los 70. El guanaco, en cambio, está ahora en su punto más bajo (<3.000), con extinción inminente. La ecología de estas dos especies en los Andes es también contrastante, con vicuña restringida al altiplano y guanaco presente desde el nivel del mar a las cimas de las montañas andinas. Su socioecología, en consecuencia, muestra a vicuña con grandes rebaños con dispersión limitada y guanacos en muy pequeños grupos con mayores niveles de dispersión.

Aquí analizamos la estructura genética de 24 poblaciones peruanas de estas dos especies utilizando microsatélites y mtDNA con el objeto de establecer si la diferente estructura social, comportamiento y ecología se reflejan en la estructura genética de estas dos especies.

Las frecuencias alélicas, como en el agrupamiento genealógico, analizados aquí muestran poblaciones de vicuña muy diferenciadas con baja diversidad genética intrapoblacional. Estos resultados se hicieron evidentes a pesar de los altos números poblacionales actuales y las pruebas de una reciente expansión demográfica que mostró el mtDNA. En contraste, las poblaciones de guanaco estudiadas aquí mostraron evidencia de limitada estructuración, a pesar de mostrar también indicios genéticos de expansión demográfica postglacial.

MUTAGÉNESIS Y GENÉTICA PARASEXUAL EN LA LEVADURA *XANTOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS* Y SU APLICACIÓN EN LA PRODUCCIÓN DE CAROTENOIDES (Mutagenesis and parasexual genetics in yeast *Xantophyllomyces dendrorhous* and its application in the production of carotenoids).

Carmona, M., D. Sepúlveda, J. Alcaíno, M. Niklitschek, C. Lozano, A. Marcoleta, S. Barahona, M. Baeza y V. Cifuentes.

Departamento de Cs. Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Financiamiento: ENL 08/06, VID U de Chile; Beca Fundación María Ghilardi (C.L).

Una de las alternativas más promisorias para la obtención de astaxantina natural, es la utilización de *X. dendrorhous* (Ex. *Phaffia rhodozyma*). Si bien esta levadura sintetiza astaxantina, las cantidades normales son bajas para ser utilizadas como fuente industrial.

En este trabajo se optimizó un método de mutagénesis con agentes químicos como NTG. Se utilizó como cepa de

estudio la cepa silvestre UCD 67-385 de *X. dendrorhous*. Los mutantes en pigmentación obtenidos se seleccionaron de acuerdo a sus características de coloración, y el análisis cualitativo y cuantitativo de los pigmentos producidos fueron determinados por HPLC.

Como resultado se han obtenido mutantes afectados en la síntesis de astaxantina, entre estos sobreproductores de carotenoides, los cuales muestran una composición de pigmentos distinta a la cepa silvestre.

El análisis de los mutantes de carotenogénesis fue realizado mediante genética parasexual a través de fusión de protoplastos, y como resultado se ha logrado dilucidar relaciones de complementación, ligamiento, dominancia. Ambas estrategias han permitido conocer algunos aspectos de la vía de síntesis de pigmentos en esta levadura.

Sin duda, la obtención de mutantes afectados en la carotenogénesis de esta levadura permitirá identificar nuevos genes que participan en la ruta de síntesis de astaxantina y su regulación.

IDENTIFICACIÓN DE SNPs EN GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A RASGOS REPRODUCTIVOS EN SALMÓNIDOS (SNPs identification in candidate genes involved in reproductive traits in salmonids)

Lam, N.¹, Araneda, C.² e Iturra, P.¹

¹Facultad de Medicina, ICBM, Programa de Genética Humana, Universidad de Chile. ²Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.

Becaria CONICYT. Parcialmente financiado por proyecto FONDECYT 1060623.

Los salmónidos tienen un ciclo reproductivo anual, su época de desove ocurre durante otoño e invierno, sin embargo, existen poblaciones que presentan diferencias para este rasgo. En trucha arco iris hay peces que presentan doble ciclo reproductivo anual (DCRA). A su vez, en salmón coho existen líneas seleccionadas de desovadores tempranos (Early) y tardíos (Late).

Presentamos el estudio del fenotipo DCRA y fecha de desove mediante la estrategia de genes candidatos e identificación de SNPs, con el objeto obtener marcadores para estudios de asociación con estos rasgos reproductivos.

Se seleccionaron los genes *gnrh3b* y *clock*. Mediante análisis bioinformático se diseñaron los respectivos partidores para PCR. El estudio se realizó en hembras monocicladoras y DCRA de trucha arco iris, en hembras Early y Late de salmón coho y en individuos no emparentados en ambas especies.

Se identificó y validó por PCR-RFLP un SNP en el gen *gnrh3b* en los stocks de trucha arco iris. No se detectó este polimorfismo en los stocks de salmón coho. En individuos de salmón coho se detectó en el gen *clock* el SNP (A/T) previamente descrito, no encontrándose hasta ahora este SNP en trucha arco iris.

AMPLIFICACIÓN CRUZADA DE LOCI MICROSATÉLITE EN ABALÓN ROJO (*HALIOTIS RUFESCENS*) OBTENIDOS MEDIANTE PARTIDORES HETERÓLOGOS (Cross-amplification of microsatellite loci in red abalone (*Haliotis rufescens*) with heterologous primers).

Lafarga-De la Cruz, F., F. Aguilera-Muñoz, C. Perone-Millar & C. Gallardo-Escárate.

Departamento de Oceanografía, Centro de Biotecnología, Casilla 160-C, Universidad de Concepción.

Financiamiento: FONDEF D06I1027, FONDEF D07/1085, INNOVA 07CT9 PDT-79.

Actualmente la utilidad de marcadores microsatélites ha sido descrita desde estudios de variabilidad genética poblacional hasta la obtención de mapas de ligamiento para la identificación de QTLs. Estudios genéticos basados en microsatélites en abalón rojo son escasos debido al bajo número de loci descritos para la especie. El presente estudio tiene por objetivo evaluar la utilización de loci microsatélites con amplificación cruzada en abalón rojo proveniente de especies cercanamente relacionadas. Para ello se evaluaron 25 partidores descritos para las especies de *H. corrugada*, *H. fulgens*, *H. kamtschakana* y *H. discus hannai*. Doce loci microsatélite mostraron amplificación en *H. rufescens*. Sin embargo, ocho de ellos fueron informativos para determinar la variabilidad genética presente en una población de cultivo. Los valores promedios de H_o y H_e fueron 0.428 y 0.782 respectivamente. El análisis de microsatélites mostró una desviación de HWE para siete loci. El promedio del índice F_{IS} fue 0.472 indicando que la población se encuentra en endogamia. Los loci microsatélites descritos permitirán establecer nuevos criterios para la selección y manejo de reproductores a fin de disminuir los efectos de consanguinidad en poblaciones de cultivo.

FILOGENIA MOLECULAR DE LA FAMILIA MYTILIDAE EN CHILE BASADA EN SECUENCIAS DE ADNMT (16S, COI) Y ESPACIADORES INTERNOS TRANSCRITOS (A molecular phylogeny of family Mytilidae in Chile based on DNA sequences of mtDNA (16S, COI) and transcribed internal spacers).

Aguilera-Muñoz, F., F. Lafarga-De la Cruz, & C. Gallardo-Escárate. Departamento de Oceanografía, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción.

Financiamiento: FONDEF D06I1027, FONDEF D07/1085.

El complejo *Mytilus* es uno de los grupos de invertebrados marinos más ampliamente estudiados a nivel genético. La existencia de subespecies, zonas híbridas y movimiento de mitílicos por acción antropogénica, hace que la filogenia del grupo sea difícil. En Chile, estudios de relaciones sistemáticas a nivel molecular han sido limitados solo a marcadores del gen ribosomal 18s y PCR-RFLP. El objetivo del presente estudio fue aportar con nueva información filogenética para las especies de mitílicos presentes en Chile.

Los marcadores de ADN 16S, COI e ITS fueron amplificados y secuenciados. El análisis filogenético fue realizado con el software Geneious en conjunto con PAUP y diferentes modelos de sustitución. Los resultados evidencian dos clados principales. Un gran clado compuesto por *M. edulis chilensis* y *M. galloprovincialis* (choro araucano) en conjunto con otros mitílicos descritos para Europa y Norteamérica, mientras el segundo clado agrupa solo a *S. algosus* y *P. purpuratus*. Las especies de *C. chrorus* y *A. ater* se encuentran separadas de ambos clados pero en mayor cercanía filogenética con el clado mayor. La existencia de géneros monoespecíficos y su localización filogenética son discutidas.

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE DOS POBLACIONES DE *MYTILUS CHILENSIS* MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES (Study on the genetic variability of two *Mytilus chilensis* populations by microsatellite markers).

Barrera, M.¹, Venegas² J., Nadal³, A., Rubies³ C., Amaro⁴ A.M., Suárez-Isla B.A.⁴

¹Fac. de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Univ. de Chile. ²Programa de Biología Celular y Molecular ICBM, ³Universidad Pompeu Fabra, España. ⁴Programa de Fisiología y Biofísica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Financiamiento parcial del proyecto IAEA TC CHI/7/011 a B.A.S.I.

La producción del bivalvo *Mytilus chilensis* (chorito) se concentra en centros de cultivo de la isla de Chiloé. A pesar del gran desarrollo de la mitilicultura, las características genéticas de las poblaciones han sido poco estudiadas. Con el fin de investigar la estructura genética de dos poblaciones polares separadas por una gran distancia geográfica, ubicadas en Chiloé (Conchas Blancas) y Magallanes (golfo Almirante Montt), se emplearon 8 marcadores microsatélites previamente descritos en 50 individuos de cada región. Estudios de la varianza molecular (AMOVA) mostraron un aporte de 4,48% entre ambas poblaciones, y una diferenciación genética con F_{st} igual a 0,04475. Mediante la detección del marcador nuclear Me, específico de cada especie, se observó que el mayor porcentaje de individuos corresponde al tipo *M. galloprovincialis*. Solamente un individuo de Magallanes, y 6 de Chiloé corresponden a híbridos tipo *M. galloprovincialis* - *M. edulis*.

Las nuevas técnicas moleculares permiten distinguir genéticamente las poblaciones. Los resultados concuerdan con hallazgos previos y confirman la existencia de un alto flujo genético entre poblaciones lejanas.

COMPARACIÓN GENÉTICA ENTRE LAS POBLACIONES RESIDENTE Y NO RESIDENTE DEL DELFÍN NARIZ DE BOTELLA (*TURSIOPS TRUNCATUS*) EN LA RESERVA NACIONAL PINGÜINO DE HUMBOLDT (Genetic comparison of the resident and transient populations of bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) from Reserva Nacional Pingüino de Humboldt).

Pérez, M. J.^{1,2}, Cruz, F.³, Moraga, R.¹, Vilina, Y.A.³, Capella, J.J.⁴, Sabaj, V.⁵

¹Centro de Investigación Eutropia ²Facultad de Ciencias, Universidad de Chile ³Facultad de Med. Veterinaria, Universidad Santo Tomás ⁴Fundación Yubarta, Colombia ⁵Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Financiamiento: Proyecto UST.

Comparamos la estructura genética de una población residente y una no residente de delfín nariz de botella (*Tursiops truncatus*) de las aguas adyacentes a la Reserva Nacional Pingüino de Humboldt, norte de Chile. Obtuvimos muestras de piel de 17 individuos residentes y de 10 no residentes; el grado de residencia se determinó por fotoidentificación, entre 1989 y 2008.

Mediante sexaje molecular obtuvimos una proporción de machos y hembras de 1:1 para ambas poblaciones. Utilizando un segmento de 472bp de la región hipervariable del DNA mitocondrial, describimos seis haplotipos distintos en la población residente, y ocho en la no residente, sin haplotipos compartidos entre ambas.

Los índices indicaron mayor diversidad genética en la población no residente que en la residente ($H = 0.93 \pm 0.08$ vs 0.69 ± 0.1 y $\pi = 0.019 \pm 0.01$ vs 0.011 ± 0.006).

Tanto el Test exacto de diferenciación como la varianza molecular AMOVA, muestran diferencias significativas entre las dos poblaciones (AMOVA, $ST = 0.22$, $p < 0.01$).

PATRONES ESPACIALES DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN DOS ESPECIES CODISTRIBUIDAS DE GALAXIAS (PISCES), EN UN SISTEMA FLUVIAL DEL SUR DE CHILE (Spatial patterns of genetic variation in two codistributed species of *Galaxias* (Pisces), in a fluvial system in Southern Chile).

Victoriano, P.^{1,2}; A. Jara¹, V. Olmos¹, M. Dib¹, B. Inzunza³, I. Vera¹, R. Montoya³ y E. Habit^{2,4}.

¹Depto. de Zoología, Facultad de Cs. Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Centro de Investigación en Ecosistemas Patagónicos, CIEP, Coihaique. ³Depto. Biología Celular, Facultad de Cs. Biológicas, Universidad de Concepción. ⁴Unidad de Sistemas Acuáticos, Centro Eula, Universidad de Concepción.

Financiamiento: Fondecyt-1080082. Agradecimientos a Colbún S.A.

Los cambios climáticos del pasado han sido determinantes en los procesos microevolutivos de la biota del sur de Chile. Aunque se ha propuesto una hipótesis general para el área, hay poca evidencia sobre variaciones de respuestas según las singularidades idiosincráticas de cada especie. Nosotros reconstruimos genealogías y patrones espaciales de variabilidad genética para *Galaxias maculatus* y *G. platei* del río San Pedro (Valdivia), basados en secuencias de la región de control (ADNm). Ambas especies están entre las más variables de la cuenca, indicando reducciones moderadas del N_e en el pasado respecto a otras especies. *G. platei* mostró menos consistencia geográfica de relaciones de parentesco, concordante con mayor frecuencia de contactos secundarios de linajes, y mayor estructuración. *G. maculatus* en cambio se estructura solo en dos haplogrupos con altos niveles de divergencia, evidenciando dos conjuntos de biología diferente (dulceacuícola estricto y potamal-estuarino). *G. maculatus* es más variable genéticamente (H_d y π mayores), y el D de Tajima sugiere equilibrio entre deriva y mutación. En cambio, para *G. platei*, D indica un mayor efecto de deriva génica. El flujo génico es semejante en ambas especies, aunque levemente mayor en *G. maculatus*, debido a una mayor conectividad al interior de los dos grupos detectados. Se discuten los resultados en relación a diferencias en historias de vida de ambas especies.

BIOLOGÍA MOLECULAR Y BIOQUÍMICA

MUTACIONES EN EL "LOOP-T7" DE γ -TUBULINA ALTERAN SU CAPACIDAD DE INCORPORARSE EN LOS COMPLEJOS γ -TURC PERO NO SU CAPACIDAD DE INTERACTUAR CON α/β -TUBULINA (Mutations on γ -tubulin T7-loop alter its capacity to incorporate on γ -TuRC complexes but not its capacity to interact with α/β -tubulin).

Pouchucq, L., Araya G., Castro J., Lagos R., Fernández, J. y Monasterio, O.
Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
FONDECYT 1050677.

γ -tubulina es una proteína centrosomal encargada de la nucleación de microtúbulos. En el citoplasma se encuentra formando parte de complejos de 2MDa llamados γ -TuRC. Presenta elevada similitud estructural con el resto de las proteínas de la familia de las tubulinas, sugiriendo que las superficies de interacción longitudinal y lateral están conservadas. Los detalles estructurales de las interacciones involucradas en la nucleación han sido pobremente estudiados debido a la inestabilidad estructural intrínseca de las tubulinas. Esto dificulta la obtención de proteína recombinante correctamente plegada y funcional. Diseñamos una metodología que permite hacer estudios con γ -tubulina recombinante. Para esto introducimos la proteína recombinante por microinyección en el citoplasma de embriones tempranos del pez cebra (*Danio rerio*), en la esperanza de que su maquinaria citoplasmática se encargará de plegarla y hacerla funcional. Mediante microscopía de fluorescencia y métodos bioquímicos demostramos que γ -tubulina humana recombinante es capaz de incorporarse en centrosomas y complejos γ -TuRC de los blastómeros de embriones inyectados. Mediante la misma metodología demostramos que mutaciones puntuales en el "loop-T7" (interacción longitudinal) alteran su capacidad de incorporarse al γ -TuRC pero no su capacidad de interactuar con α/β -tubulina.

**ANÁLISIS DE LA ORGANIZACIÓN CROMATÍNICA EN LAS REGIONES DE QUIEBRE DE LOS GENES RUNX1 Y ETO
Chromatin organization analysis of RUNX1 and ETO genes breakpoint regions.**

Stuardo, M., Milka Martínez, Soraya Gutiérrez, Marcia Puchi.
Anillo de Investigación de Estudios Avanzados en Señalización Celular y Regulación Génica, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

Una de las translocaciones cromosomales más frecuentes corresponde a la translocación (8:21) que involucra a los genes RUNX1 y ETO y que se encuentra en alrededor del 15% de pacientes con leucemia mieloide aguda. No se han encontrado secuencias comunes que expliquen esta

recombinación. sin embargo, en las regiones de quiebre cromosomales (BCRs) de ambos genes se han descrito regiones hipersensibles a DNasa I y topoisomerasa II sugiriendo que la conformación de cromatina presente en las regiones BCRs de los genes RUNX1 y ETO es determinante para la generación de quiebres y la posterior formación de t (8:21). Con el fin de analizar la estructura de cromatina en las BCRs de ambos genes, en nuestro laboratorio se han determinado mediante inmunoprecipitación de cromatina (ChIP), los niveles de acetilación de histonas H3 y H4 y de presencia de histona H1. Encontramos que, en células promieloides, las BCRs de los genes RUNX1 y ETO presentan hiperacetilación de histona H4 y ausencia de H1 en ambos genes. Estos resultados indican que las BCRs de los genes RUNX1 y ETO poseen elementos estructurales en la cromatina que son comunes y que podrían facilitar la generación de quiebres en la doble hebra de ADN.

PC4 ES FOSFORILADO POR PROTEÍNA QUINASA CK2, Y ES NEGATIVAMENTE REGULADO POR LA SUBUNIDAD CK2 β .

Contreras-Levicoy, J. Urbina F., Rojas, D., Moreira S. y Edio Maldonado.
Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
Financiado por proyecto FONDECYT 1080222.

La regulación de la transcripción de genes que codifican para proteínas es llevada a cabo por una variedad de quinasas, entre ellas, proteína quinasa CK2. Esta quinasa está envuelta en la transcripción de genes que no poseen una TATA-box. CK2 fosforila el cofactor de transcripción PC4 que está involucrado en la transcripción de genes que no poseen una TATA box. Nuestros resultados indican que CK2 fosforila el cofactor de transcripción PC4 y que esta fosforilación es regulada negativamente por CK2 β , la subunidad regulatoria de CK2. Varios experimentos están en camino para dilucidar el efecto de CK2 β en la transcripción de genes llevados a cabo por RNAPII.

HERRAMIENTAS GENÉTICAS DE *HAEMATOCOCCUS PLUVIALIS* PARA USO BIOTECNOLÓGICO EN LA ACUICULTURA (Genetic tools of *Haematococcus pluvialis* for biotechnological applications in aquaculture).

Gimpel, J.¹, Escobar, C.¹, Marshall, S.^{1,2} Henríquez, V.^{1,2}

¹Laboratorio Genética e Inmunología Molecular. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, ²CREAS, Centro Regional Alimentos Saludables. Valparaíso, Chile.

La microalga *Haematococcus pluvialis* es una plataforma de gran importancia comercial a través de la manipulación del genoma cloroplástico para diversos fines biotecnológicos. Esta alga acumula naturalmente el carotenoide astaxantina, utilizado como fuente de pigmentación en las industrias acuícola y avícola. Siendo un organismo no patógeno y no tóxico, sería altamente compatible para convertirlo en una verdadera biofactoría, un modelo de expresión para generar una amplia gama de moléculas recombinantes. A la fecha el genoma cloroplástico de *Haematococcus pluvialis* no se encuentra caracterizado y la falta de secuencias genómicas para expresar moléculas heterólogas es un gran problema en la construcción de eficientes vectores de integración/expresión. Basados en el análisis transcripcional de genes cloroplastídicos endógenos de plantas superiores y microalgas, este estudio ha identificado promotores y secuencias no codificantes de los genes de la ribulosa-1,5-Bifosfato Carboxilasa/Oxigenasa (*rbcL*) y a la proteína D1 del Fotosistema II (*psbA*), mediante la utilización de la técnica RAGE. La transformación cloroplástica ocurre vía recombinación homóloga y es importante precisar secuencias intergénicas del genoma donde el gen de interés sea insertado. Para ello, se ha caracterizado el operon ribosomal 16S-23S a través de Long Range PCR. Estas secuencias serán integradas en la construcción de vectores específicos de integración/expresión para *Haematococcus pluvialis*.

RESPUESTA DE LA LÍNEA CELULAR DE MONOCITOS/MACRÓFAGOS DE TRUCHA ARCO IRIS RTS11 A LA INFECCIÓN CON IPNV (Response of the rainbow trout monocyte/macrophage cell line RTS11 to infection with IPNV).

Peña, A.; Jofré, C.; Marshall, S.H. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Financiamiento PBCT SD08.

Las actividades acuícolas han incrementado el riesgo de brotes de infecciones virales en peces, lo que se traduce directamente en millonarias pérdidas económicas para el sector. El virus de la necrosis pancreática-infecciosa IPNV, es un virus de dsRNA que causa gastroenteritis aguda y destrucción del páncreas, infectando a especies de peces y algunos invertebrados marinos y de agua dulce. El virus es transmitido horizontal y verticalmente, causando la muerte en la mayor parte de los peces que lo contraen. El presente trabajo apunta a la comprensión de los procesos físicos y moleculares en macrófagos de peces ante la infección por

IPNV, utilizando como modelo la línea celular de monocitos/macrófagos de trucha arco iris RTS11. El seguimiento de la infección se realizó a 6, 24 y 72 horas. La evolución de la infección fue observada a través del agregamiento homotípico de los monocitos y posterior efecto citopático en las células. La proliferación del virus fue evaluada tanto por qPCR como por inmunodetección con anticuerpos específicos anti-IPNV. La expresión diferencial de genes relacionados a la respuesta proinflamatoria, así como de aquellos involucrados en la respuesta antiviral y quimiotaxis fue evaluada por RT-PCR y qPCR. Estos resultados fueron complementados con la inmunodetección de proteínas correspondientes a algunos de los genes estudiados.

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE LA ESPECIFICIDAD DE SUSTRATO DE LA ARGINASA HEPÁTICA HUMANA. (Bioinformatic analysis of substrate specificity of human liver arginase).

Alarcón, R., Martínez, J. y Carvajal, N. Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción. Fondecyt 1030467.

La arginasa y agmatinasa catalizan la hidrólisis de sustratos guanidínicos, requieren de Mn^{2+} para su actividad catalítica y sus residuos catalíticos y de unión al metal activador y sustrato están conservados. Pese a las estrechas analogías estructurales entre los sustratos, la arginina no es hidrolizada por la agmatinasa y la arginasa posee nula o escasa capacidad de hidrolizar agmatina. La sobreposición de las estructuras de arginasas y agmatinasas sugirieron que la diferencia de especificidad está dada por un loop que interacciona con el grupo α -carboxilo de la arginina, siendo este loop más corto en el caso de la agmatinasa. Se generaron mutantes de arginasa relacionadas a este loop. Al reemplazar N130 por D se generó una mutante que utiliza arginina y agmatina como sustratos, con igual grado de especificidad. Se utilizaron estudios de dinámica molecular para comprender las diferencias estructurales que pudieron ocurrir con la especie mutante N130D que permitieron su cambio de especificidad. Los estudios fueron realizados junto con la especie silvestre en ausencia o en presencia de arginina o agmatina. Se observaron cambios en la orientación del $C\alpha$ de agmatina hacia una zona más interna de la mutante N130D, lo que permitiría explicar la hidrólisis de agmatina por esta mutante.

CARACTERIZACIÓN DE UNA B-FRUCTOFURANOSIDASA DE LA LEVADURA PHAFFIA RHODOZYMA (XANTHOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS) (Characterization of a β -fructofuranosidase from *Phaffia rhodozyma* (*Xanthophyllomyces dendrorhous*)).

Linde, D., Gutiérrez, P., Álvaro-Benito, M., de Abreu, M., Jiménez, A. y Fernández-Lobato, M.

Departamento de Biología Molecular, Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (UAM-CSIC) Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España.

Una β -fructofuranosida de la levadura *Phaffia rhodozyma* (*Xanthophyllomyces dendrorhous*) ha sido aislada y caracterizada bioquímica y molecularmente.

La enzima se ha purificado a homogeneidad utilizando básicamente distintas cromatografías de intercambio iónico. Está formada por al menos dos subunidades de 160 kDa y el tratamiento con PNGasa F indica que un 60% de su masa se debe a N-glicosilación. Hidroliza oligosacáridos como sacarosa, 1-kestosa, nistosa, rafinosa y palatinosa. No tiene actividad sobre leucrosa, maltosa, maltotriosa o maltoheptosa. Su actividad es máxima en el intervalo de pH y temperatura comprendido entre 5.5-6.5 unidades y 65-70 °C. El gen codificante para esta enzima ha sido aislado a partir de una genoteca de cDNA de *P. rhodozyma* utilizando oligonucleótidos diseñados hacia la secuencia del extremo amino de la proteína purificada (EDMAN). Su secuencia consta de 1.788 pb que dirigirían la síntesis de una hipotética proteína de 595 residuos aminoacídicos con 17 potenciales sitios de N-glicosilación. La proteína presenta homología de secuencia con invertasas y β -fructofuranosidasas incluidas en la familia 32 de las glicosilhidrolasas. El gen de esta nueva β -fructofuranosida incluye tres intrones de unos 112 pb por término medio con secuencias homólogas a las descritas para otros intrones de genes de hongos y levaduras. La funcionalidad del gen analizado ha sido demostrada utilizando sistemas de expresión heterólogos.

BOTÁNICA

VARIACIÓN Y ARREGLO ESPACIAL DE LA FITODIVERSIDAD PARA UN TRAMO DE LA CORDILLERA COSTERA DE CHILE CENTRAL (Variation and spatial arrangement of plant diversity for a stretch of the coastal mountain ranges of central Chile).

¹San Martín, J., P. Peñailillo, P. Garrido y C. Sepúlveda.

¹Instituto de Biología Vegetal y Biotecnología, Universidad de Talca, Talca.

Agradecimiento. Proyecto Darwin Initiative Ref. 669.

La vegetación nativa de Chile central, históricamente, ha sido explotada con fines comerciales, uso doméstico y sustituida por cambios en el uso del suelo. En la década del 70 esta última actividad se incrementa con impacto en una reducción de la cobertura generando patrón espacial fragmentado.

Para el tramo de la cordillera costera (35° y 37°L.S.) y una amplitud de 60 km desde el litoral al interior se evaluó la fitodiversidad. En el gradiente norte-sur se revisaron formaciones vegetales con un análisis del reemplazo de los taxa, comparación de la riqueza y definición del patrón estructural.

En el gradiente latitudinal la fitodiversidad muestra un cambio composicional según la unidad vegetacional y la topografía. A nivel de familias y géneros las formaciones vegetales muestran una cuantía diferente y en algunas alta concentración en la diversidad de taxa. Los accidentes geográficos aportan una diversidad de especies diferentes quebrando la variación beta observada en las formaciones vegetales fuera de ellos. En el arreglo espacial de las especies, si bien se observa una tendencia de compartirlas, algunas formaciones muestran un patrón estructural definido por la singularidad de sus especies.

EFECTO DEL MANEJO SILVÍCOLA EN LA MINERALIZACIÓN DE N EN BOSQUES DEL SUR DE CHILE (Effect of managed silvicultural in nitrogen mineralization in forest of Southern Chile).

Padilla, E; Almonacid, L; Godoy, R. & Barrientos, M. Instituto de Microbiología y Botánica, Universidad Austral de Chile.

Los bosques templados de Chile han cobrado gran relevancia internacional debido a que representan una porción importante de los escasos bosques templados del hemisferio sur. Por lo que constituye un desafío implementar esquemas de manejo silvícolas de cubierta continua y de composición mixta, que puedan reducir el impacto de la pérdida de nutrientes, causadas por la disminución de la productividad boscosa.

Se evaluó la respuesta nutritiva a corto plazo en bosques en distintas etapas sucesionales producto de las alteraciones silvícolas con un enfoque ecológico.

Se realizó un muestreo pre y postintervención (diciembre 2005- diciembre 2007) de los aportes de hojarasca y tasas de N-min *in situ*, en 4 microcuencas boscosas, dos siempreverdes (con y sin manejo silvícola) y dos caducifolias secundarias (con y sin manejo silvícola), en el sitio experimental de San Pablo de Tregua, (39° 35' S, 72° 07' W, 600-1400 m a.s.l.).

Los aportes anuales de hojarasca preintervención de los bosques siempreverdes y caducifolios no presentan diferencias estadísticamente significativas. Postintervención se presentan diferencias estacionales en cada uno de los bosques. Los resultados de N-min *in situ* se discuten en base a la dinámica de las tasas de N-NH₄ y N-NO₃.

FORMACIÓN DE PATRONES REGULARES DE VEGETACIÓN EN EL DESIERTO DE ATACAMA, NORTE DE CHILE (Vegetation pattern formation in the Atacama Desert, north Chile).

Borthagaray¹, A.I., Fuentes, M.² Marquet, P.A.^{1,2}

¹Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile e Instituto de Ecología y Biodiversidad. ²Santa Fe Institute, 1399 Hyde Park Road, Santa fe NM 87501, USA.

Agradecimientos: FONDECYT-FONDAP 1501-0001, ICM P05-002, PFB-23

Los patrones espaciales regulares de vegetación han sido documentados en ecosistemas áridos y semiáridos. El mecanismo responsable de estos patrones involucraría la interacción escala dependiente entre facilitación y competencia por el recurso (agua). Este trabajo estudia la emergencia de patrones espaciales en las comunidades de Lomas costeras del desierto de Atacama, que se manifiestan a nivel de paisaje en una estructura parchosa y a nivel de parche en patrones bandeados de vegetación (*Tillandsia landbeckii*). El patrón espacial se caracteriza por la existencia de una relación entre su geometría (ancho, alto y distancia entre bandas) y la geomorfología del paisaje tales como exposición, altitud y pendiente de los cerros arenosos. Para

estudiar esto se desarrolló un modelo espacialmente explícito que involucra el mecanismo escala dependiente, y describe los cambios en la biomasa local de la planta en función de la concentración de agua suministrada por la neblina y la inclinación del paisaje. Primero se analizó el equilibrio homogéneo de dicho modelo y luego la amplificación de una perturbación espacial no homogénea la cual permite recrear la emergencia del patrón observado.

PATRONES ESPACIO-TEMPORALES EN EL CRECIMIENTO DE *ARAUCARIA ARAUCANA* Y SUS RELACIONES CON EL CLIMA A TRAVÉS DE SU DISTRIBUCIÓN (Spatial and temporal patterns of *Araucaria araucana* growth and its relation with climate across distributional range).

Muñoz, A.A., Barichivich, J., Christie, D.A., González, M.E., Lara, A.A., & Quezada, J.

Laboratorio de Dendrocronología, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Austral de Chile.

Patrocinio: Duncan Christie.

Agradecimientos: International Tree-Ring Data Bank (ITRDB).

Araucaria araucana se distribuye discontinuamente entre los 37.5°-40.4°S a lo largo de la cordillera de la Costa y los Andes chileno-argentinos. El crecimiento de esta especie es modulado por contrastantes condiciones ambientales a través de su rango de distribución por lo que existirían diferencias interpoblacionales en sus patrones de crecimiento. El presente trabajo tiene como objetivo caracterizar la relación del clima con los patrones espaciales y temporales del crecimiento radial en 19 poblaciones de *A. araucana* a través de su rango de distribución. El crecimiento radial de cada población es caracterizado por una cronología anual de anillos de crecimiento para el periodo 1750-1975, la cual es contrastada con variables climáticas a través de funciones y mapas de correlación. Para determinar la similitud y los principales modos de crecimiento interpoblacionales se utilizaron análisis de componentes principales e interpolación espacial. El patrón común de crecimiento interpoblacional es representado por un primer componente principal que explica >50% de la varianza. En general el crecimiento de las poblaciones estudiadas de *A. araucana* responde positivamente a la precipitación y negativamente a la temperatura del verano del año anterior. Las principales diferencias espaciales en el crecimiento anual se asocian al gradiente ambiental oeste-este. A partir del año 1870 se aprecia un notable y sostenido aumento de la variabilidad interanual en el crecimiento radial de la especie a través de su rango de distribución.

MIELES CHILENAS PRODUCIDAS EN LA ZONA DEL VOLCÁN LLAIMA: ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE MIELES CON METALES PESADOS (Chilean honeys produced in the Llaima Volcano zone: antioxidant activity of honeys with heavy metals).

Mejías, E. y Montenegro G.

Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Beca MECESUP apoyo estudiantes de Doctorado a Enrique Mejías.

Financiamiento Proyecto FONDECYT 1060535, CORFO FDI-INNOVA 06CN12IAD-01 a Gloria Montenegro.

Dentro del territorio chileno se origina gran variedad de mieles de distinto origen botánico, con múltiples características biológicas. Propiedades antioxidantes han sido descritas para mieles de Chile y del mundo. Los compuestos fenólicos son responsables de estas actividades, los cuales son heredados de las plantas melíferas. Colmenas y plantas ubicadas en zonas con actividad volcánica, puede determinar cantidades importantes de metales pesados en la miel producida allí, además de originar mieles con diferentes perfiles químicos en relación a compuestos fenólicos presentes. De esta forma, se espera que mieles con mayor presencia de metales pesados, muestren propiedades antioxidantes distintas a una miel control.

Mieles producidas en sectores cercanos al volcán Llaima fueron estudiadas respecto a la concentración de Fe, Cu y Zn y actividad antioxidante que presentaron. La cuantificación de metales se realizó mediante deshidratación/digestión ácida, seguida del posterior análisis por ICP-OES. Se usó como control miel libre de metales pesados de origen botánico similar a las mieles estudiadas. La actividad antioxidante se determinó mediante la reacción con DPPH, cuya desaparición fue monitoreada en un espectrofotómetro UV-Visible durante 3 minutos a 517 nm. La concentración de compuestos fenólicos totales se determinó mediante la técnica colorimétrica de Folin-Ciocalteu. Las mieles mostraron concentraciones significativamente mayores de metales comparadas con el control. La concentración de compuestos fenólicos fue variable entre las mieles, no obstante las actividades antioxidantes fueron levemente mayores en relación al control.

PATRONES BIOGEOGRÁFICOS DE LAS CACTÁCEAS ENDÉMICAS A CHILE (Biogeographical patterns in the chilean endemic cacti).

Guerrero, PC¹, Durán, P¹ & Walter, H².

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile. ²Proyecto EXSIS. Patrocinio: Bustamante, RO. Agradecimientos: Instituto de Ecología Biodiversidad (IEB), CONICYT.

Los patrones biogeográficos de las cactáceas endémicas pueden proveer información sobre la evolución de la flora asociada a la formación del desierto de Atacama. La zona de hiperaridez (norte), la cordillera de los Andes (este), el océano

Pacífico (oeste) y los bosques húmedos (sur) constituyen límites geográficos que pueden afectar los patrones de endemismo y distribución. Por otro lado, estos patrones podrían estar determinados por la presencia de gradientes ambientales (aridez y estacionalidad) determinando una patrón consistente con la regla de Rapoport. Se utilizó un Análisis Bayesiano de Endemismo (ABE) para evaluar las áreas de endemismo, además se contrastó con un modelo nulo para evaluar el efecto del dominio medio y una regresión simple para evaluar la regla de Rapoport. Las 71 especies se encuentran entre los 18°-36° de latitud sur, el ABE agrupó dos áreas biogeográficas asociadas a climas diferentes: zona árida 18°-26° S y zona semiárida 27°-36°S. El 61% de los puntos de riqueza se encontraron dentro de la zona explicada por el modelo nulo. Finalmente, no se encontró regla de Rapoport en los patrones de distribución de las especies.

ESTRATEGIAS DE DEFENSA QUÍMICA DE LAS CUPRESÁCEAS NATIVAS DE CHILE CONTRA HONGOS SAPRÓFITOS (Chemical defence strategies of native chilean Cupressaceae against saprophytic fungi).

Donoso, C., Becerra, J., Bustos, E.D. & M. Silva.

Laboratorio de Química de Productos Naturales, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

Agradecimientos: Proyecto Anillo ACT-38, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas y a la Dirección de Investigación de la Universidad de Concepción.

Las especies naturalmente resistentes a la degradación por hongos destacan por poseer compuestos fenólicos con comprobada actividad fungicida. Datos recientes registran que los hongos saprófitos son capaces de colonizar la madera para luego comenzar a degradarla mediante reacciones dependientes de metales que generan radicales libres al inicio del proceso de degradación y posteriormente mediante la acción de enzimas extracelulares que utilizan cofactores metálicos. Se evaluó la actividad antioxidante frente al radical DPPH y la capacidad quelante de metales de acuerdo al ensayo CAS (CromoAsurol) de los extractos totales y compuestos puros aislados de la familia Cupressaceae. *Austrocedrus chilensis*, *Fitzroya cupressoides* y *Pilgerodendron uviferum* son especies nativas de los bosques subantárticos de Chile y Argentina, intensamente explotados en el pasado por la destacada resistencia de sus maderas a la pudrición. Tanto los extractos totales como los compuestos puros presentaron actividad antioxidante y quelante de Fe²⁺ con valores sobre el 87%. Se sugiere que las propiedades antioxidantes y capacidad quelante de metales de estos compuestos ejercen un efecto protector adicional a la madera de las cupresáceas nativas de Chile frente al ataque de hongos saprófitos.

LEY DE MURRAY EN DOS HELECHOS TEMPLADOS DE NORTEAMÉRICA (Murray's law in two temperate ferns from North America).

Atala, C.¹, McCulloh, K.², Canals, M.³

¹ Departamento Forestal, Campus Los Ángeles, U de C. ² Department of Wood Science and Engineering, OSU, EE.UU. ³ Laboratorio de Ecofisiología, Facultad de Ciencias, UCH.

CA financiado por MECESUP UCO0214 y CONICYT.

La ley de Murray (ML) predice un ahusamiento óptimo de los vasos del xilema para maximizar la conductancia hidráulica por inversión en sistema vascular. Esta optimización considera un cambio fijo en el número de conductos por nivel de ramificación. Otro modo de maximizar la conductancia sería optimizar el cambio en el número de conductos fijando el cambio en el diámetro de estos. A esto llamaremos ley de Yarrum (YL). Ambas leyes asumen que los conductos del xilema no cumplen un rol de soporte mecánico (como las traquéidas). Se evaluó ambas leyes en las hojas compuestas de 2 especies de helechos de las zonas templadas de EE.UU. Se incluyen datos de algunas especies arbóreas y herbáceas dicotiledóneas para comparación. Ambas especies de helechos se ajustaron más a la ley de Murray. La tendencia a optimizar el ahusamiento más que el número de los vasos es consistente con el desarrollo del xilema. El número de conductos de determina antes que el diámetro de estos. Los helechos, a pesar de ser un grupo más primitivo, parecen igualmente haber optimizado su sistema vascular para optimizar la conductancia hidráulica.

GENÉTICA III

DIVERSIDAD GENÉTICA DE UNA ESPECIE INVASORA: EL ÁFIDO DEL TABACO (Genetic diversity of an invasive species: The tobacco aphid).

Zepeda, F., Briones, L.M., Figueroa, C.C. y Nespolo, R.
Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral
de Chile, Valdivia.

Financiamiento: Proyecto Anillos ACT-38.

Las especies invasoras constituyen una seria amenaza para la biodiversidad y la economía. Los áfidos (Hemiptera: Aphididae) son insectos fitófagos ubicuos que presentan una alta capacidad de dispersión y se reproducen por partenogénesis cíclica y obligada y frecuentemente constituyen plagas agrícolas. Es así como áfidos constituyen un ideal modelo para el estudio de las consecuencias genéticas de invasiones biológicas. *Myzus persicae* (Sulzer) es una especie polífaga, que sobre tabaco (*Nicotiana tabacum* L.) ha recibido el estatus de subespecie altamente especializada, *M. persicae* ssp. *nicotianae* (*M.p.nicotianae*: Blackman).

Con el objeto de estudiar la diversidad genética de la invasión de *M.p. nicotianae* recientemente introducido en Chile, se genotipificaron individuos recolectados sobre tabaco en diferentes países usando 7 loci microsatélites. Se encontraron 29 genotipos multilocus en Francia, 15 genotipos en Grecia, 24 genotipos en EE.UU., 2 genotipos en Brasil, 2 genotipos en Argentina y un único genotipo en Chile. Este último, también se encontró en las otras poblaciones americanas.

La disminución de la diversidad genética desde Europa hacia Norteamérica y luego Sudamérica, sugieren sucesivos eventos fundadores durante la invasión.

Además, la existencia de un genotipo predominante, ampliamente distribuido en América, apoyaría la hipótesis de "superclones" en poblaciones asexuales, caracterizados por una alta abundancia relativa y rápida colonización.

RECONSTRUCCIÓN DE LA HISTORIA EVOLUTIVA DE UNA ESPECIE DE LAGARTIJA DE LA ZONA CENTRAL DE CHILE: *LIOLAEMUS LEMNISCATUS* GRAVENHORST 1838 (Reconstruction of the evolutionary history of a lizard from Central Chile: *Liolaemus lemniscatus* Gravenhorst 1838).

Coronado, T.¹, Sites, J.W.², Ortiz, J.C.¹ y P. Victoriano¹.

¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Department of Integrative Biology, Brigham Young University, USA.

Financiado por NSF-OISE0530267 Y DIUC-ZIEP205.113067-1SP.

Con el fin de reconstruir la historia microevolutiva de *Liolaemus lemniscatus*, realizamos un estudio filogeográfico basado en secuencias de ADN mitocondrial. Dado que esta especie presenta una amplia distribución en la zona central de Chile, en áreas de alta heterogeneidad topográfica y estabilidad climática histórica, nosotros esperamos encontrar en poblaciones del rango norte y centro, una mayor estructuración genética en comparación a las poblaciones del rango sur, donde habría estado sometida a efectos periglaciares. La diversidad genética de esta especie decrece según un gradiente latitudinal de norte a sur, con una alta diferenciación entre haplotipos. Los resultados de NCPA mostraron eventos de flujo génico restringido en poblaciones del área central, acompañado de eventos más antiguos de expansión del rango. La distribución *mismatch* muestra una distribución multimodal y mayor cantidad de diferencias pareadas en poblaciones del norte, sugiriendo retención de haplotipos ancestrales, mientras en el sur, las distribuciones tendieron a ser unimodales, sugiriendo una expansión demográfica reciente. En general, las poblaciones del centro norte habrían divergido en respuesta a eventos orogénicos que actuaron como barreras geográficas, con una mayor influencia de efectos periglaciares (avance y retroceso de los hielos) en poblaciones del sur.

ANÁLISIS DE DNA MITOCONDRIAL DE TRES POBLACIONES RURALES DE CHILOÉ REVELA LA PRESENCIA DE HAPLOTIPOS ANCESTRALES EN LA ISLA (mitochondrial DNA analysis of three rural population of Chiloé shows the presence of ancestral haplotypes on the Island).

De Saint Pierre, M.^{1,2}, Llop, E¹, Moraga, M.¹

¹Programa de Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

FONDECYT 11060442, Beca CONICYT, Instituto de Ecología y Biodiversidad ICM P05-002, PFB 023.

El archipiélago de Chiloé fue en el pasado un importante corredor poblacional en el cual actualmente habitan los descendientes de varios grupos indígenas. En base a las

frecuencias de haplogrupos mitocondriales, las poblaciones rurales de la isla han sido asociados tanto con poblaciones huilliches como yámanas.

En este trabajo se analizan las secuencias de las regiones HV1 y HV2 de tres poblaciones rurales de Chiloé (Caremapu, Quetalmahue y Laitec) con el fin de esclarecer las relaciones filogeográficas de estos grupos. El análisis del haplogrupo D revela la existencia de linajes particulares en Laitec (extremo sur de la isla). Uno de ellos, caracterizado por el polimorfismo 16187T descrito también en yámanas y tehuelches, sugiere una vinculación de Laitec con poblaciones de la Patagonia. Las tres poblaciones estudiadas presentan un linaje fundador extremadamente escaso en América, descrito recientemente en un esqueleto de 10.300 años AP en Alaska (16241G y 16342C) sugiriendo una conexión entre las poblaciones actuales de la Patagonia occidental y los cazadores recolectores de principios del holoceno.

ESTUDIO DE LA DISTRIBUCIÓN DE LA HETEROCROMATINA CONSTITUTIVA EN LOS CROMOSOMAS DE DOS POBLACIONES AISLADAS DE *ORESTIAS AGASSIZII* (TELEOSTEI: CYPRINODONTIDAE) (Study of the constitutive heterochromatin distribution pattern in the chromosomes of two isolated populations of *Orestias agassizii*).

Araya, C.¹, Fernandez¹, L., Méndez, M.², & Lam, N. Iturra, P.¹.

¹Programa de Genética Humana ICBM, Facultad de Medicina. ²Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile.

(Patrocinante: Patricia Iturra C.).

Financiado por FONDECYT 1080390.

Para Chile se han descrito seis especies del género *Orestias*, todas agrupadas en el complejo *agassizii*. La mayoría de ellas se encuentra circunscrita a una región geográfica particular, solo *Orestias agassizii* presenta la más amplia distribución del complejo. En Chile existen tres poblaciones de esta especie en la Región Tarapacá, una en el salar de Huasco y dos en los ríos Isluga y Collacahua respectivamente. Estudios citogenéticos previos, indican que el número cromosómico para esta especie es de 48 cromosomas.

En este trabajo se estudia la distribución de la heterocromatina constitutiva en los cariotipos de dos poblaciones de *O. agassizii*, del salar de Huasco y río Isluga a través de la tinción fluorescente con CMA₃.

Los resultados indican que en ambas poblaciones la distribución de las regiones heterocromáticas en los cromosomas es diferente, observándose bandas positivas para CMA₃ en los cromosomas de *O. agassizii* procedentes del río Isluga.

Estos antecedentes citogenéticos preliminares, sumados a datos de análisis filogenéticos en curso apoyarán la hipótesis de que estas poblaciones podrían corresponder a dos especies distintas de *Orestias*.

HIBRIDACIÓN GENÓMICA *IN SITU* (GISH) E IMPLICANCIAS DE LOS REORDENAMIENTOS CROMOSÓMICOS EN *TYMPANOCTOMYS BARRERAE* (RODENTIA: OCTODONTIDAE) (Genomic *in situ* hybridization and implications of karyotypic rearrangements in *Tympanoctomys barrerae*, RODENTIA: OCTODONTIDAE).

Suárez, E.Y.; Gallardo, M.H.; Torres, J.E.; Köhler, N. y Mondaca, F.
Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Financiado por Fondecyt 1070217.

Tympanoctomys barrerae (2n=102) es un alotetraploide, posiblemente derivado de *Octomys mimax* (2n=56) y *Pipanoctomys aureus* (2n=92). Este supuesto se puso a prueba mediante GISH, usando sondas de ADN genómico de *O. mimax* y *P. aureus*, hibridizadas sobre placas metafásicas de *T. barrerae*. Los arreglos cromosómicos en *T. barrerae* y *O. mimax*, se estimaron por FISH, usando la sonda pantelomérica. Las zonas ricas en AT y CG de ambas especies se identificaron mediante verde de metilo y cromomicina, respectivamente. El GISH discriminó 30 cromosomas de *T. barrerae* que se derivan de *P. aureus*, 28 de *O. mimax* y 44 con reordenamientos intergenómicos. Los bandeos fluorescentes y el FISH identificaron inversiones pericéntricas y translocaciones Robertsonianas. Las secuencias repetitivas ricas en AT se apreciaron en 16 cromosomas de *O. mimax* y en 50 cromosomas de *T. barrerae*. El cromosoma X de *O. mimax*, es el más grande del cariotipo, siendo además, rico en secuencias AT. Este cromosoma no se observa en el cariotipo de *T. barrerae*, sugiriendo múltiples reordenamientos. Estos arreglos cromosómicos habrían alterado tanto la identidad como los patrones de expresión de los cromosomas X ancestrales de *T. barrerae* y habrían contribuido al desarrollo normal y viabilidad de la especie.

BANDAS C Y CARIOTIPO DE ABALÓN ROJO *HALIOTIS RUFESCENS* (C-bands and karyotype of red abalone *Haliotis rufescens*).

Palma-Rojas¹, C., Encina¹, G. y von Brand², E.
¹Depto. de Biología, Universidad de La Serena.
²Depto. de Biología Marina, Universidad Católica del Norte.

Las especies de abalón cultivadas en Chile corresponden a *Haliotis rufescens* (abalón rojo) y *Haliotis discus hannai* (abalón verde). Entre estas especies se ha detectado la aparición de posibles híbridos. Con el propósito de identificar los híbridos en estados tempranos de desarrollo, se describen y comparan el cariotipo y bandas C de *Haliotis rufescens* con los descritos para *Haliotis discus hannai*. Los cromosomas se obtuvieron por la técnica de goteo desde una suspensión celular de larvas de 24 horas, previamente tratadas con Colchicina y fijadas en Carnoy. Las bandas C se realizaron con la técnica descrita por Summer (1972) y con las mediciones de los cariotipos obtenidos se construyó un carioidiograma.

Haliotis rufescens tiene un cariotipo 2n=36 el cual muestra débiles bandas centroméricas en los pares 1 y 12 y bandas C solo teloméricas en los pares 2, 7, 8, 10 y 11. Estos resultados difieren del patrón de bandas C descrito por Okumura (1995) para *Haliotis discus hannai* el cual muestra bandas C centroméricas en los pares 5, 6, 7, 11 y 15. Estas diferencias podrían ser usadas para identificar los posibles híbridos entre estas especies.

VENTAJAS ADAPTATIVAS DE LA POLIPLOIDÍA: RADIACIÓN Y COLONIZACIÓN DE *TYMPANOCTOMYS BARRERAE* (RODENTIA, OCTODONTIDAE) (Adaptive advantages of polyploidy: radiation and colonization of *Tympanoctomys barrerae* (Rodentia, Octodontidae)).

Núñez, J.J., ²Vargas, R.A., ²Köhler, N., ²Suárez, E. & ²Gallardo, M.H.
¹Instituto de Zoología & ²Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
Financiado por FNC 1070217.

Tympanoctomys barrerae habita salares desérticos y disjuntos de Argentina, distribuidos entre los 30° y 38°S. Su inesperado hallazgo en Chubut (43°S) genera nuevas preguntas sobre su origen y colonización. Se exploraron las relaciones filogenéticas y haplotípicas (Cyt b y COI) de 103 especímenes de seis poblaciones de *T. barrerae* y sus taxa relacionados. El alineamiento se realizó con Mafft 6.0. Los análisis filogenéticos se hicieron con RAXML-HPC 7.0 y MrBayes 3.0. Los índices de variación nucleotídica y test de neutralidad se estimaron con DnaSP 4.0. La tasa de migración y Ne se estimó con Migrate 2.3. El origen genético múltiple se evidenció por la parafilia intra e interespecífica, con alto soporte estadístico. Los análisis filogeográficos evidenciaron expansión del rango y un origen nortino que contrasta con la profunda divergencia entre la población de Chubut y las originales. Estos resultados ejemplifican las ventajas adaptativas de la poliploidía en *T. barrerae*. Asociado a lo anterior, los cambios climáticos cíclicos acaecidos durante el Cenozoico Patagónico habrían modelado la distribución de la especie por la persistencia de bolsones poblacionales relictos. Incidentalmente, la distribución de *T. barrerae* es la más extensa y meridional de los octodóntidos.

AVANCES EN ESTUDIOS CITOGENÉTICOS DE PLANTAS VASCULARES CHILENAS (Advances in cytogenetic studies of Chilean vascular plants).

Jara-Seguel, P., Giovanetti, D. y Valladares, I.
Escuela de Ciencias Ambientales, Universidad Católica de Temuco.

Los estudios citogenéticos representan un paso importante en el conocimiento de la variación genética, filogenia, taxonomía y evolución, así como en el análisis de la estructura, dinámica y diversidad de los genomas. En la actualidad, los datos citogenéticos para especies chilenas son difíciles de obtener dado que se han publicado en una variedad de revistas internacionales y nacionales desde hace seis décadas. Debido al potencial uso y la necesidad de contar con esa información en estudios biosistemáticos, el objetivo del presente trabajo es comunicar una recopilación acerca de los estudios citogenéticos documentados para plantas vasculares chilenas. Se elaboró un listado considerando división, familias, géneros y especies y los datos se presentan gráficamente. Se consideraron números cromosómicos, morfología de cariotipos, valores C, patrones de bandeo e hibridación *in situ*. Para Magnoliophyta, el total de familias examinadas es 18, con 35 géneros y 69 especies. Para Pinophyta, el total de familias es dos, con tres géneros y tres especies, mientras que para Pteridophyta el total es de siete familias, 10 géneros y 19 especies. Las 91 especies examinadas representan, aproximadamente, el 1,74% de la flora vascular de Chile. Los resultados se discuten en base a la potencial utilidad de los datos citogenéticos en estudios evolutivos, siendo también interpretados en relación a niveles de endemismo y cobertura geográfica de los taxa examinados.

ECOLOGÍA V

TRANSPIRACIÓN Y TOLERANCIA A LA SEQUÍA DE CINCO ESPECIES ARBÓREAS DE UN BOSQUE TEMPLADO SIEMPREVERDE (Transpiration and drought tolerance of five trees species of an evergreen temperate forest).

Jiménez-Castillo, M. & Rivera, R.
Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile. Patrocinio: Luis Castañeda.
Agradecimientos: Proyecto Fondecyt 11060404.

Una consecuencia del cambio climático global es la reducción de las precipitaciones y el aumento del periodo seco en el centro sur de Chile. En este escenario, conocer los requerimientos hídricos y la tolerancia a la sequía de especies arbóreas del bosque templado, facilitará la predicción de cambios en la abundancia y distribución de las especies. El objetivo de esta investigación es conocer los requerimientos hídricos y la tolerancia a la sequía de 5 especies del bosque templado del centro sur de Chile. Se cuantificaron las tasas de transpiración (Lt/hr) por medio de pruebas de velocidad de flujo por disipación térmica (TDP), y se estimaron los volúmenes de agua transpirados en condiciones de sequía. Se midieron conductividad xilemática específica (K_s) y foliar (K_L), y se construyeron curvas de vulnerabilidad de hojas para determinar la vulnerabilidad de las especies al estrés hídrico. Los resultados mostraron diferencias significativas en los volúmenes de agua transpirados (E) entre las especies. *Nothofagus dombeyi* fue la especie que mostró mayores volúmenes máximos de transpiración, cercanos a los 80 lt/semana. También presentó mayor tolerancia a la sequía manteniendo cerca del 20 % de su K_L a potenciales foliares (Ψ_L) sobre -3.5 MPa. Por el contrario, *Drymis winteri* fue la especie con mayor K_L ($8 \text{ mmol m}^{-2} \text{ MPa}^{-1} \text{ s}^{-1}$), sin embargo es la especie mas vulnerable a la sequía ya que su K_L se reduce en un 50% a un Ψ_L de solo 0.75 MPa.

LONGEVIDAD FLORAL, RASGO COMPENSATORIO PARA AUMENTAR LA PROBABILIDAD DE POLINIZACIÓN EN *OXALIS COMPACTA* (OXALIDACEAE) EN LOS ANDES DE CHILE CENTRAL (Floral longevity as compensatory trait for increasing pollination probability in *Oxalis compacta* (Oxalidaceae) in the Central Chile Andes).

Domínguez, D.; Arroyo, M.K.; Romero, G.
Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
Agradecimientos: Instituto de Ecología y Biodiversidad ICM P05-002, Proyecto FONDECYT PFB-23, Proyecto FONDECYT 1085013.

La disminución en cantidad y diversidad de polinizadores a través de un gradiente altitudinal es característico de ambientes andinos/alpinos. Hipótesis clásicas como la de "aseguramiento reproductivo" suponen que esta característica actuaría como presión selectiva a favor de la autofecundación. Sin embargo, en los Andes de Chile Central encontramos especies como *Oxalis compacta* (Oxalidaceae) que son autoincompatible. Trabajos en esta área han detectado rasgos que actuarían compensando esta restricción del ambiente, tales como aumento de: el tamaño floral, el despliegue floral y la longevidad floral. Mediante un experimento de campo en una población de *O. compacta* a los 3.100 m.s.n.m. buscamos mostrar cómo la longevidad floral influye en la producción de frutos de esta especie. Se establecieron 4 tratamientos 0, 1, 2, 3 días de exposición a polinización abierta. Para cada tratamiento se marcaron flores, a las que luego se le contaron los frutos. Se observaron diferencias significativas entre los tratamientos, mostrando que la longevidad floral es un rasgo relevante para compensar la disminución del servicio de polinización.

MECANISMOS DE INTERACCIÓN COMPETITIVA Y DOMINANCIA NUMÉRICA EN MITÍLIDOS INTERMAREALES DE CHILE CENTRAL Y CALIFORNIA DEL NORTE Competitive interaction and numeric dominance mechanisms in intertidal mussels of Central Chile and Northern California

Shinen, J.^{1,2}, Navarrete, S.A.¹ & Morgan, S.²
Estación Costera de Investigaciones Marinas & Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity, Pontificia Universidad Católica de Chile. Bodega Marine Laboratory, University of California Davis. jlshinen@bio.puc.cl
Financiamiento: Fondecyt1070335, Fondap-(CASEB)15001-0001

En comunidades intermareales, los mantos de mitílidos ocurren en muchas costas del mundo y frecuentemente constituyen un hábitat favorable para el asentamiento y refugio de muchas especies. Sin embargo, aunque especies de mitílidos coocurren, generalmente solo una domina el espacio, aparentemente excluyendo a otras especies. En este estudio,

comparamos mecanismos proximales de competencia entre especies de mitílidos de Chile central y California del norte, donde las especies dominantes son *Perumytilus purpuratus* y *Mytilus californianus* respectivamente. Evaluamos la hipótesis nula que los mecanismos subyacentes causantes del dominio numérico de especies de choritos son similares entre regiones. Experimentos de laboratorio y terreno permitieron evaluar el rol de explotación, interferencia y comportamiento en el resultado de competencia. Aunque existen diferencias regionales en tamaños corporales y tasas de crecimiento, los mecanismos de interacción causantes del dominio numérico y superioridad competitiva de mitílidos son similares en ambas regiones. Este patrón cambia con la especie invasora *Mytilus galloprovincialis* en California, esta establece insospechados mecanismos de interacción con especies nativas. Se discute acerca del riesgo de la potencial expansión de esta especie invasora, ya presente en Chile.

FUERTE CONTROL DEL LÍMITE INFERIOR DE LA DISTRIBUCIÓN VERTICAL DEL ALGA ROJA *MAZZAELLA LAMINARIOIDES* (BORY) POR PECES HERBÍVOROS EN ZONAS EXPUESTAS AL OLEAJE (Strong control of the lower limit of the vertical distribution of the red algae *Mazzaella laminarioides* (Bory) by herbivorous fish in areas exposed to wave action)

Escobar, J.B.¹; Navarrete, S.A.^{1,2}
¹Estación Costera de Investigaciones Marinas Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity.
Agradecimientos: FONDAP(CASEB) 15001-0001, Fondecyt 1070335

El alga roja corticada, *Mazzaella laminarioides*, abunda en la zona intermareal media de Chile centro-sur. Estudios experimentales han demostrado que moluscos herbívoros no controlan efectivamente esta especie, especialmente donde mariscadores remueven lapas que consumen algas corticadas. Sin embargo, en estas áreas *Mazzaella* presenta un límite inferior de distribución bien definido, abriéndose la pregunta de cuáles son los factores que regulan su distribución inferior. En este trabajo se presentan resultados de experimentos destinados a responder esta interrogante, incluyendo trasplantes de algas y manipulaciones experimentales de herbívoros. Los resultados muestran que: 1) plantas trasplantadas por debajo de su límite inferior sobreviven en presencia de herbívoros bentónicos y ausencia de peces, 2) los peces ejercen una fuerte herbivoría que puede eliminar rápidamente todas las plantas trasplantadas, 3) exclusión de peces desde sectores sin *Mazzaella* y en presencia de herbívoros bentónicos resultó en un aumento de la cobertura del alga en solo 3 meses. Se discute sobre las especies responsables de este control y su variación en relación al tipo de sustrato en el submareal somero.

EFFECTOS DE LA DEGRADACIÓN DEL HÁBITAT SOBRE LA SELECCIÓN MEDIADA POR POLINIZADORES EN *VIOLA PORTALESIA* (GAY) (Effects of human-induced habitat degradation on pollinator-mediated selection in *Viola portalesia*).

Murúa, M., Bustamante, R. & Medel, R.
Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Santiago, Chile
Financiamiento: Anillo PBCT ACT 34/2006

La selección mediada por polinizadores es uno de los principales mecanismos de adaptación y diversificación de las angiospermas. La composición de los ensambles de polinizadores determina la magnitud y dirección de la selección sobre los caracteres florales, por lo que actividades humanas a través de su impacto sobre los ensambles pueden modificar el régimen selectivo sobre las poblaciones. En este estudio se examinan los coeficientes de selección natural sobre rasgos florales de *Viola portalesia* en dos ambientes colindantes y contrastantes (Reserva Nacional Los RUILLES y plantación de *P. radiata*). Los ensambles difirieron en composición y tasas de visita de los polinizadores. Análisis de morfometría geométrica y convencional revelaron diferencias morfológicas significativas entre las poblaciones, y el análisis de selección natural reveló selección significativa solo en el hábitat de pino. Los modelos de causalidad mostraron una estructura importante solo en la población de pino, indicando que los polinizadores fueron un factor determinante en la producción de semillas. Nuestros resultados indican que la intervención humana, a través de su efecto sobre los ensambles de polinizadores, modifica no solo la magnitud sino la estructura causal de la selección mediada por polinizadores sobre el fenotipo floral.

¿HOSPEDERO ÓPTIMO O FIDELIDAD AL HOSPEDERO? PREFERENCIA EN LA OVIPOSTURA DE LA POLILLA DE LA PAPA (Suitable host or host fidelity?) Oviposition preference of the potato tuber moth).

Guerra, PC¹, Gianoli, E¹, Molina, IY², González, K² y E, Yábar².
¹Depto. Botánica-U de C. ²Fac. Ciencias Biológicas-UNSAAC.

La elección de la planta hospedera para la ovipostura de los insectos determina la supervivencia y desempeño de la progenie. Por un lado, se predice que la elección se dirigirá al hospedero más apropiado (optimización del hospedero). Otras hipótesis sostienen que los insectos hembra preferirán como hospederos a las especies de plantas en las que desarrollaron su ciclo biológico (fidelidad al hospedero). Se evaluó en condiciones de laboratorio el desempeño (pupación) y la preferencia (pruebas de olfatometría) de la polilla de la papa *Phthorimaea operculella* (Lepidoptera: Gelechiidae) hacia diferentes variedades de papa (*Solanum tuberosum*). Las larvas de *P. operculella* se desempeñaron mejor en las variedades Peruanita, Mactillo y Huayro, tuvieron un desempeño intermedio en Compis, Blanca, y un desempeño menor en Canchán. Para las pruebas de elección

utilizamos olfatómetros de 4 brazos, en cada brazo colocamos las variedades Peruanita, Compis, Canchán y una variedad blanco, en el centro del olfatómetro colocamos una polilla oviplena (N=20/variedad). En el caso de las variedades Peruanita y Compis, las polillas eligieron sus hospederos de origen. No hubo un patrón definido de elección para las polillas que se desarrollaron en la variedad Canchan. Los resultados sugieren que *P. operculella* muestra fidelidad al hospedero de mejor calidad.

HONESTIDAD DE SEÑALES EN UN SISTEMA PLANTA-POLINIZADOR (Signal honesty in a plant-pollinator system).

Salas, P. & Medel, R.
Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.
Financiamiento: Anillo PBCT ACT 34/2006.

En los sistemas de comunicación planta-polinizador se ha propuesto que la coloración de las flores actuaría como señal indicadora de calidad nutritiva y recompensa permitiendo a los polinizadores tomar decisiones en su comportamiento de forrajeo. La especie *Mimulus luteus* tiene flores amarillas con una mancha roja en el pétalo de aterrizaje, la cual se ha sugerido que actúa como señal indicadora de recompensa para los polinizadores. Se recolectaron semillas de una población ubicada en Juncal (32°51'S, 70°80'O, 2284 msnm) y se cultivaron en invernadero durante 2007-2008 para evaluar las correlaciones fenotípicas y genéticas entre los caracteres involucrados en la emisión de señales y producción de recompensa. En este trabajo presentamos los resultados de la covariación entre el área de la corola y señal, el volumen y concentración de azúcar soluble en el néctar, y el número de granos de polen. Se detectaron correlaciones significativas entre los caracteres, lo que sugiere que la señal floral podría constituir una señal honesta para los polinizadores, indicadora de la recompensa producida en las flores. Trabajo actualmente en curso examina el potencial evolutivo de los caracteres y las eventuales restricciones genéticas a la evolución de la honestidad mediante un diseño genético cuantitativo de medio hermanos y hermanos completos.

SELECCIÓN DIFERENCIAL DE ATRIBUTOS FLORALES EN PLANTAS DE *MADIA CHILENSIS* UBICADAS EN HÁBITATS HÚMEDOS Y SECOS (Differential selection on *Madia chilensis* floral traits of plants occurring in wet and dry habitats).

Suárez, LH¹ & Pérez, F^{1,2}.

¹IEB Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

²Departamento de Ecología, P. Universidad Católica de Chile.

BECA CONICYT.

Las diferencias en el ángulo de incidencia de la radiación solar sobre el terreno afectan patrones y procesos ecológicos en comunidades y poblaciones vegetales en Chile centro-norte. Sin embargo, su efecto sobre la ecología reproductiva de plantas es escasamente conocido. En este estudio mostramos la relación entre la ubicación espacial respecto del ángulo de incidencia de la radiación solar (hábitats húmedos y secos) y la variación floral, y la estructuración espacial de procesos de selección fenotípica de atributos florales (AFL; tamaño y número de cabezuelas) en plantas de *Madia chilensis*. Registramos en campo AFL y producción de semillas en 450 plantas ubicadas en distinta exposición (ecuatorial, EE; polar, EP; fondo de quebrada, FQ). Estimamos los gradientes de selección (método de regresión) en cada exposición. Plantas ubicadas en FQ presentaron más flores y más grandes que las de EP, y estas que las de EE. Solo detectamos selección de AFL en plantas EP. La heterogeneidad espacial puede afectar la ecología reproductiva de plantas herbáceas influyendo la expresión floral y los procesos selectivos. Ello podría originar procesos diferenciales de adaptación local de pequeña escala, en presencia de un flujo génico moderado y cierto grado de heredabilidad de AFL.

**INMUNOLOGÍA -
NEUROCIENCIA**

UMBRALES DE RESPUESTAS AUDITIVAS MESENFÁLICAS EN ANUROS PRIMITIVOS (Thresholds of auditory responses in Primitive Anurans).

Velásquez, N.¹, Penna, M.¹ & Bosch, J.².

¹Programa de Fisiología y Biofísica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid, España.

Agradecimientos: Beca doctoral CONICYT D-21060849, FONDECYT 1040830 y BOS 2003-01413.

Estudios de respuestas conductuales de hembras y machos de anuros a señales acústicas indican una importante correspondencia con los cantos de advertencia coespecíficos. Sin embargo, la producción y procesamiento de las señales dependen también de la carga filogenética. Para entender el compromiso del sistema auditivo en la divergencia de la comunicación acústica en anuros primitivos, se midieron umbrales auditivos multiunitarios en el mesencéfalo de 4 especies de la familia *Discoglossidae* para tonos puros y para cantos de 9 especies de esta familia. La frecuencia central de los audiogramas en el rango de frecuencias de la papila basilar fue 1.483, 1.566, 1.831 y 1.577 Hz para *A. cisternasii*, *A. obstetricans*, *A. dickhilleni* y *D. pictus*, respectivamente. Los umbrales mínimos para estas especies fueron en promedio 48.9, 42.8, 45.6 y 53.0 dB SPL, respectivamente. Los umbrales para los cantos fueron de 45 a 60 dB SPL, siendo tanto las especies de *Alytes* como *Discoglossus* más sensibles a los cantos de *Alytes*. Los resultados muestran que la sintonización entre el receptor y las señales no ha determinado de manera exclusiva la divergencia de los sistemas de comunicación sonora en estas especies, siendo relevantes los eventos filogenéticos en estos procesos.

LA NEURONA OLFATORIA CRIPTADA: EVIDENCIA PARA SU ESTIMULACIÓN POR AMINOÁCIDOS Y AGONISTAS DE LA VÍA DE AMP CÍCLICO (The elusive crypt olfactory receptor neuron: Evidence for its stimulation by amino acids and cAMP pathway agonists)

Vielma, A., Ardiles, A., Delgado L. and Schmachtenberg, O.

Centro de Neurociencia de Valparaíso, Universidad de Valparaíso, Chile.

PBCT-CONICYT proyecto ACT-45, Anillo de Neurociencia Sensorial.

Crypt olfactory receptor neurons (ORNs) are a third type of chemosensory neuron along with ciliated and microvillous ORNs in the olfactory epithelium of fishes, but their functional role is still unknown. To investigate their odorant response properties and possible transduction pathways, we recorded crypt ORN activity with calcium imaging and the patch clamp technique in its cell-attached mode in combination with odorant and agonist stimulation. While bile salts and putative fish pheromones did not elicit responses with either method, the cells frequently responded to amino acids with excitation and intracellular calcium signals. 8Br-cAMP and IBMX plus forskolin stimulated over 40% of crypt ORNs and triggered calcium signals in a similar percentage. Furthermore, crypt ORNs were immunoreactive to an antiserum against adenylyl cyclase III. Together, these data suggest the presence of a cAMP transduction pathway, which might transduce odorants such as amino acids.

LA MALNUTRICIÓN PROTEICA PRENATAL REDUCE LA EXPRESIÓN DE ADRENORRECEPTORES BETA 2 EN LA CORTEZA FRONTAL DE LA RATA (Prenatal protein malnutrition reduces beta 2-adrenoceptor expression in the rat frontal cortex).

Flores, O¹, Soto-Moyano, R¹, Valladares, L¹, Sierralta, W¹, Pérez, H¹, Hernández, A².

¹INTA, Universidad de Chile; ²Laboratorio de Neurobiología, Universidad de Santiago de Chile. Fondecyt 1070028.

La malnutrición proteica prenatal (MPP): (i) genera déficits de potenciación de largo plazo (LTP) y de aprendizaje, y (ii) induce reducciones significativas de la liberación de noradrenalina en la neocorteza de ratas adultas. Dado que noradrenalina central incrementa la LTP vía adrenorreceptores β , en particular del subtipo β_2 , es posible que los déficits de LTP y aprendizaje que presentan los animales malnutridos, no solo se deban a la disminución de noradrenalina endógena, sino también a déficits de expresión de adrenorreceptores β_2 . En la corteza frontal de ratas que fueron sometidas a MPP, se estudió la expresión de adrenorreceptores β_2 mediante técnicas inmunohistoquímicas. Los resultados mostraron que a los 8 y 60 días de edad los niveles de expresión de adrenorreceptores β_2 disminuyeron significativamente respecto a los controles eutróficos. Se sugiere que los

déficits de expresión de adrenorreceptores β_2 en la corteza frontal consecutiva a MPP, contribuirían a las deficiencias cognitivas que presentan los animales malnutridos durante la vida intrauterina.

LA COACTIVACIÓN DE RECEPTORES PRESINÁPTICOS PARA ENDOCANABINOIDES Y ACETILCOLINA REGULAN LA EFICACIA DE LA TRANSMISIÓN INHIBITORIA (The co-activation of presynaptic endocannabinoids and acetylcholine receptors regulates the efficacy of inhibitory transmission).

Fuenzalida¹, M. David Fernández de Sevilla², Washington Buño³

¹Centro de Neurobiología y Plasticidad del Desarrollo, Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias Universidad de Valparaíso. ²Departamento de Anatomía, Histología y Neurociencia, Facultad de Medicina, Universidad Autónoma de Madrid. ³Instituto Cajal, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, España.

Financiamiento: Proyecto Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, Ministerio de Ciencia y Tecnología, España BFU2005-07486. Dr. W. Buño. Proyecto Dirección de investigación Universidad de Valparaíso, DIPUV 46/2007 M. Fuenzalida.

Numerosa evidencia experimental ha demostrado que la asociación entre la actividad pre y postsináptica puede inducir potenciación o depresión a largo plazo (LTP o LTD) en sinapsis excitatorias del SNC. Sin embargo, existe escasa información acerca de cómo se regula la plasticidad a largo plazo de la transmisión inhibitoria GABAérgica y de su interacción funcional con la plasticidad en sinapsis excitatorias. Registrando simultáneamente las corrientes postsinápticas excitatorias (EPSC) e inhibitorias (IPSC) en neuronas piramidales de CA1 de hipocampo, generamos LTP utilizando el protocolo de *Spike Timing Dependent Plasticity* (STDP). Nuestros resultados muestran que el protocolo de STDP induce, simultáneamente, potenciación de las EPSC y depresión las IPSC. La depresión de las IPSC fue acompañada con la disminución de la probabilidad de liberación de GABA. En presencia de bloqueadores de receptores para Glutamato, las neuronas GABAérgicas fueron estimuladas directamente para generar las IPSC. En esta condición, la aplicación de AM251, un antagonista para receptores CB1 para endocannabinoides (eCBs) o atropina, un antagonista de receptores muscarínicos de acetilcolina mACh, bloquean la depresión de las IPSC. Sin estimulación sináptica, la aplicación conjunta de agonistas para receptores CB1 y mACh induce LTD en sinapsis GABAérgicas. Estos resultados muestran un nuevo mecanismo por el cual la activación de neuronas colinérgicas y la señal retrógrada de eCBs actúan cooperativamente, regulando la eficacia de la transmisión GABAérgica y el procesamiento de la información en el hipocampo.

CAMBIOS EN EL ESTADO DE METILACIÓN DEL GEN DE RELINA DURANTE LA PLASTICIDAD SINÁPTICA (Changes in the status of methylation of the gene of reelin during synaptic plasticity).

Lizana, P^{1,2}, Elgueta, C¹, Ewer, J¹, Palacios, A¹, and Muñoz, P^{1,3}.

¹Centro de Neurociencias de Valparaíso. Universidad de Valparaíso, Chile. ²Laboratorio de Antropología Física y Anatomía Humana. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile. ³Centro Regional de Estudios en Alimentos Saludables, CREAS. (Patrocinante: Dr. Tulio Núñez).

Financiamiento: FONDECYT 3080046, Anillo sensorial PBCT ACT 45; FIRCA-NIH R03 TW007171-01 A1.

La plasticidad sináptica (PS), definida como cambios estructurales y funcionales en la sinapsis inducidos por actividad neuronal, es el posible sustrato celular de la memoria. Recientemente fue mostrado que relina (RLN) modula la PS y que mecanismos epigenéticos asociados a cambios en el estado de metilación de secuencias de ADN, regulan su expresión. En este trabajo estudiamos la posible regulación epigenética del gen de RLN durante PS. Utilizando como modelo rebanadas de hipocampo de rata, estimulamos electrofisiológicamente la región de CA3 y registramos en la zona CA1. Encontramos que al aplicar un agente desmetilante (5AZA) se produce una disminución de la potenciación de largo término (LTP) inducida por estimulación tetánica. Por otro lado, usando PCR específico para metilación observamos que, luego de dos horas de inducida la LTP, se observa una pérdida en las metilaciones del gen de RLN comparado con rebanadas no estimuladas. Estos datos sugieren que cambios dinámicos en la metilación del gen de RLN pueden ser necesarios para PS.

IDENTIFICACIÓN DE ALELOS DEL MHC CLASE II MEDIANTE DGGE EN SALMÓNIDOS CULTIVADOS EN CHILE (MHC class II alleles identification by DGGE on salmonids farmed in Chile)

Gómez D, Conejeros P, Marshall S.
Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular.
Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.

Los genes del Complejo Mayor de Histocompatibilidad (MHC) se destacan entre los más polimórficos de la naturaleza. Las moléculas que codifican son las encargadas de presentar péptidos a los linfocitos T con el objetivo de alertar al organismo y desencadenar una respuesta inmune frente a la presencia de agentes extraños. En diversas especies se ha visto que ciertos alelos del MHC son capaces de conferir resistencia a enfermedades, lo cual podría ser utilizado en Chile para proteger los cultivos de salmónidos frente a la variedad de patógenos que los ataca.

Diversos estudios de polimorfismo del MHC se han realizado en salmónidos del hemisferio norte, sin embargo no existía esta información para las poblaciones de trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*) y salmón del Atlántico (*Salmo salar*)

de alto impacto económico en Chile; por lo que hemos decidido caracterizar estos genes mediante la metodología de electroforesis en geles de gradiente denaturante (DGGE). Para ello se amplificó mediante PCR el exón 2 del MHC clase II de peces *Oncorhynchus mykiss* y *Salmo salar*, y se analizó su composición alélica mediante DGGE. Se pudieron observar cerca de 15 alelos en tan solo 30 muestras de cada especie tomadas de un centro de cultivo, con una variabilidad mayor al 5% entre alelos.

NEISSERIA GONORRHOEAE GENERA UNA RESPUESTA INMUNE SUPRESORA EN MACRÓFAGOS DE RATÓN (*Neisseria gonorrhoeae* induces a suppressive immune response on murine macrophages).

Reyes-Cerpa, S, Obreque, J, Rodríguez-Tirado, C, Acuna-Castillo, C, Maisey, K, Imarai, M.
Laboratorio de Inmunología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.
Agradecimientos a Proyecto DICYT USACH 020743IB.

Neisseria gonorrhoeae (Ngo) causa una enfermedad de transmisión sexual llamada gonorrea, caracterizada por generar una respuesta inmune débil y no protectora, sugiriendo la existencia de mecanismos de evasión de la respuesta inmune. En este trabajo caracterizamos un posible efecto inmunosupresor del desafío de Ngo en células efectoras. Para ello, se empleó un modelo *in vitro* co-incubando una línea celular de macrófagos de ratón Balb/c (Raw 264.7) con Ngo y se detectó la internalización de la bacteria mediante citometría de flujo y microscopía confocal utilizando una variante de la bacteria que expresa GFP, además mediante citometría de flujo se determinó en los macrófagos infectados la expresión de TGF- β y de proteínas involucradas en la presentación de antígenos. Como resultado se observa una internalización de la bacteria en macrófagos de ratón y un aumento en la expresión de TGF- β , además se observa una importante modificación en la expresión de la maquinaria de presentación antigénica luego de 24 horas de co-incubación. En conclusión, los resultados sugieren que Ngo al infectar macrófagos de ratón genera una respuesta inmunosupresora caracterizada por un aumento en la expresión de TGF- β y por una modificación en la maduración de las células efectoras. Estos efectos constituirían dos posibles mecanismos de evasión inmune.

CD3E Y CD4-1-LIKE EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*SALMO SALAR*): EXPRESIÓN Y ANÁLISIS ESTRUCTURAL (CD3ε y CD4-1-like in Atlantic salmon (*Salmo salar*): expression and structural analysis).

Maisey, K^{1,2}, Reyes-López, F¹, Rodríguez-Tirado, C¹, Reyes-Cerpa, S¹, Acuna-Castillo, C¹, Imarai, M¹.

¹Laboratorio de Inmunología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

²Macrocap S.A.

Financiado por: INNOVA-CHILE 07CN13 PBT-90 Y DGT-USACH.

En mamíferos, CD3 y CD4 son glicoproteínas de transmembrana características de linfocitos T helper, que participan como correceptores en el reconocimiento de antígenos. En *S. salar* se han identificado transcritos homólogos, denominados CD3 y CD4-1-like.

Por RT-PCR se determinó los niveles relativos de expresión de CD3ε y CD4-1-like en distintos órganos linfoides y no linfoides de *S. salar* y por métodos bioinformáticos se analizaron sus estructuras primaria y terciaria.

El mayor nivel de expresión de CD4-1-like se encontró en el timo, seguido por el bazo, el riñón anterior y agallas. Asimismo la expresión de CD3ε es mayor en el timo que en cualquier otro órgano.

El modelamiento por homología de CD3 y CD4 fue realizado tomando las consideraciones pertinentes para utilizar un molde que guarda poca identidad (<50%) con la secuencia blanco. El modelo obtenido para CD4 presenta una estructura con cuatro dominios tipo inmunoglobulina(D1-D4), una región transmembrana y una cola citoplasmática con un motivo CXC de unión a leukocyte-specific protein tyrosine kinase (LCK). El modelo para CD3 presenta una estructura con un dominio tipo inmunoglobulina y una cola citoplasmática con motivo ITAM.

EVOLUCIÓN III

INTEGRACIÓN FENOTÍPICA: UNA LIMITANTE PARA LA PLASTICIDAD FENOTÍPICA (Phenotypic integration: a constraint for phenotypic plasticity)

Palacio, K., Gianoli, E.

ECOLFUN Depto. Botánica, Universidad de Concepción.

La integración fenotípica (IF) estudia los patrones y la magnitud de la correlación entre caracteres. A escala transgeneracional, se considera que la correlación entre caracteres complica el papel de la selección, restringiendo la evolución de los organismos. La plasticidad fenotípica (PF) es la capacidad de un organismo de expresar diferentes fenotipos ante distintas condiciones ambientales. La PF es una estrategia potencialmente adaptativa al permitir generar variantes fenotípicas que confieran éxito ante la variación ambiental. No se ha evaluado, a escala intrageneracional, si la correlación entre caracteres puede limitar a la PF, en analogía con lo que ocurre con la evolución a escala transgeneracional. Este trabajo evaluó la relación entre la IF y la PF de caracteres morfológicos de *Convolvulus chilensis* en respuesta a la sombra y de caracteres morfológicos y de asignación de biomasa de *Lippia alba* en respuesta a la sequía. Los caracteres analizados presentaron una relación negativa entre el número de correlaciones significativas y la plasticidad ante las condiciones evaluadas. Esto sugiere que la correlación de caracteres podría limitar la expresión plástica de los caracteres individuales. Por lo tanto, la IF, al limitar la PF, podría restringir la adaptación de las plantas a escala intrageneracional.

IMPACTO REPRODUCTIVO DE LA INFECCIÓN SEXO-DEPENDIENTE EN UN INSECTO HEMATÓFAGO (Reproductive impact of sex-dependent infection in a bloodsucking insect).

Botto-Mahan, C., Ossa, C.G., Campos, V.
Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
FONDECYT 2010022, 3050033 y CONICYT PBCT/PSD66.

La influencia de los parásitos en la fecundidad de insectos hospederos ha sido ampliamente estudiada en condiciones naturales y experimentales. La mayoría de los estudios, sin embargo, han evaluado el impacto del parasitismo únicamente sobre los hospederos hembras, sin considerar el impacto de la infección a través del componente masculino sobre la reproducción final del hospedero. En este estudio examinamos la influencia del protozoo *Trypanosoma cruzi* en el éxito reproductivo del hemíptero hematófago *Mepraia spinolai*, usando un diseño experimental que separa la contribución de la infección sobre machos y hembras en la reproducción de este insecto. El parasitismo simultáneo en ambos sexos y solo en hembras no afectó el tamaño de la postura de huevos, su porcentaje de eclosión, y el número de ninfas de estadio I eclosionadas respecto a cruzamientos entre machos y hembras no infectados. Sin embargo, el número de ninfas fue menor en cruzamientos donde solo el macho estaba infectado. Este hallazgo sugiere, en parte, que *T. cruzi* inflige un leve costo reproductivo a *M. spinolai*. Este efecto es independiente del sexo que es infectado, aunque los machos infectados son menos efectivos en fecundar huevos de hembras no infectadas.

EVOLUCIÓN DEL NÚMERO DIPLOIDE EN EL GÉNERO CALOMYS (RODENTIA, SIGMODONTINAE (Evolution of diploid number in the genus Calomys (Rodentia, Sigmodontinae)).

Boric-Barguetto, D., D'Elía, G & Hernández, C.E.
Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.
Financiamiento: Escuela de Graduados, Universidad de Concepción.

Originalmente se postuló que el complemento diploide del género *Calomys* habría evolucionado direccionalmente, a través de fusiones robertsonianas, desde un cariotipo ancestral elevado ($2n=70$) a uno reducido. Posteriormente, estudios filogenéticos basados en evidencia molecular evidenciaron reducciones independientes del número cromosómico en distintos linajes, sugiriendo una vía más compleja de rearrreglos cromosómicos que involucran inversiones pericéntricas y/o fusiones repetidas en tándem. Para evaluar estas hipótesis en el presente estudio utilizamos métodos comparativos filogenéticos mediante una aproximación bayesiana para: evaluar la señal filogenética del complemento cromosómico; reconstruir el $2n$ del ancestro de *Calomys*; y

estimar las tendencias y modo de evolución de este carácter. Se usaron secuencias de 1140pb del gen *cytb* representativas de cada citotipo de 13 especies del género. Los resultados muestran que el carácter presenta señal filogenética. Su evolución ha sido no direccional desde un ancestro con número diploide intermedio ($2n=52$), ocurriendo eventos de aumento y reducción cromosómica. La evolución del carácter ha sido gradual y su variabilidad se explica principalmente por las ramas terminales de la filogenia del género, concordando con una evolución independiente en cada clado.

¿EXISTE ESTRUCTURACIÓN EN LA COMPOSICIÓN DE COLEÓPTEROS EN RELACION A LAS PROVINCIAS BIOGEOGRÁFICAS DEL SUR DE CHILE? (Is there structuration in beetles composition in relation to biogeographic areas from south of Chile?)

Muñoz-Escobar C, Vergara O & Jerez V.
Programa de Doctorado en Sistemática y Biodiversidad, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. Patrocinante: Dr. Cristián E. Hernández.

La entomofauna de Sudamérica austral se caracteriza por presentar un alto grado de endemismo y singularidad biológica. Al respecto, muchas especies de animales y plantas exhiben rangos de distribución estrechos y discontinuos latitudinalmente, que reflejan una historia glacial pleistocénica. Sin embargo, al considerar las provincias biogeográficas descritas para Sudamérica austral, algunos autores señalan que no existirían diferencias en la composición de coleópteros del bosque valdiviano y magallánico. Para esta propuesta, se realizó una revisión bibliográfica para 172 especies de Carabidae y Curculionidae. Con esta información, se confeccionó una matriz de presencia/ausencia de especies y localidades georreferenciadas. Mediante análisis de similitud a través de índice de Jaccard y ordenamientos, se analizaron patrones de riqueza para cada provincia. Los grupos coherentes del espacio multivariado fueron analizados utilizando SIMPROF. Las diferencias de composición específica entre provincias fueron evaluadas con ANOSIM. Para ambas familias se obtuvieron diferencias significativas entre provincias, solo para bosque valdiviano (Carabidae: 37 especies; Curculionidae 9 especies) y magallánico (Carabidae: 38 especies; Curculionidae: 15 especies). Se propone que la ubicación de refugios glaciares, podría explicar la actual riqueza y distribución de carábidos y curculionidos.

¿PUEDEN LOS PARENTALES REDUCIR EL DESEMPEÑO DE LAS SEMILLAS DE LOS HÍBRIDOS? UNA EVALUACIÓN EN ESPECIES DE *PUYA* (Can parental plants impair seed performance of hybrids? An assessment on *Puya* species)

Arredondo-Núñez, A., Rivera-Rei, A.A., Valdivia, C.E.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

La formación y mantención de híbridos es crucial para dar cuenta de evolución reticulada en plantas. La mayoría de los estudios han evaluado los factores intrínsecos (e.g., vigor) que dan cuenta de la mantención de los híbridos en las comunidades. No obstante, se desconoce la importancia de los factores extrínsecos (e.g., interacción parental/híbrido), como mecanismos de denso-dependencia, en el desempeño y mantención de los híbridos. Evaluamos la germinación de semillas de *Puya chilensis*, *P. venusta* y un híbrido entre estas especies provenientes del matorral costero de Zapallar. Utilizando placas Petri y cámaras de germinación, evaluamos la germinación de treinta semillas de *P. chilensis*, *P. venusta*, y el híbrido en presencia de sesenta semillas de cada una de estas taxas más un control, combinados factorialmente. El tiempo total del experimento fue de cuarenta días con fotoperiodo de 12 h luz a 20°C y 12 h oscuridad a 10°C y agua *ad libitum*. La germinación del híbrido fue menor con respecto a los parentales que alcanzaron valores cercanos al cien por ciento. Además, la presencia de los parentales no afectó la germinación del híbrido. Por consiguiente, la mantención de híbridos de *Puya* obedece mayormente a factores intrínsecos más que extrínsecos como son los mecanismos de denso-dependencia negativa.

RESPUESTAS ADAPTATIVAS EN ÁFIDOS ALIMENTADOS SOBRE PLANTAS CON DIFERENTES NIVELES DE DEFENSAS: EVIDENCIAS DE COEVOLUCIÓN? (Adaptive responses in aphid reared on host-plants with different defensive capacities: evidences of co-evolution?)

Cabrera-Brandt, M.¹; Verdugo, J.²; Fuentes-Contreras, E.²; Ramírez, CC.²; Sauge, M-H.³; Lacroze, J-P.³; y Figueroa, CC.¹

¹Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Talca. ³INRA-Avignon, Francia.

Financiamiento: PBCT-Anillos ACT-38 y PBCT-Redes RED-01.

Los áfidos son insectos herbívoros con características biológicas y ecológicas que ofrecen la oportunidad de estudiar mecanismos involucrados en la interacción planta-insecto. *Myzus persicae* (Sulzer) es un áfido generalista capaz de alimentarse sobre plantas con diferentes niveles y mecanismos de resistencia a su ataque. Si la adaptación de los áfidos a sus plantas hospederas depende del genotipo del áfido, de la planta o de una interacción entre ambos, diferentes genotipos de *M. persicae* fueron estudiados en

cuanto a su desempeño biológico (sobrevivencia, fecundidad y tasa de crecimiento per cápita) sobre plantas susceptibles (*Prunus persica*) y resistentes (*P. davidiana*) a su ataque, encontrándose diferencias genotípicas cuando se alimentan sobre plantas resistentes. Con estos resultados, se escogieron dos genotipos contrastantes para relacionar su desempeño con patrones de conducta alimentaria (salivación y alimentación floemática) mediante gráficos de electropenetrancia (EPG). Los EPG variaron en función de la planta hospedera (resistente o susceptible), sugiriendo que la respuesta adaptativa de estos insectos frente a sus plantas hospederas sería el resultado de interacciones recíprocas mediadas por la selección natural.

EFECTOS DE LA PÉRDIDA DE HÁBITAT NATIVO SOBRE LA ESTRUCTURA DE REDES MUTUALISTAS POLINIZADOR-PLANTA (Effects of habitat loss on the structure of plant-pollinator networks).

Medel, R., Cuartas, M., Rivera, A. & Bahamondes, A. & Bustamante, R.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Santiago, Chile.

Financiamiento: Anillo PBCT ACT 34/2006.

Describimos la estructura de dos redes bipartitas de interacción mutualista de polinización en un contexto de pérdida de hábitat nativo. El sistema de estudio consiste en ambientes contrastantes compuestos por un bosque nativo ubicado en la Reserva Nacional Los Ruyiles (VII Región) y un hábitat modificado con plantaciones de *Pinus radiata*, distante 3.5 km del bosque nativo. Cuantificamos interacciones de polinización mediante observación directa y análisis de rarefacción durante 8 meses consecutivos en el año 2007. Los resultados revelaron que la pérdida de hábitat nativo conlleva una pérdida de un 30% de especies de polinizadores, de un 35% de especies de plantas y de un 46% del total de interacciones polinizador-planta. Asimismo, el número promedio de plantas visitada por cada especie polinizador y el número promedio de polinizadores que visitaron cada especie de planta se redujeron en un 22% y 17%, respectivamente. Ambas redes se ajustaron a una distribución de poder truncada, cuyos exponentes revelaron diferencias importantes en los niveles de especialización entre los ambientes. Las interacciones fueron globalmente más especializadas en el hábitat de *Pinus radiata* que en el bosque nativo, probablemente como consecuencia incidental de la pérdida de especies interactuantes y al efecto de restricciones evolutivas al uso de recursos alternativos. Globalmente, los resultados topológicos indican una clara desintegración de la red bipartita en ambientes modificados, lo cual ocurre no solo por la pérdida de especies individuales sino por una ausencia de reorganización de las especies remanentes en nuevas interacciones.

MICRO Y MACROMUTACIONISMO ADAPTATIVO: UNA COMPARACIÓN DE LAS PREDICCIONES DE FISHER, KIMURA Y ORR DEL TAMAÑO DE LOS PASOS EVOLUTIVOS DE LA ADAPTACIÓN (Adaptive micro and macromutationism: a comparison of Fisher, Kimura and Orr predictions of the evolutionary steps size of adaptation)

Razeto-Barry, P.^{1,2} Díaz, J.¹ & Vásquez, R.A.²

¹Instituto de Filosofía y Ciencias de la Complejidad, IFICC, Santiago, Chile, ²Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Patrocinio: Rodrigo A. Vásquez.
(ICM-P05-002, PFB-23, IFICC)

El modelo geométrico de Fisher representa el cambio evolutivo de las poblaciones en un espacio cartesiano multidimensional cuyos ejes representan el valor de los rasgos de los organismos de una población, y los desplazamientos en el tiempo representan pasos adaptativos. Basándose en este modelo y en diferentes supuestos, Fisher, Kimura y Orr predicen, respectivamente, que los factores principales que contribuyen a la adaptación son las micro, meso y macromutaciones. Sin embargo, pese a que se trata básicamente del mismo modelo, no existe un método sistemático para comparar estas predicciones o de cuantificar el grado de micro o macromutacionismo de las caminatas adaptativas. Los métodos estándar en la comparación de procesos estocásticos –la distribución de probabilidades y la esperanza estadística– no son buenas aproximaciones, dado que, tanto la distribución de Fisher como la de Orr, son exponenciales y tienen valores de esperanza similares. La dificultad en la comparación de estos modelos radica en que el proceso adaptativo es un proceso no ergódico. Nosotros proponemos una forma de comparar las tres predicciones a partir de un índice que evalúa el grado de micromutacionismo de una caminata adaptativa y que evade el problema de la no ergodicidad al comparar las caminatas según el número de pasos dados. Esto también revela que el grado de micro o macromutacionismo propio de un proceso adaptativo dependerá del grado de variabilidad ambiental a gran escala de tiempo.



PANELES I

MICROBIOLOGÍA

1. CARACTERIZACIÓN MEDIANTE MICROSCOPIA ELECTRÓNICA DE LAS FIBRAS AMILOIDE PRODUCIDAS POR LA MICROCINA E492 (Characterization of microcin E492 amyloid fibrils by electron microscopy).

Mercado, G.¹, Martín-Benito, J.², Valpuesta, JM.² y Lagos, R.¹

Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Universidad de Chile, Chile. Centro Nacional de Biotecnología, CSIC Madrid, España.

FONDECYT 1061128 y 7080177, becaria CONICYT (GM).

La microcina E492 es un péptido antibiótico de 84 aminoácidos, cuya actividad se encuentra modulada por la formación de fibras amiloide y por modificación postraduccional. En la modificación postraduccional participan los productos de los genes de maduración (*mceCIJ*) propios del sistema de la microcina. Al sobreexpresar estos genes aumenta la actividad bactericida del péptido y disminuye su capacidad de formar fibras amiloide. Mutantes en estos genes producen un péptido sin actividad bactericida y con mayor tendencia a formar fibras. Para determinar una relación entre la agregación y el grado de modificación postraduccional, se purificó microcina desde cepas que sobreexpresan los genes de la maduración, cepas mutantes en estos genes o que sobreexpresan el gen estructural de la microcina. Se determinó por espectrometría de masas que existe un aumento en el grado de modificación al aumentar la expresión de los genes de maduración, en tanto que las mutantes no produjeron microcina modificada. Se caracterizaron por microscopía electrónica las fibras amiloide, y se determinó que las fibras producidas por todas las cepas eran similares en forma y dimensiones. La mayoría de las fibras producidas fueron helicoidales, con una baja proporción de fibras planas simples y dobles. Los promedios bidimensionales de las fibras helicoidales fueron de 500Å de paso y 140Å de ancho, mientras para las planas 70Å y 135Å de ancho.

2. CLONAMIENTO DEL GEN *CRTR* QUE CODIFICA UNA CITOCROMO P450 REDUCTASA (CPR) Y SU PARTICIPACIÓN EN LA BIOSÍNTESIS DE ASTAXANTINA DE *XANTHOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS* (cloning of the *crtr* gene encoding a cytochrome p450 reductase and its involvement in the astaxanthin biosynthetic pathway of *xanthophyllomyces dendrorhous*).

Alcaíno, J.; Barahona, S.; Carmona, M.; Lozano, C.; Marcoleta, A.; Niklitschek, M.; Sepúlveda, D.; Baeza, M. y Cifuentes, V.

Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

En la formación de astaxantina a partir de beta-caroteno en la levadura *Xanthophyllomyces dendrorhous* participa una sola enzima astaxantina sintasa que es una citocromo

P450 monooxigenasa (gen *crts*). Estas enzimas requieren de una citocromo P450 reductasa (CPR) como donador de electrones. En este trabajo se aisló y caracterizó por primera vez al gen de una CPR (*crtr*) de *X. dendrorhous*. Se determinó su organización estructural y su ubicación en el cariotipo electroforético de la levadura.

Conjuntamente, se demostró su funcionalidad mediante experimentos de transformación de *X. dendrorhous*, obteniéndose dos mutantes (CBSTr y T13) por reemplazo de una porción del gen *crtr* por un módulo de resistencia a higromicina B. CBSTr forma colonias amarillas, ya que no puede producir astaxantina y acumula beta-caroteno y T13 forma colonias pálidas, debido a que produce menos astaxantina y más beta-caroteno en relación a su cepa parental. Estos resultados permitieron determinar que el producto génico de *crtr* es esencial para la biosíntesis de astaxantina de *X. dendrorhous*.

Adicionalmente, se estudió la expresión génica de los genes *crts* y *crtr* (a nivel de RNA) a lo largo de la curva de crecimiento de la levadura silvestre y se observó que su patrón de expresión es distinto, por lo que probablemente su regulación también es diferente.

3. POLIMORFISMO DE VIRUS DE DSRNA EN CEPAS DE *XANTHOPHYLLOMYCES DENDRORHOUS* (dsRNA viral polymorphism in *Xanthophyllomyces dendrorhous* strains).

Sanhueza M., Flores O., Oviedo V., Cifuentes V., Baeza M.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Fondecyt 11060157.

La mayoría de las cepas de *Xanthophyllomyces dendrorhous*, levadura carotenogénica de interés biotecnológico, portan virus de RNA de doble hebra (dsRNA) de identidad y función desconocida. En este trabajo se optimizó un método de extracción de RNA para determinar el contenido de dsRNAs de cepas de *X. dendrorhous* representativas de varios orígenes geográficos. Además se analizó su similitud nucleotídica en experimentos de hibridación de los dsRNAs con sondas radiactivas (Dot-Blot) sintetizadas desde los genomas virales mediante transcripción reversa utilizando hexanucleótidos aleatorios. De acuerdo al tamaño, se encontraron 5 tipos de moléculas de dsRNA: L, M₁, M₂, S₁ y S₂ de 4,8, 3,7, 1,2, 0,9 y 0,7 kb respectivamente. Según el contenido de dsRNAs las cepas de *X. dendrorhous* se agrupan en: I) L, M₁, S₁ y S₂; II) L y M₂; III) L; IV) M₁; y V), sin dsRNAs. En los experimentos de Dot-Blot se observó hibridación entre virus del mismo tamaño de cepas del mismo grupo, no así entre grupos distintos. Además M₂ hibridó tanto con L del grupo I y III, y con M₁. Se observó también hibridación entre L y M pertenecientes al mismo huésped en cepas del grupo I. Estos resultados muestran una alta variabilidad de los virus dsRNA presentes en cepas de *X. dendrorhous* con distintos orígenes geográficos y además de la existencia dos sistemas virales distintos en una misma célula.

4. ESTUDIO DE LA FRACCIÓN MICROBIOLÓGICA PRESENTE EN EL MATERIAL PARTICULADO PROVENIENTE DE LA CONTAMINACIÓN ATMOSFÉRICA DE SANTIAGO (Study of the microbiological fraction presents in atmospheric particulate material in Santiago).

Barahona, S., Morales, R. y Cifuentes, V.
Centro de Biotecnología, Centro de Química Ambiental. Facultad de Ciencias. Universidad de Chile.

La contaminación atmosférica constituye uno de los principales problemas ambientales de Santiago. Su atmósfera se presenta como un ininteligible y complejo reactor químico y microbiológico, en donde múltiples reacciones tienen lugar. Este problema es relevante debido a su magnitud e impacto negativo que genera en la salud de la población expuesta.

Este trabajo estudia la presencia de microorganismos en el material particulado de la contaminación atmosférica y su relación con enfermedades respiratorias en los periodos de mayor concentración de contaminantes. Para esto se tomaron muestras de la contaminación atmosférica en la comuna de Pudahuel en intervalos de 7 días por impactación en 7 cortes entre $18\mu\text{m}$ y $0.093\mu\text{m}$ en filtros de esteres/celulosa de $0.45\mu\text{m}$, los cuales fueron sembrados en medio sólido e incubados 16 horas a 37°C . Con una fracción de los filtros se elaboró una metodología de detección de microorganismos mediante PCR, en primera instancia levaduras. Posteriormente se realizó un recuento de hongos y bacterias, las cuales se identificaron mediante secuenciación de la región ITS1-5.8S rRNA-ITS2 y 16S rRNA respectivamente. Para la detección de virus se utilizó Kits de inmunocromatografía.

Nuestros resultados permitirían proponer por primera vez un modelo de detección de microorganismos en el material particulado de la contaminación atmosférica de Santiago.

5. PARTICIPACIÓN DE EXBB Y DOMINIOS DE TONB EN LA ACTIVIDAD BACTERICIDA DE LA MICROCINA E492 (Participation of ExbB and TonB domains in the bactericidal activity of microcin E492).

Flores, J¹., Muñoz, D¹., González, B¹., Monasterio, O¹ y Lagos, R¹.

¹Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Financiamiento: FONDECYT 1061128.

La microcina E492 (MccE492) es una bacteriocina formadora de canales de iones en la membrana citoplasmática de células sensibles. Su mecanismo de acción involucra la translocación al periplasma mediante el reconocimiento de los receptores de sideróforos tipo catecol FepA, Fiu y Cir. La actividad bactericida de la MccE492 es un proceso TonB-dependiente, siendo fundamental la presencia de TonB para la translocación al periplasma y para la actividad en la membrana citoplasmática. Se estudió el rol del dominio C-terminal de TonB mediante la creación de una proteína TonB trunca (TonB Δ 109-239). Los resultados indican que la MccE492 no presenta actividad bactericida en células con

la proteína TonB trunca ni tampoco cuando la membrana externa ha sido permeabilizada (esferoplastos). Además, se estudió la importancia de la proteína ExbB (componente del sistema TonB) tanto en el mecanismo bactericida como en el de inmunidad a la MccE492. La mutante ExbB⁻ es parcialmente sensible a la MccE492, pero inmune al expresar la proteína de la inmunidad. Esferoplastos de estas células expresando la proteína de la inmunidad también son inmunes, indicando que ExbB es necesaria solo en la translocación de la MccE492 al periplasma y no participa en el mecanismo de inmunidad.

6. IMPORTANCIA EN LA ACTIVIDAD BACTERICIDA Y MODIFICACIÓN POST-TRADUCCIONAL DEL MOTIVO GS DEL C-TERMINAL DE LA MICROCINA E492 (Importance on the bactericidal activity and post-traslational modification of the GS motif at the C-terminus of microcin E492).

Leiva, M.¹, Arias, J.¹, Monasterio, O.¹ y Lagos, R.¹
¹Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Financiamiento: Fondecyt 1061128.

La microcina E492 (MccE492) es una bacteriocina formadora de poros que es modificada posttraduccionally en la serina-84 por los productos de los genes *mceCIJ*. Mutantes en dichos genes producen microcina inactiva y no modificada. Alineamientos entre la MccE492 y otras microcinas relacionadas muestran una gran identidad en el C-terminal, conservándose los dos últimos aminoácidos (G83-S84). Para determinar la importancia del motivo GS en la modificación posttraduccionally y la actividad bactericida, se construyeron tres mutantes: una sin el motivo G83-S84 (Δ 83-84); una sin los motivos G81-S82 y G83-S84 (Δ 81-84); y una sobre la mutante Δ 83-84, generando el cambio G81S. Solo la mutante Δ 83-84 presentó actividad bactericida sobre una cepa sensible, comparable a la MccE492 silvestre. Las mutantes Δ 81-84 y G81S solo presentaron actividad sobre células cuya membrana externa ha sido permeabilizada, indicando que estos residuos son importantes en la translocación al periplasma. Mediante espectrometría de masas se observó modificación posttraduccionally solo en la microcina Δ 83-84. Se concluyó que se requiere la presencia de al menos uno de los motivos GS en el C-terminal de la MccE492 para mantener la actividad bactericida y la modificación posttraduccionally.

7. CEPAS DE *H. PYLORI* AISLADAS DE PACIENTES CHILENOS PRESENTAN DIFERENCIAS EN LA ZONA DE FOSFORILACION DEL GEN CAGA (*H. pylori* strains isolated from Chilean patients present differences in the phosphorylation region of the *cagA* gene).

Díaz R¹., Lienlaf M¹., Harris P²., Villagrán A²., Bruce E¹., Venegas A¹.

¹Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica, ²Unidad de Gastroenterología Pediátrica, Facultad de Medicina, P. Universidad Católica.

Financiamiento: Fondecyt #1085232, Consorcio BioMedicina.

H. pylori es un patógeno que infecta el estómago del 73% de la población chilena y se asocia con la aparición tardía de cáncer gástrico. Un factor de virulencia involucrado es la proteína CagA que es transferida a células epiteliales vía sistema de secreción tipo IV, y luego fosforilada por quinasas celulares tipo Src. CagA fosforilada interfiere en diferentes vías de señalización intracelular alterando procesos como proliferación, apoptosis, la estructura de las "tight junctions" y morfología celular, induciendo el desarrollo de cáncer gástrico. Se ha demostrado que las cepas más virulentas tienen mayor número de motivos fosforilables en CagA (EPIYA), los que varían entre 1-5. Con el fin de caracterizar el tipo de cepas presentes en poblaciones autóctonas y evaluar posible correlación con frecuencia de cáncer gástrico se analizó el gen *cagA* en cepas de pacientes mapuches y aimaras. Se caracterizó la región fosforilable mediante PCR y secuenciación, encontrándose bajo número de EPIYAS y variaciones en su secuencia nucleotídica. Estos resultados se contraponen con la mayor frecuencia de cáncer gástrico descrita en la población mapuche.

8. CONSTRUCCIÓN Y EXPRESION DE MITADES DEL GEN *TBPB* DE *NEISSERIA MENINGITIDIS* EN *E. COLI* PARA OPTIMIZAR SU USO COMO ANTÍGENO (Construction and expression of *Neisseria meningitidis* *tbpB* gene halves in *E. coli* to optimize its use as antigen).

Melo F., Yarur H., Contreras O., Bruce E., Venegas A. Laboratorio de Patogénesis Microbiana y Vacunas, Facultad de Ciencias Biológicas, P. Universidad Católica de Chile.

Neisseria meningitidis es uno de los agentes causales de meningitis, particularmente el grupo B en Chile. La meningitis afecta seriamente a niños dejando secuelas. En estudios previos hemos descrito que TbpB (proteína de unión a transferrina de esta bacteria) es antigénica al expresarla en una vacuna oral atenuada, induciendo anticuerpos bactericidas en ratones vacunados. El gran tamaño de TbpB (86kDa) dificulta obtener buenos niveles de expresión, afectando la respuesta. Para optimizarla nos hemos enfocado en subclonamiento y expresión de mitades del gen. Este contiene un sitio Sal I que origina 2 fragmentos (1.3kb y

0.9kb). El primero, que codifica el segmento N-terminal y contiene residuos involucrados en unión de transferrina, ha sido subclonado y secuenciado, mostrando expresión mejorada en *E. coli*. El segundo, (región C-terminal de TbpB) fue modificado en su extremo 5' vía PCR, incorporando un péptido señal y una cisteína inicial en el producto maduro para preservar el sistema de anclaje a membrana externa. No obstante, no se ha obtenido expresión. Aunque no se detectó efecto detrimental en el crecimiento bacteriano es probable que la región inicial de esta construcción afecte los niveles de expresión.

9. ESTUDIO DE LA EFICIENCIA DE LA TRADUCCIÓN DE LAS CEPAS VR-299 Y AB DE IPNV (Translation Efficiency of 5'UTR Regions of Strains VR299 and Ab of Infectious Necrotic Pancreatic Virus).

Díaz-Briceño A., Sandino A.M.

Laboratorio Virología, USACH.

Financiado por Proyecto 07CN13PBT-90 INNOVA CHILE.

El inicio de la traducción de algunos virus está mediado por un Sitio Interno de Entrada al Ribosoma (IRES) que se encuentra en su región 5'UTR, cuya actividad depende de su estructura tridimensional, y en última instancia, de su secuencia nucleotídica. Mutaciones puntuales del IRES disminuyen o aumentan la eficiencia de la traducción, por lo tanto, la virulencia. Estudios de traducción *in vitro* y *ex vivo* de los segmentos A y B de IPNV demuestran que la traducción es mediada por IRES. De las cepas de IPNV, VR-299 es la virulenta presente en el país, y la Ab una atenuada. Basándose en estos antecedentes se propuso que la diferente virulencia entre las cepas de IPNV podría estar determinada por la actividad de sus IRES. Para comprobarlo se diseñaron partidores degenerados para amplificar los primeros 540pb y así obtener la secuencia de los IRES de cada cepa. Luego se diseñaron partidores específicos para amplificar por RT-PCR los IRES virales, para luego clonarlos en el vector pGL3-BasicDualLuc. Los vectores se utilizarán para transformar células CHSE-214 con el fin de analizar la actividad de los IRES midiendo la expresión del gen reportero luciferasa. Esto permitirá evaluar la eficiencia de traducción de los IRES de cada segmento y de cada cepa en particular, con el fin de relacionarla con la patogenicidad.

10. CARACTERIZACIÓN DEL GEN QUE CODIFICA PARA LA HEMAGLUTININA, DE AISLADOS CHILENOS DEL VIRUS DE LA ANEMIA INFECCIOSA DEL SALMÓN (ISAV) (Characterization of the Infectious Salmon Anaemia Virus Genomic Segment That Encodes the Hemagglutinin in Chilean isolates).

Vallejos, E., Castro Nallar, E., Castillo, M. Spencer, E. Laboratorio de Virología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Infectious salmon anaemia (ISA) es una enfermedad infecciosa del salmón del Atlántico (*Salmo salar*). Hasta la fecha, la enfermedad se ha descrito en salmones en Canadá, Escocia, Estados Unidos, Islas Faroe y Chile. ISAV está clasificado en el género *Orthomixoviridae*, género *Isavirus*. Los virus de este género están compuestos por partículas envueltas de 90-140nm de diámetro, con proyecciones en forma de hongo de 13-15nm de largo, que consiste en una proteína con actividad de unión al receptor celular y actividad RDA, la que se ha designado como Hemagglutinina esterasa (HE).

El genoma está compuesto por 8 segmentos lineales de RNA de hebra simple, polaridad negativa, entre 1 y 2,4 kb, los que codifican para un total de 11 proteínas. El gen 6, codifica para la Hemoagglutinina, y se caracteriza por tener dominios de alta variabilidad.

Alineamiento de la secuencia aminoacídica y nucleotídica de hemoagglutinina de diferentes de los aislados chilenos de ISAV, muestran la presencia de una región altamente polimórfica, llamada HPR en el extremo C-terminal de la proteína, esto permitirá establecer el origen del actual brote y su relación con alguno de los dos subtipos de la hemoagglutinina.

11. MICOVIRUS DE RNA DE DOBLE HEBRA E HIPOVIRULENCIA EN *BOTRYTIS CINEREA* (Double-stranded RNA mycoviruses and hypovirulence in *Botrytis cinerea*).

Rincón, R., Reuquén, P. y Castillo, A. Laboratorio de Virología de Hongos, Departamento de Biología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. Financiado por DICYT-USACH. E-mail: acastill33@gmail.com

Botrytis cinerea CCg11-2 posee 11 tipos de moléculas de RNA de doble hebra (dsRNA) que se encuentran asociadas a partículas virales. Dicha cepa fúngica presenta rasgos fenotípicos de hipovirulencia. Para intentar curar de algunas moléculas de dsRNAs y determinar el efecto de dicha curación sobre el grado de virulencia de las cepas curadas, se prepararon cultivos monospóricos a los cuales se les analizó su contenido de dsRNAs, se les determinó actividad enzimática de lacasa y se ensayó su grado de virulencia sobre hojas de plantas susceptibles a la infección por *B. cinerea*. A partir de estos cultivos, se obtuvieron 12 clones que presentaron algunas diferencias en el patrón electroforético de dsRNAs comparados con el de la cepa original. Además, el aspecto del micelio de los clones curados, fue visiblemente

diferente al de *B. cinerea* CCg11-2. Finalmente, los clones fúngicos obtenidos a partir de cultivos monospóricos presentaron diferencias en la actividad enzimática de lacasa y en el grado de invasividad sobre hojas de plantas susceptibles, comparados con la cepa original y con una cepa hipervirulenta carente de micovirus.

12. ANÁLISIS DE COMUNIDADES BACTERIANAS EN PERIODONTITIS CRÓNICA Y AGRESIVA MEDIANTE PCR Y ELECTROFORESIS EN GEL DE GRADIENTE DENATURANTE (Bacterial community análisis in chronic and aggressive periodontitis by PCR and denaturing gradient gel electrophoresis).

Maturana, C.¹, Morales, I.¹, Urzúa B.¹, Vidal, R.² Facultades de ¹Odontología y ²Medicina, U. de Chile.

La periodontitis es una patología destructiva de los tejidos de sostén del diente, siendo sus formas crónica y agresiva sus manifestaciones más características. El inicio y avance de la enfermedad se ha asociado a la presencia de comunidades bacterianas subgingivales, cuyo estudio debe ser abordado con metodologías moleculares independientes del cultivo microbiano. La diversidad de las comunidades bacterianas provenientes de pacientes con periodontitis crónica, periodontitis agresiva y controles sanos fue estudiada mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y electroforesis en gel de gradiente denaturante (DGGE), usando como blanco del examen el gen *rrsH*, que codifica el RNA ribosomal 16S (16SrRNA). Los patrones de bandeo obtenidos mostraron una tendencia a asociar las condiciones patológicas con una mayor diversidad de las comunidades bacterianas de los sitios analizados. La metodología de estudio empleada se propone como un complemento para el diagnóstico y la evaluación de la terapia periodontal.

13. IMPORTANCIA DEL AMINOÁCIDO 16 DE TONB EN EL MECANISMO DE ACCIÓN DE LA MICROCINA E492 Y EN SU INMUNIDAD.

García, V., Tello, M., Baeza, M., Monasterio, O., Lagos, R.

Laboratorio de Biología Estructural y Molecular, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Fondecyt 1061128.

La microcina E492 es una bacteriocina producida por *Klebsiella pneumoniae* RYC492 y activa sobre cepas de *Enterobacteriaceae*. Su mecanismo de acción requiere del reconocimiento en la membrana externa de la célula sensible por los receptores FepA, Fiu y Cir, y de la proteína TonB para ejercer su acción tóxica en la membrana citoplasmática de la bacteria sensible. La proteína TonB esta involucrada en la transducción de energía desde la membrana citoplasmática a la membrana externa de la bacteria. La mutación TonB S16L afecta la actividad del sistema transductor de energía TonB dependiente y por otro lado la sensibilidad a la acción bactericida de la microcina se ve notablemente disminuida. Células mutantes TonB S16L cuya membrana externa ha sido permeabilizada mediante un tratamiento para hacer esferoplastos son parcialmente sensibles a la actividad bactericida de la microcina E492, indicando que esta mutación afecta la etapa de translocación de la microcina a través de los receptores TonB dependiente. La célula productora de microcina se protege de la acción de la microcina mediante la proteína de inmunidad MceB, proteína que se ubica en la membrana citoplasmática de la bacteria productora. Se determinó que esferoplastos preparados a partir de mutante TonBS16L y que expresan la proteína de la inmunidad son sensibles a la acción de la microcina E492, indicando el aminoácido 16, ubicado en el segmento transmembrana de TonB, es esencial para el mecanismo de inmunidad de la microcina. Finalmente, una mutante de TonB que solo contiene el segmento transmembrana (TonB Δ 43-239) es resistente a la microcina E492, incluso en células permeabilizadas en la membrana externa, indicando que para la actividad de la microcina se requiere el C-terminal de TonB además del segmento transmembrana de la proteína TonB. Estos resultados en su conjunto sugieren que para la acción bactericida de la microcina se requiere de una proteína TonB funcional.

ECOLOGÍA

14. MIGRACIÓN DE COCCINÉLIDOS EN ALFALFALES RODEADOS POR DISTINTOS BORDES (Migration of coccinellids to alfalfa fields surrounded by different borders).

Torres, C.¹, Grez, A.¹, Zaviezo, T.²

¹Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, ²Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, P. Universidad Católica de Chile. FONDECYT 1070412.

La migración de enemigos naturales hacia y desde los cultivos influye sobre la dinámica y regulación de insectos herbívoros, pero ello puede depender del hábitat de borde. En este trabajo evaluamos la secuencia temporal en la abundancia y riqueza de especies de coccinélidos inmigrando y emigrando a cultivos de alfalfa rodeados por 5 tipos de borde (dos réplicas): eucaliptus, acacios con zarzamora, viñas, maíz y cultivos bajos. Tres trampas pegajosas bidireccionales de 3 m de altura, con 1.5 m² de superficie de colecta por lado, fueron instaladas en cada uno de los bordes entre septiembre y mayo. Se colectaron 90.396 individuos de 13 especies. Ni la abundancia total ni la riqueza de especies fue afectada significativamente por el tipo de borde, sin embargo, *Psyllobora picta* fue más abundante en alfalfales rodeados por eucaliptus y acacios, *Cycloneda sanguinea* en aquellos rodeados por acacios en tanto *Adalia deficiens* fue menos abundante en alfalfales rodeados por cultivos bajos. *Hyperaspis sphaeridioides* lo fue en alfalfales rodeados por viñas, pero solo al considerar los individuos inmigrando. Cada especie presentó una secuencia temporal particular. Estos resultados muestran que la sensibilidad al tipo de borde es especie-específica, aspecto que debe ser considerado en el manejo de paisajes agrícolas para el control de plagas.

15. DIMORFISMO SEXUAL EN CEROGLOSSUS CHILENSIS (COLEOPTERA, CARABIDAE). VARIACIÓN POBLACIONAL DE LA FORMA CORPORAL (Sexual dimorphism in *Ceroglossus chilensis* (Coleoptera, Carabidae). Population variation of body shape.

Benítez de la Fuente, H.; Vidal, M.; Jerez, V.; Briones, R.

Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción.

Patrocinio: Dr. Juan Carlos Ortiz.

Ceroglossus chilensis, especie ampliamente distribuida en Chile, presenta poblaciones asociadas a formaciones boscosas nativas y exóticas en sectores costeros, preandinos y de la cordillera de la Costa. En estos insectos, machos y hembras presentan variaciones del tamaño corporal cuantificables con métodos morfométricos tradicionales. Sin embargo, diferencias en la forma corporal intersexo no han sido evaluadas a pesar de ser un carácter geográficamente variable. Entre diciembre-2004 y enero-2005, se recolectaron 53 machos y 63 hembras en dos plantaciones de *Pinus radiata* ubicadas en cordillera de la Costa (37°10'S-72°57'W) y precordillera andina (36°37'S-71°50'W). Se construyó una matriz fotográfica para 17 hitos morfológicos homólogos, que posteriormente fueron digitalizados. Para determinar diferencias en la forma corporal entre sexos, se realizó un análisis multivariado de varianza utilizando sexo y localidad como factores. Se encontraron diferencias significativas para sexo y localidad. En relación al dimorfismo sexual, los hitos informativos se encontraron para el pronoto (machos) y esternitos abdominales (hembras). El abdomen de hembras y machos en la cordillera de la Costa es más alargado y engrosado que los individuos de la precordillera andina. Estas diferencias intersexuales, plantean la interrogante de cómo el dimorfismo sexual puede modularse geográficamente como resultado de selección natural.

16. VARIABILIDAD ESPACIO-TEMPORAL DE COLEÓPTEROS AFIDÓFAGOS Y ÁFIDOS EN UN GRADIENTE BORDE-INTERIOR EN CULTIVOS DE ALFALFA (Spatio-temporal variability of aphidophagous beetles and aphids along an edge-interior gradient in alfalfa crops).

Ramírez, M.¹, Grez, A.A.¹, Escanilla, V.¹ & Zaviezo, T.²
¹Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, ²Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, P. Universidad Católica de Chile. FONDECYT 1070412.

Los bordes que rodean cultivos pueden ofrecer refugio o recursos para los enemigos naturales de plagas. Por ello, es esperable que ellos se agreguen y sean más abundantes cerca de los bordes que hacia el interior del cultivo, en cambio sus presas mostrarían un patrón inverso. En este estudio analizamos la dinámica espacio-temporal de coccinélidos, carábidos y áfidos en un gradiente borde-interior de cultivos de alfalfa, en primavera, verano y otoño. En Pirque, se seleccionaron 11 alfalfaes donde se muestrearon los insectos

en siete transectos: a los 0, 5, 10, 20, 40 y 100m del borde (eucaliptos, zarzamora acacio, viñas, maíz y cultivos bajos). Los carábidos disminuyen hacia el interior de los cultivos, no así los coccinélidos y áfidos. El análisis espacial (SADIE y Surfer) muestra que los coccinélidos se agregan con más frecuencia cerca de los bordes, en cambio los carábidos se agregan menos, pero también a través de este análisis se corrobora que sus mayores abundancias están cerca de los bordes, independientemente del borde que rodee a la alfalfa. Estos resultados sugieren que los bordes son un hábitat importante para los enemigos naturales de áfidos y deben mantenerse en el paisaje.

17. DIVERSIDAD DE INSECTOS EN FRAGMENTOS DE BOSQUE DEL PARQUE NACIONAL FRAY JORGE (Insect diversity in Fray Jorge National Park forest fragments).

Graells, G. Villagrán-Mella, R. Marquet, P.A.

Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad (CASEB), Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile & Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

Proyecto FONDAP 1501-0001, ICM P05-002, PFB-23.

Uno de los principales componentes del cambio global es la fragmentación y pérdida de hábitat, que tienen como consecuencia la disminución en la biodiversidad. En fragmentos de bosque del Parque Nacional Fray Jorge evaluamos la diversidad de dípteros e himenópteros. La densidad de especies e individuos asociados al bosque podrían incrementar con el área y la homogeneidad y decrecer con el aislamiento de los fragmentos y la distancia a los bordes. Asimismo, estas relaciones podrían variar estacionalmente por las diferencias entre fragmento y matriz durante el verano.

El estudio se realizó en seis fragmentos de bosque (0.2 ha-26.76 ha) durante la primavera del año 2005 y otoño del 2006, utilizando trampas Malaise.

La estacionalidad afectó significativamente la diversidad de ambos grupos. Durante la primavera, la abundancia y diversidad de dípteros fue mayor en fragmentos más grandes, mientras que en himenópteros fue mayor en fragmentos más regulares. En otoño la diversidad de dípteros fue mayor entre fragmentos más cercanos.

La distribución, abundancia y diversidad de ambos órdenes no estaría dada solo por características de los fragmentos, sino también por el efecto de la matriz sobre el bosque.

18. ESTRUCTURA COMUNITARIA Y TAMAÑO CORPORAL DE POLIQUETOS ASOCIADOS AL CINTURÓN DE MITÍLIDOS EN INTERMAREAL DE DOS PLAYAS DE QUINTAY V REGIÓN, CHILE (Species richness, abundance, diversity and body size of polychaetes associate to intertidal belt mussels of two beaches of Quintay (V Region, Chile)).

¹Maturana, D. ¹Monteval, N.^{1,2} Pulgar, J.

¹Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Escuela de Biología Marina. ²Departamento Cs. de la Salud, Universidad Andrés Bello.

Agradecimientos: Proyecto DI 0508 Universidad Andrés Bello.

Las zonas protegidas del impacto humano representan un sustrato ideal para la puesta a prueba de hipótesis asociadas a las variaciones en la diversidad biológica no solo de especies de importancia comercial. Los mitílicos intermareales *Perumytilus purpuratus* y *Semimytilus algosus*, forman extensos mantos que proporcionan un hábitat favorable en refugio y alimento para ciertos organismos como los poliquetos. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue describir y comparar la riqueza, abundancia, diversidad y tamaño corporal de la poliqueto fauna entre dos sectores costeros de Quintay que presentan distinto grado de impacto humano. Los resultados indicaron que la estructura del ensamble de poliquetos, presenta fuertes variaciones en composición donde *Nereis grubei* domina en el sector protegido del impacto humano y *Perinereis falklandica* en el sector expuesto, sector donde además los poliquetos son de mayor tamaño corporal. Se discute la importancia de la estructura del manto de mitílicos y el impacto humano sobre la biodiversidad de poliquetos de Quintay.

19. VARIACIÓN GEOGRÁFICA DEL PESO CORPORAL EN SIETE POBLACIONES DE OCTODON DEGUS (Geographical variation of body weight in seven populations of *Octodon degus*).

Pozo R., van Dongen W., Lazzoni I., Soto G., Vásquez R.A.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile. (FONDECYT 1060186, ICM-P05-002, PFB-23).

La variación geográfica en rasgos fenotípicos como genéticos de diversas especies es ampliamente conocida. En este estudio, analizamos la variación geográfica de la masa corporal en el roedor caviomorfo *Octodon degus* a lo largo de su distribución geográfica. Se midieron ejemplares de siete poblaciones, comprendiendo desde el valle del río Huasco (lat 28°30'52,9", long 71°01'60,8") hasta Rinconada de Maipú (lat 33°28'84,7", long 70°52'39,8"). Cada sitio fue caracterizado con las siguientes variables ambientales: temperatura, precipitación, índice de Shannon de precipitación, latitud y elevación. Un primer análisis de varianza de tres vías con sitio, sexo y mes de captura como variables independientes, arrojó que la población de Aucó (lat 31°31'4,0", long 71°05'41,9" IV reg.) tuvo pesos significativamente menores

que el resto, y los individuos de Rinconada de Maipú tuvieron un peso significativamente mayores que el resto de las poblaciones. Tanto sexo como mes de captura no tuvieron efecto. Posteriormente, un análisis de regresión múltiple que incluyó las variables ambientales resultó en que ningún modelo fue estadísticamente significativo. Por lo tanto, los resultados sugieren que las variables ambientales utilizadas no explican la variación geográfica en masa corporal observada.

20. OCUPACIÓN Y PATRONES DE ACTIVIDAD DE LEOPARDUS GUIGNA EN LA PRECORDILLERA DE LA ARAUCANÍA MEDIANTE CÁMARAS TRAMPA (Occupancy and activity patterns of *Leopardus guigna* in pre-Andean areas of the Araucanía, using camera traps).

Gálvez, N.¹, Hernández, F.¹, Coldwell V.², Laker J.³ y Bonacic, C.

¹Laboratorio Fauna Australis, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Imperial College London. ³Macaulay Institute. Patrocinio: Cristián Bonacic.

Agradecimientos: Darwin Initiative, Beca Conicyt, y WTA.

El área del presente estudio está constituida por zonas de bosque templado periféricas al SNASPE y circundantes a la comuna de Pucón, las que se encuentran conformadas por bosque continuo y fragmentos de diverso tamaño insertos en una matriz agropecuaria. El felino *Leopardus guigna* presenta un insuficiente conocimiento de su estatus general en la región. Entre enero y abril de 2008, se establecieron 27 puntos de muestreo (>2km) en bosque continuo, fragmento grande (>100 ha) y fragmento pequeño (10-20 ha). Se registraron un total de 2009 trampas noches (μ 74,4 \pm SD34). Se utilizó un atractor olfativo para carnívoros, con un chequeo periódico (\pm 25 días). Presentamos patrones de actividad diaria y proporción de individuos melánicos/moteados (n=27). Se analizó la probabilidad de ocupación mediante el software PRESENCE™ 2.2 (USGS-PWRC). En términos generales, la probabilidad de ocupación fue de 0,7 \pm 0,3SE con una probabilidad de detección de 0,08 y un 34% de los sitios ocupados. Los presentes resultados constituyen los primeros registros sistemáticos por tipo de hábitat para *L. guigna* en la Araucanía.

21. PATRONES ESTACIONALES EN LA ESTRUCTURA COMUNITARIA DE EPÍFITOS ASOCIADO A *CORALLINA OFFICINALIS* (LINNAEUS 1785) EN EL INTERMAREAL ROCOSO DE LA PLAYA CHICA DE QUINTAY, V REGIÓN, CHILE (Seasonal patterns in community structure of epiphytic associated to *Corallina officinalis* (Linnaeus 1785) in rocky intertidal of Quintay V Region, Chile).

¹Lee, E., ¹Orellana, N., ¹Toledo, D., ^{1,2}Pulgar, J.
¹Facultad de Ecología y Recursos Naturales,
²Departamento Cs. de la Salud, Universidad Andrés Bello.

Agradecimientos: Proyecto DI-0508 Universidad Andrés Bello.

El grado de variabilidad ambiental determina la diversidad de especies en un ambiente determinado. El alga *Corallina officinalis*, forma mantos en sectores expuesto y protegidos de intermareal, brindando sustrato y refugio a una gran variedad de invertebrados y algas epífitas, debido a la gran cantidad de intersticios y acumulación de sedimento dentro de sus frondas. En este contexto, el objetivo de nuestro trabajo fue evaluar las variaciones estacionales en la estructura comunitaria de la fauna acompañante de *Corallina officinalis*, entre ambientes que difieren en su grado de exposición al oleaje. Los resultados indican que independiente del sector de estudio, la riqueza de especies de invertebrados fue mayor que la de algas, las cuales por si solas, presentan una mayor riqueza específica en el sector expuesto. Finalmente los invertebrados *Nodolittorina* sp y *Vermetus* sp presentaron las más altas abundancia en ambos sectores de estudio. Se discute la importancia de la estacionalidad y el grado de exposición como determinantes de la riqueza y abundancia de especie asociadas a *Corallina officinalis*.

22. LAMINARIOCOLAX SP. (PHAEOPHYCEAE) ASOCIADO CON EL DESARROLLO DE TUMORES EN *LESSONIA NIGRESCENS* (PHAEOPHYTA) (*Laminariocolax* sp. (Phaeophyta) associated with gall developments in *Lessonia nigrescens* (Phaeophyta)).

Thomas D., Beltrán J., Flores V., Contreras L. and Correa, JA.

Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Agradecimientos: FONDAP 1501-0001 (Programa 7).

Lessonia nigrescens Bory es clave en la estructuración de comunidades intermareales de la costa rocosa chilena, pese a lo cual poco se sabe respecto de posibles enfermedades que la afectan. En este estudio reportamos la ocurrencia de tumores asociados a *L. nigrescens*, identificando al posible agente causante y evaluando la extensión del fenómeno en Pan de Azúcar (26°8.2'S, 70°39.2'W) y Maitencillo (32°39.5'S, 71°26.6'W). Los resultados muestran que los tumores están asociados a filamentos endofíticos pertenecientes al género

Laminariocolax, cuya identificación fue basada en caracteres morfológicos de los endofitos dentro de los tumores y en cultivos de laboratorio, complementado con estudios moleculares. Los fundamentos del diagnóstico fueron 1) la alta similitud de las secuencias del gen ribosomal ITS1 y la relación filogenética entre los aislados chilenos y aquellos conocidos para especies endofíticas del mismo género. 2) las características vegetativas y reproductivas del endofito en cultivo y 3) la semejanza morfológica entre los tumores desarrollados en *L. nigrescens* y aquellos en otras macroalgas causadas por endofitos miembros del mismo género. Futuras investigaciones darán cuenta de la identidad específica del endofito y de las bases moleculares de la infección y su desarrollo.

23. ESTABILIDAD DE CORRELACIONES CONDUCTUALES EN DOS ETAPAS DE LA ONTOGENIA EN *OCTODON DEGUS* (Stability of behavioral correlations during two ontogenetic stages in *Octodon degus*).

Soto, G. Cádiz, B. van Dongen, W. Vásquez, R. Pozo, R.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

FONDECYT 1060186, ICM-P05-002, PFB-23.

Los individuos de una misma especie actúan de manera diferente cuando se enfrentan a los mismos estímulos. Estas diferencias conductuales se denominan perfiles conductuales, los cuales se pueden definir como un conjunto de comportamientos que reflejan una estabilidad individual en distintas situaciones, y son consistentes en el tiempo. Realizamos un estudio longitudinal (comparando estado juvenil y adulto) bajo condiciones de laboratorio de tres conductas del roedor *Octodon degus*. Se midió (i) exploración en un ambiente nuevo, (ii) respuesta ante un objeto nuevo y (iii) respuesta social ante imagen especular propia. Los experimentos se realizaron con los mismos individuos, a los tres y siete meses de edad. En la etapa juvenil se encontró una correlación significativa entre las latencias de exploración en los experimentos de ambiente nuevo y de objeto nuevo. En los adultos se encontró esta misma correlación además de una correlación entre el grado de exploración y la latencia de exploración del ambiente nuevo. Además, también se encontraron correlaciones significativas entre el grado de exploración de ambiente nuevo y del objeto nuevo, y entre el grado de exploración y la conducta social ante la imagen especular.

24. PROBLEMAS METODOLÓGICOS QUE TIENEN SIGNIFICADO BIOLÓGICO: EL DESARROLLO DE MICROSATÉLITES EN *LESSONIA NIGRESCENS* (Methodological problems that have a biological meaning: the development of microsatellites in *Lessonia nigrescens*).

Tapia, J., Tellier, F., Faugeron, S.
CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Agradecimientos: FONDECYT 1060493, Beca Colegio Doctoral Franco-Chileno.

Los microsatélites son marcadores moleculares muy utilizados en estudios de diversidad genética, en especial por su alto nivel de polimorfismo. Con el propósito de estudiar el alga *Lessonia nigrescens*, una de las especies más importantes a nivel ecológico y económico del intermareal rocoso de Chile, emprendimos el desarrollo de microsatélites específicos. Con la secuenciación de clones de 3 bancos enriquecidos, solo conseguimos 9 loci útiles. Una de las dificultades fue encontrar loci que amplificaran a lo largo de la distribución geográfica de la especie, con una particular asociación con la ubicación al norte o al sur de los 30°S. Esta zona corresponde a la separación de 2 especies crípticas tal como pudo ser inferido por otros marcadores moleculares. Además, varios loci mostraron polimorfismo interpoblacional pero monomorfismo intrapoblacional. Finalmente, el nivel de polimorfismo intrapoblacional de los 9 loci seleccionados fue muy variable, dependiendo de la localidad y del locus utilizado. Estos resultados sugieren que los procesos demográficos son locales como consecuencia de un flujo génico muy restringido, lo que se ve respaldado por estudios ecológicos y genético actualmente en curso. Es así como los problemas técnicos asociados al desarrollo de estos marcadores revelaron información valiosa sobre los procesos ecológicos que afectan a *L. nigrescens*.

25. ISÓPODOS PARÁSITOS DEL JUREL *TRACHURUS SYMMETRICUS MURPHYI* (NICHOLS, 1920): ¿EFECTOS DEL PARÁSITO O RESTRICCIONES DEL HOSPEDADOR? (Parasites isopods in the horse mackerel *Trachurus symmetricus murphyi* (Nichols, 1920): Effects of parasites or host restrictions?).

Vega¹, A.M., Díaz¹, P.E., Aldana^{1,2}, M., Pulgar^{1,2}, J.M.
Facultad de Ecología y Recursos Naturales¹,
Departamento Cs. de la Salud². Universidad Andrés Bello.
Agradecimientos: Proyecto DI-0508 Universidad Andrés Bello.

Los isópodos de la familia Cymothoidae se encuentran principalmente en la cámara branquial y cavidad bucal de peces marinos. El efecto sobre su hospedador va desde daño tisular menor en el sitio de adhesión, a la muerte del pez. Con el objeto de evaluar el efecto que produce el isópodo *Ceratothoa* spp. sobre su hospedador el jurel *Trachurus symmetricus murphyi*, se analizaron ejemplares de jurel capturados durante el 2008 en Quintay. V Región, Chile. Los resultados muestran que el 73% de los jureles presentaron

entre 1 y 9 isópodos. Existe una relación positiva entre el tamaño corporal del isópodo y la longitud total del jurel. Si bien la fecundidad del isópodo no incrementa con su tamaño corporal, esta disminuye con la longitud total del hospedador. En adición, el tamaño corporal del jurel no se ve afectado por la presencia del parásito. Se discute la presencia de restricciones impuestas por el hospedador sobre la fecundidad del parásito.

26. ENSAMBLES DE LAGARTIJAS EN UN PAISAJE FRAGMENTADO DE CHILE CENTRAL (Lizards assemblages in a fragmented landscape of central Chile).

Rubio, A.V.; Simonetti, J.A.
Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
Financiado parcialmente por FONDECYT 1050745.

La riqueza de aves, coleópteros y dípteros es mayor en remanentes de bosque maulino que en el bosque continuo. Además, los ensambles del bosque se anidarían en aquel de los fragmentos. Nosotros evaluamos el ensamble de lagartijas en los fragmentos de bosque y en la matriz conformada por plantaciones de *Pinus radiata*, tanto plantaciones adultas como cosechadas. El interior del bosque continuo, fragmentos y plantaciones maduras y cosechadas soportan solo una especie, en tanto los bordes de los fragmentos y plantaciones contienen hasta cinco especies. Los ensambles de borde e interior del bosque como del interior de fragmentos son subconjuntos anidados de los ensambles en el borde de los fragmentos y plantaciones, donde además se encuentran las mayores abundancias. La abundancia de *Liolaemus tenuis*—única especie presente en el interior del bosque continuo—disminuye las plantaciones pero no en los fragmentos. La riqueza y abundancia de lagartijas en los fragmentos sugieren que estos deberían mantenerse para colaborar en la conservación de lagartijas en paisajes fragmentados, al igual que ocurre con aves, coleópteros y dípteros en estos remanentes.

27. INFECCIÓN Y DISTRIBUCIÓN DE GENOTIPOS DE *TRYPANOSOMA CRUZI* EN MAMÍFEROS NATIVOS DE CHILE DURANTE EVENTOS EL NIÑO Y LA NIÑA (*Trypanosoma cruzi* infection and genotype distribution in native Chilean mammals during El Niño and La Niña events).

Botto-Mahan, C.¹, Campos, R.², Acuña-Retamar, M.³, Coronado, X.², Cattán, P.E.³, Solari, A.²

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ³Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Chile. FONDECYT 1040762,1040711,1085154 y CONICYT PBCT/PSD66.

Fluctuaciones en las condiciones ambientales pueden imponer cambios direccionales a corto y largo plazo en la dinámica de las enfermedades infecciosas. En el presente estudio comparamos la infección y distribución de genotipos de *Trypanosoma cruzi* en cuatro especies de mamíferos nativos en un área hiperendémica de la enfermedad de Chagas en Chile durante dos períodos (1999-2000 versus 2005-2006). La detección de parásitos se realizó con PCR y los genotipos infectivos fueron caracterizados por el método de Southern de DNA amplificado e hibridación usando sondas específicas de genotipos. Los resultados muestran diferencias significativas en los niveles de infección y en la distribución de genotipos entre los períodos comparados. En el período 1999-2000 los genotipos ancestrales TCI y TCIIb fueron los dos más representados, pero TCI y el híbrido TCIIb los más prevalentes en el período 2005-2006. Fluctuaciones climáticas a gran escala, tales como El Niño-Oscilación del Sur (ENOS) explicaría indirectamente las diferencias en prevalencia por medio de irrupciones de poblaciones de pequeños mamíferos. Los resultados apoyan la idea que los eventos El Niño o La Niña afectan diferencialmente el ciclo de transmisión silvestre de esta enfermedad en Chile semi-árido.

28. INVASIÓN DE CERDOS EN KARUKINKA, TIERRA DEL FUEGO, CHILE (Pig invasion in Karukinka, Tierra del Fuego, Chile).

Reveillaud, E.¹; Rives, G.¹; Muza, R.² y Briceño, C.²
¹École Nationale Vétérinaire Toulouse (France);
²Wildlife Conservation Society (Chile)

La invasión de especies exóticas representa la segunda mayor amenaza a la biodiversidad en el mundo. En Chile, Tierra del Fuego (TDF) presenta una elevada tasa de invasión de vertebrados, superando estos a las especies nativas. Karukinka, área protegida más extensa de la isla grande de TDF está amenazada significativamente por especies invasoras, siendo los cerdos la especie más nueva del ensamble exótico. Ingenieros ecosistémicos, los cerdos alteran los ecosistemas por remoción de tierra, daño directo a vegetación y consumo fauna.

La vía de ingreso a Karukinka sería desde Argentina, distante 6.3 km. Evaluaciones iniciales de abundancia y distribución de cerdos en Karukinka, basadas en huellas, hozaduras, fecas y avistamiento directo, fueron realizadas en 19 transectas (2 x 3.500 m), paralelas (300 m distancia), asignándose edad y hábitat característico. Se georreferenciaron 106 hallazgos, en 66.170 km lineales. Los cerdos se presentaron preferentemente (62%) en bosque de ñirre (*Nothofagus antarctica*), el que tiene un 4% de representación en la zona. El impacto total estimado sobre este hábitat alcanza un 0.77. Basado en evidencia empírica global, es esperable que la población de cerdos aumente rápidamente en el área, debido a disponibilidad de hábitat, alimento, ausencia de depredación. Se discuten medidas de control.

29. ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA VEGETACIONAL DEL SOTOBOSQUE EN PLANTACIONES DE PINO Y BOSQUE DE RUIL (Analysis of the undestory's vegetational structure in pine plantations and ruil forest).

López-Vargas, G., Bustamante, R. O.
 Departamento de Ciencias Ecológicas, Universidad de Chile.
 Financiamiento: Proyecto Anillo Conicyt-PBCT ACT34/2006.

El bosque maulino se caracteriza por su alta biodiversidad y elevado endemismo. Este tipo forestal ha sido históricamente deforestado y fragmentado debido a su reemplazo por plantaciones comerciales de *Pinus radiata*, dando origen a un paisaje con parches de bosque nativo rodeados por una matriz de plantaciones, las cuales son consideradas "desiertos biológicos" con escasa capacidad de sustentar biodiversidad. El objetivo de este estudio fue analizar la estructura vegetacional del sotobosque de las plantaciones y compararla con la del bosque nativo. Se trabajó en 3 sitios: Reserva Nacional Los Ruiles (RNLR), una plantación de pino de 20 años (PP20) y una de 2 años (PP2). Se obtuvieron valores de diversidad y riqueza de especies significativamente mayores para RNLR, seguida de PP20 y PP2. Además, la RNLR presentó una mayor riqueza de especies nativas y endémicas, seguido por PP20, mientras PP2 presentó mayor riqueza de especies introducidas. La similitud florística fue baja entre los tres sitios, encontrándose algunas especies nativas solo en las plantaciones de pino. Los resultados sugieren que las plantaciones pueden sustentar flora nativa. Al respecto, se sugiere modificar ciertas prácticas de manejo forestal permitiendo un mayor desarrollo del sotobosque lo que facilitaría su uso ocasional como corredores o hábitat complementarios para la flora nativa.

30. PATRONES DE DENSIDAD ESTACIONAL DE GUANACO EN PATAGONIA CHILENA AUSTRAL (Seasonal patterns of guanaco density in austral Chilean Patagonia).

Moraga, C.A.¹; Funes, M.C.²; Novaro A.J.^{2,3} y Briceño, C.¹

¹Wildlife Conservation Society-Chile. ²Wildlife Conservation Society-Argentina. ³CONICET-INIBIOMA.

Agradecemos a WCS-Chile/Karukinka.

La mayor población de guanacos de Chile habita la zona de ecotono estepa-bosque al sur de Tierra del Fuego (TDF), compartiendo este ambiente con la ganadería. El sur de TDF está dominado por bosque, siendo Karukinka la única área protegida existente allí. Analizamos el efecto del ambiente, temporada y ganadería sobre guanacos en Karukinka y otras tierras privadas adyacentes. Densidades, estimadas con transectas de línea en diferentes temporadas (2006-8), indican 0 - 4,13±1,70 guanacos/km² en zona boscosa alta, 11,78±3,59 - 27,52±4,96 guanacos/km² en zona baja de ecotono estepa-bosque. Excepcionalmente, el 2006 se observó densidades sobre 60 guanacos/km². La densidad disminuyó significativamente en zona boscosa alta debido a aumento de cobertura nival. En zona baja de ecotono se observa segregación de guanacos con ovinos. Los guanacos fueron significativamente más numerosos en Karukinka (sin presencia de ovinos) que en la estancia contigua (con ovinos), consistente con trabajos similares en la Argentina. Los patrones de densidad observados evidencian la mantención del fenómeno de migración altitudinal estacional, patrón confirmado con data independiente de telemetría por más de una temporada. Se espera continuar el monitoreo, y establecer densidades funcionales compatibles con alguna práctica de manejo.

31. VARIACIÓN GEOGRÁFICA EN LOS NIVELES DE INFECCIÓN Y GENOTIPOS DE *TRYPANOSOMA CRUZI* EN POBLACIONES DEL VECTOR SILVESTRE *MEPRAIA SPINOLAI* (Geographic variation in infection levels and genotypes of *Trypanosoma cruzi* in populations of the wild vector *Mepraia spinolai*).

Campos, R.¹, Botto-Mahan, C.², Córdova, I.¹, Ortiz, S.¹, Solari, A.¹

¹Programa de Biología Celular y Molecular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

FONDECYT 1085154 y CONICYT PBCT/PSD66.

Las interacciones parásito-hospedero se caracterizan por exhibir una amplia variación espacial en prevalencia e intensidad dependiendo de la disponibilidad de hospederos susceptibles a la infección. En el presente estudio comparamos los niveles de infección y distribución de genotipos del protozoo *Trypanosoma cruzi* en cuatro poblaciones del vector silvestre *Mepraia spinolai*, a lo largo de un gradiente latitudinal (26°50'S - 33°20'S). La

detección del parásito se realizó con PCR y los genotipos infectivos fueron caracterizados por el método de Southern de DNA amplificado e hibridación usando un panel de sondas específicas de genotipos. Los resultados muestran diferencias significativas en los niveles de infección entre las localidades comparadas. Los niveles de infección son bajos en zonas costeras (15,4%, III Región) aumentando hacia zonas del interior (46,2%, IV Región). También se detecta un alto nivel de infección en localidades asociadas a zonas de canteras (44,5%, Región Metropolitana). Probablemente, estas diferencias estarían asociadas a la presencia variable de hospederos competentes como reservorios de *T. cruzi* en las zonas estudiadas.

32. NUEVO ÍNDICE PARA EVALUAR LA PRODUCTIVIDAD CIENTÍFICA ¿QUIÉNES SON LOS ECÓLOGOS MÁS PRODUCTIVOS EN CHILE? (New index to evaluate scientific productivity. Who are the most productive ecologists in Chile?).

Molina-Montenegro, M.A.^{1,2} & Gianoli, E.^{1,3}

¹Depto. Botánica, Universidad de Concepción; ²Instituto de Ecología y Biodiversidad; ³Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity.

Existen diversas aproximaciones para estimar la productividad científica y su impacto, siendo el número de artículos publicados y el número de citas recibidas las más utilizadas. Recientemente se ha publicado un indicador (índice-*h*) que estima el impacto de la productividad de un científico considerando tanto el número de artículos publicados (cantidad) como el número de citas recibidas (calidad), recibiendo aceptación creciente como un parámetro confiable. Sin embargo, existen algunos aspectos como la edad científica, número de coautores y porcentaje de autocitas que influyen en el índice-*h* y que han sido poco considerados hasta hoy. En este trabajo utilizamos un nuevo indicador (índice-*i*) que recoge la filosofía del índice-*h* pero considera además dichos aspectos. Evaluamos la productividad de 120 investigadores activos en ecología residentes en Chile, comparando el índice-*i* de acuerdo a género, edad, localidad (capital vs. regiones), y dominio (terrestre vs. acuático). Los resultados muestran un mayor índice-*i* con la edad de los científicos y en aquellos situados en Santiago, pero al corregir por la edad científica estas diferencias desaparecen. Considerando los *top-ten* en índice-*i* por grupo etario, hay una tendencia a mayor representación de regiones en los más jóvenes. No hubo diferencias significativas entre géneros o dominios.

33. TAXONOMÍA MOLECULAR Y MORFOMÉTRICA EN *LESSONIA NIGRESCENS* A LO LARGO DE LA COSTA CHILENA (Molecular and morphometric taxonomy of *Lessonia nigrescens* along the Chilean coastline).

González AV., Beltrán J., Correa JA., & B. Santelices. Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad y Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Agradecimientos a: FONDAP 1501-0001 (Programa 7) y FONDECYT 1660474.

El alga parda *Lessonia nigrescens* Bory domina los niveles intermareales bajos y submareales someros del Pacífico templado, desde Perú central (12°S) al Cabo de Hornos (55°S). Estudios previos evidencian discontinuidad genética en estas poblaciones entre los 30° y 32° LS, sugiriendo la existencia de dos especies. El presente trabajo evalúa esta hipótesis, para lo que se utilizaron tres marcadores moleculares y 26 caracteres morfológicos en cuatro poblaciones localizadas al Norte y Sur de los paralelos 30-32°S. Nuestros resultados indican la presencia de dos entidades discretas a nivel genético y morfológico, localizadas en lados opuestos de los 30-32°S. Genéticamente, las diferencias entre ambos grupos son equivalentes a aquellas encontradas entre especies de *Lessonia* existentes en Chile, y que son filogenéticamente cercanas a *L. nigrescens*. Morfológicamente, ambos grupos son estadísticamente diagnosticables por una combinación de seis caracteres. Así, este estudio confirma la ocurrencia de dos especies alopatricas a lo largo de la costa chilena, ambas conocidas previamente como *L. nigrescens*. Además, este trabajo redefine las especies en base al agrupamiento genético y presenta un enfoque probabilístico en la identificación de especie, basado en caracteres morfológicos.

34. CURVAS DE TOLERANCIA TÉRMICA: LA IMPORTANCIA DE CONSIDERAR LA ONTOGENIA EN UN ORGANISMO DE CICLO DE VIDA COMPLEJO (Thermal tolerance curves: the importance of include ontogeny in complex life-cycle organisms).

Lardies, M.A. & Arias, M.B.

CIENCIA-UST, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Santo Tomás, Ejército 146.

Financiamiento: FONDECYT 1080123, CIENCIA-UST.

La temperatura es el factor abiótico más importante que afecta la fisiología, ecología y evolución de los organismos ectotermos. El incremento de la varianza de la temperatura es uno de los principales efectos en el actual escenario de cambio global. Los insectos con ciclos de vida complejo presentan fases discretas contrastantes en morfología, conducta, fisiología que están unidas a transiciones abruptas de estadios. El objetivo del presente trabajo es evaluar si la termotolerancia de los individuos adultos está condicionada por los efectos sufridos por los organismos durante su ontogenia temprana. Para ello se utilizó como modelo de

estudio el coleóptero *Tenebrio molitor*. Las larvas fueron sometidas a un ambiente variable y un ambiente constante durante su etapa larval. Se examinó la respuesta en individuos adultos de los comas de frío y calor. Los resultados indican una gran termotolerancia de *T. molitor* al compararlo con otros insectos. Existe un pequeño efecto de la aclimatación de los individuos en su ontogenia temprana en su posterior respuesta como adulto. Probablemente, lo anterior se deba a la completa reorganización fisiológica de *T. molitor* durante la metamorfosis. Sin embargo, existe un efecto significativo del ambiente en la termotolerancia de las larvas al ser éstas analizadas en su mismo estado ontogenético.

35. ROL DE LA FRECUENCIA DEL OLEAJE EN LA ESTRATEGIA DE DISPERSIÓN DE LA ANÉMOMA CRİPTOGÉNICA *ANEMONIA ALICEMARTINAE* (The role of wave frequency in the dispersal strategy of the cryptogenic anemone *Anemonia alicemartinae*).

Paz-Vega, S. & Neill, P.E.

Facultad de Ciencias, UCSC, Casilla 297, Concepción, Chile.

Agradecimientos: Facultad de Ciencias, UCSC & Pablo Veas.

Todas las especies son capaces de dispersar en algún grado. En organismos de la clase Anthozoa la larva plánula funciona como entidad dispersante hacia nuevos sitios. La anémoma criptogénica, *Anemonia alicemartinae* presenta un amplio rango de distribución como resultado de su rápida expansión geográfica en dirección norte-sur, colonizando 1.900 km de costa chilena en 50 años. Sin embargo, para *A. alicemartinae* no hay una larva descrita ni evidencia de reproducción sexual. Trabajos previos indican que esta especie presenta la capacidad de desprenderse y readherirse al sustrato fácilmente, lo cual ha sido propuesto como una estrategia de dispersión.

Como una primera aproximación para evaluar el papel de la frecuencia del oleaje sobre la dispersión de estos organismos se realizaron observaciones y experimentos en terreno y laboratorio, cuantificando la cantidad de organismos desprendidos a distintas frecuencias de oleaje y la frecuencia de adhesión para individuos de distintos tamaños.

Los resultados apoyan un importante rol del oleaje, provocando un mayor desprendimiento de *A. alicemartinae* a altas frecuencias y sobre individuos pequeños, adhiriéndose estos con mayor frecuencia que los grandes a un menor tiempo. Este mecanismo podría explicar su rápida expansión geográfica, ya que al ser desprendidos pueden ser transportados por corrientes costeras, colonizando nuevos sitios.

36. MITÍLIDOS: INGENIEROS ECOSISTÉMICOS DEL INTERMAREAL ROCOSO DE LA PLAYA GRANDE DE QUINTAY (Mytilids: Ecosystemic engineers of intertidal rocky shore from playa grande Quintay).

Molina, P. Aldana, M. Pulgar, J.

Facultad de Ecología y Recursos Naturales.
Departamento de Cs. de la Salud Universidad Andrés Bello.

Agradecimiento: Proyecto DI 05-08 Universidad Andrés Bello.

La importancia ecológica de los bivalvos marinos de la familia Mytilidae, radica en su gran abundancia, lo que los transforma en especies dominantes en las costas rocosas de todo el mundo. En general, las especies de Mitílidos tienden a formar matrices (o mantos) altamente densas y multiestratificadas, en cuyo interior es posible encontrar una amplia diversidad de organismos. *Perumytilus purpuratus* representa la especie de mitílido dominante del intermareal rocoso de la costa chilena y es definido como un modulador de la disponibilidad de recursos, para otras especies, además de atenuar el estrés ambiental. En este contexto el objetivo del presente trabajo es establecer la importancia ecológica de *P. Purpuratus* comparado con *S. algosus* cuando se encuentran en simpatria. Los resultados indican que *Semimytilus algosus* presenta una mayor abundancia, ocupa sectores intermareales de mayor amplitud y alberga mayor diversidad de especies que *P. Purpuratus*. Se discute la importancia de *S. algosus* como ingeniero ecosistémico alternativo a *P. Purpuratus*.

37. BALLENAS JOROBADAS [MEGAPTERA NOVAEANGLIAE] DEL PARQUE MARINO FRANCISCO COLOANE: MATERNIDAD Y PATERNIDAD (Humpback whales [*Megaptera novaeangliae*] from Parque Marino Francisco Coloane. Maternity and paternity).

Parrau, D.¹, Lería, J.¹, Vilina, Y.^{2,5}, Capella, J.J.^{3,5}, Gibbons, J.^{4,5}, Sabaj, V.¹

¹Fac. Medicina. U. de Chile, ²U. Santo Tomás

³Fundación Yubarta ⁴UMAG ⁵Whalesound.

Financiamiento: Whalesound y UMAG.

Desde primavera hasta comienzos de otoño, un grupo de ballenas jorobadas de aproximadamente 150 individuos migra a alimentarse al Parque Marino Francisco Coloane (PMFCC), Estrecho de Magallanes.

Entre 2002-2007 se recolectaron biopsias de 68 adultos y 12 ballenatos. Se purificó DNA a partir del cual se determinó el sexo de los individuos y se analizó 3 loci de microsátélites. Se realizaron pruebas de paternidad utilizando Cervus v3.0.

Todas las crías se encontraron acompañadas de un adulto (madre-presunta). Dos crías de temporadas diferentes se asociaron a la misma madre-presunta.

En todas las parejas adulto-ballenato el adulto resultó hembra, la cual se aceptó como madre por compartir con la cría al menos un alelo de cada locus.

Solo dos de las 12 crías poseen un probable padre (80% de confiabilidad) entre los 36 machos muestreados. Según las frecuencias alélicas de los loci analizados, es muy baja la probabilidad de que los dos ballenatos de la misma madre también compartan el padre, lo que avala descripciones de promiscuidad en esta especie.

Discutimos la asociación madre-cría en el contexto de fidelidad al sitio de alimentación y la relevancia de la presencia de padres en la misma zona de alimentación que las parejas madre-cría.

38. EFECTO DE MOLUSCOS NO INDÍGENAS DE CULTIVO SOBRE LA DINÁMICA DE INFECCIÓN POR POLIQUETOS EN ENSAMBLES DE MOLUSCOS NATIVOS ALEDAÑOS (Effect of non-indigenous mollusks from aquaculture centers on infestation dynamics of nearby native mollusk assemblages).

Neill, P.E., Navarro-Moena, J.C., Lagos, M.E., Cádiz, P., Muñoz, S.A.

Laboratorio de Ecología de Invasiones Marinas, Departamento de Ecología Costera, Facultad de Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción, Casilla 297, Concepción, Chile. pneill@ucsc.cl

Financiado por Proyecto FONDECYT 11070183.

La introducción de especies no indígenas para acuicultura frecuentemente trae asociada fauna acompañante, como el caso de poliquetos perforadores en la ostra japonesa, *Crassostrea gigas*, cultivada en el norte y sur de Chile. Aunque existe evidencia de la colonización de múltiples hospedadores nativos por poliquetos introducidos, la magnitud de esta infección en moluscos nativos no ha sido evaluada cuantitativamente. Adicionalmente, las altas densidades de hospedadores exóticos podrían soportar altas abundancias de poliquetos perforadores, incrementando la carga de estos en sus hospedadores nativos. Se evaluó la similitud de composición y abundancia de los poliquetos perforadores en *C. gigas* y moluscos nativos aledaños a los centros de cultivo utilizando análisis de similitud. Se encontraron diferencias entre los ensambles de poliquetos de *C. gigas* de la zona norte y sur, siendo mayores las abundancias en la zona norte. Al interior de cada zona no se observaron diferencias entre la fauna de poliquetos en hospedadores nativos y exóticos. Esta falta de diferencia sugiere que no habría resistencia biótica en comunidades indígenas, mientras diferencias entre zonas podrían ser el resultado de factores abióticos.

39. FILOGEOGRAFÍA EN EL GÉNERO *DIPLOMYSTES* (TELEOSTEI: SILURIFORMES), RESIDENTE EN RÍOS Y LAGOS DE CHILE Y ARGENTINA (Phylogeography of *Diplomystes* (Teleostei: Siluriformes), from Chilean and Argentinean freshwaters).

Curotto, L. Poulin, E.

Instituto de Ecología y Biodiversidad, Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Agradecimientos: Instituto de Ecología y Biodiversidad ICM P05-002 PFB 023.

El presente trabajo da cuenta del análisis de la diversidad genética de una muestra de bagres del género *Diplomystes* (Teleostei: Siluriformes), extraídos desde los ríos Baker, Biobío, Chubut, Maule, Negro y del lago Riñihue, con el objetivo de evaluar las relaciones filogeográficas entre especies congénéricas. Para este propósito, se realizaron análisis moleculares utilizando como marcadores fragmentos de dos regiones mitocondriales: el gen del citocromo b y la región control (D-loop). Para ambos marcadores, los resultados sugieren la existencia de 4 grupos claramente diferenciados en concordancia con la cuenca hidrográfica de la cual fueron muestreados. Tres de ellos corresponden a los ríos Biobío, Maule y al lago Riñihue. La presencia de tres haplogrupos monofiléticos con haplotipos muy cercanos entre sí, apunta a la existencia de especies recientemente separadas o de poblaciones geográficas muy diferenciadas que deberían corresponder a las tres especies descritas presentes en Chile (*D. nahuelbutaensis*, *D. chilensis* y *D. camposensis*). El cuarto grupo reúne los individuos provenientes de Argentina (ríos Chubut y Negro) con los del río Baker en Chile. Este último grupo sugiere la existencia de una única especie (*D. mesembrinus*) presente en los 2 sitios de muestreo argentinos que sería la misma presente en la cuenca del río Baker.

40. DISTRIBUCIÓN ESPACIAL Y TAMAÑO CORPORAL DE *EMERITA ANÁLOGA* (CRUSTACEA: ANOMURA) Y SU RELACIÓN CON EL PARASITISMO POR *PROFILICOLLIS BULLOCKI* (ACANTHOCEPHALA: POLYMORPHIDAE) EN QUINTAY V REGIÓN, CHILE (Spatial distribution and body size of *Emerita analoga* (Crustacea: Anomura) related with the *Profilicollis bullocki* (Acanthocephala: Polymorphidae) parasitism in Quintay V Región, Chile).

¹Leiva, Ch., ¹Aldana, M., ^{1,2}Pulgar, J.

¹Facultad de Ecología y Recursos Naturales.

²Departamento de Cs. de la Salud, Universidad Andrés Bello.

Agradecimiento: Proyecto DI 05-08 Universidad Andrés Bello.

Profilicollis bullocki en playas de arena, utiliza como hospedador intermediario a *Emerita analoga* y como hospedador definitivo a aves costeras. En este estudio se

evaluó la distribución del tamaño corporal de *E. analoga* y su asociación con el parasitismo por *Profilicollis bullocki* en la playa grande de Quintay. Los resultados indican que *E. analoga* presenta una mayor abundancia y tamaño corporal en el intermareal bajo de la Playa grande de Quintay. Además, se observó una mayor intensidad de infección en *E. analoga* capturadas en el intermareal bajo, asociado a un patrón de disminución en la proporción de individuos infectados, así como de la intensidad parasitaria por *Profilicollis bullocki* de norte a sur en la playa grande. Se discuten las variaciones estacionales en el parasitismo de *Profilicollis bullocki* asociado a la distribución, abundancia y tamaño corporal de *E. analoga* en Quintay.

41. CIUDADES COMO ORGANISMOS: ESCALAMIENTO ALOMÉTRICO DE LAS REDES VIALES URBANAS (Cities as Organisms: Allometric Scaling of Urban Road Networks).

Samaniego, H* & Moses, Me

Department of Computer Science, University of New Mexico *Instituto de Silvicultura, Universidad Austral de Chile.

Proponemos un enfoque estadístico para determinar cómo las características de las redes viales urbanas afectan la accesibilidad. Nuestro enfoque está inspirado en la teoría de escalamiento metabólico (MST, West et al. 1997).

Estudiamos la estructura de las redes de urbanas usando 425 ciudades de distintos tamaños en los EE.UU.. Mostramos que la descentralización es una diferencia importante entre las redes urbanas y redes vasculares en biología.

La capacidad per cápita de las carreteras es independiente de la extensión espacial de las ciudades. Aunque la distancia recorrida es una función del tamaño de la ciudad, la distancia recorrida no se ajusta a un modelo totalmente centralizado. De hecho la distancia recorrida responde a una situación intermedia entre predicciones que emanan de un modelo totalmente centralizado y otro totalmente descentralizado. Nuestros resultados pueden reflejar una mezcla de diferentes comportamientos de viaje.

El enfoque que aquí se presenta ofrece una nueva perspectiva macroscópica en las diferencias entre pequeñas y grandes ciudades y en la forma en que la infraestructura vial y de tráfico podría cambiar a medida que crecen las ciudades.

42. UN GRADIENTE DE PERTURBACIÓN ANTRÓPICA: IMPLICANCIAS PARA UNA COMUNIDAD DE ROEDORES EN AMBIENTES ANDINO-PATAGÓNICOS (A gradient of perturbation anthropic: implications for a community of rodent in ambient andean-patagonian).

García, K.¹; Ortiz, J.C.^{1,2} & M. Aguayo³.

¹Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción. ²Centro de Investigación en Ecosistemas de la Patagonia (CIEP). ³Centro EULA. Universidad de Concepción. kgarcia@udec.cl

Agradecimientos: Fondecyt N° 1070511. Proyectos DIUC Semilla Patagonia 203.113.063-1.0, 205.113.066

Se evaluó el efecto del uso de suelo en una comunidad de roedores de ambientes andino-patagónicos del sur de Chile que incluyen coberturas con diferentes grados de perturbación (bosque, renewal, plantación forestal y pradera antrópica). Durante las estaciones de verano y otoño se instalaron grillas con trampas Sherman durante cinco días, con un esfuerzo de captura total de 9.680 trampas/noche. Se estimaron parámetros comunitarios para cada cobertura vegetal y se determinó la densidad y tamaño poblacional mediante captura-marcaje-recaptura. Se registraron 362 individuos pertenecientes a ocho especies de roedores cricétidos. Se observaron diferencias significativas en las abundancias por estación y por cobertura. Se evidenció un gradiente de diversidad negativo desde el bosque hasta la pradera. Los tamaños poblacionales fueron mayores en las coberturas menos intervenidas, a pesar de que en otoño, la plantación presentó mayor abundancia que el renewal. Finalmente, los resultados indican que algunas especies son más tolerantes a ambientes perturbados de lo que previamente se consideraba y que la estructura comunitaria de roedores presenta diferencias significativas a diferentes grados de perturbación.

43. CARACTERÍSTICAS TERMO-RREGULATORIAS EN TRES ESPECIES DE ANFIBIOS DEL SUR DE CHILE: ESTUDIO DE CAMPO Y LABORATORIO (Thermal characteristics in three amphibian species from southern Chile: a field and laboratory studies).

Iturra-Cid, M.; Vidal, M. & Ortiz, J. C.

Departamento de Zoología, Universidad de Concepción.

Los anfibios dependen de las condiciones ambientales para efectuar sus actividades vitales, por lo que conocer su fisiología térmica es esencial para entender las relaciones con su entorno. En Chile este conocimiento es escaso, a pesar de existir especies con singularidades en su biología. En este estudio se analizan individuos de *Atelognathus sp* y *Bufo (=Nanophryne) variegatus* de la Región de Aysén y *Pleurodema thaul* de la Región del Biobío. Los individuos fueron medidos, pesados y se registró la temperatura corporal (T_c), del sustrato (T_s) y del ambiente (T_a) en el campo y en condiciones de laboratorio ($T_a=17^\circ\text{C}$, 11hD-13hN

por tres semanas). Los resultados indican que *P. thaul* se comporta como termoconformista en condiciones naturales ($T_c=12.04\pm 0.96$) y de laboratorio ($T_c=18.01\pm 1.62$). Para *Atelognathus*, se registró este mismo comportamiento en condiciones de laboratorio ($T_c=17.68\pm 1.16$); sin embargo, *B. variegatus* en el campo, se comporta como termorregulador ($T_c=28.9\pm 1.91$) manteniendo la temperatura corporal tres grados sobre la temperatura del sustrato y el ambiente. Las altas temperaturas corporales registradas en *Bufo* resultan interesantes considerando que esta población presenta actividad diurna, característica poco descrita en anfibios chilenos. Estos antecedentes abren interrogantes respecto de la conducta térmica de anfibios, que podrían ser abordadas en nuevos estudios.

44. ERRADICACIÓN DEL CASTOR AMERICANO (CASTOR CANADENSIS) EN PATAGONIA (Eradication of American Beaver (Castor canadensis) in Patagonia).

Parkes, J.P.¹; Donlan, C.J.²; Campbell, K.³; Paulson, J.⁴; Schiavini, A.^{5,6}; Saavedra, B.⁶; Menvielle, M.F.⁷; Soto, N.⁸; Malmierca, L.⁷; Muza, R.⁶; Briceño, C.⁶; Silva, C.⁶

¹Landcare Research, NZ. ²Advanced Conservation Strategies, EE.UU. ³Island Conservation, EE.UU. ⁴APHIS, USDA, EE.UU. ⁵CADIC, Argentina. ⁶Wildlife Conservation Society. ⁷Administración de Parques Nacionales, Argentina. ⁸Servicio Agrícola y Ganadero, Punta Arenas.

El castor americano (*Castor canadensis*) fue introducido a Tierra del Fuego en 1946, colonizando a partir de ese momento todos los ecosistemas presentes en el archipiélago. Hoy presenta una población de 100.000 individuos e incluso ha colonizado el continente sudamericano. Su impacto ecológico es significativo y diverso, manifestándose en la destrucción de 25.000 hectáreas de bosque ribereño, disrupción de ríos o inundación de tierras de pastoreo. Su arribo al continente amenaza la biodiversidad y sistemas productivos en todo el Cono Sur, lo que requiere de medidas drásticas para el control de esta especie invasora.

En lo que constituye un modelo sin precedentes de cooperación público-privada, binacional e internacional, el Servicio Agrícola y Ganadero (Chile), Administración de Parques Nacionales, Centro Austral de Investigaciones Científicas (Argentina) y Wildlife Conservation Society, han convocado un equipo de expertos internacionales para analizar la factibilidad económica, social e institucional de erradicar al castor de Patagonia. Los expertos concluyen que biológicamente la erradicación es factible, pero es necesario crear una institucionalidad acorde a las necesidades biológicas de un proyecto de erradicación, más que a políticas nacionales u otras.

45. INTEGRANDO LA DIMENSIÓN SOCIO-ECOLÓGICA EN LA EDUCACIÓN EN ECOLOGÍA Y CONSERVACIÓN (Integrating the socio-ecological dimension in ecology and conservation education).

Sotomayor, D.A.^{1,2}, Poole, A.^{3,5}, Estévez, R.A.^{1,2}, Anderson, C.B.^{2,4}, Holbrook, J.B.^{5,6}, Rozzi, R.^{2,3,4,5}

¹Departamento de Biología, Universidad de La Serena; ²Instituto de Ecología y Biodiversidad; ³Chile Program, University of North Texas (UNT); ⁴Parque Omora, Universidad de Magallanes; ⁵Philosophy Department, UNT; ⁶Center for the Study of Interdisciplinarity, UNT.

Patrocinio: Rozzi, R.

Proys. ICM P05-002, CONICYT PFB-23 y M-58080091; ONG OSARA.

La academia y la sociedad reconocen que los problemas ambientales tienen dimensiones sociales y ecológicas. Aunque el humano es reconocido como parte natural y fundamental del ecosistema, las humanidades (i.e. política, historia, ética, cultura) no se han incluido sistemáticamente al estudiar estos temas. Utilizando como referencia los cursos de campo del Parque Etnobotánico Omora, que vinculan filosofía y ecología, proponemos que los programas de postgrado en ecología deben reforzar su aproximación socioecológica para conseguir que sus egresados incorporen mejor la amplitud de la experiencia, entendimiento e impacto humano en la investigación ambiental y toma de decisiones. Tal estructura comprenderá fundamentos como: *biocultural*, considerar hombre y cultura como partes del ecosistema; *interdisciplinario e internacional*, integrar varias disciplinas desde varias escalas y perspectivas; *comunicativo*, vincular diversos estudiantes entre sí y con otros grupos sociales; *participativo*, permitir participación directa y flujos multidireccionales entre actores de información; *vivencial*, aprovechar sitios de estudio a largo plazo para facilitar encuentros directos con la naturaleza y experiencias concretas de investigación y conservación, reforzando además los estudios en curso.

46. IMPORTANCIA DE LA DISPONIBILIDAD DE PROPÁGULOS EN LA DETERMINACIÓN DEL LÍMITE SUPERIOR DE DISTRIBUCIÓN DE MAZZAELLA LAMINARIOIDES EN CHILE CENTRAL (The importance of propagule availability in determining upper vertical limits of *Mazzaella laminarioides* in central Chile).

Santelices B., Alvarado J., Chianale C., Flores V.
Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
FONDECYT 1660474 y FONDAP 1501-0001 (Programa 7).

Clásicamente se ha explicado que el límite superior de organismos intermareales está determinado por factores abióticos (deseccación, temperatura e irradiación) los que a veces pueden interactuar con factores bióticos tales como pastoreo o competencia. Sin embargo, las extensiones

verticales de distribución son procesos de colonización, que podrían estar influidos por disponibilidad de propágulos. En este estudio evaluamos esa hipótesis con el alga intermareal *M. laminarioides*.

Trasplantando al terreno embriones de 3 meses de edad, pudimos demostrar que durante otoño, invierno y principios de primavera, *M. laminarioides* puede crecer en niveles altos del intermareal. Durante primavera tardía y verano, período de máxima producción de propágulos, las plántulas mueren en estos niveles, por efectos de desecación y temperatura. Monitoreo del asentamiento natural en sustrato artificial y experimentos de supervivencia con altas densidades de propágulos, confirman que la especie podría sobrevivir durante invierno en los niveles altos, pero que una disponibilidad reducida de propágulos impide reclutamiento efectivo. Así, la determinación del límite superior de distribución de *M. laminarioides* es compleja y la importancia de factores estructuradores cambia estacionalmente.

47. PROMOVRIENDO LA AVIFAUNA EN PLANTACIONES FORESTALES (Enhancing avifauna in commercial plantations).

Nájera, A., Simonetti, J.A.

Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
AN es becaria AGCI.

Las plantaciones forestales modifican la riqueza y abundancia de especies nativas. La biodiversidad usualmente disminuye asociada a una simplificación del hábitat, y esto representaría una amenaza a la biodiversidad. Considerando el aumento de las plantaciones para satisfacer las crecientes demandas de las poblaciones humanas, evaluamos la posibilidad de conservar avifauna en plantaciones. Para ello, revisamos si la riqueza y abundancia de especies se correlaciona positivamente con la complejidad de las plantaciones forestales. Primero, revisamos 38 casos publicados sobre la riqueza y abundancia de aves en diferentes tipos de plantaciones. Segundo, experimentalmente simplificamos la estructura de una plantación de palma aceitera en Guatemala y evaluamos la respuesta de las aves a este cambio de hábitat. Independiente del tipo de plantación, taxón y grupo trófico, la riqueza y abundancia de aves es significativamente mayor en plantaciones estructuralmente complejas, con múltiples estratos de vegetación. Concomitantemente, al eliminar experimentalmente el sotobosque, la riqueza y abundancia de aves disminuyen en plantaciones de palma aceitera. Por lo tanto, de manejarse la cantidad de sotobosque en plantaciones forestales, estas podrían tener un valor auxiliar para la conservación, funcionando como hábitat ocasional para algunas especies amenazadas.

48. NIDIFICACIÓN DEL PATO CUCHARA (*ANAS PLATALEA*: ANATIDAE) EN UN HUMEDAL DE CHILE CENTRAL (33° 10' S): SELECCIÓN DEL SITIO DE NIDIFICACIÓN Y ÉXITO DE LA NIDADA (Nesting of Red Shoveler (*Anas platalea*) in a wetland of Central Chile: nesting site selection and fledging success).

Quilodrán, C.¹, Chávez-Parra, M.², Villaseñor, N.², Vásquez, R.¹

¹Instituto de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ciencias. Universidad de Chile. ²Laboratorio de Ecología de Vida Silvestre, Facultad de Ciencias Forestales. Universidad de Chile.

El entendimiento de los factores que determinan la selección de sitios de nidificación de aves acuáticas es fundamental como herramienta de manejo y conservación de esta fauna silvestre. En este estudio evaluamos diversos atributos del hábitat de nidificación del Pato Cuchara (*Anas platalea*) en el humedal de Batuco (Región Metropolitana), durante la estación reproductiva 2007 (julio a noviembre). Un seguimiento de 25 nidos permitió cuantificar variables que describieron características vegetacionales, espaciales y de perturbación antrópica. Se realizaron modelos de regresión y análisis *stepwise* para identificar el conjunto de variables que mejor describe el posicionamiento y éxito de las nidadas. Para nidificar, el Pato Cuchara prefiere sitios con una vegetación herbácea heterogénea, de mayor altura, relativamente seca y cercana a una fuente de agua. Los nidos tienden a estar agrupados y no están aleatoriamente distribuidos. En el éxito de la nidada, medido como la proporción de huevos que no fueron depredados y eclosionaron, fue determinante la cercanía a la fuente de agua; una vegetación seca; un nido de mayor diámetro; baja distancia entre nidos coespecíficos; y una menor presión del ganado en el área de nidificación. Los resultados sugieren que el riesgo de depredación y las fuentes de agua y alimento afectarían la selección de sitios de nidificación y su éxito.

BIOLOGÍA CELULAR Y REPRODUCCIÓN

49. EXPRESIÓN DEL SISTEMA UROQUINASA (UPA/UPAR/PAI-1) Y MASTOCITOS TRIPTASA POSITIVOS (MC_T) DURANTE LA TRANSFORMACIÓN NEOPLÁSICA DE LA PRÓSTATA HUMANA (Expression of urokinase system and triptase-positive mast cells during neoplastic transformation of the human prostate).

Cabanillas-Sáez A.^a, Rojas F.P.^a, Seguel T.A.^a, Schalper J.A.^c.

^aLaboratorio de Farmacología Celular, Departamento de Farmacología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción. ^bUnidad de Anatomía Patológica y Citopatología, Hospital Las Higueras, Talcahuano, Chile.

Investigación financiada por Proyecto DIUC 205.032.014-1.0.

El sistema uroquinasa (SU) –compuesto por la serinoproteasa uroquinasa (uPA), su receptor (uPAR) y su inhibidor (PAI-1)– y los mastocitos triptasa-positivos (MC_T) favorecerían la progresión del cáncer al facilitar la migración e invasión de células tumorales. Puesto que algunos mediadores producidos por MC_T modifican la expresión de uPA/uPAR/PAI-1, estudiamos una posible vinculación entre ambos parámetros mediante el análisis inmunohistoquímico de la expresión de uPA, uPAR y PAI-1 y la presencia de MC_T en 106 muestras de tejido prostático humano, clasificadas como hiperplasias benignas (HBP), neoplasias intraepiteliales (PIN) y carcinomas de bajo, mediano y alto grado (CaP-BG, CaP-MG y CaP-AG, respectivamente). La inmunorreactividad detectada para uPA, uPAR y PAI-1 –reflejada como intensidad de tinción– y la presencia de MC_T –expresada como número de células por mm² de tejido– revelan que tanto los niveles de expresión de estas proteínas como el número de MC_T aumentan de manera significativa durante la transformación neoplásica y desdiferenciación de la próstata, sugiriendo una posible relación entre la expresión de componentes del SU y el aumento de MC_T en el estroma peritumoral.

50. RELACIÓN ENTRE LOS NIVELES PROTEICOS DE FOXO1 Y MRNA DE PPAR- γ EN ENDOMETRIOS DE MUJERES CON SÍNDROME DE OVARIO POLIQUÍSTICO (SOP) (Relationship between protein levels of FOXO1 and mRNA of PPAR- γ in endometria from women with PCOS).

Kohan K.¹, Rosas C.¹, Miranda I.¹, Plaza F.¹, Muñoz M.¹, Carvajal R.¹, Gabler F.³, Romero C.^{1,2}, Vega M.^{1,2}
¹Laboratorio de Endocrinología y Biología Reproductiva, ²Dpto. Ginecología/Obstetricia, Hospital Clínico, ³Dpto. Anatomía/Patológica-Centro, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
 FONDECYT #1050098.

Los factores FOXO1 y PPAR- γ participan en la vía de señalización de insulina. FOXO1 reprime la expresión del mRNA-PPAR- γ , este efecto desaparece cuando FOXO1 está fosforilado (p-FOXO1). En endometrios de mujeres-SOP insulino-resistentes no existen antecedentes claros de los niveles de dichos factores.

Evaluar si existen cambios de localización y niveles proteicos de p-FOXO1 y FOXO1 y en la expresión génica de PPAR- γ entre endometrios de mujeres controles y pacientes-SOP.

En endometrios controles (ENp,n=7) y SOP proliferativos (ESOPp,n=7), se determinó localización de FOXO1 y p-FOXO1 mediante inmunohistoquímica (1:75) y niveles proteicos mediante Western Blot (1:500) con anti-FOXO1 y anti-FOXO1pSer³¹⁹, normalizados con β -actina (1:15000). Los niveles de mRNA-PPAR- γ fueron evaluados mediante RT-PCR y normalizados con rRNA 18S.

En ENp y ESOPp se observó localización nuclear para FOXO1 y citoplasmática para p-FOXO1, detectándose tinción significativamente mayor en ESOPp para ambos factores transcripcionales (p<0,001). En ESOPp, los niveles de p-FOXO1 fueron significativamente mayores (p<0,05) versus los de FOXO1. Los niveles de mRNA de PPAR- γ fueron mayores en ESOPp comparados con ENp.

Los altos niveles de p-FOXO1, permitirían una mayor expresión génica de PPAR- γ en ESOPp, lo cual alteraría la función endometrial de estas pacientes.

51. PAPEL DEL GLUTAMATO 254 DE α -TUBULINA RECOMBINANTE SOBRE LA ADHESION CELULAR DURANTE EL DESARROLLO TEMPRANO DEL PEZ CEBRA (Role of glutamate 254 of α -tubulin on the cellular adhesion during the zebrafish early development).

Hurtado, F., Díaz, C., Undurraga C., Allende M., Lagos, R., Monasterio, O.
 Departamento de Biología, Facultad de ciencias, Universidad de Chile.
 Fondecyt 1050677.

Los microtúbulos son polímeros citoesqueléticos, esenciales para la sobrevivencia de los organismos eucariotes. Durante la división celular, una red de microtúbulos, llamado huso mitótico, separa físicamente los cromosomas y genera señales que forman y posicionan el surco de división

celular. La propiedad responsable de estas funciones es la inestabilidad dinámica que consiste en cambios entre fases de crecimiento y acortamiento, que depende de la hidrólisis de GTP. Se cree que el glutamato 254 de α -tubulina activa esta hidrólisis durante la polimerización. Se sobreexpresó en bacterias y se purificó por cromatografía de intercambio aniónico la α -tubulina recombinante y la mutante E254Q. Se microinyectó en cigotos del pez cebra la proteína pura y solubilizada en urea y se analizó su efecto por inmunofluorescencia sobre el desarrollo temprano del embrión. La proteína recombinante nativa no afectó el normal desarrollo del cigoto, mientras que la mutante E254Q provocó alteraciones en la sincronía de los ciclos de división celular de las células del cigoto y afectó la formación del surco de división celular.

52. REGULACIÓN DEL POOL DE HIERRO LÁBIL CITOSÓLICO Y MITOCONDRIAL EN CÉLULAS NEURONALES (Regulation of the cytosolic and mitochondrial labile iron pools).

Carriel C, Núñez MT.

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias e Instituto Milenio DCB, Universidad de Chile.
 Financiado por proyecto ICM P05-001-F.

Una fracción del hierro celular total (1-5%) está unida a diferentes compuestos con baja afinidad, conformando el "pool de hierro lábil" o LIP. El LIP es redox-activo y está disponible para procesos de síntesis en la mitocondria de grupos prostéticos que contienen hierro. La acumulación de hierro en sus formas redox-activo se ha asociado con daño oxidativo, procesos de neurodegeneración y envejecimiento. HIPÓTESIS: la mitocondria presenta regulación de sus niveles de hierro total y redox-activo distinta de la regulación del hierro citosólico. RESULTADOS. Se determinó el contenido de hierro total y lábil tanto en citosol como en mitocondria en células de neuroblastoma humano expuestas a diversas ofertas de hierro (rango 2-40 μ M) por 24 horas. El contenido de hierro total, el LIP citosólico (cLIP) y el LIP mitocondrial (mLIP) aumentaron significativamente entre 2 y 10 μ M de Fe externo, sin incrementos adicionales en el rango 10-40 μ M. En células incubadas durante 48 horas con 2-40 μ M de hierro, se observó que la magnitud de cLIP aumentó significativamente respecto a las 24 horas en todo el rango de concentraciones, mientras que la concentración del mLIP no varió respecto a las 24 horas. Estos resultados evidencian una regulación diferencial del contenido de hierro lábil citosólico y mitocondrial. Las diferencias en las magnitudes de cLIP y mLIP, indican que el mecanismo de regulación del mLIP es más estricto que la regulación del cLIP.

53. EFECTO DE LA ONDA H SOBRE LOS NIVELES PLASMÁTICOS DE SEROTONINA (H wave effect over the levels of plasmatic Serotonin).

*Campusano, C.; **Escobar, M.; *Lazo, **B.; Lobos, S.; **Saavedra, J.

*Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso;

**Facultad de Farmacia, Universidad de Valparaíso.

La Serotonina es una sustancia que se sintetiza principalmente en las neuronas serotoninérgicas del sistema nervioso central. Actúa como neurotransmisor y se distribuye por todo el organismo, cumpliendo múltiples funciones. Ejerce una gran influencia sobre el sistema siconervioso, por lo que frecuentemente se le denomina hormona del humor. Su función es fundamentalmente inhibitoria y se relaciona con los estados de ánimo, las emociones y los estados depresivos entre otros.

Con la finalidad de estudiar posibles variaciones en los niveles plasmáticos de Serotonina, se realizó un estudio utilizando una electroterapia llamada Onda H, la cual mediante contracción muscular se postula podría aumentar los niveles plasmáticos de este neurotransmisor.

Se estudiaron 30 voluntarios de ambos sexos y cuyas edades fluctuaban entre 20 y 30 años, a ellos se les aplicó la electroterapia Onda H y se cuantificó Serotonina en plasma pre y postterapia con el objeto de establecer variaciones de Serotonina plasmática. La cuantificación en plasma se realizó a través de cromatografía líquida de alta resolución (HPLC).

El 70% de los individuos encuestados presentó un aumento en la concentración de serotonina plasmática. Mediante la comparación de estas concentraciones plasmáticas (antes y después) se pudo establecer una diferencia altamente significativa ($t=38.27$). Probabilidad= 0.001.

Estos hallazgos nos permiten concluir que la Onda H es capaz de aumentar significativamente los niveles de Serotonina plasmática.

54. EXPRESIÓN DE HEPICIDINA EN ASTROCITOS Y CÉLULAS MICROGLIALES (Expression of hepcidin in astrocytes and microglial cells).

Sandoval D., Núñez M.T.

Facultad de Ciencias e Instituto Milenio DCB, Universidad de Chile.

Finaciado por proyecto FONDECYT 1070840 y proyecto ICM P05 001-F.

Hepcidina es un péptido secretado principalmente por el hígado, considerado el regulador maestro de la homeostasis del hierro. Se ha reportado su expresión en el cerebro, sin embargo no se ha dilucidado qué tipos celulares pueden estar participando y cuál puede ser su efecto. Las microglías son el efector primario de la respuesta inmune e inflamatoria en el SNC, y los astrocitos son células gliales encargados de diversas funciones relacionadas con el correcto funcionamiento neuronal. El objetivo de este trabajo fue determinar la posible expresión de hepcidina en microglías y astrocitos y su efecto en neuronas. Se realizó cultivo primario mixto de glías a partir de corteza de neonatos de rata. A partir del cual, se realizó la separación de microglías y astrocitos para estudios de RT-PCR semicuantitativo e inmunofluorescencia. Por otra parte, línea celular de neuroblastoma de humano SH-SY5Y fue tratada con hepcidina recombinante con el objetivo de observar el efecto que esta produce en la homeostasis del hierro. Se observó que hepcidina es expresado tanto en microglías como en astrocitos; y que en neuronas produce un aumento en la acumulación de hierro. Estos resultados indican que hepcidina genera una desregulación de la homeostasis del hierro en neuronas, tal como ocurre en enfermedades neurodegenerativas como la enfermedad de Parkinson.

55. ALTERACIÓN EN MOLÉCULAS INVOLUCRADAS EN EL TRÁFICO INTRACELULAR DE GLUT4 EN ENDOMETRIOS DE PACIENTES CON SÍNDROME DE OVARIO POLIQUÍSTICO (SOP) (Molecular changes involved in GLUT4 traffic in endometria from women with Polycystic Ovary Syndrome).

Rosas, C.¹, Karla, K.¹, Gabler, F.², Carvajal, R.¹, Tapia, V.¹, Romero, C.^{1,3}, Vega, M.^{1,3}

¹Laboratorio de Endocrinología y Biología Reproductiva, ²Dpto. Anatomía Patológica-Centro ³Dpto. Obstetricia/Ginecología, Hospital Clínico, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Financiamiento FONDECYT #1050098.

El endometrio de pacientes-SOP presenta menor funcionalidad de AS160, proteína reguladora del pool citoplasmático de vesículas con GLUT4. La proteína WASP responde a insulina, reorientando el citoesqueleto para el tráfico de las vesículas hacia la periferia celular.

Evaluar si existe alteración en los niveles proteicos de WASP y/o en su grado de colocalización con los microtúbulos en los endometrios de pacientes-SOP con y sin insulino resistencia.

En endometrios controles proliferativos (ENp n=7), secretores (ENs n=7) y SOP proliferativos (ESOPp n=14), se determinó el nivel proteico de WASP por Western Blot (1:200), normalizados con β -actina (1:15000), y su porcentaje de colocalización por Inmunofluorescencia con anti- α -tubulina (1:75).

La proteína WASP aumenta en ENs respecto ENp ($p < 0,05$). En ESOPp insulino-resistentes, WASP es menor versus ESOPp normo-insulínicos ($p < 0,05$) y ENp, mientras su colocalización es menor en ESOPp insulino-resistentes versus ESOPp normo-insulínicos ($p < 0,05$).

Los datos sugieren que en ESOPp insulino-resistentes la menor actividad de WASP y menor funcionalidad de AS160 descrita previamente, podría asociarse a una menor translocación de GLUT4 hacia la periferia celular.

56. USO DEL ADN LIBRE FETAL (FFDNA) COMO MARCADOR PRECOZ DE DISFUNCIÓN PLACENTARIA (Use of ffdNA as an early marker of placental dysfunction).

Illanes, S.¹ Nien, J.² Fornes, R.¹ Irrarrázabal, C.¹, Figueroa-Diesel, H.¹ Parra-Cordero, M.³.

¹Universidad de los Andes, ²CEDIP, ³Universidad de Chile.

Fondecyt 1080373, 1050482.

Determinar si los niveles plasmáticos de ffdNA precozmente en el embarazo predicen patologías placentarias severas como preeclampsia (PE) y retardo de crecimiento fetal (RCF).

Se tomó sangre a 1223 pacientes entre las 11 y 14 semanas. De aquellas que desarrollaron PE/RCF, y tenían feto masculino, se clasificaron en 2 grupos: parto < 35 semanas (n:9), y parto > 35 semanas (n:15). Un tercer grupo normal fue usado como control (n:31). Además, se tomó sangre a 10 pacientes con hipertensión crónica (HC) a las 22 semanas, y se evaluó la aparición de PE moderada o severa. Se realizó q-PCR para pesquisa de gen DYS14. Se utilizó ANOVA para análisis estadístico, $p < 0,05$.

No hubo diferencias entre el grupo control y aquellas con parto > 35 semanas. Sin embargo, el nivel de ffdNA fue mayor en el grupo con parto < 35 semanas v/s el control (4.34 ge/ml vs 2.09 ge/ml respectivamente; $p = 0,014$). En las pacientes con HC que desarrollaron PE severa, los niveles de ffdNA fueron más altos comparados con aquellas que no la desarrollaron (4.59 ge/ml vs 1.98 ge/ml respectivamente; $p = 0,03$).

ffdNA pareciera estar elevado precozmente en pacientes que desarrollarán patología placentaria severa.

BIOTECNOLOGÍA

57. ACTIVIDAD ARGINASA COMO BIOMARCADOR DE ESTRÉS AMBIENTAL EN LARVAS DE *DANIO RERIO* (Arginase activity as environmental stress biomarker in *Danio rerio* larvae).

¹Fuentealba, P. ^{1,3}Llanos-Rivera, A. ²Uribe, E. & ²Carvajal, N.

¹Carrera Ingeniería en Biotecnología Marina y Acuicultura. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. ²Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Ciencias Biológicas. ³Programa Investigación Marina de Excelencia (PIMEX). Universidad de Concepción. Programa PIMEX-Arauco.

Los efectos de los xenobióticos son variados, destacando la disminución del crecimiento e inactivación de rutas biosintéticas. La enzima arginasa (eARG), cataliza la hidrólisis de arginina en ornitina y urea, generando así el sustrato necesario para la síntesis de poliaminas, las cuales desempeñan funciones en proliferación y diferenciación celular. Por esto se propone que la alteración de la actividad arginasa, por exposición a concentraciones subletales del efluente de celulosa, disminuye el crecimiento larval de *Danio rerio*. Como la limitante para las determinaciones es la cantidad de biomasa disponible, se evaluó la actividad de eARG en cantidades crecientes de larvas en fase de absorción del vitelo (3,8 mm longitud larval), tanto en tejido fresco como almacenado a -20°C y -80°C. Los resultados indican que una biomasa de 10 larvas (150±5 µg proteínas totales), es posible medir una actividad específica de 1,2±0,2 µmoles/hr/mg proteína. Para validar el uso de eARG como biomarcador se consideran ensayos con un compuesto químico (malathion) que altera el crecimiento larval, para luego evaluar mediante bioensayos las variaciones en la actividad de eARG en embriones expuestos a diversas concentraciones del efluente de celulosa.

58. COMPUESTOS BIOACTIVOS DESDE *ATHYONIDIUM CHILENSIS*: ¿FUENTE POTENCIAL DE FÁRMACOS PARA LA INDUSTRIA ACUÍCOLA? (Bioactive compounds from *Athyonidium chilensis*: potential source of drugs for the aquaculture industry?).

Sottorff, I.¹, Díaz, A.¹, Rozas, Z.², Hernández, V.², Becerra J.², Silva, M² y Astuya, A.¹

¹Laboratorio de Genómica Marina y Celular. Ingeniería en Biotecnología marina y acuicultura. ²Laboratorio de Química de Productos Naturales. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

DIUC 208.112.100-1.0

En Chile existen 74 especies de "pepinos de mar" u Holothuroidea, con importancia económica dado su valor nutritivo, a la cual se suma la reciente constatación de actividad biológica, principalmente asociada a compuestos orgánicos como las saponinas. Por tal razón realizamos una caracterización química en busca de principios bioactivos, mediante la extracción con solventes orgánicos y posterior identificación por cromatografía en placa y GC-MS. En los extractos totales, las fracciones n-Hexano, Acetato de etilo y Butanol, permitieron la obtención de 40 tipos de ácidos grasos y una gama de esteroides; especialmente se destacan el ácido 9-Octadecenoico metil ester y Ácido Octadecanoico metil ester, concentrados en la fracción más polar (Acet. Etilo).

Estos extractos mostraron un efecto inhibitor en la formación de biopelículas bacterianas y actividad antifúngica, complementariamente no presentaron signos de citotoxicidad sobre líneas celulares de peces (EPC y CHSE). Estos resultados sugieren que la actividad biológica observada es atribuible a la presencia de estructuras esteroideas. Por otra parte la ausencia de toxicidad, hace interesante evaluar su potencial uso en el tratamiento de enfermedades en la industria de acuicultura.

59. AGOTAMIENTO DE LAS PROTEÍNAS ALTAMENTE ABUNDANTES EN PLASMA SANGUÍNEO DE RATAS MEDIANTE CROMATOGRAFÍA HIDROFÓBICA PARA ANÁLISIS PROTEÓMICO (Depletion of highly abundant proteins in blood plasma by hydrophobic chromatography for proteomic analysis).

Mahn, A., Zamorano, M.

Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Chile. Mauriciozamorano@gmail.com

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt N° 1061154.

Las investigaciones en proteómica se han incrementado notablemente en la última década, principalmente debido a su aplicación en el descubrimiento de proteínas biomarcadoras del estado de salud/enfermedad de mamíferos. El desarrollo de esta área se ha visto limitado debido a problemas técnicos relacionados con la complejidad de las muestras a analizar, normalmente plasma sanguíneo. La mayor dificultad recae en el amplio rango dinámico de concentración de las proteínas plasmáticas. Los biomarcadores se pueden encontrar en una concentración hasta 10^{10} veces menor que las proteínas altamente abundantes (Albumina, IgM, IgG, Transferrina, Haptoglobina, Fibrinogeno y $\alpha 1$ -antitripsina).

Se investigó la aplicabilidad de cromatografía de interacción hidrofóbica para agotar las proteínas altamente abundantes en plasma sanguíneo de ratas. Se estimó la hidrofobicidad superficial de las siete proteínas más abundantes y se optimizaron las condiciones cromatográficas mediante un diseño estadístico de experimentos.

Los resultados obtenidos en el estudio bioinformático indican que existe una posibilidad real del agotamiento de estas proteínas en un solo paso, debido a la similitud existente entre sus hidrofobicidades. Se concluye que es posible mejorar el desempeño de experimentos proteómicos mediante el fraccionamiento del plasma con cromatografía de interacción hidrofóbica.

60. AGOTAMIENTO DE ALBÚMINA EN PLASMA MEDIANTE SISTEMAS DE DOS FASES ACUOSAS COMO PRETRATAMIENTO PARA ANÁLISIS PROTEÓMICO (Albumin depletion in plasma through aqueous two-phase systems for proteomic analysis).

Mahn, A.¹, Salinas, L.², Quintana, C.

¹Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Chile² andrea.mahn@usach.cl

Agradecimientos: Proyecto Fondecyt N° 1061154.

El análisis proteómico del plasma sanguíneo se ve dificultado debido a que las proteínas de mayor interés se encuentran en una concentración significativamente inferior a la de las proteínas altamente abundantes, principalmente albúmina. Para agotar estas proteínas de manera que las proteínas menos abundantes (y de potencial aplicación como bioindicadores) se encuentren en una mayor concentración, se requiere de algún método de pretratamiento.

Se investigó la aplicabilidad de los sistemas de dos fases acuosas para el agotamiento de las proteínas altamente abundantes en el plasma sanguíneo de ratas. Se estudiaron los sistemas PEG-4000/fosfato y PEG-400/fosfato, a pH 7.0 y con un 2% de muestra. Los sistemas se caracterizaron mediante la construcción de las curvas de equilibrio, y se determinaron las condiciones que permitieron la mejor partición de la albúmina. Además, se investigó el efecto de la adición de NaCl sobre la partición. El mayor agotamiento de la albúmina se logró en los sistemas compuestos por 50% PEG-400/20% fosfato más 2% NaCl, y 23% PEG-4000/16% fosfato.

Estos resultados se validaron utilizando los sistemas seleccionados para agotar la albúmina en plasma de ratas. Se logró encontrar un nuevo método de pretratamiento de plasma que facilita el análisis proteómico.

61. PRODUCCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE ANTICUERPOS POLICLONALES Y RECOMBINANTES CONTRA *FLAVOBACTERIUM PSYCHROPHILUM* (Production and characterization of polyclonal and recombinant antibodies against *Flavobacterium psychrophilum*).

Santana, P., Figueroa, J., Enríquez R., Romero, A. Instituto de Patología Animal. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Austral de Chile. Valdivia. Patrocinado por el Dr. Jaime Figueroa V. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1080571; DID UACH.

El objetivo de nuestro trabajo es producir y caracterizar anticuerpos policlonaes y recombinantes contra *Flavobacterium psychrophilum* y desarrollar un test de ELISA capaz de detectar y cuantificar este patógeno de peces.

Para la producción de los anticuerpos policlonaes, inoculamos conejos con proteínas de membrana y totales de un aislado nacional de *F. psychrophilum* (46-05) y de una cepa de referencia (13-06).

En ensayos de Western Blot, los anticuerpos obtenidos originaron distintos patrones de bandas inmunorreactivas para ambas cepas, utilizando 20 µg de proteínas y una dilución 1:5000 del anticuerpo. Asimismo, los anticuerpos solo presentaron reacción cruzada con *Bacillus cereus*, *Vibrio Ordalii* y *Flavobacterium columnare*, de un total 9 bacterias de importancia para la salmicultura. Además, no se observó reacción cruzada con órganos de salmón del Atlántico.

En la actualidad, estamos estandarizando las condiciones para ensayos de inmunohistoquímica en peces infectados naturalmente con este patógeno. El laboratorio, además cuenta con anticuerpos recombinantes contra *F. psychrophilum*, que están siendo producidos en fagos para luego caracterizarlos mediante Western Blot e inmunohistoquímica.

Finalmente, estos anticuerpos serán aplicados en el montaje de un test de ELISA sándwich para el diagnóstico e identificación de los distintos aislados nacionales de *F. psychrophilum*.

62. DETERMINACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE HSP70 EN LA LÍNEA CELULAR DE SALMÓN SHK-1 FRENTE A ESTRÉS OXIDATIVO: UN POTENCIAL MARCADOR MOLECULAR DE ICTIOTOXICIDAD (Determination of the HSP70 expression in the salmon cell line SHK-1: a potential molecular marker for ichthyotoxicity).

Aburto, C., Avello, V., Aballay, A., Valenzuela, L. González R.R. & Astuya, A.

Laboratorio de Cultivo Celular y Genómica Marina. Ingeniería en Biotecnología Marina y Acuicultura. Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción.

Agradecimientos a PFB-31/2007.

Las microalgas de la clase Raphidophyceae como *Heterosigma Akashiwo* y *Chatonella sp.* producen toxicidad

principalmente por sobreproducción de Especies Reactivas de Oxígeno (EROs), desencadenando masivas mortalidades en organismos acuáticos particularmente en peces de centros de cultivo.

Las proteínas de *shock* térmico (HSP70) participan en la respuesta al estrés en peces y en sus líneas celulares frente a estímulos biológicos y abióticos. En el presente estudio, se determinó la citotoxicidad asociada a la exposición aguda de H₂O₂ (EROs) en SHK-1 (Atlantic Salmon Head Kidney) mediante el método de exclusión de azul de tripán y la expresión de HSP70 mediante RT-PCR. Ambas aproximaciones mostraron diferencias significativas entre las células control y las células expuestas. No obstante, el incremento en los niveles de expresión de HSP70 muestra cambios tempranos que permite postular a estas proteínas como un marcador molecular subletal *In Vitro* frente a EROs en células de peces. Estos resultados sugieren el potencial uso de HSP70 en la detección temprana de eventos asociados a la presencia de microalgas icthiotóxicas de la clase Raphidophyceae.

63. IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE GENES ASOCIADOS AL CONTENIDO DE ÁCIDO FÍTICO EN LUPINO AMARILLO (*LUPINUS LUTEUS*) (Identification and characterization of genes associated to the phytic acid content in yellow lupin (*Lupinus luteus*)).

Aravena, G.^{1,2,3}, Salvo, H.^{2,3}, Maureira, I.^{2,3}.

¹Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción. ²Centro de Genómica Nutricional Agro-Acuícola (CGNA), INIA Carillanca, Temuco. ³Unidad de Biotecnología de Plantas, INIA Carillanca, Temuco.

El lupino amarillo ha sido propuesto como una alternativa a la harina de pescado dado el alto contenido proteico de su grano. Sin embargo, la presencia de ácido fítico puede menoscabar su valor nutritivo. El ácido fítico es considerado un antinutricional, ya que reduce la biodisponibilidad de fósforo e importantes minerales. Los animales no rumiantes son incapaces de digerirlo, causándoles deficiencias nutricionales y un exceso de fósforo en las heces. Esta investigación pretende, 1) identificar genes asociados al contenido de ácido fítico en *L. luteus*, 2) estudiar su expresión en dos accesiones de *L. luteus* contrastantes en el contenido de ácido fítico y 3) correlacionar la expresión de estos genes con la cantidad de ácido fítico contenido en el grano maduro de esta especie. La metodología comprende análisis bioinformáticos de genes candidatos, estudios de expresión mediante RT-PCR, y determinación de ácido fítico por HPTLC. Los resultados nos permitirán descubrir si la expresión diferencial de alguno de los genes en estudio, es responsable de la variación de ácido fítico en el grano de cada accesión.

64. EFECTO ANTIVIRAL Y SÍNTESIS DE COMPUESTOS FENILPROPANOIDES INDUCIDO POR UN OLIGO-GALACTANO SULFATADO EN PLANTAS DE TABACO (Antiviral effect and synthesis of phenylpropanoid compounds induced by a sulfated oligo-galactan in tobacco plants).

Vera, J., Castro J. & Moenne A.

Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. amoenne@usach.cl

Financiado por Fondecyt 1010594 y BMS S.A.

Plantas de tabaco Xanthi^{NN} y Xanthiⁿⁿ (n=7) fueron asperjadas con agua (controles) y con el oligo-galactano sulfatado Poli-Ga a una concentración de 0.5 mg/mL, una vez por semana, dos veces en total, y se cultivó por 5, 15, 30, 45 y 60 días postratamiento. Las plantas Xanthi^{NN} y Xanthiⁿⁿ mostraron un aumento en la actividad fenilalanina amonía liasa de 1.1, 3.6, 5.4, 6 y 6.6 veces después de 5, 15, 30, 45 y 60 días de cultivo. Las plantas Xanthi^{NN} fueron infectadas con virus TMV y presentaron una disminución en el número de lesiones necróticas de 9%, 57%, 83%, 94% y 98%. Asimismo, en plantas Xanthiⁿⁿ se cuantificó el genoma de TMV por PCR en tiempo real observándose una disminución de 38%, 48%, 83%, 96% y 97%. Se determinó por HPLC el nivel de compuestos fenilpropanoides observándose un incremento de 13, 168, 39, 265, 16, 21, 72, 111 y 76 veces de ácido salicílico, dihidroxibenzoico, vainíllico, clorogénico, cafeico, siríngico, esculetina, escopoletina y rutina libres (no glicosilados), respectivamente, en plantas cultivadas por 60 días. Por lo tanto, el efecto antiviral de Poli-Ga en tabaco podría deberse a la acumulación de uno o más compuestos fenilpropanoides.

65. OLIGO-CARRAGENANOS DE ALGAS MARINAS ESTIMULAN EL CRECIMIENTO, LA SÍNTESIS DE ASCORBATO, LA ACTIVIDAD DE ENZIMAS ANTIOXIDANTES Y DE DEFENSA EN TABACO Y EUCALIPTUS.

Castro J., Vera J., Moenne A.

Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Financiado por empresa XX.

Plantas de tabaco var. Burley (n=5) y eucaliptus (n=10) (h=20 cm) fueron asperjadas con agua (controles) y con los oligo-carragenanos kappa1, kappa2, lambda y iota a concentración de 1mg/mL, una vez por semana, por 4 veces. Después de cuatro y seis meses, para tabaco y eucaliptos respectivamente, se determinó la altura, la cantidad de ascorbato total (ASC) y glutatión total (GSH), la actividad de las enzimas antioxidantes ascorbato peroxidasa (AP), dehidroascorbato reductasa (DHAR) y glutatión reductasa (GR) así como de las enzimas de defensa fenilalanina amonía liasa (PAL) y lipoxigenasa (LOX). En tabaco, se observó aumento del crecimiento de 40% con el oligo-carragenano iota y en eucaliptus un aumento de 20% con el oligo-carragenano kappa2. En tabaco, la cantidad de ascorbato total (principalmente ASC) aumentó 91%, la actividad AP, DHAR y GR aumentaron x, y y z veces y la actividad PAL aumentó x veces. En eucaliptus, el ascorbato total (principalmente ASC) aumentó 90%, la actividad AP y GR aumentaron x y y veces y la actividad PAL aumentó x veces. La cantidad de glutatión total y la actividad LOX en ambos casos y la actividad DHAR en eucaliptus, no variaron con respecto a los controles. Estos resultados sugieren que estimulación del crecimiento podría estar relacionada con el aumento de la cantidad de ASC y con la activación del metabolismo antioxidante en tabaco y eucaliptus.

NEUROCIENCIA- INMUNOLOGÍA

66. EXPRESIÓN DE LA ACTIVIDAD THETA ELECTROENCEFALOGRÁFICA DURANTE UNA TAREA DE RECONOCIMIENTO DE OBJETOS EN LA RATA (EEG theta activity expression during an Object Recognition Task in the rat).

Brunetti, E., Cruz, G., Castro, J., Ocampo-Garcés, A. Programa de Fisiología y Biofísica, ICBM. Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Patrocinio: Ennio Vivaldi V.

Proyecto FONDECYT 1061089.

Object recognition task (ORT) is a hippocampal-dependent learning process. It has been proposed that hippocampal theta activity reflects cognitive processes associated to learning and memory. Here we explore EEG theta activity expression during an Object Recognition Task.

Rats maintained in a square-shaped surface inside an isolation chamber were EEG, EMG and video recorded while performing the ORT. During ORT, animals were exposed to a set of four objects in five consecutive sessions, 5 minutes of duration each one, separated by 15 minutes. Comparison among EEG obtained during exploratory and non-exploratory behavior were done by means of short time Fourier transform (STFT) and inter-electrode phase-synchrony (coherence) analysis.

Exploration time decreased significantly across exposition sessions. A significant increase of theta power during exploratory vs. non exploratory behavior was obtained (Wilcoxon test, $p < 0.001$). Phase locking value observed during exploration was significantly greater than during non-exploratory behavior (Wilcoxon test, $p = 0.034$).

The increase in theta EEG power and coherence observed during exploratory behavior is consistent with a functional role of hippocampal theta in memory processing. We propose that theta activity has a relevant role in the cortico-hippocampal functional communication, a process necessary for object-recognition related memory.

67. ACTIVACIÓN DE LOS RECEPTORES CANABINOIDES (CB1) MODULAN LAS PROPIEDADES TEMPORALES DE LAS SEÑALES VISUALES ESCOTÓPICAS EN LA RETINA DE MAMÍFEROS (Cannabinoid receptors (CB1R) activation modulate the temporal characteristic of scotopic visual signals in mammalian retina).

Palacios, AC, Chávez, AE*, Palacios, AG.

Centro de Neurociencias de Valparaíso, Universidad de Valparaíso. *Albert Einstein College of Medicine, Bronx, NY-USA.

Patrocinador: Juan Bacigalupo.

PBCT (ACT-45 y ACT-46).

Los cannabinoides, el principal componente psicoactivo de la marihuana, modulan la transmisión sináptica excitatoria

e inhibitoria vía activación de sus receptores del tipo CB1. En la retina de mamíferos, estos receptores se encuentran altamente expresados en los terminales de las células bipolares de bastón (CBBs), sugiriendo un rol modulador en la señal visual escotópica. Utilizando electrorretinografía (ERG) *in vivo* nosotros evaluamos los efectos de la activación exógena de estos receptores en la onda-b del ERG, la cual refleja la despolarización de las CBBs en condiciones escotópicas. Para ello utilizamos inyecciones intravitreales del agonista WIN 55.212-2 (WIN; $5 \mu\text{M}$) en ratas (P17-P21). WIN incrementa la amplitud y prolonga el curso temporal o deactivación de la onda-b en el ERG, un efecto que fue eliminado en presencia del antagonista AM-251 ($50 \mu\text{M}$). Idénticos resultados fueron obtenidos cuando la inhibición GABAérgica mediada por las células amacrinas A17 sobre los terminales de las CBBs fue eliminada mediante inyecciones de 5,7-dihidroxitriptamina ($50 \mu\text{M}$). Estos resultados sugieren que la activación de los receptores CB1 en la retina de ratas modula la señal visual escotópica mediante una supresión de la inhibición GABAérgica sobre las CBBs.

68. GLUCOCORTICOIDES EN EL NÚCLEO PARAVENTRICULAR DEL HIPOTÁLAMO: EFECTO EN CORTICOSTERONA PLASMÁTICA, PRESIÓN ARTERIAL SISTÓLICA Y FRECUENCIA CARDÍACA DE RATAS DESNUTRIDAS PRENATALMENTE (Glucocorticoids into hypothalamic paraventricular nucleus: Effect on plasma corticosterone, arterial systolic pressure and heart rate in prenatally malnourished rats).

Pérez, H.¹, Soto-Moyano, R.¹, Ruiz, S.², Curotto E.¹, Sierralta, W.¹, White, A.³, Olivares, R.⁴ y Valladares L.¹
¹INTA, Universidad de Chile; ²Fac. Cs de la Salud, Universidad Diego Portales; ³ICBM, Universidad de Chile; ⁴Fac. Cs. Veter. y Pec., Universidad de Chile.
FONDECYT 1080684.

En la rata, la desnutrición prenatal induce hipertensión en la vida adulta y altera la sensibilidad del eje hipotálamo-hipófisis-adrenal. Se estudió en ratas eutróficas y desnutridas prenatalmente, 24 y 48 horas después de dexametasona (50 pmol) o de dexametasona combinada con el antagonista de glucocorticoides mepiprestona (100 pmol) microinyectados bilateralmente a nivel del núcleo paraventricular del hipotálamo, en la presión sistólica, la frecuencia cardíaca y la corticosterona plasmática. La desnutrición prenatal se indujo restringiendo la dieta de las madres al 40% del consumo ad-libitum. A los 40 días de vida postnatal, en el grupo desnutrido se observó que: (i) dexametasona indujo efectos de menor duración e intensidad (respecto de los valores basales) en la presión sistólica, la frecuencia cardíaca y corticosterona plasmática en comparación al grupo eutrófico; (ii) la combinación de dexametasona y mepiprestona aumentó los valores de los parámetros estudiados solo en el grupo desnutrido, 24 horas después de microinyectar. El comportamiento del grupo desnutrido podría deberse a una baja expresión de receptores para glucocorticoides en el núcleo paraventricular, respecto del grupo eutrófico.

69. EFECTO DE FLUOROCITRATO EN EL WIND-UP ESPINAL Y NOCICEPCIÓN MECÁNICA EN RATAS NORMALES Y MONOARTRÍTICAS (Effect of fluorocitrate on spinal wind-up and mechanic nociception in normal and monoarthritic rats).

Quiroz, M¹, Mariqueo, T¹, Constandil, L¹, Pelissier, T², Infante, C², Hernández, A¹, Laurido, C¹.

¹Laboratorio de Neurobiología, Universidad de Santiago de Chile; ²ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Proyecto Fondecyt 1070115 y DICYT 02-0843CC.

Fluorocitrato (FC) bloquea el ciclo de Krebs a nivel de aconitasa glial, sin modificar el metabolismo neuronal. Dado que existe una creciente evidencia que asocia a la glia con un rol en la modulación de cambios neuronales responsables del desarrollo y mantenimiento de muchos estados de dolor crónico, estudiamos el efecto de la inyección intratecal de FC en el desarrollo del wind-up espinal y la nocicepción mecánica en ratas normales y monoartríticas. Utilizamos ratas macho Sprague-Dawley. La monoartritis fue inducida mediante la inyección intraarticular del adyuvante completo de Freund. Los resultados obtenidos en el wind-up espinal mostraron que tanto en las ratas normales como las monoartríticas, se produjo una disminución en la potenciación sináptica después de una inyección intratecal (i.t.) de 2 nmoles/10 µL de FC. Las ratas normales sometidas al test de Randall-Sellito mostraron un aumento del umbral de vocalización después de la inyección i.t. de FC, mientras que las ratas monoartríticas mostraron una disminución del umbral de vocalización. Se sugiere que el efecto diferencial de FC en ratas normales y monoartríticas se relaciona con la evaluación algésimétrica utilizada, donde el wind-up depende de activación de receptores NMDA, mientras que el umbral nociceptivo mecánico dependería de receptores AMPA/kainato.

70. REFLEJO C EVOCADO EN EL MÚSCULO DIGÁSTRICO: UN NUEVO MÉTODO PARA EVALUAR ACTIVIDAD WIND-UP TRIGEMINAL (C-reflex evoked in the digastric muscle: a new method for evaluating trigeminal wind-up activity).

Mariqueo, T¹, Pelissier, T², Infante, C², Hernández, A¹, Constandil, L¹, Laurido, C¹.

¹Laboratorio de Neurobiología, Universidad de Santiago de Chile; ²ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Proyecto Fondecyt 1070115.

El wind-up refleja potenciación sináptica en neuronas nociceptivas y constituye un importante mecanismo en la generación de sensibilización central en dolor crónico. A nivel espinal, el reflejo C evocado en el músculo biceps femoris por estimulación repetitiva de baja frecuencia del nervio sural ha permitido evaluar la actividad wind-up en neuronas nociceptivas del cuerno dorsal, así como el efecto de drogas antinociceptivas con un posible potencial terapéutico en dolor crónico. En el presente trabajo

evaluamos electrofisiológicamente la actividad wind-up trigeminal, utilizando como paradigma experimental el reflejo C evocado en el músculo digástrico de ratas Sprague-Dawley. Los resultados obtenidos indican que: (a) es posible evocar un reflejo electromiográfico en el músculo digástrico de la rata por estimulación de fibras C de la tercera rama del trigémino; (b) es posible potenciar el reflejo C trigeminal con estímulos de baja frecuencia (wind-up) y (c) es posible deprimir el wind-up trigeminal con el agonista µ-opioide morfina y con el antagonista NMDA ketamina. Podemos concluir que la medición simple del wind-up trigeminal mediante el reflejo C evocado en el músculo digástrico facilitará futuros estudios sobre eficacia analgésica de nuevos fármacos en cuadros de dolor orofacial crónicos.

71. INFLUENCIA DE POLIESTIMULACIÓN SENSORIO MOTORA TEMPRANA EN LA MEMORIA VISUOESPACIAL Y LAS CONDUCTAS ANSIOSAS EN RATAS (Influence of early sensory-motor polystimulation on visuospatial memory and anxiety behaviors in rats).

Hernández, K.¹, Campos M.², Burgos H.², Castillo A.³, Pérez H.¹, Fernández V.⁴, Hernández A.⁵

¹INTA, Universidad de Chile; ²Escuela de Psicología, Universidad de las Américas; ³Escuela de Psicología, Universidad Autónoma de Chile; ⁴Centro de Estudios Montessori, Santiago; ⁵Laboratorio de Neurobiología, USACH.

FONDECYT 1070028 y U. Américas 025/2007

La poliestimulación sensorio-motora temprana es un procedimiento que promueve cambios neuroanatómicos y neurofisiológicos que favorecen los procesos cognitivos como memoria y aprendizaje en ratas. Por otra parte, estos procedimientos pueden mejorar el desenvolvimiento en laberintos de aprendizaje. Hay información contradictoria respecto de la relación entre ansiedad y el desempeño de ratas en laberintos, especialmente cuando se aplica poliestimulación. Grupos de ratas que fueron sometidas a un modelo de poliestimulación sensorio-motora temprana fueron evaluadas en el laberinto radial octogonal de Olton (LROO) y, luego en el Laberinto elevado en cruz (LEC), durante 15 días consecutivos. Las ratas poliestimuladas presentan (i) mayor número de errores y tiempo de recorrido en el LROO respecto al grupo control; (ii) mayor tiempo de permanencia en los brazos abiertos en el LEC, sin embargo, no hubo diferencias respecto al número de visitas entre los grupos. Los resultados sugieren que poliestimulación sensorio-motora temprana mejora la ansiedad de ratas en el largo plazo, pero afecta el desempeño en memoria visuoespacial. Se discuten posibles relaciones entre las estructuras límbicas asociadas.

72. EFECTO DEL INCREMENTO DE LA ACTIVIDAD NORADRENÉRGICA EN LA CONDUCTA ANSIOSA DE RATAS CON POLIESTIMULACIÓN SENSORIO MOTORA TEMPRANA (Effect of incrementing noradrenergic activity on the anxiety behavior of rats submitted to early sensory-motor polystimulation).

Villa, C¹, Castillo, A², Campos, M³, Fernández, V⁴, Hernández, A⁵, Burgos, H³.

¹INTA, Universidad de Chile; ²Escuela de Psicología, Universidad Autónoma de Chile; ³Escuela de Psicología, Universidad de las Américas; ⁴Centro de Estudios Montessori, Santiago; ⁵Laboratorio de Neurobiología, Universidad de Santiago de Chile. FONDECYT 1070028 y U. Américas 025/2007.

La ansiedad está relacionada con incrementos de la actividad noradrenérgica y serotoninérgica central. Por otra parte, la poliestimulación sensorio-motora temprana provoca cambios neuroplásticos favorables que podrían incidir en el mejoramiento del desempeño cognitivo-conductual. Estudios recientes señalan que esta poliestimulación mejora los niveles de ansiedad en la rata. Con el objeto de estudiar la relación entre la acción ansiolítica de poliestimulación temprana y la actividad noradrenérgica central, se evaluó el efecto de desipramina (bloqueador de la recaptación de noradrenalina) en el laberinto elevado en cruz, tanto en ratas sometidas al modelo de poliestimulación temprana como en controles. La administración crónica de desipramina (10 mg/kg/día i.p. durante 15 días) disminuyó el tiempo de permanencia en los brazos abiertos del laberinto, sin afectar significativamente el número de visitas. Los resultados indican que desipramina crónica es ansiogénica, y que la poliestimulación no previene dicho efecto. La ausencia de interacción entre los factores desipramina-poliestimulación sugiere que el efecto ansiolítico de la poliestimulación sensorio-motora temprana no es mediado por mecanismos noradrenérgicos centrales.

73. EVALUACIÓN DEL EFECTO DE FLUOXETINA EN LA MEMORIA VISUOESPACIAL DE CORTO Y LARGO PLAZO EN RATAS (Evaluation of the effect of fluoxetine on short- and long-term visuospatial memory in rats).

Burgos, H.¹, Castillo, A.², Cofré, C.¹, Ortiz, N.¹, Torres, S.¹, Martínez, J.¹, Pérez, H.³, Hernández, A.⁴

¹Escuela de Psicología, Universidad de las Américas; ²Escuela de Psicología, Universidad Autónoma de Chile; ³INTA, Universidad de Chile; ⁴Laboratorio de Neurobiología, USACH. FONDECYT 1070028 y U. Américas 025/2007.

Fluoxetina es un antidepresivo que bloquea la recaptación de serotonina. Existe información contradictoria de su influencia en la memoria. Se administra crónicamente 10 mg/kg. i.p. de fluoxetina a 20 ratas Sprague Dawley durante 18 sesiones. Cada rata fue depositada en la plataforma central del Laberinto Radial Octogonal de Olton el cual tenía bloqueado,

en una primera etapa, los brazos 1, 3, 4 y 6 por 5 minutos o hasta consumir el refuerzo, con el fin de evaluar la memoria de corto plazo. Luego, se abren las compuertas de los brazos por 5 minutos más para evaluar memoria de largo plazo. Se controló el tiempo que cada rata demoró en ingresar a cada uno de los brazos, además de los errores (ingreso a un brazo ya visitado). La prueba estadística *t* de Student muestra que existe una diferencia significativa entre los grupos con fluoxetina, respecto al control, lo que sugiere que el fármaco provoca cambios en estructuras encefálicas relacionadas con memoria de corto y largo plazo, que se reflejan en el cumplimiento de la tarea.

74. DIETA RICA EN GRASAS INCREMENTA ANSIEDAD EN RATONES SWISS DURANTE EL AYUNO Y ALTERA EL COMPORTAMIENTO DE EXPLORACIÓN (High Fat Diet Increases Anxiety During Fasting And Alters Exploratory Behavior In Swiss Mice).

Morgan, C.¹, Rojas, JM.², Flores, O.¹, Escobar, J.³, Burgos, H.³, Hernández, A.¹.

INTA, Universidad de Chile¹, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile², Escuela de Psicología, Universidad de las Américas³.

Agradecimientos: FONDECYT #1070028 otorgado a A.H.

La obesidad es actualmente una pandemia que altera la homeostasis energética, gatillando los desórdenes que integran el Síndrome Metabólico, incluyendo resistencia a Insulina, dislipidemia, hepatosteatosi, diabetes tipo 2, y enfermedad cardiovascular, entre otros. Además, recientemente se ha asociado la obesidad a trastornos del ánimo y ansiedad. Aquí mostramos que ratones sometidos a dieta rica en grasas (60% kcal) muestran mayor ansiedad en ayuno, en el laberinto elevado en cruz, respecto al grupo control alimentado con dieta estándar. Por otra parte, el comportamiento de exploración medido en campo abierto no mostró diferencias entre ambos grupos cuando recibieron alimentación *ad libitum*. Sin embargo, cuando los animales fueron desafiados con dieta estándar dispuesta en el centro del campo abierto, aquellos ratones sometidos a dieta rica en grasas visitaron menos el blanco, respecto de los animales alimentados con dieta estándar. En su conjunto los resultados sugieren que el consumo crónico de una dieta rica en grasas eleva los niveles de ansiedad y puede alterar el comportamiento de exploración en presencia de un desafío.

75. EL SHUNT DERIVATIVO VENTRÍCULO-PERITONEO EN RATAS HIDROCEFÁLICAS HTX GENERA AUTOANTICUERPOS (Ventriculo-peritoneal shunt in HTx hydrocephalic rats triggers the production of auto-antibodies).

Negrón, M., Rodríguez, S., Guerra, M., Rodríguez, EM.

Instituto de Anatomía, Histología y Patología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia. negron.marco@gmail.com; Patrocinante: Dra. Sara Rodríguez C. srodrig2@uach.cl

PROYECTO FONDECYT N° 1070241 (Dr. Esteban Rodríguez C).

La hidrocefalia es una patología que se caracteriza por una acumulación de LCR en las cavidades cerebro-ventriculares. Afecta a 1-3 por cada 1.000 niños nacidos. Una vez desarrollada, la principal alternativa de tratamiento de la hidrocefalia es la derivación del LCR desde los ventrículos hacia el peritoneo (shunt). Sin embargo, este tratamiento no es curativo, y los niños hidrocefálicos no logran superar el daño cerebral con el que nacen. El presente estudio investiga la posibilidad que la llegada de compuestos que están en el LCR al peritoneo pueda generar autoanticuerpos que compliquen la patología.

Se estandarizó una técnica de shunt para ser utilizada en ratas mutantes HTX que desarrollan hidrocefalia. El LCR preshunt y postshunt de animales hidrocefálicos fueron analizados mediante inmunquímica, utilizando como primer anticuerpo el suero obtenido de los animales a los 15, 30, 45 y 60 días postshunt.

Los sueros obtenidos reconocen en electrotransferidos de LCR bandas inmunorreactivas en un rango de 19 a 60 kDa. La identificación de estas proteínas y su distribución en SNC mediante inmunocitoquímica están en marcha.

El procedimiento de shunt hacia el peritoneo induce la producción de anticuerpos contra compuestos que están presentes en el LCR (¿proteínas LCR-específicas?), lo que podría explicar en parte la progresión de la patología, a pesar del tratamiento.

76. ALTERACIONES SINÁPTICAS Y ENFERMEDAD DE ALZHEIMER EN OCTODON DEGUS (Synaptic impairments and Alzheimer's disease in Octodon degus).

Ardiles, A.O.¹; Inestrosa, N.², Kirkwood, A.³ & Palacios, A.¹

¹Centro de neurociencia, Universidad de Valparaíso. ²Centro de Regulación Celular y Patología "Joaquín V. Luco" e Instituto Milenio MIFAB, Universidad Católica de Chile. ³Mind Brain Institute, Johns Hopkins University.

Financiamiento: Proyecto FIRCA-NIH R03 TW007171-01A1.

Recientemente se ha descrito que el roedor *Octodon degus* desarrolla espontáneamente signos neuropatológicos clásicos de la enfermedad de Alzheimer como la acumulación de

placas amiloides y ovillos neurofibrilares (Inestrosa et al., 2005). Interesantemente los degus viejos muestran una disminución en la función cognitiva, observado a través de un test de reconocimiento de objetos y un test de alternancia en un laberinto en forma de T (Boric and Palacios, 2004; Ponce et al., 2007).

Registros de campo realizados en rebanadas de hipocampo de Degus de 3 y 5 años muestran similares niveles de potenciación de la respuesta sináptica inducida por estimulación a alta frecuencia (4x10 estímulos a 100 Hz), sin embargo, cuando la estimulación fue reducida a la mitad (2x10 estímulos a 100 Hz) los animales de 5 años presentan una potenciación ligeramente menor comparado a los animales de 3 años. Estos antecedentes apuntan a que cambios dependientes de la edad como una declinación cognitiva y la presencia de placas y ovillos observados en degus viejos podrían correlacionarse con una alteración en los mecanismos de plasticidad sináptica.

77. EXPRESIÓN DE BDNF ASOCIADA A LA TAREA DE RECONOCIMIENTO DE OBJETOS EN RATAS SPRAGUE DAWLEY (Expression of BDNF associated to Objects Recognition Task in rats *Sprague dawley*).

Aspé, M., Contreras, L.S., Muñoz, P., Palacios, A.

Centro de Neurociencias de Valparaíso.

Patrocinante: Tulio Núñez.

Financiado por: Anillo sensorial PBCT-ACT 45; FONDECYT-POSTDOCTORADO 3080046; FIRCA-NIH R03 TW007171-01 A1.

La memoria de reconocimiento es un tipo de memoria asociada a la corteza peririnal (CPr), que puede ser evaluada aplicando una tarea de reconocimiento espontáneo de objetos (TREO).

El factor neurotrófico derivado de cerebro (BDNF) está involucrado en plasticidad sináptica, aprendizaje y memoria. Recientemente se ha demostrado que paradigmas de memoria espacial inducen cambios epigenéticos en el estado de metilación del ADN en su gen. En el presente trabajo estudiamos cambios en la expresión de BDNF en CPr de ratas *Sprague Dawley* sometidas a TREO.

Las ratas fueron sometidas a tres sesiones de TREO. Dos horas después de finalizada la tercera sesión se microdisectó la CPr de este grupo y se aisló el ADN genómico, analizando el estado de metilación del gen por PCR específico y la expresión de BDNF mediante inmunoblot. Los resultados muestran que el reconocimiento de un objeto se correlaciona significativamente con la expresión de BDNF. Encontramos una correlación negativa entre la metilación del gen de BDNF y el índice de reconocimiento |D2|, y una correlación positiva entre la expresión de BDNF y |D2|, consistente con los modelos epigenéticos que asocian la pérdida de metilación con activación génica.

78. EFECTOS DE LA SEÑALIZACIÓN ASTROGLIAL SOBRE LA TRANSMISIÓN SINÁPTICA DEL HIPOCAMPO EN RATAS SOMETIDAS A KINDLING (Effects of astroglial signaling on hippocampal synaptic transmission of kindled rats).

Zárate, A., Bonansco, C., Fuenzalida, M., Bravo, I., Romero, F., Roncagliolo, M.
Centro de Neurobiología y Plasticidad del Desarrollo, Departamento de Fisiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso.
(FONDECYT 1061074 CB; DIPUV 08/2005 CB; DIPUV 40/2007 MR; DIPUV 46/2007 MF).

La epilepsia es una neuropatología que afecta principalmente a circuitos excitatorios glutamatergicos y cuya patogenia puede vincularse a mecanismos neurofisiológicos de plasticidad de los componentes neuronales y no neuronales del cerebro. Recientemente se ha sugerido que los astrocitos pueden estar involucrados durante la progresión de la epilepsia. Además de la presencia de astrogliosis en piezas quirúrgicas de pacientes epilépticos, se ha demostrado en modelos agudos de epilepsia, que la liberación calcio-dependiente de glutamato desde los astrocitos, puede inducir corrientes de entrada lenta (SIC) y generar una actividad epileptoide en células piramidales de CA1. Utilizando registro intracelular en neuronas piramidales de CA1 de hipocampo (i.e: patch clamp, whole cell), obtenidos de ratas sometidas al modelo de epilepsia progresiva (*kindling*), hemos estudiado la relación entre la actividad excitatoria dependiente del glutamato astroglial y el desarrollo de la epilepsia. Para la inducción de *kindling*, las ratas fueron sometidas a una estimulación diaria en la amígdala (1 tren de pulsos de 100 μ s, a 60 Hz, durante 1 segundo). Cada una de las 5 etapas del *kindling* fueron reconocidas conductualmente y por registro de la actividad electrográfica, evaluando la aparición y duración de las postdescargas (PDs). En etapas avanzadas de *kindling* amigdaliano (4 y 5), hemos detectado un aumento en la frecuencia de las SICs y una disminución del índice de facilitación por pulsos pareados de las EPSCs. Estos resultados sugieren que la inducción y desarrollo de *kindling* aumenta la liberación de glutamato astroglial, el cual induce cambios en la eficacia y excitabilidad de sinapsis CA3-CA1.

79. REDUCCION DE LA EFICACIA SINAPTICA DE NEURONAS PIRAMIDALES DE CA1 INDUCIDA POR INHIBICIÓN ASTROGLIAL EN REBANADAS DE HIPOCAMPO (Reduction of synaptic efficacy in CA1 pyramidal neurons induced by astroglial inhibition in hippocampal slices).

Fuenzalida, M., Roncagliolo, M., Rojas, J.C., y Bonansco, C.
Centro de Neurobiología y Plasticidad del Desarrollo, Depto. de Fisiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, CHILE.
FONDECYT 1061074, DIPUV 08/2005.

Los astrocitos liberan glutamato en respuesta a su estimulación, el cual aumenta transitoriamente la probabilidad de liberación del neurotransmisor (p), en los terminales glutamatergicos en el hipocampo. La coincidencia entre la gliotransmisión la despolarización postsináptica induce plasticidad sináptica. Aunque se sabe que los astrocitos liberan gliotransmisores en ausencia de estimulación, se desconoce si esta forma señalización espontánea puede modular la p de transmisión sináptica basal. Mediante técnicas electrofisiológicas, evaluamos p en sinapsis CA3-CA1 en rebanadas de hipocampo en presencia de la gliotoxina fluorocitrato (FC). Las corrientes postsinápticas excitatorias evocadas por estimulación convencional (eEPSC) y de fibra única (meEPSC) fueron registradas en neuronas piramidales de CA1. La perfusión de FC redujo la amplitud y eficacia sináptica de las eEPSCs, así como la potencia y p de las meEPSC. Estos efectos ocurrieron en paralelo con el incremento del índice de facilitación (PPF). Aunque la adición de glutamina (Gln) disminuye los efectos de FC sobre la amplitud de eEPSC y potencia de los meEPSC, la facilitación permaneció aumentada, mientras que la tasa de aciertos disminuyó. La frecuencia de las corrientes postsinápticas en miniatura (mEPSCs, TTX-insensibles) fue reducida por FC, independiente de la adición de Gln al medio de perfusión. En presencia de FC y Gln, la amplitud de los mEPSCs no cambia significativamente. Estos resultados demuestran que la inhibición astroglial produce: 1) disminución de p , probablemente debido a la inhibición de la señalización astroglial espontánea y 2) disminución del contenido vesicular en el terminal, el cual es revertido por Gln exógena. Estos resultados sugieren que la señalización astroglial espontánea regula la eficacia de transmisión sináptica basal.

80. GENERACIÓN DE SECUENCIAS EPÍTOPE PARA LA OBTENCIÓN DE ANTICUERPOS COMO UNA HERRAMIENTA EN LA EVALUACIÓN DE MARCADORES DEL SISTEMA INMUNE DE PECES SALMÓNIDOS (Generating epitope sequences for obtaining antibodies as a tool in evaluating markers of the salmonid immune system).

Berendsen, J.¹, Rojas, M.V.¹, Guzmán, F.¹, Cárdenas, C.¹, Gallardo, J.² & Mercado, L.¹.

¹Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular. Instituto de Biología. Facultad de Ciencias. ²Escuela de Ciencias del Mar. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. lmercado@ucv.cl.

Proyecto 07CN13PBT-61 apoyado por InnovaChile de CORFO.

El crecimiento de la salmonicultura en Chile ha conllevado a la aparición de peces persistentemente infectados, donde el desarrollo de patologías depende principalmente de la capacidad inmunológica del pez. Una estrategia productiva es la selección de los individuos más resistentes, para ello es fundamental disponer de parámetros para la evaluación de un sistema inmune robusto. Sin embargo, el nivel de desarrollo de análisis clínico veterinario en peces, no cuenta con marcadores inmunológicos comerciales. Con el objetivo de cuantificar moléculas clásicas de la inmunidad innata, expresadas en peces, se han generado anticuerpos policlonales mono-específicos, en tumores ascíticos desarrollados en ratones. Para la identificación de secuencias epítipo de IL-1 β , IL-6, INF γ y TNF α , se utilizaron herramientas bioinformáticas. Los péptidos fueron sintetizados químicamente mediante estrategia f-moc en fase sólida y analizados mediante HPLC en fase reversa, su pureza se estableció por espectrometría de masas. Las inmunizaciones fueron realizadas los días 0, 7, 14 y 21, mediante inyección ip de 0,6 μ g de péptido más péptido FIS (1:1), como activador de células Th. Desde los líquidos ascíticos, enriquecidos en inmunoglobulinas, se determinó mediante ELISA los antisueros de mayor afinidad por su antígeno.

81. CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DEL SISTEMA INMUNE DE PECES MEDIANTE LA EXPRESIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS EN *SALMO SALAR* (LINNAEUS, 1758) Phenotypical Characterization of *Salmo salar* immune system by antimicrobial peptide expression.

Narváez, E.¹, Palacios, C.¹, Gallardo, J.², Arenas, G.¹ & Mercado, L.¹.

¹Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular. Instituto de Biología. Facultad de Ciencias. ²Escuela de Ciencias del Mar. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. lmercado@ucv.cl

Proyecto 07CN13PBT-61 apoyado por InnovaChile de CORFO.

El sistema inmune de los vertebrados presenta estrategias de defensa tanto innatas como adaptativas. En peces la capacidad

de respuesta frente a patógenos es principalmente innata, a través de proteínas del complemento, lectinas, lisozima o péptidos antimicrobianos (PAMs). En especies mantenidas en cultivos confinados, como *Salmo salar*, el desarrollo de patologías depende principalmente de la eficiencia de la respuesta innata. Intentamos validar que el nivel de expresión de PAMs, puede ser un indicador útil de inmunidad robusta. Mediante diferentes protocolos hemos evaluado la extracción de PAMs de mucus y tejido branquial, logrando su purificación parcial mediante cromatografías de intercambio catiónico y de fase reversa. La actividad antimicrobiana ha evidenciado diferencias individuales. Paralelamente a partir de estructura primaria de secuencias conocidas de PAMs en salmónidos, Oncorhynchus III y SAMPH1, se sintetizaron péptidos epítipes y se obtuvo anticuerpos para la cuantificación de estas moléculas en diferentes tejidos del pez. Actualmente estamos evaluando la existencia de expresión diferenciada en peces sanos, mediante ELISA, para posteriormente establecer una correlación entre el nivel de PAMs en tejido y resistencia o susceptibilidad a patógenos.

82. CD115 COMO MARCADOR MOLECULAR DE MACRÓFAGOS DE *SALMO SALAR* (CD115 as molecular marker in macrophages from *Salmo salar*).

Maisey, K.^{1,2}, Rodríguez-Tirado, C.¹, Ríos-Ramírez, M.¹, Reyes-Cerpa, S.¹, Reyes-López, F.¹, Imarai, M.¹.

¹Laboratorio de Inmunología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

²Macrocap S.A.

Financiado por: CORFO-INNOVA 07CN13 PBT-90 y DGT-USACH.

CD115, también denominado receptor del factor estimulante de colonias de macrófagos (M-CSFR) es una tirosina kinasa de membrana perteneciente a la familia del receptor CSF1/PDGF y se expresa casi exclusivamente en macrófagos. A partir de la secuencia del cDNA M-CSFR de trucha arco iris se amplificó mediante RT-PCR una secuencia codificante para este receptor en *Salmo salar* la que posteriormente se secuenció y caracterizó. Se determinó la expresión génica en diferentes órganos linfoides y no linfoides del salmón y el efecto de la inyección intraperitoneal de lipopolisacárido (LPS) o ácido poliinosínico policitídico (poli I:C) sobre los niveles del mensajero.

Los resultados indican que la secuencia del cDNA de 2979 bp corresponde a un marco de lectura abierto de 993 aminoácidos donde se localizan dominios compatibles con un receptor de membrana perteneciente a la familia de los receptores PDGF. El nivel de identidad con la secuencia conocida en trucha, los dominios característicos de la proteína que teóricamente codifica, el perfil de expresión en los órganos de salmón y la respuesta a la estimulación sugiere que el cDNA clonado corresponde al receptor M-CSFR, proteína marcadora de macrófagos.

83. CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN DEL RECEPTOR DE CÉLULAS CITOTÓXICAS NO ESPECÍFICAS (NCCRP-1) EN SALMO SALAR (Molecular cloning and expression of the non-specific cytotoxic cell receptor protein (NCCRP-1) in *Salmo salar*).

Maisey, K^{1,2}, Rodríguez-Tirado, C¹, Reyes-Cerpa, S¹, Reyes-López, F¹, Imarai, M¹.

¹Laboratorio de Inmunología, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

²Macrocap S.A.

Financiado por: INNOVA-CHILE 07CN13 PBT-90 Y DGT-USACH.

Se cree que las células citotóxicas no específicas (NCC) en teleosteos son evolutivamente los precursores de las células Natural Killer (NK) en mamíferos. NCCRP-1 cumple un papel importante en el reconocimiento de células blanco y en la activación de células NCC.

Siete secuencias de cDNA de NCCPR-1 en teleosteos están depositadas en GenBank y utilizando la herramienta tBLASTn sobre la base de datos de EST de *Salmo salar* se identificó una posible secuencia para NCCRP-1. A partir de esa secuencia se amplificó mediante 3' y 5'RACE el cDNA, se secuenció y caracterizó. Mediante RT-PCR se determinó su expresión en diferentes órganos y se determinó el efecto de la inyección intraperitoneal de lipopolisacárido (LPS) o ácido poliinosínico policitidílico (poli I:C) sobre su expresión.

Los resultados indican que la secuencia del cDNA de 654 bp corresponde a un marco de lectura abierto de 218 aminoácidos donde se localizan dominios compatibles con un receptor de membrana probablemente correspondiente a NCCPR-1. El perfil de expresión en los órganos linfoides y no linfoides de salmón y la respuesta a la estimulación sugiere que este receptor corresponde a un marcador de células linfoides.

84. ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN Y ACTIVIDAD BIOLÓGICA DEL PÉPTIDO LIBERADOR DE PROLACTINA C-RFA EN LEUCOCITOS DE SALMO SALAR (Expression analysis and biological activity of the prolactin releasing peptide C-RFa in leucocytes of *Salmo salar*).

Romero, A¹, Velásquez, J¹., Kausel, G²., Monrás, M¹., Enríquez, R¹. y Figueroa, J².

¹Instituto de Patología Animal; ²Instituto de Bioquímica, Universidad Austral de Chile.

Patrocinio Dr. Jaime Figueroa.

Recientemente se ha identificado al péptido hipotalámico C-RFa como miembro del grupo de péptidos liberadores de prolactina (PrRP). En este estudio, se inmunodetectó la expresión de C-RFa en células localizadas en riñón anterior y sangre periférica de *Salmo salar*. Específicamente, se detectó una fuerte inmunorreacción en el citoplasma de neutrófilos y monocitos y una leve señal en linfocitos. Además, ambos tipos celulares fueron inmunopositivos para prolactina. La colocalización de C-RFa y prolactina fue confirmada

por microscopía confocal, en un cultivo de macrófagos de salmón. Estas células mostraron una alta expresión de C-RFa y su receptor, la que fue confirmada por RT-PCR, detectando el mRNA a las 24, 48 y 72 h de cultivo, sugiriendo la participación de C-RFa en la liberación ectópica de prolactina. Más aún, el péptido C-RFa aumentó la producción de anión superóxido en una forma dosis dependiente (10nM; 100 nM y 1 μM), en cultivos de macrófagos, luego de la estimulación con PMA. En su conjunto, la expresión de C-RFa en leucocitos y el efecto *in vitro* sobre la actividad de macrófagos sugiere a C-RFa como un nuevo modulador del sistema inmune de peces.

85. ENRIQUECIMIENTO DE FRACCIONES CELULARES PARA LA CARACTERIZACIÓN DE PARÁMETROS INMUNOLÓGICOS EN HEMOCITOS DE *CHOROMYTIUS CHORUS* (MOLINA, 1782) Characterization of immunological parameters in different populations of hemocytes from *Choromytilus chorus*.

Moya, J., Morales, N., Arenas, G. & Mercado, L. Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular. Instituto de Biología. Facultad de Ciencias. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. lmercado@ucv.cl

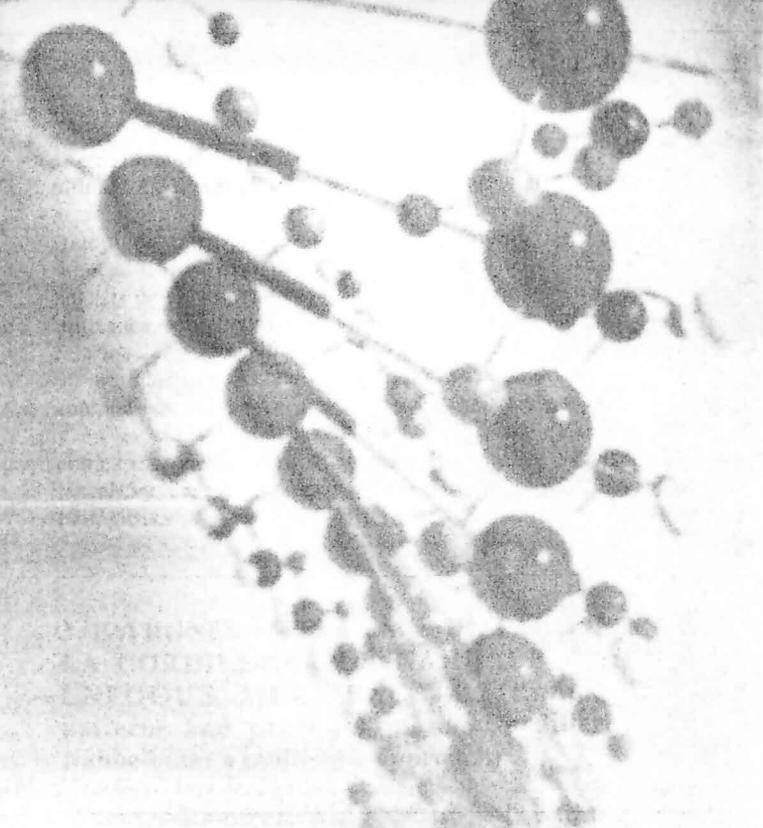
El sistema inmune en organismos acuáticos se organiza en componentes celulares y moleculares para enfrentar la amenaza de potenciales agentes patógenos. El componente celular en moluscos son los hemocitos, que han sido clasificados básicamente como hialinos, semigranulares y granulares, con afinidad basófila o eosinófila. Sin embargo, no existe una correlación entre el tipo celular y la respuesta inmune específica frente a microorganismos. Con la finalidad de establecerlo hemocitos de *Choromytilus Chorus*, fueron centrifugados en gradiente de densidad, obteniéndose fracciones enriquecidas en diferentes poblaciones: hialinos (25% Percoll); grandes (diámetro-total:13-17μm; diámetro-nuclear:6-7μm) y pequeños (d:10-11μm; n:4-7μm), basófilos (32%)(d: 8-12μm) y eosinófilos (60%) (d: 12-17μm; n: 4-6μm). En cada población además de la caracterización morfológica mediante tinción de Wright, se evaluó la actividad fagocítica, el estallido respiratorio y la presencia del sistema profenoloxidasas. El análisis preliminar de la fagocitosis y la producción de especies reactivas de oxígeno, ha evidenciado que las tres poblaciones tipificadas exhiben estos mecanismos, siendo mayor en la población hialina. Se ha detectado además, variación estacional que favorece la viabilidad de esa población. La caracterización de poblaciones específicas de hemocitos podría ser útil en la evaluación *in vitro*, del efecto de moléculas exógenas.

86. MECANISMOS DE RESPUESTA INMUNE EN EL CNIDARIO COLONIAL *HYDRACTINIA*
(Mechanisms of immune response in the colonial cnidarian *Hydractinia*).

Cadavid, LF, López, J. y Schwarz, R.

Departamento de Biología e Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá DC, Colombia.

El sistema inmunológico provee una representación funcional del mundo molecular interno y mantiene la integridad fisiológica y genética de los organismos vivos. Por más de 500 millones de años de historia, diversas estrategias inmunológicas han evolucionado independientemente en distintos grupos animales. Los invertebrados coloniales tienen al menos dos estrategias de discriminación inmunológica: Alorreconocimiento y defensa antimicrobiana. La primera es la capacidad para discriminar entre tejidos propios y aquellos de individuos de la misma especie. La segunda estrategia es el reconocimiento inmune contra microorganismos. Aquí se presenta una descripción de varios mecanismos para ambas estrategias en el modelo de *Hydractinia* (Cnidaria: Hydrozoa). El alorreconocimiento en *Hydractinia* es controlado por un complejo multi-locus altamente polimórfico y de expresión codominante. El complejo ha sido mapeado a una resolución de 3.2 cM. Dos colonias se rechazan si no comparten ningún alelo del complejo, de lo contrario se fusionan. Aquí también describimos la caracterización de dos factores de reconocimiento antimicrobiano en *Hydractinia*, las lectinas Rhamnospondina y CnPolydom.



PANELES II

ECOLOGÍA - BOTÁNICA

1. ASOCIACIONES POSITIVAS CON PLANTAS FACILITADORAS EN ZONAS DE ALTA MONTAÑA Y SUS CONSECUENCIAS EN EL RANGO DE DISTRIBUCIÓN (Positive associations with nurse plants in high-alpine areas and their consequences in the distributional range).

Henríquez-Velásquez C., Cavieres, L.A. ECOBIOSIS, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción. Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

Agradecimientos: Beca de Magíster del Proyecto ICM, código P05-002 y FONDECYT PFB - 23.

Las adversas condiciones climáticas de las zonas de alta montaña son los principales factores limitantes para el establecimiento de plantas, provocando una elevada mortalidad e impidiendo la expansión de especies más sensibles al frío hacia zonas más elevadas. Las plantas en cojín son una forma de crecimiento dominante en estos ecosistemas y ha sido ampliamente demostrado que estos organismos mejoran las condiciones con relación al hábitat que las rodea. Por lo tanto, estas características pueden asegurar el desarrollo de otras especies. De acuerdo a esto, la hipótesis de este trabajo es que la asociación con plantas en cojín, específicamente *Azorella madreporica*, permite a otras especies vegetales aumentar su rango de distribución altitudinal. Para esto, se eligieron 2 gradientes altitudinales en los Andes de Chile Central (33°S) y se determinó el óptimo y la amplitud altitudinal de cada especie encontrada con la técnica de promedios ponderados. Resultados preliminares apoyan la hipótesis propuesta, ya que existe un significativo aumento en el óptimo, amplitud o ambos parámetros de las especies que crecen asociadas a las plantas facilitadoras.

2. ¿LAS PLANTAS EXÓTICAS ESTÁN "LIBRES DE ENEMIGOS"?: UNA REVISIÓN DE LA HIPÓTESIS "ENEMY RELEASE" EN LOS ÚLTIMOS 14 AÑOS (¿Are exotic plants "enemy free"?: A revision of the Enemy Release Hypothesis in the past 14 years).

Cotorás, I.^{1, 2}, Quilodrán, C.^{1, 2}, Necochea, P.^{1, 2}, Bazán, E.^{1, 2}, Bustamante, R.^{1, 2}

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

²Instituto de Ecología y Biodiversidad - IEB.

Instituto de Ecología y Biodiversidad (Proyecto ICM, código P05-002) y FONDECYT PFB -23.

La introducción de especies exóticas constituye una amenaza para la biodiversidad. La hipótesis de la liberación de enemigos naturales ("Enemy Release hypothesis") surge como una explicación al éxito invasor que tienen algunas especies exóticas en sus nuevos ambientes, en los cuales no existirían sus depredadores naturales. En este estudio, se realizó una análisis de la literatura para verificar cuán general

es esta hipótesis. Se revisaron los artículos pertinentes en los últimos 14 años (1994 a 2008). La información obtenida se analizó considerando tres categorías: tipo de ecosistema (templado o tropical); tipo de experimento (campo o laboratorio) y tipo de planta (herbácea o leñosa). Un análisis de correspondencia y una regresión logística fueron utilizados para determinar si alguno de estos factores se relaciona con la evaluación de la hipótesis. Se encontraron 50 artículos que evaluaron esta hipótesis; esta hipótesis se cumplió con mayor frecuencia en los ecosistemas tropicales y en especies herbáceas. No se detectaron diferencias entre experimentos de campo y de laboratorio. Se discute la validez de esta hipótesis en los estudios de invasiones biológicas.

3. PATRONES Y PROCESOS DE PAISAJE EN LA CORDILLERA DE NAHUELBUTA: UN ENFOQUE MULTIESCALA (Landscape patterns and processes in the Cordillera de Nahuelbuta: a multiscale approach).

*Fuentes-Ramírez, A.,¹⁻³ Castro, M.,² Cid, N.,² García, R.,²⁻³ Langdon, B.,²⁻³ & Echeverría, C.²

¹Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile.

²Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB).

*Patrocinio: Dr. Cristian Echeverría L.

La cordillera de Nahuelbuta es un paisaje sometido a constantes cambios en sus patrones y procesos que ocurren a distinta escala espacio-temporal. Este trabajo analizó la configuración espacial (patrones) y disturbios (procesos) con el fin de avanzar hacia un enfoque integral para la conservación en paisajes fragmentados en Chile centro-sur. Para los patrones del paisaje se utilizaron índices espaciales de conectividad, tamaño de fragmentos de bosque nativo, y de adyacencia entre los distintos usos del suelo. Los procesos del paisaje se estudiaron mediante un transecto longitudinal desde Cañete a Angol donde se midió el grado de diferentes disturbios antrópicos (plantas introducidas, incendio, tocones, suelo expuesto, bostas y senderos animales). Los resultados mostraron una elevada fragmentación de los bosques nativos y un alto grado de adyacencia entre este uso del suelo y plantaciones forestales. En orden decreciente, los usos del suelo que presentaron más disturbios antrópicos fueron bosque mixto, praderas agropecuarias, plantaciones forestales, bosque nativo y finalmente el Parque Nacional. La conservación en paisajes fragmentados debería considerar la interdependencia existente entre los patrones y procesos que operan a diferentes escalas espacio-temporales.

4. MONITOREO Y CONTROL DE CASTORES EN KARUKINKA: CONOCIENDO A NUESTRO ENEMIGO (Beaver control and monitoring in Karukinka: Knowing our enemy).

Briceño, C.¹; Novaro, A.²; Funes, M.²; Pizarro, C.³ y Saavedra, B.¹.

¹Wildlife Conservation Society-Chile; ²WCS-Argentina; ³Consultor independiente.

El castor americano (*Castor canadensis*) representa la mayor amenaza para bosques subantártico de Tierra del Fuego (TDF) y cono sur Sudamérica, y sistemas lóticos asociados, afectando estructura y procesos en toda su jerarquía ecológica. Con el fin de desarrollar instrumentos efectivos de control, en Karukinka, área que protege los bosques de TDF más importantes, se ha trabajado para caracterizar distribución, tamaño y actividad de colonias y la respuesta del roedor frente a la remoción mediante trapeo. Desde 2006 hemos evaluado densidades basales de castores y comparado estas con aquellas generadas luego de la remoción (44-50%) activa de individuos, en decenas de km de chorrillos. Efecto de esta remoción, la densidad de castores disminuyó desde 1 a 0.63 colonias activas/km. Hemos identificado además los hábitats preferidos por castores, estando la mayor proporción de colonias activas asociada a bosque de lenga 55-46%. Nuestros resultados indican que la unidad de manejo debe ser la colonia y no el individuo. Crítico para el control resulta la caracterización adecuada del estado de actividad de la colonia. Analizamos estos resultados en función del diseño de un plan de control efectivo para Karukinka y alrededores, con miras a la restauración de ecosistemas patagónicos australes en Chile y Argentina.

5. CURVAS DE SOBREVIVENCIA PARA UN ENSAYO DE RESTAURACIÓN ECOLÓGICA EN EL VALLE DE CASABLANCA, REGIÓN DE VALPARAÍSO (Survival curves in an ecological restoration survey in Casablanca Valley, Valparaiso Region).

Bolados, G., Echeverría, C.
Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Forestales, Laboratorio Ecología de Paisaje. Concepción.

Agradecimientos: Ricardo Pizarro de la Compañía Chilena de Tabacos S.A., Proyecto ReForLan.

Para realizar un exitoso proceso de restauración ecológica es necesario identificar los factores limitantes de las especies vegetales elegidas en el sitio a restaurar. Se determinaron curvas de sobrevivencia de *Quillaja saponaria*, *Colliguaja odorifera*, *Maytenus boaria*, *Baccharis linearis*, establecidas en el año 2006 en un ensayo de restauración ecológica en la valle de Casablanca, Región de Valparaíso. Estas especies fueron plantadas en tres diferentes tratamientos: bajo *Eucalyptus*, en sitio abierto y bajo espinos. Las curvas de sobrevivencia se estimaron por medio de análisis estadístico para un periodo 19 meses. En general, la sobrevivencia total fue de 32%. El tratamiento que presentó un mayor porcentaje de sobrevivencia fue bajo espino con un 76% mientras que a campo abierto fue un 18%. La especie con mayor porcentaje

de sobrevivencia en los tres tratamientos fue *B. linearis* con un 56% de sobrevivencia, mientras que *C. odorifera* alcanzó un 18% de sobrevivencia. *B. linearis* alcanzó un 60% de sobrevivencia al término de los 19 meses en el tratamiento bajo *Eucalyptus*. El estudio permitió identificar las condiciones de sitio y especies más apropiadas para iniciar el proceso de restauración.

6. EL EFECTO DE ARBUSTOS SOBRE PLANTAS HERBÁCEAS EFÍMERAS: SUELO O DOSEL? (The effect of shrubs on herbaceous ephemeral plants: Soil or canopy?).

Gutiérrez, J.R.^{1,2,3}, Valdivia, L.¹, Meserve, P.L.⁴, Kelt, D.A.⁵.

¹Universidad de La Serena, ²Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), ⁴Northern Illinois University, USA, ⁵University of California, Davis, USA.

Este estudio es financiado por FONDECYT 1070808.

En ecosistemas áridos y semiáridos los arbustos pueden facilitar o inhibir la presencia de especies de plantas efímeras. El microclima y las condiciones del suelo bajo arbustos y en sitios abiertos son diferentes. Diseñamos un experimento para evaluar los efectos del dosel y del suelo bajo y entre arbustos de *P. chilensis* en el Parque Nacional Bosque Fray Jorge. Colectamos suelo superficial (5 cm profundidad) bajo y entre arbustos de *P. chilensis*. Una caja plástica conteniendo suelo bajo y otra conteniendo suelo entre arbustos de *P. chilensis* fueron colocadas bajo arbustos de *P. chilensis*. Lo mismo se hizo en sitios entre arbustos de *P. chilensis*. Cada tratamiento se replicó 10 veces. Se registró el número de plantas finales en cada caja plástica. Veintitrés especies emergieron de las cajas. Veinte especies respondieron al factor suelo confirmando la hipótesis previa; sin embargo, cuatro especies respondieron al factor ubicación y la interacción suelo x ubicación fue significativa para dos especies. El banco de semillas del suelo dio cuenta solo parcialmente de las diferencias en composición de especies.

7. PATRONES DE BIODIVERSIDAD EN LA VEGETACIÓN DE LAS CUENCAS DE LOS RÍOS BAKER Y PASCUA (AYSÉN, PATAGONIA CHILENA) (Biodiversity patterns in the vegetation of Baker and Pascua river basin (Aysen, Chilean Patagonia)).

Vidal O.¹, Jiménez A.^{2,3}, Ramírez C.⁴, Sandoval V.⁵, Rodríguez R.⁶, San Martín C.⁴ & Pauchard A.^{2,3}.

¹Silviculture Institute, Albert-Ludwigs University Freiburg; ²Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción; ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB); ⁴Instituto de Botánica, Universidad Austral; ⁵Instituto de Manejo Forestal, Universidad Austral; ⁶Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.

AJ y AP financiados por ICM 05-002 y PFB-23.

La Patagonia chilena puede ser afectada por grandes cambios ambientales en las próximas décadas, por lo que es necesario conocer el estado actual de sus ecosistemas. Se describen y comparan atributos estructurales y de composición según distintos niveles jerárquicos, para la biodiversidad vegetal registrada en las cuencas de los ríos Baker y Pascua. Se levantaron 494 relevés en ecosistemas boscosos, arbustivos, pratenses y esteparios, construyendo tablas fitosociológicas que identificaron las comunidades. Se utilizó riqueza de especies, índice de Shannon, frecuencia y origen fitogeográfico de las especies para comparar las comunidades y las cuencas hidrográficas. Se registraron 296 especies distribuidas en 30 comunidades terrestres, 243 (82%) especies son nativas y 53 (18%) son exóticas. A nivel comunitario, los matorrales son las formaciones vegetales más variadas, con 12 comunidades distribuidas principalmente en la cuenca del río Baker. Similarmente, las comunidades pratenses, de origen antrópico, fueron observadas solo en la cuenca del Baker. El índice de Shannon muestra que la comunidad más diversa es el bosque magallánico *Perennifolium* (cuenca Pascua) ($H' = 2,923$), mientras que el *Krummholz* de Lengua es la comunidad de menor diversidad ($H' = 0,615$). En términos paisajísticos, la cuenca del Río Baker presenta la mayor riqueza de especies, así como una mayor diversidad de comunidades vegetales. Esta diversidad se asocia a una intensa intervención humana y el efecto de la ganadería. La cuenca del Pascua, presenta una escasa intervención antrópica, menor número de comunidades y menor presencia de especies introducidas, denotando un carácter prístino.

8. EL ROL DE LOS POLINIZADORES EN LA DIVERGENCIA DEL FENOTIPO FLORAL DEL COMPLEJO *MIMULUS LUTEUS* (The role of pollinators on floral divergence of *Mimulus luteus* complex).

Carvallo¹, G. & Cooley², A. M.

¹Dpto. Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile ²Dptm. Biology, Duke University (Patrocinio R. Medel)

La adaptación a diferentes polinizadores conduce la divergencia en rasgos florales, permitiendo aislamiento reproductivo. Nosotros evaluamos si la diversidad del

fenotipo floral del complejo *Mimulus luteus* (Phrymaceae) está asociada con la preferencia de distintos polinizadores. Este complejo presenta diferencias en la coloración de las corolas, con especies con pigmentación amarilla (*M. luteus* var. *luteus* y *M. cupreus*) y roja (*M. luteus* var. *variegatus*, *M. naiandinus* y *M. cupreus*). Se estudiaron los patrones de visita de polinizadores en seis localidades de la zona central de Chile. La variación fenotípica fue caracterizada en individuos crecidos en jardín común, usando semillas obtenidas de las poblaciones naturales. Se identificaron los pigmentos florales, se cuantificó la producción de néctar y se caracterizó la morfología floral. Los taxa *M.l. luteus*, *M.l. variegatus* y *M. naiandinus* presentaron similitud morfológica, con corolas amplias y comparten como polinizador al abejorro *Bombus dahlbomi*. La especie *M. cupreus* difiere de los otros taxa en la morfología floral, presentando una corola estrecha, una reducida producción de néctar y ausencia de visitas de polinizadores. El complejo estudiado presentó limitación al flujo genético mediado por polinizadores en función de la coloración floral, incluso *M. cupreus* experimentaría un bajo intercambio genético intra-específico debido a la carencia de visita de polinizadores. La preferencia de los polinizadores se asociaría con patrones morfológicos más que la pigmentación.

9. PATRONES DE INFESTACIÓN DE PLANTAS TREPADORAS EN UN BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO: ASOCIACIONES TREPADORA-HOSPEDADOR Y SUS VARIACIONES SEGÚN ESTRUCTURA DE BOSQUE (Host infestation pattern of climbing plants in a temperate rainforest: Climbing-Host associations and his variation with forest structure).

Gonzales, A., Rivera, R. & Jiménez-Castillo, M.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile. Patrocinio: Roberto Nespolo.

Agradecimientos: Proyecto Bicentenario PSD-89 y FONDECYT 11060404.

Las plantas trepadoras son consideradas parásitos estructurales ya que requieren del soporte mecánico de otras plantas para alcanzar el dosel del bosque. Varios trabajos han mostrado infestación diferencial de hospedadores, sin embargo no están claros los determinantes de tales asociaciones. El objetivo de esta investigación es conocer si plantas trepadoras del bosque templado lluvioso infestan diferencialmente a sus hospedadores y cuáles son las características de la trepadora, el hospedero y de la estructura del bosque, que determinan estas relaciones. El trabajo se desarrolló en un bosque dominado por especies siempreverdes con importante presencia de la caducifolia *Nothofagus obliqua*, en la base oriental de la cordillera de la costa de la Región de los Ríos. Se identificó el total de especies arbóreas y la frecuencia de trepadoras sobre cada hospedador dentro de parcelas de 100 m², en situaciones de renovación y bosque adulto. Los resultados muestran diferencias en la riqueza y abundancia de trepadoras entre las distintas estructuras de bosque, e infestación diferencial de hospedadores. Estas relaciones estarían determinadas principalmente por el hábito de trepado y el diámetro del hospedador.

10. REGENERACIÓN EN BOSQUES PANTANOSOS. EFECTO DE LA INUNDACIÓN SOBRE LA GERMINACIÓN DE SEMILLAS (Swamp forest regeneration. Flooding effect on seed germination).

Mora, JP^{1,3*}, Smith-Ramírez, C^{2,3}, Zúñiga-Feest, A⁴.
¹Escuela de Ciencias, Universidad Austral de Chile, ²Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile. ⁴Instituto de Geociencias, Universidad Austral de Chile.
 Agradecimientos: IEB, CASEB, Proyecto Basal y Bosque Experimental San Martín(UACH).

Los disturbios recurrentes más estudiados en la regeneración de los bosquestemplados son los provocados por aperturas del dosel, fuego, vulcanismo y glaciaciones. Menor atención ha recibido el efecto de las inundaciones sobre la regeneración de comunidades arbóreas (bosques pantanosos). Estudiamos el efecto de distintos tiempos de inundación en la germinación de especies que crecen en bosques pantanosos y que fructifican durante la época de mayor anegamiento (*Luma apiculata*, *Luzuriaga radicans*, *Drimys winteri*, *Rhaphithamnus spinosus*). Las semillas fueron sometidas a inundaciones de 0 (control), 7, 15, 31 y 45 días. En *L. apiculata* (arrayán), inundaciones de 0, 7 y 15 días no afectaron el inicio de la germinación (45 días post-siembra), pero sí el porcentaje de germinación (8, 20 y 18%, respectivamente) transcurridos 72 días postsiembra. En el tratamiento de 31 días, la germinación comenzó al día 65 y presenta solo un 2% de germinación a los 72 días postsiembra. No se ha registrado germinación luego de la inundación de 45 días. En las otras especies estudiadas no se ha detectado germinación en ningún periodo de inundación. En laboratorio observamos que semillas de arrayán pueden extender sus cotiledones, prolongar su ápice y generar hojas, sin desarrollar su radícula. La exposición de semillas de arrayán a periodos de inundación no prolongados parece favorecer la germinación. Se discuten algunas estrategias que permitirían el establecimiento en zonas pantanosas.

11. CARACTERIZACIÓN DEL GEN CHALCONA SINTASA (CHS) EN *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* (Characterization of chalcone synthase gen (CHS) in *D. antarctica*)

Zamora, P¹, Pardo, A¹, Fierro, A¹, Prieto, H², Zúñiga, G.E.¹

¹Departamento de Biología, Universidad de Santiago de Chile. ²Departamento de Mejoramiento Genético y Biotecnología, INIA - La Platina.
 Agradecimiento Financiamiento INACH: Becas de apoyo a Tesis de Doctorado en Temas Antárticos.

Deschampsia antarctica, es la única Gramínea endémica del territorio antártico cuya capacidad de soportar el ambiente extremo hacen de ella un buen modelo de estudio de mecanismos de respuesta frente a factores de estrés abiótico. Esta especie es tolerante al estrés oxidativo inducido por el ambiente, debido principalmente al nivel de fenoles y/o

flavonoides que presenta y que ayudaría a disminuir el daño oxidativo. En la biosíntesis de flavonoides, la primera reacción es catalizada por la enzima chalcona sintasa (CHS, E.C.2.3.1.74.) la cual genera naringenina chalcona a partir de la condensación de p-cumaroil-CoA y malonil-CoA. En este trabajo hemos aislado y caracterizado el gen que codifica esta enzima, desde cDNA y DNA genómico mediante técnicas moleculares. La secuencia obtenida muestra un ORF de 1197 pb. que codifica para un polipéptido de 399 aminoácidos que estaría actuando a nivel citoplasmático. La masa molecular y el pI teórico calculados del polipéptido deducido fueron 43802 Da y 6,47 respectivamente. Patrones de expresión génica muestran que este gen responde a salinidad a tiempos tempranos, lo que estaría relacionado con la generación de compuestos flavonoides utilizados en atrapar las sustancias radicalarias. Análisis filogenéticos realizados muestran la relación evolutiva que presenta *D. antarctica* con otras especies como *S. cereale* o *T. aestivum*, por lo que la información obtenida podría ser utilizada para realizar futuras manipulaciones de rutas metabólicas en especies relacionadas.

12. ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE Y QUELANTE DE PIGMENTOS DERIVADOS DEL ÁCIDO PULVÍNICO EN *BOLETUS LOYO* (ORDEN BOLETALES, FUNGI) (Antioxidant and chelating activity of derivatives pigment from pulvinic acid in *Boletus loyo* (Orden Boletales, Fungi)).

Carrasco, C., Bustos, E., Aqueveque, P., Becerra, J. y M. Silva.

Laboratorio de Química de Productos Naturales, Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.
 Agradecimientos: Proyecto Anillo ACT-38, International Foundation for Science (Grant N° F/3972-1), Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Dirección de Investigación de la Universidad de Concepción.

Los pigmentos son importantes para la identificación de especies en Boletales. Además los pigmentos evidencian una interesante actividad biológica (antibacteriana, antifúngica, antioxidante, citotóxica y antitumoral).

Boletus loyo es un hongo nativo que se asocia a *Nothofagus*, es comestible y reconocido por sus intensos colores rojo y amarillo en su carpóforo. Actualmente no hay registros de estudios químicos acerca de este hongo.

Carpóforos de *B. loyo* fueron colectados en bosque nativo de la VII Región, se separaron en epicutis, contexto-pileo, himenio y estípites para ser extraídas con solventes orgánicos. Se determinó la presencia de pigmentos derivados del ácido pulvínico: ácido xerómico, ácido variegático, variegatorubina y dos pigmentos anaranjados aún no identificados, mediante HPLC y Gas-Masa.

Se evaluó la actividad antioxidante de los extractos con el método de captura de radicales libres DPPH y la actividad quelante según el ensayo CAS.

Los extractos alcanzaron un 93 % de actividad antioxidante en el himenio y un 42% de actividad quelante en el epicutis. Se continúan evaluando las concentraciones óptimas para ambos test.

13. POSIBLES EFECTOS DEL CALENTAMIENTO GLOBAL EN EL DESEMPEÑO FOTOSINTÉTICO DE *PHACELIA SECUNDA* EN LOS ANDES DE CHILE CENTRAL (Possible effects of the global warming in the photosynthetic performance of *Phacelia secunda* in the Andes of central Chile).

Hernández-Fuentes, C.¹, Bravo, L.A.¹, Caviares, L.A.^{1,2} ¹Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Santiago, Chile.
Fondecyt 1060710, P05-002 F ICM.

El calentamiento global es un fenómeno que tendría grandes consecuencias sobre la biota del planeta. Se ha sugerido que los ambientes de alta-montaña son uno de los hábitat más sensibles a los efectos del calentamiento global. Se postula que el incremento de la temperatura ambiental produciría un aumento en el desempeño fotosintético de *P. secunda* en altas elevaciones donde la baja temperatura es limitante. Por el contrario, en altitudes bajas sería esperable efectos negativos debido a un mayor déficit hídrico. Para esto se instalaron dispositivos de calentamiento pasivo que incrementan entre 2-4°C la temperatura ambiental (OTC: Open Top Chambers), a los 2.800 y 3.600 m.s.n.m. Al término del periodo de crecimiento se midió en plantas dentro y fuera de OTC potenciales hídricos del suelo, xilemáticos y curvas de luz a las temperaturas máximas, fuera y dentro de OTC, para obtener la tasa de transporte de electrones del PSI (ETRI) y PSII (ETRII) y el apagamiento fotoquímico (qP). En altitudes bajas ETR I, ETR II aumentaron al doble sus valores con el incremento de la temperatura ambiental. En altas elevaciones, en cambio, no hubo diferencias en ETR ni qP con el incremento de la temperatura.

14. RESERVORIOS DE CARBONO EN UN MATORRAL DE LA ZONA ÁRIDA MEDITERRÁNEA DE CHILE EN CONDICIÓN NATURAL Y FORESTADO CON *ACACIA SALIGNA* (Carbon stocks in a shrubland in the mediterranean arid zone of Chile in natural condition and afforested with *Acacia saligna*).

Delpiano, C.¹, Franck, N.^{2,3} y Pérez-Quezada, J.F.^{1,3}
¹Departamento de Ciencias Ambientales y Recursos Naturales Renovables, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ²Departamento de Producción Agrícola, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. ³Centro de Estudios de Zonas Áridas (CEZA), Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile.
(Proyecto Iniciación I2 06/01-2. Universidad de Chile)
Fondecyt 11070101.

El incremento en la concentración de los gases de efecto invernadero en la atmósfera, en especial el dióxido de carbono, debido a acciones antrópicas como el cambio de uso de suelo, está transformando el clima a nivel global. Ante este escenario se ha hecho necesario el monitoreo de todos

los flujos y reservorios de carbono (C), incluyendo aquellos relacionados con la vegetación y el suelo. En la actualidad el balance de C en los ecosistemas áridos aún no es bien conocido, por lo que su estudio es necesario. Con este fin se cuantificó y analizó la distribución de los reservorios de C en un matorral representativo de la zona mediterránea árida de Chile comparando su estado natural (MN) y forestado con *Acacia saligna* (*Labill.*) *H.L.Wendl* (AS). Se cuantificó el contenido de C en la biomasa, suelo, mantillo y raíces finas. Los resultados muestran un total de 37.5 t C ha⁻¹ para MN y 21 t C ha⁻¹ para AS respectivamente, observándose que la forestación resultó en una pérdida total de 44% debido a una reducción en la densidad vegetacional y cambios físico-químicos en el suelo. En términos de distribución, el suelo es el mayor reservorio de C del ecosistema con 32.3 t C ha⁻¹ en MN y 19.3 t C ha⁻¹ en AS, representando el 86% y 92% del total respectivamente.

15. ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE VARIEDADES DE ARÁNDANO CULTIVADO *IN VITRO* (Antioxidant capacity of extracts of *in vitro* *Vaccinium corymbosum* L. cultivars)

Contreras, R.A., Herna Barrientos, Hans W. Köhler y Gustavo E. Zúñiga.
Laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal, Departamento de Biología, USACH. E-mail: gzuniga@usach.cl
Proyecto financiado por Universidad de Santiago de Chile.

Vaccinium corymbosum L. (Ericaceae) es una planta muy utilizada por la calidad de sus frutos, los cuales han sido ampliamente utilizados por sus propiedades nutricionales, destacando la alta capacidad para atrapar radicales libres. Recientemente, se ha determinado que compuestos antioxidantes también están presentes en sus hojas. Por esta razón, se evaluaron las propiedades antioxidantes de extractos etanólicos y acuosos, obtenidos por molienda en nitrógeno líquido y por sonicación (2 hrs, 50 Hz) de seis variedades de *V. corymbosum* L. cultivado *in vitro*. La capacidad antioxidante se obtuvo a partir de la medición de la capacidad de atrapar el radical libre 1,1-difenil-2-picrilhidrazil (DPPH) y la capacidad para reducir el catión hierro (III) (Ferric reducing/Antioxidant power, FRAP). Además se identificaron posibles metabolitos secundarios involucrados en la actividad antioxidante mediante cromatografía líquida de alta eficiencia con detector de arreglo de diodos (HPLC-DAD). Los extractos etanólicos obtenidos por sonicación resultaron ser los que presentaron la mayor capacidad antioxidante, lo que se reflejó positivamente en la capacidad para atrapar el radical DPPH y en la habilidad para reducir el catión hierro (III), se identificó en dichos extractos la presencia de diversos ácidos fenólicos, los cuales estarían involucrados en la propiedad antioxidante de los extractos. Se concluye, que el cultivo *in vitro* de arándano, puede ser una alternativa para la producción de extractos antioxidantes, además de la utilización de tejido diferente al fruto para la obtención de productos derivados.
Palabras clave: arándanos, metabolitos secundarios, DPPH, FRAP y HPLC-DAD.

16. EXPRESIÓN DE GENES DE ESTRÉS TÉRMICO EN HOJAS DE *ALOE BARBADENSIS* MILLER AL INDUCIR TOLERANCIA CRUZADA ENTRE ESTRÉS HÍDRICO Y TÉRMICO (Gene expression of thermal stress in leaves of *Aloe barbadensis* Miller under cross tolerance induction between heat and water stress).

Freire, M., Huerta, C. y Cardemil, L.
Departamento de Biología Facultad de Ciencias,
Universidad de Chile.
Proyecto FONDECYT 1070899.

Aloe barbadensis Miller (Aloe vera) es una planta adaptada a condiciones ambientales hostiles de regiones con escasez de agua y altas temperaturas diurnas. Dentro de los principales genes involucrados en la respuesta al estrés térmico e hídrico están hsp70 y ubiquitina, que codifican para una proteína chaperona (HSP70) y una proteína etiquetadora (Ubiquitina), respectivamente. Se estudió la acumulación de los mRNAs de estos genes durante la acción combinada de alta temperatura y falta de agua en Aloe vera, junto con la protección cruzada por la expresión de estos genes frente a uno u otro estrés. Se determinó la acumulación de los mRNAs mediante RT-PCR semicuantitativo, luego de someter las plantas a estrés hídrico seguido de estrés térmico. Para los experimentos se tomaron muestras de puntas y bases de hojas. En el caso de hsp70, en estrés térmico se ha visto una acumulación creciente paulatina de mensajero desde 25°C hasta 40°C, bajando a los 45°C. En ubiquitina se observó una tendencia similar en puntas. Actualmente, se desarrollan experimentos para evaluar la protección cruzada, esperándose que al combinar estrés hídrico y térmico se expresen los mismos genes con mayor acumulación de mensajeros.

17. DIFERENCIAS EN EL USO DE LA LUZ EN TRES ESPECIES DE *BLECHNUM* DE AMPLITUD ECOLÓGICA CONTRASTANTE EN UN GRADIENTE LUMÍNICO FORESTAL (Differences in light usage among three *Blechnum* species of contrasting ecological breadth in a forest light gradient).

Saldaña, A., Hernández, C., Coopman, R.E., Bravo, L.A., Corcuera, L.J.
Departamento de Botánica, Universidad de Concepción.
Financiamiento: PBCT-PSD-55.

En el bosque valdiviano, especies de helechos del género *Blechnum* ocupan hábitats que difieren en disponibilidad de luz. Postulamos que las diferencias en amplitud ecológica de tres especies de *Blechnum* están asociadas a diferencias interespecíficas en la capacidad de captura y uso fotoquímico de la luz. Cuantificamos la distribución de juveniles de cada especie en relación con la apertura del dosel, variación en el contenido de clorofila (Chl_{total}), razón $Chla/Chlb$ y fluorescencia de la clorofila (rendimiento fotoquímico y apagamiento no fotoquímico de los fotosistemas I y II) a través del gradiente lumínico. Mientras *B. magellanicum*

ocupa un mayor rango de ambientes lumínicos, *B. mochaenum* está restringido principalmente al sotobosque y *B. penna-marina* a claros. Chl_{total} disminuyó y $Chla/Chlb$ aumentó diferencialmente entre las especies, a mayor apertura del dosel de sus hábitats. El rendimiento fotoquímico de ambos fotosistemas fue mayor en *B. penna-marina* que en *B. magellanicum*, y en este último fue mayor que en *B. mochaenum*. Similar patrón se encontró con el apagamiento no fotoquímico. Las diferencias interespecíficas en captura y uso de la luz reflejan las preferencias de hábitat de estos helechos.

18. DISTRIBUCIÓN Y ABUNDANCIA DE PLANTAS TREPADORAS EN EL BOSQUE TEMPLADO LLUVIOSO DEL SUR DE CHILE (Distribution and abundance of climbing plants in the temperate rain forest of Southern Chile).

Carrasco-Urra, F & E Gianoli.
Depto. de Botánica, Univ. Concepción.
FONDECYT 1070503.

Las plantas trepadoras se enraízan en el suelo, son incapaces de mantenerse erectas, y trepan sobre otras plantas para alcanzar zonas con mejores condiciones lumínicas, utilizando diferentes mecanismos de trepado. La distribución y abundancia de las plantas trepadoras y sus mecanismos de trepado fueron estudiadas en el bosque templado lluvioso de Chile (Anticura, Parque Nacional Puyehue y Pastahue, Isla Grande de Chiloé). Se consideró el ambiente lumínico y el diámetro de fuste del árbol soporte como factores predictores. En cada sitio se delimitaron 30 parcelas de 5x5 m, caracterizándolas de acuerdo a la cantidad de luz en *claro, borde y bajo dosel*. En cada parcela se contabilizaron e identificaron las trepadoras presentes en los árboles-soporte y se midió el diámetro de estos. Los resultados sugieren que los patrones de distribución de las formas de trepado y la abundancia de las plantas trepadoras se ven influenciados por el diámetro de fuste, y no por el ambiente lumínico. Para comprender la distribución de las formas de trepado se consideraron los quintiles superiores e inferiores de los diámetros de fustes de ambos sitios, teniendo patrones similares y significativos ($p=0,000$) de distribución, donde las plantas de tallo voluble son más aptas para explotar troncos delgados que otras formas de trepado.

19. VARIABILIDAD ESPACIAL DEL ESTRATO HERBÁCEO EN LA PROVINCIA DE ELQUI: MONITOREO INVIERNO 2008 (Spatial variability of the herbaceous layer in the Elqui Province: Winter field campaign 2008).

Carvajal, D.E., Tracol, Y., Arancio, G., Maldonado, A. Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas (CEAZA), Casilla 599, La Serena; Departamento de Biología, Universidad de La Serena.

El secano ocupa el 75% de la superficie total de la Provincia de Elqui. La actividad principal corresponde a la ganadería caprina sustentada durante el invierno por el estrato herbáceo constituido esencialmente por plantas anuales.

Este trabajo propuso monitorear el crecimiento herbáceo del secano a lo largo de un transecto Norte-Sur (29°45,7'-30°06,6') en tres localidades (Condoriaco, Las Rojas y Quebrada de Talca). Se usaron 4 variables ecológicas (fitomasa, altura, riqueza y biodiversidad) y 2 variables climáticas (Precipitaciones y temperatura).

La productividad primaria herbácea máxima se reporta en Q. de Talca (84,3 g m⁻²) donde precipitaron 166,0 mm, mientras que la valor mínimo se observó en Condoriaco con 26,7 g m⁻² (97,8 mm). La mayor riqueza se registró en Las Rojas seguido por Q. de Talca y Condoriaco con 41, 26 y 14 especies respectivamente.

Los resultados muestran una concordancia entre las precipitaciones y la productividad. Sin embargo, el sitio de Condoriaco, más al norte se destaca por tener la menor eficiencia del uso de las precipitaciones asociada a la menor riqueza. La variabilidad espacial de la riqueza dependería de variables intrínsecas al sector: banco de semillas, suelo, estrato arbustivo y pastoreo.

20. OBSERVACIONES SOBRE LA PRESENCIA DE MAMÍFEROS EXÓTICOS EN BOSQUE NATIVO DE LA PRECORDILLERA DE LA ARAUCANÍA (Observations on the presence of exotic mammals in native woodlands of the precordillera of the IX Region).

Laker, J.¹, Gálvez, N.², Bonacic, C.², Coldwell, V.⁴

¹Macaulay Institute, Escocia; ²Fauna Australis, Pontificia Universidad Católica de Chile; ³Imperial College, London.

Patrocinio: Cristian Bonacic DPhil.

Agradecimientos: Darwin Initiative (15/06)

El bosque templado incluye una fauna mamífera simple, comparado con otros bosques latinoamericanos, pero el ensamblaje de especies es único y muestra un alto grado de endemismo. La intensa explotación y fragmentación durante los últimos 150 años del bosque, representa una enorme disminución del hábitat disponible para la fauna autóctona. Además, el proceso de asentamiento humano ha resultado en la adición de varias especies exóticas que ahora comparten y tienen influencia sobre el hábitat que queda. El presente estudio pretende entender el grado de influencia que las especies exóticas pueden tener en los refugios boscosos cercanos de Pucón.

Se presentan datos basados en un estudio con cámaras trampa (n=27), sobre la probabilidad de ocupación (O) de bosques de diferentes tamaños por especies exóticas. Se ha monitoreado (3.552 cámara-días de monitoreo en 58 sitios durante un periodo de 2 años) la presencia de jabalí (*Sus scrofa*) (O=0.28, SE=0.14); vacas (O=0.42; SE=0.12) y perros vagos (O=0.23; SE=0.10).

Los resultados del estudio muestran que estas especies exóticas están casi omnipresentes en los bosques estudiados. Se ofrecen observaciones sobre las posibles implicancias para la conservación de fauna nativa en esta ecorregión.

21. CONECTIVIDAD A GRAN ESCALA DEL BOSQUE TEMPLADO DEL SUR DE CHILE (Southern Chilean temperate forest large scale connectivity).

Vásquez, A. F.^{1*}, Smith-Ramírez, C.^{1,2} & Hernández, J.³

¹Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile. ²Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Pontificia Universidad Católica de Chile. ³Laboratorio de Geomática y Ecología del Paisaje, Universidad de Chile.

Agradecimientos: IEB.

Actualmente, los corredores biológicos son una herramienta de conservación popular y de amplia promoción por organismos de conservación, no obstante se critica que suelen implementarse con escasa discusión y evaluación científica previa. Distintas organizaciones han planteado crear un corredor biológico Costa-Andes para el bosque templado del sur de Chile, idea que es analizada en este trabajo. En la zona se identifica una fragmentación natural por ríos de gran caudal, potencial fuerte filtro de desplazamiento para muchas especies, factor que delimitó 4 subunidades interfluviales, en donde la pérdida de superficie de bosque fluctuó entre 45 y 60% concentrada en el valle central. En la unidad más apta como paisaje de conservación se diseñaron corredores biológicos, entre reservas de los Andes y de la Costa, usando el método de ruta de menor costo sobre un modelo de funciones de selección de recursos para 2 escenarios genéricos y 2 especie-específicos. Los trazados superaron 100 km de largo y concentraron más de un 80% de superficie con bosque nativo. Se comprueba la existencia de buenas condiciones del planteamiento estructural, sin embargo revela la necesidad de verificar y poner a prueba la conectividad funcional.

22. FRAGMENTACIÓN DEL BOSQUE ESCLERÓFILO EN LA REGIÓN DE VALPARAÍSO ENTRE LOS AÑOS 1975 Y 2008 (Fragmentation of dryland forest, in Valparaiso Region, between 1975 and 2008).

¹Cid, N., ¹Echeverría, C., ²Schulz, J. & ²Rey, J. Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Forestales, Laboratorio Ecología de Paisaje. ²Universidad de Alcalá, España. Agradecimientos: REFORLAN.

El bosque esclerófilo ha sido sometido a una fuerte reducción y degradación desde la llegada de los europeos. A pesar de su alto valor de diversidad y endemismo, no se han evaluado los cambios a escala de paisaje que estos ecosistemas han experimentado. Mediante un análisis multitemporal de 33 años (1975, 1985, 1999 y 2008) se analizaron los patrones espaciales de los bosques esclerófilos en la Región de Valparaíso. Los resultados evidenciaron una disminución de la superficie de bosque nativo, asociada al aumento de fragmentos menores a 100 ha y disminución de fragmentos mayores a 5.000 ha. La agregación de los fragmentos de bosque nativo disminuyó, contrario a lo identificado en plantaciones, cultivos y matorrales. La adyacencia entre los parches de distintos tipos de uso aumentó progresivamente en el tiempo. Se observó una disminución en la proximidad de los fragmentos de bosque nativo de un 25%. El aumento progresivo de la fragmentación del bosque nativo de Chile central pone en riesgo la conectividad del paisaje con posibles impactos negativos en la biodiversidad y los servicios que proveen estos ecosistemas.

23. INTERACCIÓN POSITIVA FUEGO- INVASIONES DE PLANTAS: EL CASO DE TELINE MONSPESSULANA (L) K. KOCH. Positive interaction Fire-plant invasions: The case of *Teline monspessulana* (L) K. Koch

García, R.A.^{1,3}; Rodríguez, M.F.^{2,3}; Pauchard, A.^{1,3} & Cavieres, L.A.^{2,3}

¹Facultad de Ciencias Forestales. Universidad de Concepción, Chile. ²Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas. Universidad de Concepción, Chile. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Chile.

Financiado por FONDECYT 1070488

Financiado por FONDECYT 1070488, ICM P05-002 y PFB 23.

A nivel mundial, se ha reportado que las especies invasoras y el fuego pueden interactuar positivamente modificando la dinámica del paisaje y los ciclos ecosistémicos. Este trabajo tiene por objetivo estudiar el efecto de un evento de fuego sobre el banco de semillas de *Teline monspessulana* y sus implicancias para la mantención e invasión de la especie en la zona costera de la VIII Región de Chile. Se extrajeron muestras del banco de semillas de tres poblaciones distintas de *T. monspessulana*. Las muestras fueron sometidas a tratamientos que pretenden simular los factores originados por un incendio. Los factores evaluados fueron: aumento de la temperatura (T1: Baja carga de combustible; T2: Alta carga de combustible), modificación química del suelo (T3: adición de cenizas), remoción de hojarasca (T4: suelo mineral expuesto) y condición normal (T5: suelo cubierto de hojarasca). Posteriormente las muestras se pusieron a germinar en condiciones de invernadero por un periodo de dos meses. También se midieron atributos de la especie en terreno como densidad y biomasa. Los resultados preliminares muestran que existe un aumento en la capacidad germinativa de *T. monspessulana* en T1, T2 y T4. Este aumento fue significativo entre T5 y T1, aumentando de 10,9±4,2% a un 52,2±3,8% de germinación por efecto de la temperatura. Por otro lado, la abundancia de las otras especies presentes en el banco de semillas disminuyó para T1, T2 y T3 en comparación a T5. Podemos concluir que las altas temperaturas generadas en los incendios forestales, aumentan la capacidad germinativa de *T. monspessulana* y reducen la abundancia de las otras especies que crecen junto a esta invasora. Esto explicaría las altas densidades alcanzadas por *T. monspessulana* y la exclusión de otras especies nativas y exóticas en stands adultos.

24. COMPARACIÓN DE ATRIBUTOS FLORALES EN POBLACIONES DE *ESCHSCHOLZIA CALIFORNICA* EN UN GRADIENTE ALTITUDINAL (A comparison of floral traits in populations of *Eschscholzia californica* across an altitudinal gradient).

Durán, P¹, Arredondo-Núñez, A¹ & Bustamante, RO¹.
¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.
 Agradecimientos: ICM P05/002, Conicyt-PBC ACT34/2006.

Los gradientes altitudinales constituyen un buen escenario para evaluar respuestas de las plantas frente a variación ambiental. Los atributos florales son muy sensibles a estos gradientes ambientales debido a que son claves para la reproducción. *Eschscholzia californica* (Papaveraceae) es una planta originaria de California (EE.UU.), con una amplia distribución altitudinal en la zona central de Chile.

Se estudiaron dos poblaciones ubicadas en los extremos del gradiente: Algarrobo (3 msnm) y Farellones (2.256 msnm). En cada población se recolectaron 2 flores por individuo, recogiendo un total de 50 individuos. Para cada flor se midió largo de anteras, estambres, rama estigmática menor, rama estigmática mayor, pistilo, número de estambres y área de la corola.

Se detectaron diferencias significativas entre poblaciones para todos los atributos florales, siendo la población de Farellones la que posee las estructuras florales más grandes. El área de la corola fue el componente que explicó el 100% de la variabilidad total de los datos. Al extraer este atributo, el número de estambres resultó ser el atributo más importante.

Así, se demuestra que el tamaño floral incrementa con la altitud. Se discuten las causas y las consecuencias de estas diferencias entre poblaciones.

25. FRAGMENTACIÓN Y DISMINUCIÓN DE HÁBITAT DEL BOSQUE NATIVO DE LA CUENCA DEL RÍO AYSÉN (XI REGIÓN-CHILE): LA COLONIZACIÓN MEDIANTE INCENDIOS FORESTALES (Native forest fragmentation and habitat reduction in the Aysen river Watershed (XI Region-Chile): The settlement by forest fires).

¹Bizama, G., M. ¹Aguayo, F. ¹Torrejón, ¹R. Urrutia & ²Echeverría, C.

¹Centro EULA-Chile. ²Facultad de Ciencias Forestales, Departamento Manejo de Bosques y Medio Ambiente. Universidad de Concepción.

Agradecimientos: FONDECYT 1070511; FONDECYT 1070508, Nayadet Cid Facultad Cs. Forestales UdeC.

La transformación de los bosques continuos, en fragmentos más pequeños, genera consecuencias catastróficas para la conservación de la diversidad y ecosistemas de todo el mundo, donde Chile no es la excepción. En este estudio se evaluó la fragmentación y disminución de hábitat, del bosque nativo, de la cuenca del río Aysén, debido a incendios forestales, realizados para la habilitación de tierras con fines de ganadería extensiva, durante la primera mitad del siglo XX. Se analizaron diferentes índices del paisaje, a fin de conocer el estado del bosque nativo, asumiendo que principalmente este fue reemplazado por praderas. Los resultados indicaron una pérdida aproximada del 33% del bosque nativo, un aumento de los fragmentos y la disección de este, producto de los incendios durante la colonización. A pesar del aumento de fragmentos, los índices del paisaje evidenciaron una alta conectividad entre ellos.

26. CONSERVACIÓN DE BOSQUES AL ROJO VIVO: HOTSPOTS GENÉTICOS (Forest conservation: genetic hotpots).

Machuca, G.¹; Premoli, A.C.²; Souto, C.P.²; Echeverría, C.¹; Acosta, M.C.²; Mathiasen, P.², M.P. Quiroga²

¹Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Forestales, Laboratorio de Ecosistemas Forestales.

²Universidad Nacional del Comahue, Argentina.

Agradecimientos: Reforlan, foncyt pict 25833, conicet pip5066.

La conservación de la biodiversidad requiere de una adecuada zonificación del territorio con el fin de asegurar la supervivencia de las comunidades boscosas. En este trabajo se analizaron los patrones de distribución de la variación genética a fin de aportar información espacialmente explícita de zonificación ya que de dicha diversidad depende el potencial adaptativo y de manejo de las especies. Se estudiaron un total de siete especies del sur de Chile y Argentina: *Fitzroya cupressoides*, *Austrocedrus chilensis*, *Pilgerodendron uviferum*, *Podocarpus nubigena*, *Nothofagus pumilio*, *Nothofagus antarctica* y *Embothrium coccineum*. Se muestrearon aproximadamente 5.000 individuos pertenecientes a 186 poblaciones que fueron analizados mediante electroforesis isoenzimática en base a un promedio de 13 loci génicos putativos/especie. Se calcularon y mapearon parámetros de diversidad genética. Se obtuvo una distribución no aleatoria de la diversidad genética para las distintas especies. Los resultados evidencian que existen centros discretos de alta diversidad ubicados a distintas latitudes compartidos por más de una especie. La superposición de estas áreas con aquellas en que se detectan variantes genéticas únicas permitirían delimitar áreas de conservación o hotspots genéticos. Otras zonas genéticamente variables podrían utilizarse para el aprovechamiento forestal y cuyo germoplasma serviría para el mejoramiento de las especies.

27. ECOLOGÍA DE LA REGENERACION DE *POUTERIA SPLENDENS* (A.D.C.) O.K.: FENOLOGÍA, GERMINACIÓN Y SOBREVIVENCIA DE SEMILLAS (Regeneration ecology of *Pouteria splendens* (A.D.C.) O.K.: fenology, germination and seeds survival).

Sotes, GJ^{1,2}, Bustamante, RO^{1,2}, Henríquez, C²

¹Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, ²Instituto de Ecología y Biodiversidad.

Trabajo financiado por el proyecto ICM P05 - 002.

Pouteria splendens (Sapotaceae) es una especie endémica que se distribuye entre los 31° 05' S (IV Región) y los 33° 22' S (V Región), Forma parte del matorral mediterráneo formando asociaciones con *Bahia ambrosioides*, *Fuchsia lycioides*, *Lithraea caustica* y *Schinus latifolius*. Se ha planteado que las las poblaciones de *P. splendens* están compuestas principalmente por individuos adultos, siendo la regeneración limitada o ausente. En este trabajo se evaluó

empíricamente esta aseveración en la población existente cerca del balneario de Los Molles (IV Región). Se analizó el patrón de distribución de semillas y plántulas y se examinó experimentalmente si la regeneración de la especie se ve limitada por restricciones bióticas/abióticas.

Las semillas y plántulas de *P. splendens* se encuentran mayormente concentradas bajo el dosel de las plantas madres. Las semillas escapan a los depredadores solo si están cubiertas por la hojarasca. La depredación es más intensa en hábitats rocosos que en llanos. Así, el dosel de las plantas adultas es importante pues solo allí se produce regeneración; se discuten estos resultados en el marco de la conservación de esta especie.

28. ESTIMACIÓN DEL RESERVORIO DE CARBONO DE LA VEGETACIÓN ARBÓREA Y LA INFLUENCIA DE VARIABLES ABIÓTICAS Y BIÓTICAS EN EL BOSQUE SIEMPREVERDE EN INIO, CHILOÉ (Estimation of carbon stock in the tree vegetation and the influences of abiotic and biotic variables in the evergreen forest in Inio, Chiloé).

Olguín, S.¹ Fuentes, J P.² Pérez-Quezada, J.¹

¹Departamento de Ciencias Ambientales y Recursos Naturales Renovables, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile² Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Chile.

Agradecimientos al Parque Tantauco por la ayuda en terreno.

Se estimó el reservorio de carbono (C) de la vegetación arbórea viva en el bosque siempreverde en Inio, Chiloé (43°21'45"S, 74°07'16"O), y se analizó su relación con variables abióticas y bióticas. Se inventariaron 14 parcelas de 20m x 50m, registrando especie y diámetro a la altura del pecho (DAP) > 3cm de todos los individuos. Se estimó la biomasa aérea y radical, y el C total mediante funciones de estimación de biomasa y factores de conversión existentes. Los reservorios de C estimados variaron entre 9 y 1412 t ha⁻¹ (promedio 279 t ha⁻¹). Paralelamente se midieron las variables abióticas de pendiente, altitud y distancia a Inio, y se estimó la radiación solar acumulada, para cada parcela. Las variables abióticas por sí solas y combinadas no explicaron satisfactoriamente el contenido de C arbóreo (R² 0.11-0.41), lo que imposibilita estimarlo remotamente. Agregando variables bióticas se obtuvo un mejor ajuste estadístico. El modelo que mejor explica el contenido de C arbóreo incluye las variables de densidad total de árboles, pendiente y C total aportado por *Nothofagus nitida* (R² = 97.7). Este modelo simplifica el muestreo en terreno de manera significativa al solo tener que registrar el DAP de los individuos de *N. nitida* (promedio de 15 individuos/parcela), y la densidad total de árboles (promedio de 151 individuos/parcela).

29. DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES INVASORAS EN GRADIENTES ALTITUDINALES DEL CENTRO-SUR DE CHILE (Distribution of invasive species in elevational gradients of south-central Chile).

García, V. & I Pauchard, A.

Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción, Chile. Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Chile.

Estudio financiado por Fondecyt 1040528, 1070488, ICM P05-002, PFB-23.

Más de mil especies exóticas han sido reportadas creciendo como naturalizadas en ecosistemas de alta montaña. Sin embargo, poca atención en la literatura a los patrones y efectos de las especies de plantas invasoras en ambientes poco alterados y de alta montaña. Durante los últimos años ha aumentado la evidencia de que la invasión puede ocurrir en este tipo de ambientes de características relevantes al proveer importantes servicios ecosistémicos. Este estudio tuvo como objetivo determinar los patrones de distribución de 23 plantas exóticas en caminos de 6 áreas protegidas del centro sur de Chile. Se encontró que la abundancia y riqueza de especies invasoras disminuyen con el aumento de la altitud. Algunas especies como *Teline monspessulana* y *Acacia dealbata* solo ocupan las zonas bajas. Para el caso de abundancia a orilla de camino encontramos que temperatura y elevación fueron significativos, por el contrario para el caso de al interior del camino solo elevación fue significativo. Al realizar un análisis de 6 de estas 23 especies exóticas encontramos que la presencia y ausencia de estas dependen de diferentes factores ambientales, por ejemplo para el caso de *Hypericum perforatum* temperatura, precipitación y altitud fueron significativas para la presencia de esta, sin embargo para *Hypochaeris radicata* solo altitud fue significativo. También los tipos de uso del suelo antrópicos se asocian positivamente con la presencia y abundancia de las especies invasoras estudiadas.

30. CAMBIOS VEGETACIONALES EN LA REGIÓN MEDITERRÁNEA DE CHILE EN LOS ÚLTIMOS 60 AÑOS (1955-2005) (Sixty years of vegetation change in the Chilean Mediterranean region (1955 - 2005)).

Necochea, P, Smith-Ramírez, C, Miranda, A, Armesto, JJ

Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Universidad de Chile, Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity (CASEB), P. Universidad Católica de Chile y Fundación Senda Darwin (FSD). Patrocinado por REFORLAN.

Estudios previos han indicado que el matorral esclerófilo de Chile mediterráneo tiene una estructura en parches, relativamente estables, y que las áreas abiertas serían difícilmente recolonizadas, debido a la combinación del efecto de herbívoros nativos e introducidos, la sequía de verano, la falta de propágulos y la extracción de leña. Para evaluar los cambios de largo plazo en la estructura espacial y cobertura del matorral esclerófilo se analizaron fotografías aéreas de 1955, 1986 e imágenes de alta resolución, recientes, disponibles en Google Earth, para las localidades de San Carlos de Apoquindo y Río Clarillo, en faldeos andinos, vecinos a Santiago (600-800 m). Encontramos, que en el área protegida de San Carlos de Apoquindo ha habido un avance en cobertura del matorral esclerófilo, formando parches más continuos. Se encontró un importante aumento en el porcentaje de cobertura de bosque continuo en algunos sectores (>1500%), y una disminución del matorral abierto y pastizales. El aumento en cobertura del matorral esclerófilo ocurrió principalmente a través de "nucleación", a partir de parches preexistentes. Estos resultados documentan que la protección y el cambio en las fuentes de energía (reducción del consumo de leña) han tenido un efecto positivo la cobertura de matorral nativo, y por ende la biodiversidad del bosque esclerófilo, en la periferia urbana.

GENÉTICA

31. UTILIZACIÓN DE PROTEÍNA ESPERMÁTICA LISINA COMO HERRAMIENTA BIOTECNOLÓGICA EN FECUNDACIÓN *IN VITRO* DE ABALON ROJO (*HALIOTIS RUFESCENS*) (Spermatic protein lysin as biotechnological tool for *in vitro* fertilization in red abalone (*Haliotis rufescens*)).

Valenzuela-Muñoz, V., Uribe, H., Astuya, A., Gallardo-Escárate, C*.

Centro de Biotecnología, Departamento de Oceanografía, Casilla 160-C, Universidad de Concepción, Chile.

Financiamiento: Proyecto FONDEF D06I1027.

Dentro de las técnicas de hatchery para la producción de abalon, se encuentra el uso de pooles de gametos durante la fecundación *in vitro*, para aumentar el éxito reproductivo así como disminuir posibles efectos de consanguinidad. Estudios de asignación parental han demostrado que la utilización de pooles no garantiza una disminución de la competencia espermática, observándose dominancia de pocos machos. El objetivo del estudio es evaluar la utilización de la proteína espermática lisina como inductor de fecundación y disminución de competencia espermática. La proteína lisina fue purificada por medio de cromatografía CM-celulosa desde espermatozoides de abalón rojo, la que fue utilizada en ensayos de disolución de membrana vitelina en ovocitos. Paralelamente se obtuvo ARNm de lisina mediante primers específicos a partir de cDNA extraído desde tejido gonadal. Se discute la utilización biotecnológica de la lisina para disminuir la competencia espermática, así como en la producción de híbridos de abalon.

32. DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE MUTACIONES ASOCIADAS AL SÍNDROME DE RETT MEDIANTE MLPA (Molecular diagnosis of mutations associated with Rett syndrome through MLPA).

Codriansky, Y., Pizarro, L., Curotto, B., Cabello, F., Cortés, F., Alliende, MA.

Laboratorio de Citogenética Molecular, INTA, Universidad de Chile.

El Síndrome de Rett (SR) es un desorden neurológico reconocido como la segunda causa genética de retraso mental en mujeres. Las características clínicas clásicas son detención y/o regresión de las habilidades cognitivas entre los 10-24 meses de edad y microcefalia adquirida. El SR se relaciona con mutaciones en el gen MECP2, que codifica una proteína de unión a islas CpG metiladas, que regula la expresión de miles de genes activando o reprimiendo su expresión. Se han descrito más de 200 mutaciones puntuales, deleciones y duplicaciones asociadas al SR, en su mayoría en los exones 3 y 4 de MECP2 y con menor frecuencia en los exones 1 y 2. Con el objetivo de caracterizar algunas de las mutaciones (frecuentes y esporádicas) en pacientes con sospecha clínica de SR, implementamos la metodología MLPA (Amplificación

de múltiples sondas dependientes de ligación) que permite detectar varias mutaciones a la vez. MLPA consiste en un conjunto de sondas que hibridan en zonas del gen donde han sido descritas las mutaciones, seguido por una ligación y PCR. Las sondas amplificadas se separan por electroforesis capilar obteniéndose un patrón de fragmentos que se analizan con el programa MLPAAnalyzer. Se estudiaron 9 pacientes mujeres mediante MLPA detectándose mutaciones en el exón 4 de MECP2 en 3 de ellas. Por lo tanto, MLPA permite la confirmación diagnóstica del SR en nuestro país, lo que permitirá diagnosticar tempranamente a estos pacientes y entregar consejo genético oportuno a la familia.

33. EVIDENCIA DE RECOMBINACIÓN DE ADN MITOCONDRIAL EN EL CHORITO MAICO *PERUMYTIUS PURPURATUS* (Evidence for mtDNA recombination in the mussel *Perumytilus purpuratus*).

Astorga, MP, Guñez, R.

Universidad Austral de Chile. Universidad de Antofagasta, Chile.

Agradecimientos: Financiamiento DID- UACH y FONDECYT 1050848.

Algunas especies de moluscos bivalvos de la familia Mytilidae son conocidas por poseer un sistema de herencia de ADN mitocondrial diferente al presente en otros animales. Este sistema es conocido como de doble herencia uniparental (DUI) y es caracterizado por la presencia de dos genomas mitocondriales en la misma especie, uno transmitido a través del óvulo (genoma F) y otro transmitido a través del espermatozoide (genoma M).

En especies del género *Mytilus* se ha descrito que las hembras son homoplásmica para el genoma F y los machos son heteroplásmicos.

El chorito *Perumytilus purpuratus* (Mytilidae) se distribuye desde el Ecuador al Estrecho de Magallanes por el Pacífico, y hasta Santa Cruz por el Atlántico argentino. En el presente trabajo se estableció las diferencias genéticas dentro de los individuos de esta especie. A partir de los análisis de agrupación filogenética, fue posible establecer una separación de individuos independiente de la localidad de muestreo. Estas diferencias están dadas por la presencia de machos v/s hembras de esta especie.

Se propone la posible presencia de dos genomas mitocondriales en esta especie producto de recombinación, lo cual explicaría la separación entre ambos sexos en su similitud genética.

34. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN GÉNICA ENTRE CEPAS HOMOCIGOTAS Y HETEROCIGOTAS EN LEVADURAS VÍNICAS (Genomics expression analysis between homozygote and heterozygote wine yeast strains).

Salinas, F¹. Urzúa, U². Ganga, A¹. Martínez, C¹.

¹Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Santiago de Chile.

²Instituto de Ciencias biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

FONDECYT 1070154

Saccharomyces cerevisiae es la principal especie responsable de la fermentación alcohólica. Las cepas vínicas de *S. cerevisiae* están adaptadas a las condiciones de fermentación, lo que se traduce en cambios en los patrones de expresión del genoma. Con el objetivo de comparar los patrones de expresión entre cepas vínicas, en este trabajo se utilizó la técnica de microarray para comparar las diferencias de expresión génica entre la cepa vínica L-846 y su espora diploide homocigota (espora L-846), durante fermentaciones en mosto sintético. Los resultados identificaron 59 genes con bajos niveles de expresión en la espora L-846, estableciéndose 3 grupos de genes relacionados funcionalmente. Un primer grupo de 11 genes asociados a transposones, un segundo grupo de 5 genes asociados al metabolismo de lípidos y esteroides, y un tercer grupo de 4 genes relacionados con transportadores de membrana. Por otra parte, 28 genes presentaron altos niveles de expresión en la espora L-846, entre estos destacan genes propios del estado diploide y el gen *spt2*, regulador negativo de la transcripción de elementos Ty. Los resultados sugieren una mayor estabilidad del genoma en la espora L-846 respecto de la cepa parental.

35. SISTEMÁTICA MOLECULAR, FILOGEOGRAFÍA, ESTRUCTURA POBLACIONAL E HISTORIA DEMOGRÁFICA PLEISTOCÉNICA DE HIPPOCAMELUS (Molecular systematic, phylogeography, population structure and Pleistocene demographic history of *Hippocamelus*).

¹Varas, V.; ¹Aravena, N.; ¹Muñoz, C. Larco, J.; ²Corti, P.; ³López, R. y ⁴Hinojosa, A. ¹Marín, JC.

¹Universidad del Biobío, ²Université de Sherbrooke, ³CODEFF, ⁴CONAF.

Proyecto DIUBB 082409 1/R.

El origen y formación de los diferentes linajes que han llegado a conformar las especies actuales de cervidos neotropicales, probablemente ocurrió en el Pleistoceno. La aparición del género *Hippocamelus* y el consiguiente proceso de diferenciación al interior de este, pudo ocurrir a medida que las poblaciones del linaje ancestral se extendieron hacia el sur, a través de los Andes, llegando a originar las dos especies actuales del género: la taruca y el huemul.

Con el uso de marcadores del mtDNA, examinamos la filogenia de los ciervos del Neotrópico y evaluamos las

relaciones de parentesco entre tarucas y huemules estudiando la correspondencia entre los linajes de *Hippocamelus* y la distribución geográfica de sus poblaciones:

A partir de muestras no invasivas de 2 poblaciones de tarucas y 9 de huemules recogidas en terreno, se obtuvo DNA que fue amplificado y secuenciado para dos genes mitocondriales (citocromo b y d-loop). Paralelamente 3 marcadores de sexo (Amelogenina, ZFX-Y y Sry) son ensayados con el propósito de individualizar cada muestra.

Los resultados del análisis individual y combinado de ambos genes, recogen a todas las poblaciones de *Hippocamelus* como grupo hermano de *Blastoceros* y *Pudu*, mostrando dos linajes que se corresponden con taruca y huemules.

36. CARACTERIZACIÓN DEL GENOMA DEL ROEDOR ALOTETRAPLOIDE PIPANACOTOMYS AUREUS (RODENTIA: OCTODONTIDAE), MEDIANTE HIBRIDACIÓN GENÓMICA IN SITU (GISH) (Characterization of the allotetraploid rodent genome *Pipanaocotomys aureus* (RODENTIA: OCTODONTIDAE), through genomic *in situ* hybridization, GISH).

Torres, J.E.; Suárez, E.Y. y Gallardo, M.H.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Financiado por Fondecyt 1070217.

Pipanaocotomys aureus es el segundo mamífero alotetraploide descrito ($2n=92$). Filogenéticamente es muy cercano a *Octomys mimax* ($2n=56$), uno de sus ancestros propuestos. Esta hipótesis se puso a prueba mediante GISH. Para ello se usó la sonda genómica de *O. mimax* marcada con fluoresceína 12 UTP, junto a un exceso de DNA bloqueador no marcado de *P. aureus*, hibridando sobre sus placas metafásicas. Las placas fueron contrateñidas con DAPI y se examinaron bajo microscopía de epifluorescencia. Adicionalmente, las zonas ricas en AT y CG de ambas especies se identificaron mediante verde de metilo y cromomicina, respectivamente. Alrededor de 17 cromosomas presentaron homología completa con el DNA de *O. mimax*, 8 con su propio genoma y aproximadamente 67 cromosomas evidenciaron recombinación intergenómica. Cerca de 16 cromosomas de *O. mimax* y 46 de *P. aureus* presentan grandes bloques de AT, indicio de reordenamientos cromosómicos. Nuestros resultados sugieren que el genoma de *O. mimax* forma parte del genoma de *P. aureus* apoyando su origen híbrido. Múltiples eventos de reorganización genómica tuvieron lugar tras el origen de *P. aureus*, característica que habría contribuido a la viabilidad de la especie y que es común en muchos organismos que sufren alotetraploidización.

37. CARIOTIPO Y MORFOMETRÍA DE DOS VARIEDADES DE *ZEAMAYS* DEL NORTE DE CHILE, POACEAE (Karyotype and morphometry of two varieties of *Zea mays* from Northern Chile Poaceae).

Mendoza, O., Robles, C., Northland, I., Pinochet, J., y Rojas, F.

Lab. de Genética. Depto. Biomédico. Universidad de Antofagasta.

La variedad denominada Capiro Chico Chileno de *Zea mays* es una hortaliza distribuida exclusivamente en el altiplano de Calama y San Pedro de Atacama y sus alrededores por sobre los 2.400 msnm. Esta población corresponde a un ecotipo y sin manipulación genética, de importancia comercial local junto con *Zea mays Calama*. La variedad estudiada es usualmente confundida por los agricultores con *Zea mays Calama*, debido a que presentan morfologías (CIMMYT, México), muy similares con pequeñas variaciones. En Chile, especialmente en el norte altiplánico existe un importante desarrollo de razas locales y variedades antiguas de cultivos tradicionales, que son riquezas únicas y exclusivas.

Se analizaron 12 placas metafásicas de capiro chico chileno obtenidas de ápices caulinares previamente tratadas con Colchicina, fijadas en Farmer, hidrolizadas, aplastadas y teñidas. Se determinó el cariotipo $2n=20$, 4 pares metacéntricos y 6 pares submetacéntricos. Se confeccionaron cariotipos, idiogramas y carioidiogramas.

Los resultados obtenidos se compararon con *Zea mays Calama* revelando que existen diferencias en 2 pares cromosómicos y presentando en capiro chico chileno satélites en el par 5. En ninguna de las dos especies existen cromosomas B.

Los resultados sugieren que estas dos variedades presentarían una estrecha relación en su origen, dado su mismo número cromosómico y similitudes en la morfología cromosómica. Son necesarios estudios adicionales con técnicas de citogenética molecular y ADN "bar coding".

38. ASOCIACIONES ENTRE BIVALENTES Y ARQUITECTURA NUCLEAR EN ESPERMATOCITOS DE *MUS DOMESTICUS* $2N=40$ (Bivalent associations and Nuclear Architecture in spermatocytes of *Mus domesticus* $2N=40$).

González-Vergara, M., Henríquez-Apablaza, T., Manterola M., Berríos, S. & Fernández-Donoso, R.

Genética Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Proyecto FONDECYT #1080090.

Hemos estudiado la arquitectura nuclear de espermatoцитos en Paquiteno de *Mus domesticus* $2N=40$ a través del análisis cuantitativo de las asociaciones entre bivalentes, junto con modelos computacionales 3D que simulan diferentes patrones de agregación de Complejos-Centrómero-Teloméricos (CTCs) y de una aproximación numérica a las probabilidades de asociación entre CTCs. Los espermatoцитos fueron preparados por medio de microesparcido y de aplastados

que preservan el espacio 3D nuclear. Fueron teñidos con anticuerpos anti SCYP3 y SCYP1 para seguir las trayectorias de los Complejos Sinaptonémicos, con CREST para los centrómeros y anti H3K9me3 para la heterocromatina pericentromérica. La evaluación conjunta de los resultados obtenidos nos permiten concluir que en el Paquiteno de los espermatoцитos de *Mus domesticus* $2N=40$: 1.- Los CTCs de los bivalentes están distribuidos NO al azar en el espacio nuclear. 2.- Los CTCs se asocian entre sí, probablemente al azar, sobre una pequeña área de la envoltura nuclear, al comienzo de la profase meiótica. 3.- La agregación inicial de CTCs en el Lepto-Zigoteno, se resuelve en varios agregados menores de acuerdo a patrones de partición preferencial. 4.- Estos agregados menores se dispersan por la cara interna de la envoltura nuclear, conservándose estables hasta estados avanzados de la profase meiótica e incluso hasta la 1ª división meiótica.

39. ANÁLISIS Y EVALUACIÓN DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS ASOCIADOS A POBLACIONES CON UNA DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DISCONTINUA: EL MODELO DE *MERLUCCIUS AUSTRALIS* (MERLUCCIDAE) (Analysis and evaluation of genetics polymorphisms associated to a population with discontinuous geographic distribution: The model of *Merluccius australis* [Merluccidae]).

Guajardo, S. Vidal, R.

Universidad de Santiago de Chile.

Agradecimientos: Proyecto INNOVA-CORFO-07CN13PBT-90.

La merluza austral (*Merluccius australis*) se encuentra distribuida mayoritariamente en dos áreas geográficas distintas, las costas del Pacífico que circundan a Nueva Zelanda y las del Pacífico que bordean Chile.

En la década del cincuenta mediante aproximaciones morfológicas ambas poblaciones fueron clasificadas como especies distintas, sin embargo, en la década del ochenta se las consideró como subespecies. Actualmente análisis de aloenzimas y evidencia proteómica apoyan la hipótesis de que ambas poblaciones no corresponderían a dos entidades o linajes específicos, no obstante, estos estudios no dilucidan las relaciones genéticas existentes entre ambas poblaciones.

Aquí presentamos un análisis de ambas poblaciones de merluza austral utilizando marcadores moleculares de dos tipos, nucleares y organelares, mediante técnicas de ISSR y secuenciamiento de la región control del genoma mitocondrial respectivamente.

Resultados preliminares señalan que al menos cuatro marcadores de ISSR de un total de seis presentan homogeneidad a nivel interpoblacional y al menos cinco señalan homogeneidad a nivel intrapoblacional. De la misma forma resultados preliminares obtenidos a partir de las secuencias de la región control sugieren un disminuido grado de sustitución a nivel interpoblacional. Lo anterior sugeriría la existencia de flujo genético entre ambas poblaciones posibilitado probablemente por la etapa larval pelágica.

40. POLIMORFISMO DE LAS SECUENCIAS DE LA REGIÓN ITS DEL ADN RN EN LAS SUBESPECIES DE *ALSTROEMERIA HOOKERI* LODD. (ALSTROEMERIACEAE), ENDÉMICAS DE CHILE (ITS sequence polymorphism in subspecies of *Alstroemeria hookeri* Lodd. (Alstroemeriaceae), endemic to Chile.

Carrasco, A., Ruiz, E., Baeza, C & M. A. Negrito.
Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
Agradecimientos: FONDECYT 1070520, Jardín Botánico Nacional de Viña del Mar, Sr. Patricio Novoa.

El complejo *Alstroemeria hookeri* Lodd. comprende 4 subespecies endémicas de Chile, *A. hookeri* Lodd. subsp. *hookeri*, *A. hookeri* subsp. *recumbens* (Herbert) Bayer, *A. hookeri* subsp. *maculata* Bayer y *A. hookeri* subsp. *cunningiana* (Herbert) Bayer. Se distribuyen desde la IV hasta la VIII Región, principalmente en la costa. Cabe destacar que la distribución de este grupo de plantas coincide con la zona del país con mayor diversidad de especies y endemismos. Se ha detectado preliminarmente, diferencias morfológicas, citogenéticas y de isoenzimas, entre poblaciones de *A. hookeri* subsp. *hookeri* de la costa y del interior, que crecen en la VIII región. Por esta razón, se realizó un estudio comparativo de la secuencia ITS del ADNrn, entre poblaciones de *A. hookeri* subsp. *hookeri*, para corroborar dichas diferencias. Se detectó polimorfismo en la región ITS2, entre las poblaciones costeras y del interior, consistentes principalmente en deleciones. Además se comparó con las secuencias de las otras subespecies del complejo.

41. BÚSQUEDA Y VALIDACIÓN DE POLIMORFISMOS DE SUSTITUCIÓN SIMPLE PARA EL ESTUDIO DE LA RESISTENCIA A ENFERMEDADES EN SALMÓN DEL ATLÁNTICO (*SALMO SALAR*) (Search and validation of Single Nucleotide Polymorphism for the study of disease resistance in Atlantic salmon (*Salmo salar*).

Angulo, J., Vidal, R.
Laboratorio de Ecología Molecular, Facultad de Química y Biología, USACH.
Agradecimientos: Proyecto INNOVA-CORFO "Genómica Funcional en Salmón" 05CT6PPT-10

Dentro de las aproximaciones moleculares más utilizadas en la última década para estudiar y analizar genéticamente las propiedades del genoma de los salmones y otros rasgos productivos de importancia, como la resistencia a enfermedades, se destacan la utilización de marcadores moleculares. Dentro de estos marcadores, los SNPs, han sido los más utilizados. En el presente trabajo se utilizó una aproximación de genómica funcional para la selección de

genes candidatos asociados con la respuesta inmune, en los cuales se identificaron y seleccionaron SNPs en dos genes nucleares *cd8a* y *cd8β*, y se utilizó tanto una aproximación *in silico* como una de secuenciación directa para su identificación en ambos genes. Asimismo, se seleccionaron 3 SNPs previamente descritos en los genes *bat3*, *dcip* y *nfatc* para su evaluación. A partir de la secuenciación de un pool de ADN de productos de PCR de múltiples individuos, se detectaron 6 SNPs candidatos. La aproximación *in silico* reveló 29 posibles SNPs en estos genes. El ensayo de validación fue realizado por PCR-RFLP y se llevó a cabo para 12 SNPs del total identificado. De la totalidad de SNPs validados, 4 resultaron ser polimórficos: uno de ellos provoca un cambio de aminoácido no sinónimo.

42. ESTADO DE HIPERMETILACIÓN DEL PROMOTOR DEL GEN *GSTP1* EN VARONES SIN ANTECEDENTES CLÍNICOS PARA CÁNCER DE PRÓSTATA (Hypermethylation of *GSTP1* gene promoter in men without clinical history of prostate cancer).

Riquelme, B., Núñez, C., y Obreque, V.
Centro de Biotecnología, Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología, Santiago, Chile.
Proyecto de Investigación Financiamiento Interno Cbasic_03/2008

La hipermetilación de la secuencia promotora del gen *GSTP1* ocurre como evento primario en el inicio de la carcinogénesis, y es la modificación epigenética mejor descrita en cáncer de próstata, encontrándose en el 90% de los carcinomas primarios de dicho órgano. El estudio del estado de metilación del gen *GSTP1*, posee un gran potencial como marcador diagnóstico asociado a cáncer de próstata, tanto en la detección de la enfermedad, e incluso como indicador de riesgo para el desarrollo futuro de la patología. Para poder validar esta modificación como biomarcador diagnóstico y pronóstico asociado a cáncer, es necesario conocer el estado de metilación de esta región promotora en la población normal. En este contexto, el objetivo de este trabajo es estudiar la hipermetilación de la región promotora del gen *GSTP1* en un grupo de varones chilenos sin antecedentes clínicos para cáncer de próstata. Este estudio contempla la utilización de muestras de orina para la obtención de DNA y realización de la detección de metilación mediante MS-PCR, como método no invasivo.

43. RELACIONES FILOGENÉTICAS DEL GÉNERO *FISSURELLA* (MOLLUSCA: VESTIGASTRÓPODA) EN LAS COSTAS DE CHILE MEDIANTE ANÁLISIS DE ADN R 16S, COI Y REGIÓN ITS (Phylogenetic relationship of genus *Fissurella* (Mollusca: Vestigastropoda) along Chilean coast by rDNA 16S, COI and ITS region analysis).

Prieto-Araya, P. Aguilera-Muñoz, F. & Gallardo-Escárate, C.

Departamento de Oceanografía, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción. cristian.gallardo@udec.cl

Financiamiento: FONDEF D06I1027, FONDEF D07/1085, INNOVA 07CT9 PDT-79

En Chile, el género *Fissurella* se encuentra representado por 13 especies endémicas de lapas que habitan tanto en el intermareal como en el submareal rocoso. Actualmente la clasificación taxonómica del grupo se encuentra basada en caracteres morfológicos, patrones de coloración, distribución batimétrica, maduración sexual y estudios citogenéticos. Sin embargo, los estudios destinados a determinar las relaciones filogenéticas del taxa son escasos. El presente estudio busca aportar nueva información filogenética a nivel molecular en *Fissurella* mediante marcadores mitocondriales ARNr (16S, COI) y regiones espaciadoras internas transcritas (ITS). Ejemplares de lapas fueron colectadas en las zonas Norte, Centro y Sur de Chile. Los productos de PCR fueron obtenidos y secuenciados mediante la utilización de partidores universales (16s y COI) y partidores específicos diseñados para la región ITS. Las secuencias parciales de los genes estudiados demuestran la factibilidad de establecer relaciones filogenéticas del grupo así como contribuir a la diferenciación a nivel especie-específico.

44. ANÁLISIS DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE CULTIVO DE ABALÓN ROJO *HALIOTIS RUFESCENS*, MEDIANTE MARCADORES PCR-ISSR (Analysis of genetic variability in red abalone *Haliotis rufescens* population by ISSR-PCR markers).

Costa-Venegas, C., F. Aguilera-Muñoz & C. Gallardo-Escárate.

Departamento de Oceanografía, Centro de Biotecnología, Casilla 160-C, Universidad de Concepción. cristian.gallardo@udec.cl

Financiamiento: FONDEF D06I1027, FONDEF D07/1085, INNOVA 07CT9 PDT-79.

La introducción del abalón rojo (*H. rufescens*) en Chile fue realizada durante la década de los 70s a partir de reproductores traídos desde California. Sin embargo, desde el inicio de los cultivos comerciales, aspectos como número de reproductores efectivos, registro de pedigrís y movimientos de batch entre centros de producción han sido escasamente considerados. El presente estudio tiene por objetivo estimar los niveles de variabilidad genética en diferentes

poblaciones de cultivo de abalón rojo mediante marcadores PCR-ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). Para ello se estandarizaron condiciones de PCR utilizando partidores ISSR diseñados a partir de motivos descritos en la literatura. Por otra parte, se evaluó el nivel de polimorfismo de cada motivo mediante los índices *Rp*. de Shanon y parámetros genéticos poblacionales. Los niveles de variabilidad genética detectados en las poblaciones de cultivo indican un bajo flujo genético interpoblacional, con valores que sugieren endogamia. El presente estudio demuestra la factibilidad de utilizar marcadores ISSR como indicadores de variabilidad genética poblacional.

45. INTEGRIDAD GENÓMICA Y MOTILIDAD ESPERMÁTICA EN ABALÓN ROJO (*HALIOTIS RUFESCENS*) EXPUESTOS A DIFERENTES CRIOPROTECTANTES (Sperm genomic integrity and motility of red abalone (*Haliotis rufescens*) exposed to different cryoprotectants).

Valenzuela-Bustamante, M.¹, Gallardo-Escárate C.¹ & Dupré, E.²

Departamento de Oceanografía, Centro de Biotecnología, Universidad de Concepción¹. Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad Católica del Norte². Financiamiento Proyecto FONDEF D06I1027 y D05I10246.

La criopreservación es el procedimiento de congelación en nitrógeno líquido de células, tejidos u organismos con el fin de disminuir las funciones metabólicas y mantenerlos en condiciones de latencia por largos periodos de tiempo. Este procedimiento requiere el uso de crioprotectantes, que ayudan a proteger las células del daño producido por la formación de cristales de hielo durante las etapas de congelamiento y descongelamiento. La eficiencia de crioprotectantes a utilizar dependerá de su grado de toxicidad y de la permeabilidad de la membrana plasmática del material biológico a preservar. El principal objetivo de este estudio es evaluar la viabilidad espermática, mediante integridad genómica y motilidad en espermatozoides de abalón rojo expuestos a diferentes crioprotectantes (dimetilsulfoxido, etilenglicol, propilenglicol y glicerol). Para evaluar integridad genómica se realizó ensayo cometa en espermatozoides sometidos a tres concentraciones (0.5, 1.0, 1.5, 2.0M) y tres tiempos de equilibrio (5, 10, 15 y 20 min). La motilidad e integridad genómica fueron afectadas directamente por la concentración y el tiempo de exposición. El crioprotector que presentó menor daño celular fue dimetilsulfoxido, lo que hace viable su uso para la criopreservación de esperma de abalón rojo.

46. ANÁLISIS DE LA REGIÓN D-LOOP MITOCONDRIAL EN CABALLO CHILOTE (D-loop mitochondrial analysis in "chilote" horse).

Lagos, C., Soto, J. y Obreque, V.
Centro de Biotecnología, Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología.

El chilote es una de las razas de caballo introducidas en Chile con características únicas bien definidas y que se mantiene hasta el día de hoy, en la isla de Chiloé. El origen de esta raza es aún incierta ya que no se han encontrado antecedentes históricos de su llegada a nuestro país y por otra parte no hay estudios genéticos importantes que permitan resolver esta interrogante.

Una herramienta para dilucidar esta problemática, es el uso de DNA mitocondrial como material de estudio. Este es heredado por vía materna, y su transmisión citoplasmática produce individuos homoplásmicos con una única secuencia de DNA mitocondrial heredado de la madre. Esto permite el estudio de diversidad mitocondrial y seguimiento de líneas maternas.

En este trabajo se utiliza el análisis de polimorfismos de conformación de hebra simple (SSCP), técnica que consiste en la amplificación por PCR de una región del D-loop, que a diferencia del resto del DNAm, se caracteriza por presentar una alta variabilidad.

En este trabajo hemos estudiado la región D-Loop mitocondrial mediante la amplificación por PCR, medida como diferencias en la movilidad electroforética a través del análisis de SSCP de los amplificados, en caballo chilote, con el fin de conocer las diferentes matrilineas de esta raza de caballos y entender su posible origen.

47. IMPLEMENTACION DE BATERÍAS DE MICROSATÉLITES PARA ASIGNACION DE PARENTESCO EN SALMONES (Implementation of a microsatellite sets for relationship assignment in salmonids).

Castillo, H., Mandakovich, D., Araneda, C.
Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Agronómicas, Departamento Producción Animal.
FONDECYT 1060623, Consorcio Aquainnovo INNOVA 206-5047.

Conocer el parentesco es primordial en un programa de mejoramiento genético. La información familiar errónea afecta la variabilidad genética y la respuesta a la selección. Presentamos resultados de tres baterías de microsatélites para salmón coho (*Oncorhynchus kisutch*), trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*) y salmón Atlántico (*Salmo salar*). Se utilizaron muestras de 7 familias (n=46) de salmón coho, 30 familias (n=76) de trucha arco iris y 50 de salmón Atlántico (n=150). Se amplificaron cinco a seis microsatélites usando partidores fluorescentes. La variabilidad fue alta (PIC >0.8; H >0.7), para estimar probabilidad de exclusión (PE₁) y parentesco genético (I_{xy}). Se asignaron 13 de 30 parejas de padres en trucha y 5 de 7 en salmón coho por verosimilitud (PE₁ >99%). Se encontraron 3 de 20 individuos (15%) mal asignados a sus progenitores en trucha, y 27 de 37 en

salmón coho (72%). El parentesco I_{xy} fluctuó entre 0.30 y 0.39 para hermanos completos y entre 0.12 a 0.29 para medios hermanos. Diferencia que puede explicarse por el tipo de marcaje físico utilizado en salmón coho (criomarcas), en relación con en trucha (*pit-tags*, marcas electrónicas). Actualmente se encuentra en proceso de optimización la batería para salmón del Atlántico.

48. IDENTIFICACIÓN DEL MARCADOR SCAR (OKI206) ASOCIADO CON COLORACIÓN DEL MÚSCULO EN TRUCHA ARCO IRIS (ONCORHYNCHUS MYKISS) Y SALMÓN DEL ATLÁNTICO (SALMO SALAR) (Identification of the SCAR marker (Oki206) associated with muscle coloration in rainbow trout and Atlantic salmon)

¹Ulloa, P. y ²Araneda, C.
Universidad de La Frontera, Facultad de Ingeniería Ciencias y Administración, Programa Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales (Beca Doctorado Consorcio Aquainnovo). ²Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Agronómicas, Departamento Producción Animal.
FONDECYT 1060623, Consorcio Aquainnovo INNOVA 206-5047.

La coloración del músculo en los salmones es un rasgo de gran importancia productiva. Un estudio previo ha identificado un marcador SCAR dominante, *Oki206*, de 542 pb asociado con mayor coloración del músculo en salmón coho (*Oncorhynchus kisutch*). Hemos identificado este marcador en trucha arco iris y salmón del Atlántico, las dos especies de salmones de mayor relevancia en la salmonicultura nacional. *Oki206* fue amplificado en los genomas de ambas especies usando partidores previamente descritos por Araneda *et al.* (2005). Trucha arco iris presentó dos amplicones (539 pb y 428 pb), salmón Atlántico uno (543pb), lo que fueron clonados en un vector pCR4.0 TOPO (Invitrogen). Blastn mostró que tres secuencias obtenidas mostraban alta similitud con el marcador descrito en salmón coho, con valores de identidad de 77, 80 y 96%; y E-value de 5e⁻¹²¹, 1e⁻¹⁴¹ y 3e⁻¹⁴² para los fragmentos de 543, 539 y 428pb, respectivamente. Se discute la validación y aplicación de ese marcador en programas de mejoramiento genético para trucha arco iris y salmón Atlántico.

49. VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES SELECCIONADAS DE ARTEMIA MANEJANDO LAS CONTRIBUCIONES GENÉTICAS DE LOS ANCESTROS (Genetic variability In selected Artemia populations managing the long term genetic contributions of ancestors).

Martínez¹, V., Beristain², P. & Gajardo², G.

¹Favet. Universidad de Chile, Santiago. ²Universidad de Los Lagos, Osorno. FONDECYT 1061190.

La mantención de la variabilidad genética en poblaciones en cautiverio es una de las estrategias más importantes para generar poblaciones sustentables en el corto y mediano plazo. En este trabajo se presenta diversas medidas de variabilidad genética relacionadas con la evolución de las genealogías en el transcurso de un programa de selección en *Artemia* para el número de larvas en la primera postura, manejando las contribuciones genéticas. Los resultados demuestran que la selección fue eficiente en mejorar el promedio genético de la población en estudio, con una respuesta mayor a una desviación estándar genética en solo 3 generaciones. La tasa de consanguinidad por generación (2%) es consistente con el valor esperado bajo selección optimizando la contribución de los ancestros, aun cuando en este caso el criterio de selección solo incluyó información de parientes. El número efectivo de fundadores decayó al inicio del proceso selectivo, manteniéndose estable en el mediano plazo, siendo el valor obtenido similar al obtenido en poblaciones animales sin selección, lo que da cuenta de la efectividad del procedimiento de selección utilizado. En conclusión, la metodología de selección que incluye información de las contribuciones genéticas, es una herramienta esencial para generar programas de mejoramiento genético sustentables en el mediano plazo.

50. CAMBIOS MICROEVOLUTIVOS SUBYACENTES EN CARACTERES DE HISTORIA DE VIDA EN UNA POBLACIÓN CHILENA DE ARTEMIA (CRUSTÁCEA, ANOSTRACA) Criptic microevolutionary changes in life story traits in a Chilean Artemia population (Crustacea, Anostraca).

Martínez¹, V., Beristain², P. & Gajardo^{2*}, G.

¹Universidad de Chile. ²Universidad de Los Lagos. FONDECYT 1061190.

Las poblaciones de *Artemia* presentan diversas estrategias reproductivas, las cuales están determinadas por efectos ambientales. Específicamente, la producción de larvas y quistes se asume son características que se expresan en condiciones favorables o de estrés salino, respectivamente. Sin embargo, existe escasa evidencia en la literatura que señale cuál es el background genético, las asociaciones entre ambas estrategias y cuál es cambio genético producto de la mantención de las poblaciones en laboratorio. El presente estudio tiene como objetivo determinar: las asociaciones entre ambas estrategias y estimar el cambio microevolutivo

por selección natural en el laboratorio. Se determinó una correlación genética alta (-0.58 ± 0.19) entre ambas estrategias, lo concuerda con el signo de la correlación fenotípica (-0.20 ± 0.04). No existió asociación ambiental (-0.00 ± 0.1149). La respuesta a la selección natural en el laboratorio produjo cambios significativos de 7 larvas por generación, lo cual concuerda con los diferenciales de selección realizados y con su alta heredabilidad (0.59 ± 0.10). El signo de esta tendencia es opuesto al estimado para número de quistes (-2 quistes por generación), y a las tendencias fenotípicas. Todos estos resultados permiten concluir que existe una disminución marcada de la producción de quistes y larvas en el laboratorio, sin embargo la dinámica genética subyacente difiere sustancialmente de la estrategia reproductiva considerada.

51. ANÁLISIS DEL PATRÓN DE VARIACIÓN DE LA FORMA DE LA CONCHA EN POBLACIONES DE MYTILUS CHILENSIS MEDIANTE MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA (Analysis of shell shape variation in *Mytilus chilensis* using geometric morphometrics).

¹Valladares, A., ²Manríquez, G., ¹Suárez-Isla, B.A.

¹Programa de Fisiología y Biofísica, ²Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Financiamiento parcial del proyecto IAEA TC CHI/7/011 a B.A.S.I. y Fondecyt 1050279 a G.M.

El estudio de la variación morfológica del bivalvo *Mytilus chilensis* se ha basado en el uso de distancias lineales que suponen que las mayores variaciones son dependiente del tamaño. Para conocer la variación de la forma en poblaciones de *M. chilensis* de distinta procedencia, se aplicaron técnicas estándar de morfometría geométrica basadas en distancias obtenidas de hitos de coordenadas. Se utilizaron muestras provenientes de Chiloé (Canal Caicaén, N=60; Conchas Blancas, N=28) y Magallanes (Punta Paulo, N=60; Golfo Almirante Montt, N=60). El análisis de componentes principales mostró una clara separación entre las formas de las conchas de los sitios de Chiloé respecto de Magallanes. La función de placa delgada reveló que estas diferencias se focalizan en la impronta del músculo aductor posterior ($p < 0,01$; F-Goodall generalizado). Estos resultados preliminares sugieren que existe una correspondencia entre la variación de la forma observada y el posible efecto biomecánico del músculo aductor posterior sobre la estructura. Las técnicas de morfometría geométrica permiten distinguir entre poblaciones que presentan baja diferenciación genética.

52. CARACTERIZACIÓN CITOGÉNÉTICA DE *DROMICIOPS GLIROIDES*, Y EL CARIOTIPO ANCESTRAL DE LOS MARSUPIALES AMERICANOS (Cytogenetic characterization of *Dromiciops gliroides*, and the ancestral karyotype of American marsupials).

Suárez, E. Y.; Vargas, R.A.; Kohler, N.; Mondaca F. y Gallardo, M.H.

Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Financiado por Fondecyt 1070217.

D. gliroides es el único representante de Microbiotheriidae, un antiguo linaje de marsupiales. *D. gliroides* tiene 14 cromosomas, aunque los machos pierden el cromosoma Y en las células somáticas. La hipótesis clásica de evolución cromosómica de los marsupiales americanos, señala que el cariotipo $2n=14$ es ancestral. Una segunda hipótesis sugiere ancestralidad a partir de 22 cromosomas, de modo que el cariotipo de *D. gliroides* se habría originado por fusiones robertsonianas. Esta hipótesis se puso a prueba mediante FISH, utilizando la sonda pantelomérica universal. Adicionalmente, se realizaron bandeos convencionales y se analizó la riqueza de CG y AT mediante bandeos fluorescentes con cromomicina y verde de metilo, respectivamente. Todos los cromosomas de *D. gliroides* presentan dos señales fluorescentes en las regiones teloméricas con intensidad diferencial y no existe evidencia de señales intersticiales que indiquen fusiones cromosómicas. La riqueza de CG se distribuye principalmente en las regiones teloméricas y grandes bloques de AT se observan en los cromosomas 1,2,3,5 y 6. Nuestros resultados sugieren que los marsupiales americanos no provienen de un único "stock" ancestral $2n=22$. El cariotipo de *D. gliroides* no muestra evidencias de reordenamientos cromosómicos, por ello no representa la condición derivada en la radiación de los marsupiales.

53. MAPEO GENÓMICO FINO DE LOCI DE EFECTO CUANTITATIVO (QTL) DE CARACTERES COMPLEJOS UTILIZANDO ANÁLISIS DE LIGAMIENTO Y DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO (LDLA) (Fine mapping of quantitative trait loci (QTL) for complex traits using linkage analysis and linkage disequilibrium (LDLA)).

Yáñez, JM, Martínez, V.

Unidad de Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Financiamiento: CORFO INNOVA 05CT6PPT-10.

La variación genética de los caracteres cuantitativos complejos puede ser explicada en base a un modelo de loci finito, el cual asume un gran número de loci de efecto pequeño y un reducido número de loci de efecto mayor, denominados loci de efecto cuantitativo (QTL). La detección de QTL se puede llevar a cabo utilizando marcadores moleculares y registros fenotípicos mediante análisis de ligamiento, con las recombinaciones observadas en el pedigrí. Sin embargo, esta metodología presenta la desventaja de generar un gran intervalo de confianza para la posición estimada del QTL. La utilización en conjunto de análisis de ligamiento y desequilibrio de ligamiento (LDLA) permite reducir los intervalos de confianza y posicionar con mayor precisión el QTL, debido a la utilización de la información de las recombinaciones históricas poblacionales. En el presente trabajo se presenta una nueva herramienta bioinformática para mapear QTL que utiliza la información de desequilibrio poblacional con 3 métodos de estimación de regiones cromosomales idénticas por descendencia. La detección de QTL se realiza con datos públicos y con datos provenientes de un programa de simulación estocástica. Los resultados del mapeo LDLA son comparados con los provenientes de análisis de ligamiento convencional.

BIOLOGÍA MOLECULAR Y BIOQUÍMICA

54. CARACTERIZACIÓN DEL COMPLEJO DE UNIÓN A LA CAJA HOMOL D EN PROMOTORES DE LA FAMILIA DE PROTEÍNAS RIBOSOMALES K5 EN *S. POMBE* (Characterization of the Homol D box protein complex in promoters of the K5 ribosomal proteins family in *S. pombe*).

Rojas, DA. y Maldonado, E.
Programa Biología Celular y Molecular, ICBM,
Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Los genes que codifican proteínas son transcritos por la RNA polimerasa II, cuya maquinaria está bien descrita, incluyendo los factores generales de la transcripción (GTFs). Estos GTFs se unen a regiones llamadas core promoter elements (CPE), por ejemplo la caja TATA. Se han descrito diferentes CPEs, siendo de particular interés el descrito en promotores de proteínas ribosomales en *Schizosaccharomyces pombe*, llamado caja Homol D, cuya secuencia consenso es CAGTCACA. Se ha demostrado que este elemento es suficiente para iniciar la transcripción en promotores que no tienen caja TATA. Como no se sabe cual es la maquinaria que se une a esta región y que lleva a cabo la transcripción, en este trabajo se caracterizará el complejo proteico que se une a Homol D. Por medio de ensayos de EMSA se encontró que existen proteínas que se unen a la caja Homol D. Estos mismos resultados fueron repetidos al utilizar fracciones purificadas por una columna de afinidad y complementados por estudios de footprinting. Por medio de geles SDS-PAGE se logró determinar que aparentemente son 4 las proteínas que están formando este complejo (112, 96, 80 y 28 kDa), las cuales han sido enviadas a secuenciar.

55. UTILIZACIÓN DE LA REGIÓN ESPACIADORA DEL OPERÓN RIBOSOMAL (ITS) Y DEL GEN DE LA PROTEÍNA INMUNOGÉNICA CHAPS COMO MARCADORES MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE *PISCIRICKETTSIA SALMONIS* (Utilization of the internal transcribed spacer region (ITS) of the ribosomal operon and the immunogenic Protein ChaPs gene as molecular markers to identify *Piscirickettsia salmonis*).

Gómez, F., Olivares, J. y Marshall, S. H.
Laboratorio de Genética e Inmunología Molecular,
Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.
Patrocinio: Sergio Marshall

La industria salmonera chilena se ha visto seriamente afectada por el patógeno bacteriano *Piscirickettsia salmonis*, agente etiológico de la Septicemia Rickettsial Salmónídea (SRS). La bacteria históricamente ha sido propagada en líneas celulares de peces, pero en la actualidad se ha logrado crecer en medios de cultivo altamente enriquecidos, libres de

células. Con este avance en la manipulación del patógeno su mantención, crecimiento y aislamiento desde *in vivo* se ven enormemente facilitados. El problema principal es que el crecimiento de la bacteria en general es lento y sumado a la susceptibilidad que presenta frente a cualquier antibiótico, la aparición de colonias contaminantes en las placas, a la hora de aislarla de *in vivo* es inevitable. La forma más conveniente de identificación de organismos es a través de marcadores moleculares específicos. En el presente trabajo se propone la utilización del ITS y del gen de una proteína funcional altamente conservada, la chaperona ChaPs (HSP60), para la identificación rápida e inequívoca de *P. salmonis* entre diferentes colonias. Además, "primers" diferenciales para ChaPs permiten el reconocimiento de diferentes cepas.

56. EXPRESIÓN Y LOCALIZACIÓN DE MRNA DE EXPANSINAS EN GRANOS DE TRIGO (Expansins expression and location in growing grains of wheat).

Herrera, J. Lizana, C. Riegel, R. Calderini, D.
Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Fac.
Ciencias Agrarias, Universidad Austral de Chile,
Valdivia.
(Patrocinio: Alejandro Reyes Pinto).
(Fondecyt 1040125)

Son poco conocidas las bases fisiológicas y moleculares de la determinación del peso de los granos. Fisiológicamente existen características del grano que se relacionan con su crecimiento como: dinámicas de materia seca, agua y el número de células endospermáticas. Al mismo tiempo, se desconoce la relación tamaño-número de células del pericarpio con el peso final de los granos. Estas variables podrían estar relacionadas con la expresión de expansinas, proteínas responsables del ablandamiento y elongación de la pared celular.

Se realizó un experimento en condiciones de campo, donde se evaluó un cultivar de trigo (Bacanora). Se midió materia seca, contenido hídrico, número de células endospermáticas, dimensiones de grano y expresión de expansinas. El mRNA fue extraído en diferentes etapas del desarrollo, amplificado por RT-PCR semicuantitativo mediante partidores específicos para expansinas y visualizado por electroforesis. Tras su purificación y secuenciación, su expresión fue comparada con las variables fisiológicas del grano. Paralelamente se realizó Hibridación *in-situ* de expansina 6 en granos.

Los resultados obtenidos mostraron una asociación entre la expresión del mRNA de la ExpA 6 y la elongación del grano. Por otro parte, los resultados de hibridación sugieren que esta expansina presenta mayor expresión en tejidos del pericarpio que en endosperma de los granos.

57. CLONAMIENTO Y EXPRESIÓN EN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* DEL GEN QUE CODIFICA UNA CUMARATO DESCARBOXILASA DE *BRETTANOMYCES BRUXELLENSIS* (Cloning and expression in *Saccharomyces cerevisiae* of gen codified a coumarate decarboxylase of *Brettanomyces bruxellensis*).

Osorio, P., Godoy, L., Martínez, M., Ganga, M.A.
Departamento en Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile. Obispo Manuel Umaña 050, Santiago.
Fondecyt 1080376.

Los ácidos cinámicos están presentes abundantemente en plantas, destacando el ácido *p*-cumárico y ácido ferúlico. Estos tienen actividad antimicrobiana, por lo que se ha observado que los microorganismos capaces de fermentar productos de origen vegetal, presentan actividades enzimáticas que los transforman a compuestos menos tóxicos. Han sido propuestas varias vías metabólicas de los ácidos cinámicos, siendo la más concensuada la que primero metaboliza el ácido cinámico a un derivado de vinilo, por la acción de una descarboxilasa, para luego obtener un derivado de etilo por la acción de una reductasa. En vino se ha asociado la producción de estos compuestos con la presencia de la levadura *Brettanomyces bruxellensis*. En nuestro laboratorio se purificó de este microorganismo la enzima responsable de transformar el ácido *p*-cumárico a 4-vinilfenol, denominada cumarato descarboxilasa (CD). Posteriormente, se ha logrado identificar y clonar la secuencia de DNA que codificaría esta actividad enzimática. Esto permitió transformar la levadura *Saccharomyces cerevisiae* OL1, en donde el transformante aumentó su producción de 4-vinilfenol a partir de ácido *p*-cumárico, demostrando que el segmento de DNA aislado de *B. bruxellensis*, corresponde al que codifica la actividad CD.

58. PARTICIPACIÓN DE CANALES DE CALCIO, ROS Y CALCIO INTRACELULAR EN LA EXPRESIÓN DE GENES DE TOLERANCIA A COBRE EN EL ALGA MARINA *ULVA COMPRESSA* (CHLOROPHYTA) (Calcium channels, ROS and intracellular calcium are involved in the expression of copper-tolerance genes in the marine macroalga *Ulva compressa* (Chlorophyta)).

Cabello, S. & Moenne, A.
Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. amoenne@usach.cl
Financiado por Fondecyt 1085041.

Se dispone de la secuencia del gen de la enzima antioxidante ascorbato peroxidasa (AP) y de la proteína quelante de cobre metalotioneína (MET) las cuales están involucradas en la tolerancia a cobre del alga marina *Ulva compressa*. En este trabajo, se analizó la participación de canales de calcio, especies reactivas de oxígeno (ROS), calcio

intracelular, calmodulina y proteínas kinasas en la expresión de estos genes. Se preincubó el alga con 100 μ M nifedipina (inhibidor de canales de calcio), 100 μ M difenilén iodonio (DPI, inhibidor de la NADPH oxidasa), 10 μ M ryanodina (bloqueador de canal de calcio del retículo que estabiliza estado de subconductancia y libera calcio), W-7 (inhibidor de calmodulina) y staurosporina (inhibidor de proteínas kinasas) y se cultivó con 10 μ M cobre por 7 días. Se cuantificaron los transcritos de AP Y MET por real-time RT-PCR observándose una disminución relativa de los transcritos con nifedipina, DPI y staurosporina y un aumento con ryanodina y W-7. Estos resultados sugieren que canales de calcio, ROS, calcio intracelular, calmodulina y proteínas kinasas modulan la expresión de genes de tolerancia a cobre en *U. compressa*.

59. RESPUESTAS DE TOLERANCIA A ESTRÉS OXIDATIVO INDUCIDO POR COBRE EN ALGAS MARINAS (Oxidative stress induced by copper and tolerance responses in marine algae).

Moenne, A.¹, Contreras, L.² & Correa, J.A.².
¹Facultad de Química y Biología, USACH.
²Departamento de Ecología, FONDAP-CASEB, Facultad de Ciencias Biológicas, PUC.
Financiamiento: FONDAP 1501-0001 Programa 7, ICA y DICYT-USACH.

En el norte de Chile existen zonas costeras contaminadas con cobre, caracterizadas por i) la ausencia de especies de algas clave en la estructuración del intermareal rocoso, como *Lessonia nigrescens* (Phaeophyceae) y ii) la dominancia de otras como *Ulva compressa* (Chlorophyceae) y *Scytosiphon lomentaria* (Phaeophyceae). Se ha postulado que la presencia de estas últimas se debe a su capacidad para tolerar el estrés oxidativo generado por excesos de cobre. Para evaluar esta hipótesis, se expusieron estas tres algas a excesos de cobre y se analizó la producción de ROS y lipoperóxidos, y la actividad de la enzima antioxidante ascorbato peroxidasa (AP) y de la enzima de defensa lipoxigenasa (LOX) productora de lipoperóxidos. Mientras la acumulación de ROS es atenuada más lentamente en *Lessonia*, la producción de lipoperóxidos alcanzó un nivel constante en *Ulva* y *Scytosiphon* pero no en *Lessonia*. La actividad AP fue mayor en *Ulva* y *Scytosiphon* y la actividad LOX aumentó transitoriamente en *Ulva*, alcanzó un nivel estable en *Scytosiphon*, pero no en *Lessonia*. Estos resultados sugieren que estas tres especies presentan una capacidad antioxidante y un control de la producción de lipoperóxidos diferente que ayudaría a explicar su tolerancia al estrés por cobre.

60. PREPARACIÓN DE UNA GENOTECA DE CDNA DEL ALGA MARINA *ULVA COMPRESSA* (CHLOROPHYTA) Y DETECCIÓN DE GENES INVOLUCRADOS EN LA RESPUESTA A COBRE (Preparation of a cDNA library from the marine alga *Ulva compressa* and detection of copper-responsive genes).

Dennett, G¹., Contreras, L.² Correa, J.A² & Moenne, A.¹

¹Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. ²Departamento de Ecología, FONDAF-CASEB, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile.
Financiamiento: Marine Genomics Europe, FONDAF 1501-0001, FONDECYT 1085041.

La identificación de genes involucrados en la respuesta a metales es requisito indispensable para comprender el fenómeno de tolerancia y los mecanismos moleculares subyacentes. Con este fin, se preparó una genoteca de cDNAs de *Ulva compressa* cultivada en exceso de cobre. Se aislaron 235 secuencias únicas y se identificaron 98 por homología con genes de plantas vasculares y microalgas. De estas, se seleccionaron seis secuencias correspondientes a la enzima antioxidante ascorbato peroxidasa (AP), metalotioneína (MET), calmodulina (CaM), proteína kinasa (PK), histona acetil transferasa (HPA2) y la subunidad X del fotosistema I (PsaK). Se analizó por real time RT-PCR el nivel de los transcritos en el alga cultivada con 10 μ M cobre por 7 días, utilizando el gen de actina como control. Los transcritos de AP alcanzaron un máximo al día 5 y aquellos de MET, CaM, PK y PsaK al día 3. Por el contrario, la expresión de HPA2 disminuyó. Estos resultados sugieren que la mayor parte de los genes identificados participan en el mecanismo de tolerancia a cobre en *U. compressa*.

61. AFINIDAD DE LA CARBOXIQUINASA FOSFOENOLPIRÚVICA DE *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* POR MN (II): PAPEL DE LISINA 212 Y LISINA 213 (Affinity of *Saccharomyces cerevisiae* phosphoenolpyruvate carboxykinase for Mn (II): role of lysine 212 and lysine 213).

Poch, A., Escobar, C., Cardemil, E.

Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile. Patrocinio Dr. Claudio Vásquez.
Agradecemos a FONDECYT 1070202 y DICYT-USACH.

Las carboxiquinasas fosfoenolpirúvicas (ATP + oxaolacetato \rightarrow fosfoenolpiruvato + ADP + CO₂) requieren la presencia de Mn²⁺ como metal activador, y en su estructura tridimensional puede verse el sitio de unión para el metal. De acuerdo a esas estructuras, Mn²⁺ se une a la proteína a través de enlaces de coordinación al grupo amino de Lis213, al imidazol de His233 y al carboxilato de Asp271 (numeración de la enzima de *S. cerevisiae*). Los otros ligandos del metal son dos moléculas de agua y un O de un fosfato de uno de los

sustratos. La coordinación al grupo ϵ -amino de Lis213 indica que este grupo debe estar neutro, sin carga, una situación permitida por su entorno hidrófobo (Yévenes et al. *Biochimie* 88, 2006, 663-672), y probablemente favorecida por la cercanía de Lis212 con su grupo amino ionizado. En este trabajo, sobre la base del análisis del efecto de las mutaciones Lis212Gln y Lis213Gln en la afinidad de la enzima de *S. cerevisiae* por Mn²⁺, mostramos evidencia que indica que la carga positiva en la posición 212 no es crítica para la unión del metal, pero que esta unión requiere la presencia del grupo ϵ -NH₂ de la posición 213.

62. ANÁLISIS *IN VITRO* DEL PROMOTOR DE LA FAMILIA DE GENES DE PROTEÍNAS RIBOSOMALES K5 DE *SCHIZOSACCHAROMYCES POMBE* QUE CONTIENE UNA CAJA HOMOID (*in vitro* analysis of promoter of k5 family ribosomal proteins gene in *Schizosaccharomyces pombe* Homoid box containing)

Moreira-Ramos, S. y Maldonado, E.

Programa Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

La transcripción es un proceso importante en la regulación génica y en eucariontes es llevada a cabo por tres clases de RNA polimerasas (RNAPI, II y III). Existen regiones en el DNA que especifican la RNAP y el programa transcripcional a utilizar, como los "Core Promoters" (CP), en donde se encuentran subregiones funcionales llamadas *Core Promoter Elements* (CPE), necesarios para el inicio de la transcripción, de los cuales se ha identificado para la RNAPII el elemento TATA e iniciador, entre otros.

Al determinar en *S. pombe* la región promotora de genes de proteínas ribosomales, se encontró que no poseían ningún CPE ya descrito, sin embargo se encontró una secuencia conservada, CAGTCACA, denominada caja Homoid. Estudios posteriores revelaron que esta secuencia es necesaria para la iniciación de la transcripción y determina el sitio de inicio de la transcripción *in vivo*. En base a lo anterior se postuló que esta secuencia es un CPE, sin embargo, se desconoce la RNAP que transcribe los genes que contienen la caja homoid. Mediante ensayos de transcripción *in vitro* se determinó que la caja Homoid es necesaria para la transcripción de genes a través de la RNAPII en *S. pombe*

63. EFECTO CITOTÓXICO DEL ÁCIDO NORDIHI-DRO-GUAYARÉTICO (NDGA) Y SU DERIVADO TETRAACETILADO (NDGATA) SOBRE CÉLULAS LEUCÉMICAS CCRF-CEM Y SU SUBLÍNEA MULTIRRESISTENTE CEM/C2 (Cytotoxic effect of nordihydroguaiaretic acid (NDGA) and its tetraacetylated derivative (NDGATA) on leukemic cells CCRF-CEM and its multiresistant subline CEM/C2).

Burgos, P¹. Pavani, M¹. Montoya, M². Miranda, D². Ferreira, J¹.

¹Programa de Farmacología Molecular y Clínica, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

²Laboratorio de Inmunobioquímica, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile.

Proyecto FONDECYT 1061086.

El NDGA es un antioxidante natural de muy baja toxicidad en mamíferos y posee actividad antineoplásica sobre una amplia variedad de líneas celulares cancerosas. La esterificación de sus 4 grupos hidroxilo origina un compuesto más lipofílico, el NDGATA. En nuestro laboratorio se evaluó el efecto antineoplásico de ambos compuestos sobre las líneas leucémicas CCRF-CEM y CEM/C2.

La inhibición del crecimiento celular fue dependiente de la concentración de ambos compuestos, tanto en la línea CCRF-CEM como CEM/C2. El mayor efecto citotóxico se obtuvo con NDGA sobre la línea CCRF-CEM, tanto a las 24 como a las 48 horas de cultivo. A bajas concentraciones de NDGA, se observó reversión de la resistencia a la Camptotquina, que caracteriza a la línea CEM/C2.

NDGA generó mayor cantidad de especies reactivas del oxígeno que el NDGATA. Asimismo, ambos compuestos disminuyeron el potencial de transmembrana mitocondrial en ambas líneas celulares e indujeron apoptosis. En cambio, no presentaron efectos citotóxicos importantes sobre células mononucleares de sangre periférica (PBMC) a concentraciones equivalentes a las empleadas para las líneas leucémicas.

64. PARTICIPACIÓN DE GLU-256 EN LAS INTERACCIONES INTERMONOMÉRICAS DE LA ARGINASA TIPO I (Participation of Glu-256 in the intermonomeric interactions in arginase type I).

Lobos, M., Uribe, E., García, D., Orellana, M.S., Muñoz, G., Acosta, P., Encina, M., Carvajal, N.

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción.

FONDECYT 1070467.

La interfaz subunidad-subunidad de la arginasa I muestra un motivo C-terminal en forma de S, que incluye a la Arg308, que forma enlaces intramonómero con Glu262 e intermonómero con Asp204. Previamente, asociamos el grupo guanidino de Arg308 con la estructura trimérica y las propiedades cooperativas. También describimos el monómero

D204A. Ahora analizamos al residuo Glu256, cuya unión salina intermonomérica con Arg255 se considera esencial para la oligomerización. Concretamente, caracterizamos las mutantes E256Q y E256A. E256Q resultó monomérica, con parámetros cinéticos a pH 9,5 y emisión de fluorescencia equivalentes a la enzima silvestre, aunque con menor afinidad por Mn²⁺. Por el contrario, E256A resultó trimérica y cinéticamente equivalente a la enzima silvestre a pH 9,5, incluida la afinidad por Mn²⁺ (K_d=2.6 x10⁻⁸ M). Contrariamente a arginasa silvestre, la cinética a pH 7,5 fue hiperbólica para las mutantes. A diferencia de R308A, guanidina no alteró las propiedades de E256Q y E256A, apoyando una vez más que este compuesto imitaría al grupo guanidino de arginina en R308A. Concluimos que la naturaleza de Glu256, más que cambios en la carga, determinan el estado monomérico de E256Q. Proponemos que la interacción Glu256-Arg255 se relaciona más con la cooperatividad para arginina.

65. ESTUDIOS DE ESTABILIDAD TÉRMICA EN ENZIMAS CON PLEGAMIENTO TIPO RIBOQUINASA (Thermal stability studies of enzymes with the ribokinase-like fold).

Merino, F., Ureta, T., Guixé, V.

Departamento de Biología, Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

(Fondecyt 1070111).

Los organismos hipertermófilos son aquellos que viven en ambientes donde la temperatura es mayor o igual a 80 °C. En general, la mayoría de estos microorganismos pertenecen al dominio celular de las arqueas. Uno de los grupos de arqueas más estudiados es el orden *thermococcales*. Una de las características más interesantes de este orden es que el flujo glicolítico procede a través de una versión modificada de la vía de Embden-Meyerhof, donde las actividades glucoquinasa y fosfofructoquinasa son dependientes de ADP en vez de ATP. Estas quinasa son homólogas entre sí y estudios estructurales han mostrado que pertenecen a la superfamilia riboquinasa. En este trabajo se estudió la relación entre algunas características estructurales de enzimas que presentan el plegamiento tipo-riboquinasa y la temperatura a la cual crecen los organismos de donde provienen. Adicionalmente se realizaron experimentos cinéticos de desplegamiento a distintas temperaturas con la glucoquinasa dependiente de ADP de *Thermococcus litoralis*. Los resultados sugieren un aumento significativo de las interacciones electrostáticas de corto y largo alcance en las proteínas a medida que aumenta la temperatura de crecimiento del organismo. Adicionalmente, los resultados sugieren que la estabilidad térmica de la glucoquinasa de *T. litoralis* está controlada cinéticamente.

66. DETECCIÓN INMUNOHISTOQUÍMICA DE AGMATINASA EN CEREBRO DE RATA (Immunohistochemical detection of agmatinase in rat brain)

Mella, C.¹, Castro, V.¹, Martínez, F.², Cifuentes, M.⁴, García, M.A.², Bustos, P.³, Encina, M.¹, Carvajal, N.¹, Uribe, E.¹.

Depto. de Bioquímica y Biología Molecular¹, Depto. de Biología Celular e Histología,² Depto. de Bioquímica Clínica³, Universidad de Concepción. Depto de Biología Celular, Genética y Fisiología, Universidad de Malaga, España⁴. FONDECYT 11070069

La agmatinasa cataliza la hidrólisis de agmatina (arginina descarboxilada), generando putrescina y urea. Entre otras acciones, la agmatina se comporta como neurotransmisor/neuromodulador en el cerebro. Por esta razón, nos hemos interesado en su hidrólisis enzimática como un mecanismo regulador de su actividad biológica. Dada la baja actividad agmatinasa detectada en el cerebro, se ha intentado obtener y caracterizar una forma recombinante. Recientemente, hemos clonado una proteína que, aunque presenta actividad agmatinasa, no tiene relación de secuencia con las agmatinasas clonadas hasta ahora. Si embargo, es reconocida por un anticuerpo antiagmatinasa de *E. coli*, por lo que proponemos que comparte importantes homologías estructurales con las otras agmatinasas. En este trabajo presentamos la generación de un anticuerpo contra la proteína clonada y su utilización para estudios inmunohistoquímicos en cortes de cerebro de rata. Los resultados muestran la localización de la proteína en neuronas del núcleo arqueado, células endodimales ciliadas y tanicitos hipotalámicos, lo que coincide con la localización descrita para la agmatina. Este trabajo representa la primera detección *in vivo* de agmatinasa en mamíferos.

67. LA FOSFORILACIÓN DE SCG10 POR CDK5 REGULA LA ELONGACIÓN DE LOS AXONES EN NEURONAS DE HIPOCAMPO EN CULTIVO (The phosphorylation of SCG10 by CDK5 regulates the axonal elongation in hippocampal neurons in culture).

Olmos, C. y González-Billault, C.

Laboratorio de Dinámica Celular y Neuronal, Departamento de Biología e Instituto de Dinámica celular y Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Financiado por Fondecyt 1060040, ICM P05-001-F y CRP/CHI06-01.

La enzima cdk5 es una proteína que se encuentra principalmente activa en el sistema nervioso central. Se ha documentado su participación entre otros procesos en la regulación de la dinámica del citoesqueleto de actina y microtúbulos, guía axonal, transporte de membrana y sinapsis, entre otras. Adicionalmente, su hiperactivación se ha descrito como determinante en la aparición de enfermedades neurodegenerativas.

En este trabajo nos hemos enfocado en analizar el efecto de la pérdida de función de cdk5, en un modelo celular derivado de ratones nulos para la proteína (cdk5 knock-out). El genotipo de los ratones fue confirmado por técnicas moleculares y bioquímicas. Fenotípicamente las neuronas colocadas en cultivo, sobre un sustrato que estimula la actividad de cdk5, presentaron una disminución en el desarrollo del axón. Concretamente, neuronas nulas para cdk5 mostraron una reducción en la proporción de células con axones de XXX um, comparadas con las neuronas de los alelos heterocigotos y wild type. Las diferencias en la longitud axonal sugieren cambios en la estabilidad del citoesqueleto. Para probar esto, analizamos si la fosforilación de la proteína SCG10, cuya función es favorecer la despolimerización de microtúbulos, estaba alterada. Las neuronas deficientes en cdk5, mostraron una disminución significativa en la fosforilación de SCG10. La fosforilación de SCG10 inactiva a esta proteína, sugiriendo que esta disminución en la fosforilación de SCG10 podría ser responsable de una inhibición en la axogénesis.

68. LA REELINA INDUCE CAMBIOS EN EL CITOESQUELETO NEURONAL QUE CONTROLARÍAN EL TRANSPORTE RETRÓGRADO Y LA DINAMICIDAD DE LOS MICROTÚBULOS (Reelin induce changes in neuronal cytoskeleton controlling both retrograde transport and microtubule dynamics).

Contreras-Vallejos, E., González-Billault, C.
Laboratorio de Dinámica Celular y Neuronal,
Departamento de Biología e Instituto de Dinámica
celular y Biotecnología, Facultad de Ciencias,
Universidad de Chile.
Financiado por Fondecyt 1060040, ICM P05-001-F y
CRP/CHI06-01.

Para que una neurona pueda migrar necesita que ocurran cambios morfológicos que permitan o faciliten su movimiento. La modificación de citoesqueleto es fundamental para llevar a cabo este proceso, siendo importante no solo el ensamblado/desensamblado del citoesqueleto, sino también las modificaciones postraduccionales que puede sufrir y la regulación del transporte. En este contexto el ensamblaje del complejo que regula la actividad de dineína es esencial para la migración neuronal. Adicionalmente la modificación postraduccional de los microtúbulos como la tirosinación α -tubulina contribuyen a generar microtúbulos más dinámicos, que están enriquecidos en neuronas en migración. En este trabajo se muestra que en ausencia de MAP1B una proteína asociada a microtúbulos que es capaz de competir con dineína por la unión de LIS1 (regulador del motor), la composición del motor retrógrado se ve alterada. De la misma forma, en ausencia de CDK5 una quinasa que participa modulando el proceso de migración, se observa una alteración de este motor, que es consistente con modificaciones postraduccionales sobre MAP1B. Al tratar neuronas con Reelina, una proteína de matriz extracelular que comanda la migración en corteza, se observa que hay un aumento en el contenido de α -tubulina tirosinada, que es dependiente de MAP1B y variaciones en el ensamblaje del complejo de dineína. Estos resultados sugieren la participación jerárquica de diferentes elementos del citoesqueleto durante la migración neuronal.

EVOLUCIÓN

69. VARIACIÓN MORFOMÉTRICA Y DE RASGOS DE HISTORIA DE VIDA DE *BUFO SPINULOSUS* (ANURA: BUFONIDAE): EFECTO DE LA PROCEDENCIA GEOGRÁFICA Y LA TEMPERATURA (Morphometric and life history traits variation of *Bufo spinulosus* (Anura: Bufonidae): effect of temperature and geographical origin)

Correa-Solis, M. y Méndez, MA.
Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA,
Universidad de Chile.
FONDECYT 1061256.

En anfibios la procedencia geográfica y la temperatura han sido descritas como factores determinantes en la adaptación local. Se estudió en diez poblaciones de *Bufo spinulosus*, (18°S a 33°S) la existencia de variación en rasgos de historia de vida y morfología en función de la procedencia geográfica y la temperatura. Ovas de hermanos completos recolectadas en terreno se pusieron a crecer en condiciones de laboratorio a dos temperaturas (20°C y 25°C), con fotoperíodo (12H-luz/12H-noche). Una vez completada la metamorfosis se midieron trece rasgos morfológicos y se evaluó: sobrevivencia, tamaño (SVL), edad a la metamorfosis y tasa de crecimiento. La tasa de crecimiento y la sobrevivencia fue mayor a 25°C en todas las poblaciones. El SVL fue menor en la población de Farellones (33°S) mientras que mayor en Chita (22°S). Se detectaron diferencias morfológicas asociadas a la localidad de origen a nivel de extremidades, diámetro del ojo y distancia entre ojos. Los resultados sugieren que la variación de atributos morfológicos en postmetamórficos de *Bufo spinulosus* está asociada a la procedencia geográfica, mientras que la tasa de desarrollo y sobrevivencia estaría influenciada mayoritariamente por la temperatura.

70. VARIACIÓN EN RASGOS MORFOLÓGICOS Y DE HISTORIA DE VIDA DEL ANURO *BUFO SPINULOSUS* EN RESPUESTA A LA DESECACIÓN DE LAS POZAS (Morphological and life history traits variation of the anuran *Bufo spinulosus* in response to pond drying).

Márquez-García, M.¹, Correa-Solís, M.¹ y Méndez, M. A.²

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile. FONDECYT 1061256.

Agradecimientos: MMG es becaria CONICYT.

El anuro *Bufo spinulosus* se reproduce tanto en pozas temporales como permanentes. Se ha descrito que en la zona central del país esta especie se encuentra sometida a diferentes regímenes de desecación. En este estudio evaluamos la variación de atributos morfológicos y de historia de vida en postmetamórficos de esta especie, en función de tres niveles de desecación de pozas (alto, medio y bajo), mediante un experimento natural realizado en la localidad de Farellones, en Los Andes de Chile central. Entre octubre de 2006 y enero de 2007, se midió la tasa de desarrollo, la edad y el tamaño a la metamorfosis, así como nueve rasgos morfológicos para los ejemplares postmetamórficos recolectados en cada tratamiento. Los resultados muestran que las larvas provenientes del nivel de desecación bajo alcanzan la metamorfosis a una mayor edad y con un tamaño mayor, en comparación con aquellas provenientes de pozas con una menor duración. Existió variación en el largo de la extremidad posterior y atributos de la cabeza, siendo mayores en aquellos postmetamórficos provenientes del nivel de desecación bajo.

71. TRAS LAS HUELLAS DE *URBILATERIA* (In the footsteps of *Urbilateria*).

Cotoras, D.^{1,2,3} Cambiazo, V.^{2,3} Allende, M.^{1,3}

¹Lab. Biología del Desarrollo, Facultad de Ciencias-Universidad de Chile. ²Lab. Bioinformática y Expresión Génica, INTA-Universidad de Chile. ³Núcleo Milenio Centro de Genómica Celular (CGC). Financiamiento: ICM P06-039F, Fondecyt 1050235 (VC).

Estudios de la genética del desarrollo en especies lejanas dentro de la filogenia de los animales han demostrado conservación estructural y funcional en genes implicados en la formación de diversas estructuras, muchas de ellas clásicamente consideradas análogas. La existencia de estas baterías génicas ha llevado a suponer una serie de atributos en el ancestro de los organismos bilaterales (*Urbilateria*). El objetivo del trabajo es reconstruir una red génica común a artrópodos y vertebrados asociada al desarrollo de apéndices locomotores. Para ello se revisó la literatura y realizó una comparación de las proteínas encontradas utilizando un BLAST bidireccional. Mediante el programa BioTapestry se graficó, por un lado, una red génica para el desarrollo de aleta pectoral de pez cebra (48 nodos) y por otro, una

para la pata de *Drosophila* (46 nodos). Sus diferencias pueden explicarse parcialmente por eventos de duplicación genómica en los vertebrados. Pudimos detectar 30 genes conservados, entre ellos están componentes de la vía de Sonic hedgehog, BMP, WNT, entre otras. Además, se evidencian posibles interacciones hasta ahora desconocidas. Debido a lo incompleto del conocimiento actual se dificulta establecer un gran núcleo de interacciones comunes. En el presente, buscamos comprobar experimentalmente predicciones teóricas comparando patrones de expresión en pez cebra y *Drosophila*.

72. VARIACIÓN GENÉTICA EN POBLACIONES DE *PHYLLOTIS DARWINI* (RODENTIA: SIGMODONTINAE) DEL HOTSPOT DE CHILE CENTRAL (Genetic variation in *Phyllotis darwini* (Rodentia: Sigmodontinae) populations from the central Chile hotspot).

Gutiérrez-Tapia, P.² & Palma, R.E.^{1,2}

Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad¹ Laboratorio de Biología Evolutiva, Departamento de Ecología, Pontificia Universidad Católica de Chile², Casilla 114-D, Santiago 6513677, Chile.

Agradecimientos: NIH-Hantavirus Chile, FONDAP-CASEB 1501-0001 Programa 2, DIUC 205.113.070-1.0, FONDECYT 1070331.

El orden Rodentia representa la mayor diversidad de especies y endemismos de mamíferos en Chile. Siete de las nueve especies de mamíferos endémicos de Chile central son roedores. Uno de ellos es *Phyllotis darwini* (Waterhouse 1837), distribuido desde Atacama hasta Biobío.

Estudiamos la variación genética en *Phyllotis darwini* como una aproximación a la evolución del patrón de diversidad de endemismos en Chile Central, bajo la hipótesis de que en un área caracterizada por alto número de especies endémicas debe ocurrir también alta diferenciación genética intraespecífica, y que en dicha diferenciación el gradiente altitudinal de Chile central es un factor determinante. Para lograr este objetivo, secuenciamos el dominio HVII del genoma mitocondrial en *P. darwini* a lo largo de su rango de distribución, evaluamos su estructura filogenética y calculamos una red de haplotipos. La historia demográfica fue analizada mediante la distribución de Mismatch. El patrón de ancestro descendencia encontrado está relacionado a la altitud de las localidades. En este contexto reportamos un fenómeno de diferenciación genética tipo efecto fundador, probablemente debido a cambios en el rango de distribución ancestral hacia localidades de altura gatillados por expansión súbita del tamaño poblacional.

73. EFECTO DEL PARÁSITO *THERMACARUS ANDINUS* EN EL DESEMPEÑO LOCOMOTOR DE *BUFO SPINULOSUS* (ANURA: BUFONIDAE) PROVENIENTES DE LA POBLACIÓN DE EL TATIO (Effect of the parasite *Thermacarus andinus* in the locomotor performance of *Bufo spinulosus* (Anura: Bufonidae) from El Tatio population).

Jiménez-Huidobro¹, P.; Echeverría¹, H.; Salaberry¹, M. y Méndez², M.A.

¹Departamento Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Laboratorio Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile. FONDECYT 1061256.

En este trabajo se evaluó si la presencia del parásito *Thermacarus andinus* afecta el desempeño de larvas y postmetamórficos de *Bufo spinulosus* de El Tatio (Región de Antofagasta), única población donde se observaron individuos infectados por este ácaro en Chile. Se recolectó un total de 30 larvas con parásitos y 30 larvas sin parásitos, las que fueron llevadas al laboratorio. Cuando las larvas llegaron al estadio 38 de Gosner, se les midió el desempeño locomotor como tiempo de nado. Posteriormente, una vez que cada larva metamorfoseó, se midió el desempeño locomotor como distancia de salto. Para el desempeño de nado se encontró que las larvas sin parásitos nadaron a mayor velocidad (ANCOVA; $F=7,883$; $p=0,000098$). Sin embargo, en el desempeño de salto no se encontraron diferencias entre los dos grupos, tampoco en el tamaño a la metamorfosis. Estos resultados sugieren que la presencia del parásito *Thermacarus andinus* en *Bufo spinulosus* afecta el desempeño locomotor solo de la vida larval.

74. ANÁLISIS ESQUELETOCRONOLÓGICO EN MARCAS DE CRECIMIENTO DE INDIVIDUOS REPRODUCTIVOS DE DOS POBLACIONES DE *BUFO SPINULOSUS* (ANURA: BUFONIDAE) (Skeletochronological analysis of growth marks in reproductive individuals from two populations of *Bufo spinulosus* (Anura: Bufonidae)).

Cisternas, J.¹; Méndez, M.¹.

¹Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile. Agradecimientos: FONDECYT 1061256.

La esqueletochronología es un método ampliamente usado para determinar la edad de un individuo en muchas especies de anuros. Esta técnica se basa en la observación de marcas de crecimiento en los tejidos óseos de un individuo, donde se entremezclan amplias zonas de depósito calcáreo con líneas de crecimiento reducido (LCR) que corresponden a periodos cíclicos (generalmente anuales) de disminución del crecimiento.

Se seleccionó una muestra de individuos reproductivos de *Bufo spinulosus* provenientes de dos localidades con características ambientales contrastantes: El Tatio (23°S/68°W, 4.320 m.s.n.m.) donde la presencia de fuentes

geotérmicas genera un ambiente sin variación estacional y Farellones (33°S/71°W, 2.470 m.s.n.m.) donde anualmente se presenta una estación invernal con nieve persistente por al menos cuatro meses.

Para comparar el fenómeno de reabsorción medular de LCR entre huesos largos y huesos cortos, en cada individuo se cortó un trozo de fémur y uno de la falange del pie. En ambas poblaciones se observaron LCR, pero solo El Tatio mostró reabsorción medular, observándose hasta dos LCR más en el fémur que en la falange. El Tatio no presentó ciclicidad anual en sus marcas de crecimiento, a diferencia de Farellones. Los resultados sugieren una fuerte dependencia ambiental en los patrones de reabsorción medular.

75. ¿CUÁNTAS ESPECIES DE *BIOMPHALARIA* (GASTROPODA: PLANORBIDAE) EXISTEN EN EL ALTIPLANO SUR? UN ESTUDIO QUE COMBINA APROXIMACIONES MOLECULARES Y MORFOLÓGICAS [How many species of *Biomphalaria* (Gastropoda: Planorbidae) exist in the southern Andean Altiplano? A study using molecular and morphological approaches].

Collado, G.A.^{1*}, Vila, I.² & Méndez, M.A.¹

¹Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile. ²Laboratorio de Limnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Financiamiento: Proyecto Domeyko: Biodiversidad Iniciativa Transversal, Universidad de Chile; FONDECYT 1061256 y 1080390. GAC agradece a CONICYT.

Los caracoles de agua dulce del género *Biomphalaria* Preston, 1910 del Altiplano Sur andino constituyen un grupo poco conocido cuya taxonomía y sistemática no están resueltas. En este trabajo, en un primer paso secuenciamos genes mitocondriales Citocromo c Oxidasa Subunidad 1 (COI) y 16S rRNA para construir filogenias moleculares e identificar linajes altiplánicos en *Biomphalaria*. En un segundo paso, para examinar la congruencia entre caracteres morfológicos y linajes genéticos, realizamos un estudio morfométrico de la concha utilizando análisis de componentes principales y análisis discriminante lineal. Adicionalmente, caracterizamos la rádula utilizando microscopía electrónica de barrido. Las filogenias moleculares en *Biomphalaria* identificaron diversos linajes al interior de un clado altiplánico, los cuales resultaron altamente congruentes con diferencias en la morfología de la rádula, mientras que la morfología de la concha, si bien reveló congruencia con ciertos linajes, también evidenció conflicto probablemente debido a convergencia de caracteres. Se sugiere la existencia de al menos cinco especies en el Altiplano Sur, dos de las cuales serían nuevas para la ciencia.

76. DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURACIÓN POBLACIONAL EN *ALSTROEMERIA HOOKERI* LODD. SUBSP. *HOOKERI* (ALSTROEMERIACEAE), BASADO EN VARIABILIDAD ISOENZIMÁTICA (Genetic diversity and population structure in *Alstroemeria hookeri* Lodd. subsp. *hookeri* (Alstroemeriaceae), based in isozyme variability).

Balboa, K., Ruiz, E., Parada, M., Baeza, C. & M. Negritto.

Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Agradecimientos: FONDECYT N° 1070520.

Alstroemeria hookeri Lodd. subsp. *hookeri* crece en la VII y VIII Región, con poblaciones tanto en el rango costero como en el valle central, separadas por la cordillera de la Costa. Cabe destacar que esta zona ofrece diversidad de ambientes, lo que ha derivado en un alto nivel de endemismos, siendo por lo tanto considerado un hotspot de biodiversidad. Dado el potencial valor ornamental que han adquirido las especies de este género, es importante realizar estudios enfocados a conocer la genética poblacional en ellas. El objetivo del presente trabajo fue estimar la variabilidad genética y diferenciación poblacional en *A. hookeri* subsp. *hookeri* en todo su rango de distribución, a través del uso de isoenzimas. La variabilidad y diferenciación genética se estimaron usando los programas FSTAT 2.9.3.2 y TFGA. Los resultados muestran una clara diferenciación entre algunas poblaciones costeras y del interior, con elevados valores de F_{ST} (0.58 para poblaciones del interior). Además, las poblaciones costeras analizadas, son similares genéticamente entre sí y diferentes a la mayoría de las poblaciones del interior. Los resultados coinciden con los encontrados empleando morfología, citología y marcadores RAPD.

77. RELACIONES FILOGENÉTICAS DE *ABROTHRIX HERSHKOVITZI* (RODENTIA: SIGMODONTINAE), EN EL SUR DE SUDAMÉRICA (Phylogenetic relationships of *Abrothrix herskovitzi* (Rodentia: Sigmodontinae), in southern Southamerica).

Rodríguez-Serrano, E.^a Hernández, C. E.^b y Palma, R. E.^a

^aLaboratorio de Biología Evolutiva, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, and Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ^bLaboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Agradecimientos: DIUC Patagonia grant # 205.113.0651 sp; FONDAF-FONDECYT grant 1501-0001 Program 2 to the Center for Advanced Studies in Ecology & Biodiversity; Hantavirus Chile-Panamá Grant.

La subfamilia Sigmodontinae (Rodentia: Cricetidae), corresponde al segundo taxón más diverso de mamíferos.

Esta diversidad ha sido extensivamente evaluada desde una perspectiva filogenética, desde donde ha surgido la tribu Abrotrichini como una nueva propuesta de linaje supragenérico de especies restringidas al Centro-Sur de los Andes y tierras bajas adyacentes. Uno de los taxa pertenecientes a esta tribu es el género *Abrothrix* Watherhouse 1837, el cual comprende algunas de las especies menos conocidas de Sigmodontinae. *Abrothrix herskovitzi*, fue descrito originalmente por Patterson et al. (1984) dentro del género *Akodon* Meyen, 1833. Su localidad tipo corresponde a la Isla Capitán Aracena (54°14'S, 71°30'W), al sur del Estrecho de Magallanes, y su distribución se extiende hasta el Cabo de Hornos por lo que es una de las especies de sigmodontinos más australes. Diversas han sido las hipótesis que intentan explicar sus afinidades filogenéticas y el proceso de especiación que dio origen a esta especie insular. En este trabajo, utilizando herramientas sistemático-moleculares, hemos validado el estatus específico de *Abrothrix herskovitzi* y hemos sustentado el mecanismo de especiación peripátrica como el modo más probable de origen para este taxón.

78. FLEXIBILIDAD FISIOLÓGICA EN AVES: ¿IMPORTA LA HISTORIA TÉRMICA? (Physiological flexibility in birds: does the thermal history matter?)

Barceló, G¹., Salinas, J¹., Cavieres, G¹ & Sabat, P^{1,2}.

¹Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. ²Center for Advanced Studies in Ecology and Biodiversity. Fondecyt 1080077.

La capacidad de modificar reversiblemente la tasa metabólica basal (MBR), es considerada una característica inherente de la fisiología de aves y un componente básico de la aclimatación estacional. Sin embargo, escasos estudios han evaluado la cinética y reversibilidad de los cambios en MBR producidos por aclimatación térmica. Se investigó en qué medida los ajustes energéticos de aves dependen del estado térmico inicial. Para ello se examinaron cambios en BMR en el paseriforme *Zonotrichia capensis* en respuesta a modificaciones térmicas de mediano plazo. Luego de cuatro semanas de aclimatación las aves aclimatadas a 15 °C presentaron mayores BMR que aquellas aclimatadas a 30 °C. Luego de revertir la temperatura de aclimatación, la cinética de modificación de BMR fue diferente entre ambos grupos. Así, la capacidad de modificación de BMR fue mayor en aves reaclimatadas al frío que en aquellas reaclimatadas a calor, lo que se explicaría porque la capacidad de aumentar el BMR por exposición al frío tendría un mayor efecto sobre la supervivencia, que la capacidad de deprimir el gasto energético a altas temperaturas. Estos resultados resaltan la importancia de considerar la historia térmica al evaluar y comparar la respuesta plástica de la energética de aves pequeñas.

79. EVOLUCIÓN DE LA SEROPOSITIVIDAD A HANTAVIRUS EN *OLIGORYZOMYS LONGICAUDATUS* (SIMOGDONTINAE) (Evolution of seropositivity to Hantavirus in *Oligoryzomys longicaudatus* (Sigmodontinae)).

Torres, M.G.¹; Palma, R.E.²; Rodríguez-Serrano, E.²; Boric-Bargetto, D.¹; Hernández, C.E.¹.

¹Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Universidad de Concepción. ²CASEB, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Agradecimientos: FONDECYT-1070331, DIUC-205.113.0070-1.0

Los hantavirus corresponden a virus-ARN, causantes de patologías severas en Eurasia y América. Se ha demostrado relaciones coevolutivas entre hantavirus y sus reservorios, roedores muroideos, en las diversas regiones ecogeográficas donde ocurren estos virus. En Chile, el principal reservorio de la cepa Andes(ANDV) de hantavirus es el sigmodontino *O. longicaudatus*. Esta especie presenta una amplia distribución latitudinal en donde la seroprevalencia del ANDV varía. A pesar de esta heterogeneidad serológica, no se ha detectado influencia patógena del virus sobre el roedor; reflejo de la antigua historia coevolutiva del género *Oligoryzomys* con cepas de hantavirus. En este trabajo planteamos esta heterogeneidad como consecuencia de procesos de dispersión del reservorio hacia ambientes hostiles para el virus. Esto debiera reflejarse en la evolución de la seropositividad en los linajes geográficos de *O. longicaudatus*. Para evaluar esta hipótesis se reconstruyó el estado del carácter serológico para el ACMR de *O. longicaudatus* y la estimación de las tasas de transición de los caracteres, empleando inferencia filogenética bayesiana sobre bases de datos moleculares y serológicos. Los resultados indican que el carácter serológico del ACMR de *O. longicaudatus* es incierto. Además, existe una mayor tendencia a perder el virus en linajes seropositivos. Se propone que los procesos migracionales y de expansión poblacional histórica de los roedores hacia ambientes hostiles para el virus, explicarían los resultados observados.

80. EVOLUCIÓN DEL TAMAÑO CORPORAL EN EL GÉNERO *CANCER* (CRUSTACEA, DECAPODA, BRACHYURA): USO DE UNA APROXIMACIÓN BAYESIANA DEL MÉTODO COMPARATIVO FILOGENÉTICO (Evolution of body size in *Cancer* genus (Crustacea, Decapoda, Brachyura): use of a Bayesian approach of the phylogenetic comparative method).

Morales, B.R., Canales-Aguirre, C., Retamal, M.A., Hernández, C.E.

Laboratorio Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

El tamaño corporal es uno de los rasgos más importantes de los organismos. Las hipótesis ecológico-evolutivas más conocidas asociadas a este carácter son las reglas de Cope y de Bergmann, que describen un aumento del tamaño corporal en la historia evolutiva y una relación inversa entre este carácter y la temperatura, respectivamente. Juntas (i.e. hipótesis Cope-Bergmann), predicen un aumento del tamaño corporal con una disminución de la temperatura del hábitat en la historia evolutiva (i.e. Evolución direccional correlacionada).

En este estudio se evaluaron las predicciones de la regla de Cope y Cope-Bergmann usando como modelo de estudio el género *Cancer* en un contexto filogenético molecular. Tanto la reconstrucción filogenética basada en secuencias del gen COI (~650 pb), como la evolución de los caracteres se obtuvieron mediante inferencia bayesiana.

Los resultados muestran una mayor probabilidad de evolución no direccional del tamaño corporal rechazándose la hipótesis de la regla de Cope. La temperatura no muestra señal filogenética rechazándose la hipótesis Cope-Bergmann, es decir, los caracteres en estudio no se correlacionan evolutivamente por lo que es necesario evaluar la existencia de otros factores que puedan estar influenciando la evolución del tamaño corporal.

81. ANÁLISIS ELECTROFORÉTICO DEL VENENO DE LAS CULEBRAS CHILENAS, *TACHYMENIS CHILENSIS* Y *PHILODRYAS CHAMISSONIS* (Electrophoretical analysis of Chilean snakes' venom, *Tachymenis chilensis* and *Philodryas chamissonis*).

Valenzuela-Dellarossa, G., González-Acuña, D., González, F., Pantoja, S., Ortiz, J.C.
Universidad de Concepción.

Los autores agradecen a los proyectos DIUC-UDEC 200.031.085-1.0 y 203.031.095-1.0, y Grupo de Investigación 03.C1.01, que financiaron parcialmente este trabajo.

Se ha demostrado que en serpientes, la toxicidad del veneno es directamente proporcional a su contenido proteico. Para el caso de las especies de culebras chilenas, se ha descrito que el veneno de *Tachymenis chilensis* es más tóxico que el de *Philodryas chamissonis*. De este modo, se hipotetiza un mayor número de proteínas en el veneno de *T. chilensis* que en el de *P. chamissonis*. Para este estudio se extrajo veneno de un total de 27 individuos (7 *T. chilensis* y 20 *P. chamissonis*), el que se analizó por medio de SDS-PAGE. El veneno de ambas especies presentó un total de siete bandas de proteínas (21-184,5 kDa), pero de diferentes pesos moleculares entre ellas. Probablemente, esta desigualdad de contenido proteico marque las diferencias en la toxicidad del veneno entre ambas especies y no su número.

82. COSTOS SOBRE LA ADECUACIÓN BIOLÓGICA DE LOS SISTEMAS DETOXIFICADORES EN INSECTOS FITOFÁGOS (Fitness costs of detoxification systems in phytophagous insects).

Castañeda, L.E.¹, Figueroa, C.C.¹, Fuentes-Contreras, E.² y Nespolo, R.F.¹.

¹Universidad Austral de Chile, ²Universidad de Talca.
Financiamiento: CONICYT AT-2406132 y Anillos ACT-38.

Plasticidad fenotípica podría explicar el éxito de especies invasivas. Los sistemas detoxificadores reducen los efectos deletéreos de los aleloquímicos sobre insectos fitófagos. Pero la mantención de estos sistemas podría ser energéticamente costosa para los insectos. Una posible solución es la inducción de los sistemas detoxificadores, un caso de plasticidad fenotípica. Los sistemas detoxificadores se inducirían cuando los insectos están alimentándose sobre plantas defendidas, lo cual incrementaría los costos de mantención y reduciría la energía disponible para otras funciones. Se investigó la asociación entre los sistemas detoxificadores, los costos energéticos y la adecuación biológica en el áfido del grano, *Sitobion avenae*. Cinco genotipos fueron mantenidos sobre tres hospederos que diferían en los niveles de ácidos hidroxámicos (Hx; un compuesto antiherbivoría). Se midió la actividad de las citocromo P450 monooxigenasas (P450), glutatión S-transferasas (GST) y esterasas (EST)], la tasa metabólica y la tasa intrínseca de incremento poblacional (rm) en cada genotipo. Se encontró rigidez fenotípica para P450 y GST. Una reducción de EST y tasa metabólica, y un

incremento de rm hacia altos niveles de Hx. Conclusión: los áfidos no inducen los sistemas detoxificadores y reducen los costos de mantención en ambientes desfavorables, incrementando su función reproductiva. Esto podría ser una estrategia adaptativa de reasignación de recursos para reducir los costos de mantención y maximizar la adecuación biológica.

83. ¿CUÁNTAS ESPECIES DE *PROCTOECES* HAY EN CHILE?

Valdivia, I.^{1,4}, Cárdenas, L.³, González, K.², Jofré, D.¹, George-Nascimento, M.², Guñez, R.¹, Oliva, M.¹
¹Facultad de Recursos del Mar, Instituto de Investigaciones Oceanológicas, Universidad Antofagasta, Casilla 170, Antofagasta, Chile. ²Facultad de Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción. ³Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral. ⁴Programa de Doctorado en Ciencias Aplicadas, Mención en Sistemas Marinos Costeros, Universidad de Antofagasta.
Agradecimientos: FONDECYT 1070898.

El estatus de las especies del género *Proctoeces* es poco claro, Bray (1983) indica que las especies de este género presentarían una alta plasticidad fenotípica, concluyendo que solo existe una especie válida, *Proctoeces maculatus*. En las costas de Chile se ha registrado a *Proctoeces humboldti* en gónadas de *Fissurella* spp. y *Proctoeces chilensis* en el intestino de *Syciases sanguineus*. La comparación morfométrica de ejemplares obtenidos desde ambos hospedadores en Antofagasta, indica que se trataría de una sola especie: *Proctoeces lintoni*. Recientemente y a partir de aproximaciones moleculares, se ha corroborado que ejemplares registrados desde distintas especies de *Fissurella* son una misma entidad taxonómica. El análisis morfológico de individuos de *P. lintoni* obtenidos desde *Syciases sanguineus* en diferentes localidades, sugiere la existencia de dos morfotipos. Es entonces ¿*P. lintoni* (en *S. sanguineus*) una unidad taxonómica con alta plasticidad fenotípica o, corresponde efectivamente a *P. maculatus*? Alternativamente podríamos estar frente a dos especies hermanas que se encuentran en el mismo hospedador. Para evaluar esta hipótesis analizamos individuos de ambos morfos encontrados en *S. sanguineus* desde diferentes localidades, a través de la amplificación y secuenciación de la región V4 del SSU del rRNA, un marcador molecular ampliamente usado en sistemática molecular de parásitos. Nuestros resultados evidencian la presencia de dos especies del género *Proctoeces* en *Syciases sanguineus* en Chile. Al incorporar información desde GenBank (para miembros de la Familia Fellodistomidae y grupos hermanos) resulta evidente que *P. maculatus* no es una especie de alta plasticidad fenotípica.

84. FILOGEOGRAFÍA DE LA INVASIÓN DEL SAPO AFRICANO *XENOPUS LAEVIS* EN CHILE (ANURA, PIPIDAE) (Phylogeography of the feral African Claw Frog *Xenopus laevis* in Chile (Anura, Pipidae)).

Lobos, G^{1,2}, Méndez, MA², Pastenes, L², Correa, C² y Jaksic, FM¹.

¹CASEB, P. Universidad Católica de Chile, ²Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile. Financiado por CASEB.

Agradecimientos: G. Lobos y C. Correa agradecen a Beca CONICYT. FONDECYT 1061256.

Xenopus laevis en 30 años ha invadido una extensión de 600 km en el país (IV a la VI Región). El comercio global de este anfibio tuvo su origen en la Región del Cabo en Sudáfrica. Respecto a la invasión en Chile, se desconoce la fuente(s) de origen de la invasión(es), números de stocks genéticos y número de eventos de invasión. Para explorar en los aspectos genéticos de la invasión del sapo africano en Chile, se analizó la variación de la región control del DNA mitocondrial (1.123 nucleótidos). Para ello se estudiaron siete poblaciones ubicadas a lo largo de Chile y una de la Región del Cabo en Sudáfrica. Se realizaron análisis filogenéticos y de redes de haplotipos para evaluar la estructura filogeográfica de las poblaciones. Los resultados muestran una diversidad genética reducida en el área de invasión en comparación a la fuente de origen. Se encontraron dos haplotipos, hecho que sugiere que pudieron ocurrir al menos dos eventos de invasión de *Xenopus laevis* en Chile.

85. UNA EVALUACIÓN DE LAS RUTAS DE DISPERSIÓN HISTÓRICAS DE OTÁRIDOS (CARNIVORA: OTARIIDAE) (An assessment of the historical dispersion routes of Otariids (Carnivora: Otariidae)).

Cañón, C.P.¹, Canales-Aguirre, C.B.^{1,3} & Hernández, C.E.^{1,2}

¹Laboratorio de Sistemática Molecular, ²Laboratorio de Diversidad Molecular y Filoinformática, Departamento de Zoología, ³Laboratorio de Genética y Acuicultura, Departamento de Oceanografía, Universidad de Concepción.

La familia Otariidae, actualmente compuesta por 14 especies, constituye uno de los grupos de mamíferos marinos con mayor capacidad de dispersión. Se caracterizan por ser organismos cuyos ciclos de vida incluye períodos de permanencia en mar abierto y en tierra. Esta familia tiene su origen en el Mioceno inferior y actualmente ocupa todos los océanos, sin embargo, se desconocen las rutas de dispersión histórica y el escenario biogeográfico en el cual habría ocurrido su diversificación.

En el presente estudio, basados en el Método Comparativo Filogenético y empleando aproximaciones Bayesianas, se evaluaron las zonas ancestrales hipotéticas y las posibles rutas de dispersión históricas utilizando secuencias del gen mitocondrial citocromo-b.

Los resultados muestran que el ancestro hipotético más probable estaría en el área norte del Océano Pacífico, lo

que es coincidente con el registro fósil más antiguo del grupo. Los movimientos transoceánicos con mayor sustento se registran para las transiciones Atlántico-Indico, así como desde y hacia el Pacífico. La forma de evolución del carácter evaluado es con mayor probabilidad de tipo gradual ($k=0,9\pm 0,4$). A la luz de los resultados, se discuten las posibles causas del patrón distribucional actual permitiendo proponer un primer escenario histórico para el origen y dispersión de la familia.

86. VARIACIÓN DE CARACTERES FOLIARES EN GÉNERO *CHAETHANTERA* (ASTERACEAE) EN UN GRADIENTE AMBIENTAL: EFECTO DE LA FILOGENIA Y SU HÁBITAT (Foliar trait variation in *Chaetanthera* along an environmental gradient: effect of phylogeny and the habitat)

Salazar, N.¹, Pérez, F.^{1,2}, Gaxiola, A.^{1,2} y Arroyo, MTK²

¹CASEB, Departamento de Ecología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile.

En gradientes ambientales se presentan condiciones abióticas altamente estresantes que afectan tanto la distribución y/o sobrevivencia de las plantas. Estudios han asociado caracteres morfológicos y fisiológicos con la capacidad de sobrevivencia y permanencia de las plantas (i.e. frente a sequía, radiación solar, fluctuaciones térmicas). Sin embargo, esta variación puede también tener una inercia filogenética frente al gradiente. Para evaluar este contraste, se realizó un análisis filogenético de contraste independiente entre caracteres foliares implicados con respuestas a la variación ambiental (área foliar, pubescencia foliar, masa foliar específica (LMA) y área estomática relativa) y la precipitación para 14 especies del género *Chaetanthera* (Asteraceae), que presenta un amplio rango de distribución en Chile.

Se encontró un aumento el área estomática relativa con la precipitación ($r = 0,49$; $P < 0,037$). En contraste con otros estudios LMA no disminuyó significativamente con la precipitación ($r = 0,10$; $P = ns$), lo cual sugiere una posible conservación de este carácter en el género. Este estudio sugiere una regulación del área estomática y la densidad estomática frente a la variabilidad en precipitación presente en el gradiente altitudinal y latitudinal a la cual se encuentra este género.

87. PÉRDIDA DE LA REPRODUCCIÓN SEXUAL EN EL PULGÓN INTRODUCIDO *SITOBION AVENAE* EN CHILE (Loss of sexual reproduction in the introduced aphid *Sitobion avenae* in Chile).

Luna-Rudloff, M¹., Silva, A.X¹., Filún, M.A., Figueroa, C.C.¹

¹Instituto de Ecología y Evolución, Universidad Austral de Chile.

Financiamiento: PBCT-Anillos ACT-38, PBCT-Redes RED-01; DID-UACH y Conicyt.

Las invasiones biológicas, y particularmente la de áfidos, representan un interesante problema evolutivo. Las poblaciones de áfidos introducidas exhiben reducidos niveles de diversidad genética sin una aparente reducción en su capacidad invasora. Esto representaría una paradoja evolutiva, pues existe poco conocimiento de las propiedades biológicas y genéticas del éxito de la introducción. El pulgón de los cereales, *Sitobion avenae*, es un áfido recientemente introducido en Chile, responsable de importantes pérdidas agrícolas. Para probar la hipótesis de una reducción de variabilidad genética como consecuencia de la pérdida de reproducción sexual, cinco de los genotipos más abundantes (>90%) de *S. avenae* en Chile fueron sometidos a un protocolo de inducción de sexualidad junto con un genotipo francés de reproducción sexual (control). Dos de los clones chilenos produjeron solo machos (clones androcíclicos), mientras los restantes mostraron la completa ausencia de reproducción sexual (clones anholocíclicos). Si bien esto respondería la baja diversidad genética de esta especie en Chile, las causales de su éxito ecológico están aún por esclarecerse. Adicionalmente, estos resultados explicarían la existencia de híbridos entre *S. avenae* / *S. fragariae*, a través de una introgresión de genes desde machos *S. avenae*.

88. RELACIÓN ENTRE EL PAISAJE Y LA ESTRUCTURA GENÉTICA EN POBLACIONES DE *BUFO SPINULOSUS* (ANURA: BUFONIDAE) EN LA REGIÓN DE ANTOFAGASTA - CHILE (Relationship between landscape and population genetic structure of *Bufo spinulosus* (Anura: Bufonidae) in the Antofagasta Region - Chile).

Gallardo, C.¹; Pastenes, L.¹; Hernández, J.² y Méndez, M.A.¹

¹Laboratorio de Genómica Evolutiva, INTA, Universidad de Chile. ²Laboratorio de Geomática y Ecología del Paisaje, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Chile.

Patrocina FONDECYT 1061256.

Considerar las características del paisaje es sustancial para entender los procesos de diferenciación de las poblaciones. La capacidad de dispersión limitada y alta filopatría que presentan los anfibios, permiten que características del paisaje afecten su estructura genética. En este trabajo se analizaron 16 poblaciones (153 individuos) del anuro *Bufo spinulosus*, situadas alrededor de la cuenca del río Loa y

vertientes orientales del salar de Atacama. Como marcador molecular se utilizó la región D-Loop del mtDNA (900 sitios nucleotídicos). Se estimó la diferenciación genética entre poblaciones usando valores de *F_{st}*. El análisis del paisaje se realizó mediante sistemas de información geográfica (imágenes Landsat y MODIS, SRTM 90m, ArcGis 9.2). Se evaluaron distintos modelos de dispersión, entre estos un modelo lineal (nulo) y otros que incluyeron distintas variables del paisaje. Se utilizó la prueba de Mantel para establecer la relación entre *F_{st}* y las distancias geográficas estimadas por los distintos modelos. Se compara el porcentaje de variación genética explicado por los distintos modelos que incluyeron variables del paisaje.

89. PATRONES FILOGEOGRÁFICOS EN EL BIVALVO *MESODESMA DONACIUM LAMARCK* (1818) "MACHA" EN CHILE (Phylogeography of the bivalve *Mesodesma donacium lamarck* (1818) "macha" in Chile).

Peralta, G.^{1,2}, Castilla, J.C.¹, Poulin, E.², Guñe, R.³

¹Centro de Estudios Avanzados en Ecología y Biodiversidad, Pontificia Universidad Católica de Chile. ²Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile. ³Universidad de Antofagasta. Facultad de Recursos de Mar. Instituto de Investigaciones Oceánicas.

Agradecimientos: LIA-DIAMS, Fundación Andrew Mellon-PUC (S.Navarrete y J.C.Castilla), FONDAP N°1501-001 (CASEB), ICM P05-002, PFB 023.

Se determinó la estructura filogeográfica del bivalvo *Mesodesma donacium* a través de secuencias parciales del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (COI) obtenidas desde especímenes de 12 localidades entre 18° y 42° S. Los análisis de la red de haplotipos y el árbol filogenético mostraron la presencia de dos clados genéticamente distintos y geográficamente segregados, con una zona de contacto secundario en la zona comprendida entre los 32° a 34° S. El nivel de divergencia entre los clados (6%) se encuentra por sobre los valores descritos para especies hermanas en bivalvos (3%) lo que sugiere que ambos clados podrían haber evolucionado a especies distintas producto de alguna(s) barrera biogeográfica. A través de la aproximación del reloj molecular se estimó que el inicio de la separación entre los clados habría ocurrido ca. 5.9 M.a. Los análisis de inferencia demográfica realizados sobre cada clado demuestran que ambos presentan historias demográficas similares, independiente de los factores climáticos y oceanográficos a los cuales han estado sujetas sus poblaciones.

MISCELÁNEOS

90. PRECIPITACIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS SALIVALES PAROTÍDEAS MEDIANTE VINO TINTO (Differential protein precipitation in parotid saliva by red wine).

Morales, I.¹, Urzúa, B.¹, Maturana, C.¹, Obreque, E.², Peña-Neira, A.², Luengo, J., López-Solís, R.O.³
 Facultades de ¹Odontología, ²Ciencias Agronómicas y ³Medicina, U. Chile.
 Proyectos DI MULT-06/14-2, DI MULT 05/35-2 y Fondecyt 1080559.

La deseada sensación de astringencia provocada al beber vino tinto ha sido asociada a la interacción de sus abundantes taninos con proteínas salivales ricas en prolina (PRPs). En humanos, estas proteínas son principalmente de origen parotídeo. Con la finalidad de identificar proteínas salivales parotídeas con capacidad de interactuar con taninos, se realizaron ensayos de precipitación de proteínas salivales con un vino tinto comercial.

Volumenes constantes de saliva de un único individuo, incubados a temperatura ambiente con diluciones seriadas de vino, generaron precipitados recuperados por centrifugación. La serie de pellets (y respectivos sobrenadantes) fueron analizados por electroforesis SDS-PAGE y revelados con Coomassie Blue. Desde bajas concentraciones de vino se observó precipitación gradual y dosis-dependiente de un péptido metacromático (PRPs) de 24 kDa. Otros péptidos metacromáticos coprecipitaron con otras proteínas salivales frente a concentraciones mayores de vino. Tales proteínas son identificables en la saliva total también. Estas observaciones indican que distintas proteínas salivales parotídeas presentan distinto grado de afinidad por componentes del vino tinto y que esquemas de fraccionamiento como el señalado pueden contribuir a identificar mecanismos moleculares de la sensación de astringencia.

91. DEMOSTRACIÓN DE LA PRESENCIA DE ESPORAS DE *SAPROLEGNIA SP.*, EN ALEVINES DE *ONCORHYNCHUS MIKISS* SIN SIGNOS DE *SAPROLEGNIOSIS* (Early diagnostic of *Saprolegnia sp.* in *oncorhynchus mikiss* alevins that lack of aparent synthomps).

Nilo, L.; Olivares, J.; Arenas, G.; Marshall, G.
 Laboratorio de Genética e inmunología Molecular, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Av. Brasil 2950 Valparaíso.
 Proyecto COPEC-UC CC014.

La saprolegniosis del salmón es una enfermedad oportunista y altamente agresiva producida por el hongo *Saprolegnia sp.* Sus esporas pueden encontrarse en el agua o adheridas a la superficie de los peces, pudiendo desarrollarse rápidamente a otros estados perjudiciales cuando el individuo está inmunodeprimido. El manejo actual de la enfermedad es postaparición de los signos característicos en la superficie del pez, no aplicándose manejo preventivo, ya que no se tiene certeza de la presencia de esporas viables tanto en el agua como asociadas al pez. En este trabajo presentamos

un mecanismo eficaz y rápido para la detección de esporas viables de *Saprolegnia sp.* en alevines de *Oncorhynchus mikiss* sin signos de la enfermedad. El método consiste en depositar alevines eutanasiados en placas de agar GY suplementada con antibióticos, donde tras 24 horas se observa crecimiento del hongo, confirmando la presencia de esporas viables asociadas a su superficie. El método puede ser utilizado para comprobar la efectividad de los tratamientos curativos existentes o evaluar la efectividad de tratamientos preventivos de la enfermedad, evitando el desarrollo de la enfermedad aumentando la productividad y disminuyendo las pérdidas económicas que saprolegnia causa en la acuicultura.

92. COMPUESTOS SELENADOS ORGÁNICOS E INORGÁNICOS PRODUCEN DISTINTAS RESPUESTAS PROTEÓMICAS EN EL PLASMA SANGUÍNEO DE RATAS (Organic and inorganic selenium compounds produce different proteomic responses in the blood plasma of rats).

Mahn, A.¹, Toledo, H.²

¹Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Ingeniería Química, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 3363, Santiago, Chile ²Programa de Biología Celular y Molecular, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
 Agradecimientos Proyecto Fondecyt N° 1061154.

Algunos compuestos de selenio previenen ciertos tipos de cáncer. Los índices tradicionales de selenio no dan cuenta del estado metabólico de este elemento en cuanto a su efecto quimiopreventivo.

Se investigó el efecto de la suplementación dietética con seleno-metil-selenocisteína (SMSeC) y selenato de sodio sobre el proteoma plasmático de ratas. Se utilizaron dos grupos experimentales y uno control, de seis ratas cada uno. Los grupos experimentales fueron alimentados con una dieta básica suplementada con SMSeC o selenato-de-sodio en concentración de 1.9 µg/g de dieta, durante diez semanas. Se identificaron algunas proteínas plasmáticas y se cuantificaron las diferencias en su abundancia.

En conclusión, haptoglobina, apolipoproteína E y transtiretina aumentaron su abundancia cuando se utilizó cualquier forma de selenio (SMSeC o selenato de sodio). HNF6 respondió solo a SMSeC, mientras que fibrinógeno y alfa-1-antitripsina respondieron solo a selenato de sodio. Estos patrones proteómicos podrían ser propuestos como nuevos índices para evaluar el estado metabólico de este elemento. Este conocimiento podría contribuir a la elucidación de los complejos mecanismos que subyacen la quimiopreención por selenio en los mamíferos, lo que es poco conocido hasta ahora.

93. EVALUACIÓN DE CAMBIOS EN EL AMBIENTE ACUÁTICO MEDIANTE INMUNODETECCIÓN DE FACTORES HIPOTÁLAMO-HIPOFISIARIOS EN PITUITARIA DE *CYPRINUS CARPIO* (Evaluation of changes in the aquatic environment via immunodetection of hypothalamo-hypophyseal factors in pituitary of *Cyprinus carpio*).

Horning, Y., Cortés, M., Muñoz, A., Vera, T., Romero, A.¹, Figueroa, J., Kausel, G.
Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

Cambios ambientales de origen natural y xenobiótico modulan la expresión génica a nivel transcripcional y traduccional coordinado por factores del eje hipotálamo-hipofisiario. Para inmunodetectar las proteínas preparamos anticuerpos policlonales dirigidos contra oligopéptidos sintéticos diseñados en base a la secuencia amino acídica derivada de Cp (copeptin, extensión C-términal del pre-isotocina), Pit1 (factor de transcripción específico de la glándula pituitaria), y MTF-1 (factor de transcripción que responde a metal) de *Cyprinus carpio*. Además aplicamos anticuerpos anti-tiPRL (prolactina de tilapia, Martial, J.) y anti-scSL (somatolactina de *Salmon coho*, Rand-Weaver, M.). Claramente se distinguen en la glándula pituitaria de carpas adultos regiones específicas de mayor intensidad de la inmunorreacción para cada anticuerpo, ej. PRL en *rostral pars distalis* (lactotropas), SL y Cp en *pars intermedio*, MTF1 en *proximal pars distalis* (somatotropas). Actualmente evaluamos los patrones diferenciados de la inmunorreacción específica de factores pituitarias en carpas macho adulto expuestos por tres semanas en lugares cerca de Valdivia. Los resultados preliminares indican efectos significativos en la expresión de PRL. Cambios en la expresión de prolactina podrían indicar una alerta temprana de efectos a la reproducción, crecimiento y salud.
Fondecyt 1070724, 7070314.

94. LA EXPRESIÓN ESPACIAL DEL FACTOR DE RESPUESTA A METAL MTF-1 ESTÁ RELACIONADA CON LA ORGANIZACIÓN FUNCIONAL DE CÉLULAS DE LA PITUITARIA EN *CYPRINUS CARPIO* (Spatial expression of metal responsive transcription factor MTF-1 is related to functional organization of pituitary cells in *Cyprinus carpio*).

Cortés, M., Muñoz, A., Horning, Y., Vera, T., Romero, A.¹, Figueroa, J., Kausel, G.
Instituto de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.
¹Laboratorio de Biotecnología y Patología Acuática, Facultad de Veterinaria, UACH
Fondecyt 1070724, 7070314.

Factores de transcripción constituyen nodos centrales en la red regulatoria que orchestra la adaptación a cambios ambientales, incluyendo exposición a metales pesados y otros compuestos que afectan al sistema endocrino. En el modelo del pez carpa caracterizamos factores hipotálamo-hipofisiarios con el objetivo de identificar genes marcadores de respuesta temprana para evaluar efectos xenobióticos en el ambiente acuático. El factor de transcripción MTF-1 es necesario para la homeostasis y respuesta a exposición a metales pesados. Preparamos anticuerpos policlonales contra un oligopéptido diseñado en base a la secuencia aminoacídica derivada del factor de respuesta a metal MTF-1 de *Cyprinus carpio*. En análisis de Western blot se inmunodetectó una proteína específica de aproximadamente 60kDa, de acuerdo con el peso molecular derivado de MTF-1. El patrón diferencial de expresión en la glándula pituitaria, muestra una fuerte reacción inmune en la *proximal pars distalis* (somatotropas) respecto a una menor reacción en la *rostral pars distalis* (lactotropas) y *pars intermedia* (expresión de somatolactina), y sugiere efectos específicos sobre las hormonas hipofisiarias que median la adaptación a cambios ambientales.

95. ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE LA ESPECIFICIDAD SE SUSTRATO DE ATSDL, UNA POTENCIAL POLIALCOHOL DESHIDROGENASA (Bioinformatic analysis of the substrate specificity of AtSDL, a putative polyol dehydrogenase).

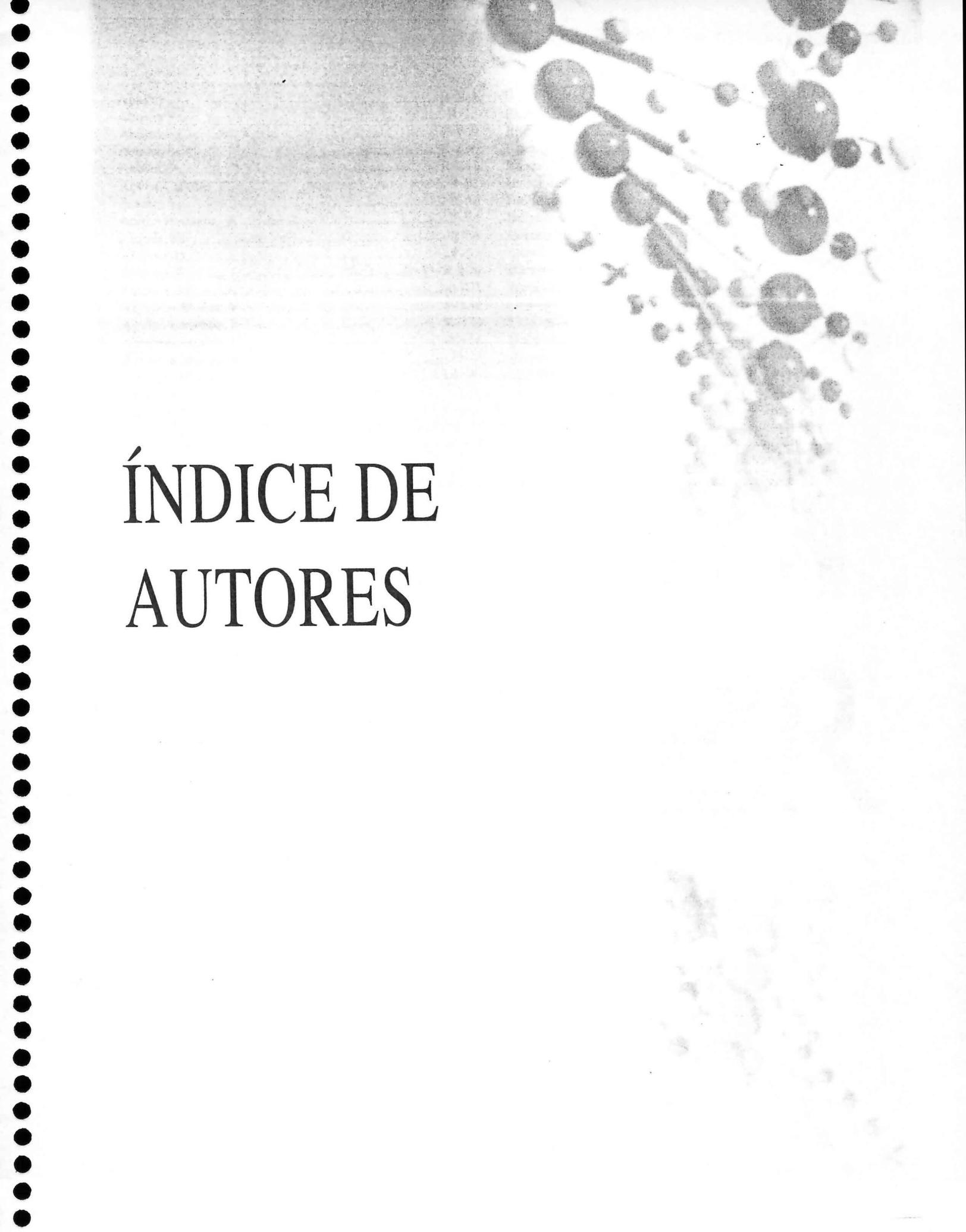
¹Mandujano, P. ²Ramírez, C. ²Guixé, V. ¹Handford, M. Laboratorios de ¹Biología Molecular Vegetal y ²Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.
Patrocinio: Cardemil, L.

AtSDL es una potencial sorbitol deshidrogenasa (SDH) NAD⁺-dependiente de *Arabidopsis thaliana* que posee un 87% de identidad aminoacídica con la SDH de tomate y un 46% con la SDH humano. Debido a su origen, es desconocida su función, principalmente por la escasa cantidad de polialcoholes lineales (sorbitol, xilitol, entre otros posibles sustratos) en *Arabidopsis*. Usando como molde las estructuras cristalográficas de SDHs 1E3jA, 1PL6A, 2D8AA, 2DFVA se realizó un modelamiento por homología para AtSDL. El estudio de posibles conformaciones de los sustratos en los sitios de unión de esta enzima fueron realizados mediante AUTODOCK, y su estabilidad fue evaluada por dinámicas moleculares a través de NAMD, bajo estrategias de asignación de cargas de Gasteiger (ligando) y CHARMM (enzima y dinámicas enzima-sustrato). En el caso de NAD⁺, la conformación de menor energía es consistente con la observada en estructuras cristalográficas de otras deshidrogenasas, con una K_d estimada de 17.4 μM. La evaluación de la preferencia por determinados polialcoholes se realizó por *Virtual Screening* contra siete polialcoholes presentes en *Arabidopsis*, en la cual se observó que las K_d de D-Sorbitol y *meso*-xilitol son 2.5 mM y 4.9 mM respectivamente, siendo consistentes con resultados experimentales obtenidos *in vitro* para otras SDHs.

96. ESTUDIO DE LA TOXICIDAD DE ZEOLITA MAGNÉTICA (Toxicity study of magnetic zeolite).

Díaz, P¹, *Gutiérrez, M², Escudey, M², Altbir, D³, Denardin J³, Escrig J³, Velásquez, L¹, Orihuela, PA¹.
¹Departamento de Biología, ²Departamento de Química, ³Departamento de Física, USACH.
FONDECYT 1080523, 1070116, 1080300, *becaria CONICYT.

La zeolita es un aluminosilicato que tiene una extraordinaria habilidad para intercambiar iones, y estructuralmente presentan microporos de 0.5 a 0.7 nm de diámetro. Las propiedades de las zeolitas potencian su utilización como base para un sistema de liberación controlada de fármacos *in vivo*, aplicación que se vería fuertemente incrementada al modificar la zeolita incorporándole propiedades magnéticas. La síntesis de las zeolitas magnéticas se realizó recubriéndolas con una película de óxido de hierro. Luego, las partículas magnetizadas fueron caracterizadas por microscopía electrónica de barrido, difracción de rayos X y magnetometría de muestra vibrante para obtener la magnetización a diferentes valores de campo magnético. El análisis toxicológico de estas partículas se realizó utilizando ratas hembras adultas que fueron tratadas vía una sonda gástrica con una dosis única de 2.3 g/kg de peso de zeolita magnética o suero salino como grupo control. Luego se evaluaron diariamente variaciones de peso corporal e ingesta de agua y en el día 7 postratamiento se obtuvieron muestras de hígado y riñón. El peso corporal, el volumen de ingesta de agua y la histopatología del riñón e hígado fueron similares al grupo control. Estos resultados sugieren que partículas de zeolita magnética no presentan riesgos tóxicos en mamíferos y estimulan su aplicación en biomedicina.



ÍNDICE DE
AUTORES

— A —

Aballay, A.	R-101
Aboitiz F.	R-25
Aburto, C.	R-109
Acosta, M.C.	R-130
Acosta, P.	R-143
Acuna-Castillo, C.	R-80, R-81
Acuña, S.	R-58
Acuña-Retamar, M.	R-96
Adonis, M.	R-58
Adorno, D.	R-58
Aguayo, F.	R-33, R-129
Aguayo, M.	R-101
Aguilera-Muñoz, F.	R-136
Aguilera-Muñoz, F.	R-136
Aguilera-Muñoz, F.	R-65
Aguilera-Muñoz, F.	R-65
Aguirre, M.	R-47
Akiba, S.	R-33
Alarcón, R.	R-68
Alcaíno, J.	R-41, R-42, R-64, R-87
Aldana, M.	R-50, R-95, R-99, R-100
Allende, M.	R-104, R-146
Alliende, M.A.	R-58, R-60, R-132
Almonacid, L.	R-45, R-70
Altbir, D.	R-155
Alvarado, J.	R-102
Álvaro-Benito, M.	R-69
Amaro, A.M.	R-65
Anderson, C.B.	R-102
Angulo, J.	R-135
Aqueveque, P.	R-124
Arancio, G.	R-127
Araneda, C.	R-64, R-136
Aravena, G.	R-109
Aravena, N.	R-64, R-133
Araya, C.	R-73
Araya, G.	R-67
Ardiles, A.	R-79
Ardiles, A.O.	R-114
Arenas, G.	R-116, R-117, R-153
Arias, J.	R-88
Arias, M.B.	R-98
Armesto, J.J.	R-20
Armesto, J.J.	R-131
Armisen, R.	R-55
Arraztoa, J.A.	R-57
Arredondo-Núñez, A.	R-61, R-83, R-129
Arroyo, M.K.	R-76
Arroyo, MTK.	R-151
Artachoa, P.	R-47
Artz, DR.	R-61
Aspé, M.	R-114
Astorga, MP.	R-47, R-132
Astuya, A.	R-107, R-109, R-132
Atala, C.	R-72
Avello, V.	R-109
Ayerdí, P.	R-48

— B —

B. Santelices.	R-63, R-98
Bachem, Max	R-56
Baeza M.	R-87
Baeza, C.	R-135, R-148
Baeza, M.	R-41, R-42, R-64, R-87, R-91
Bahamondes, A.	R-83
Balboa, K.	R-148
Barahona, S.	R-41, R-42, R-58, R-64, R-87, R-88
Barceló, G.	R-148
Barichivich, J.	R-70
Barrera, G.	R-58
Barrera, M.	R-65
Barrientos, Herna	R-125
Barrientos, K.	R-37
Barrientos, M.	R-45, R-70
Bazán, E.	R-121
Becerra J.	R-71, R-107, R-124
Beltrán, J.	R-94, R-98
Benítez de la Fuente, H.	R-92
Bennett, M.	R-48
Berendsen, J.	R-116
Beristain, P.	R-138
Berrios, S.	R-33, R-134
Berrios, Soledad	R-8
Billard, E.	R-23
Bizama, G. M.	R-129
Blanco, R.	R-58
Bolados, G.	R-122
Bollo Dragnic, S.	R-24
Bonacic, C.	R-37, R-93, R-127
Bonansco, C.	R-115
Boric-Bargetto, D.	R-149
Boric-Barguetto, D.	R-82
Bórquez, J.	R-52
Borthagaray, A.I.	R-70
Bosch, J.	R-78
Botto-Mahan, C.	R-82, R-96, R-97
Bozinovic, F.	R-50
Brante, A.	R-22
Bravo, I.	R-115
Bravo, L.A.	R-10, R-44, R-61, R-125, R-126
Bravo, T.	R-58
Briceño, C.	R-101
Briceño, C.	R-96, R-97, R-122
Briones, L.M.	R-72
Briones, R.	R-92
Bruce, E.	R-89
Bruford, MW.	R-64
Brunetti, E.	R-111
Bunout, D.	R-58
Buño, Washington	R-79
Burgos, H.	R-112, R-113
Burgos, P.	R-143
Bustamante, M.	R-56
Bustamante, R. O.	R-96
Bustamante, R.	R-37, R-77, R-83, R-121
Bustamante, RO.	R-129
Bustamante, RO.	R-61, R-130
Bustos, E.	R-124
Bustos, E.D.	R-71
Bustos, P.	R-144

- C -

Cabanillas-Sáez, A.	R-103
Cabello, F.	R-132
Cabello, S.	R-141
Cabrera-Brandt, M.	R-83
Cadavid, LF.	R-118
Cádiz, B.	R-94
Cádiz, P.	R-99
Calderini, D.	R-140
Cambiaso, V.	R-146
Camousseight, A.	R-52
Campbell, K.	R-101
Campos, Laura	R-56
Campos, M.	R-112, R-113
Campos, R.	R-96, R-97
Campos, V.	R-82
Campusano, C.	R-105
Canales-Aguirre, C.	R-49, R-52, R-149
Canales-Aguirre, C.B.	R-151
Canals, M.	R-16, R-49, R-61, R-72
Cañete, J.I.	R-54
Cañón, C.P.	R-151
Capella, J.J.	R-66, R-99
Cardemil, E.	R-142
Cardemil, L.	R-126
Cárdenas, C.	R-116
Cárdenas, L.	R-22, R-150
Carmona M.	R-41
Carmona, M.	R-64, R-87
Carrasco, A.	R-135
Carrasco, C.	R-124
Carrasco, F.	R-52
Carrasco-Urra, F.	R-126
Carriel, C.	R-104
Carú, M.	R-40
Carvajal, D.E.	R-127
Carvajal, N.	R-68, R-107, R-143, R-144
Carvajal, R.	R-104, R-106
Carvalho, G.	R-122
Casanueva, M.E.	R-15
Casey, CS.	R-64
Castañeda, L.E.	R-150
Castilla, J.C.	R-152
Castillo, A.	R-33, R-90, R-112, R-113
Castillo, H.	R-136
Castillo, M.	R-90
Castro J.	R-110
Castro Nallar, E.	R-90
Castro, J.	R-67, R-110, R-111
Castro, M.	R-121
Castro, S. A.	R-21
Castro, V.	R-144
Catalán, T.P.	R-50
Cattan, P.E.	R-96
Caviares, L.A.	R-125
Cavieres, G.	R-148
Cavieres, G.	R-34
Cavieres, G.	R-43
Cavieres, L.	R-51
Cavieres, L.A.	R-10
Cavieres, L.A.	R-44, R-51, R-61, R-121, R-128
Cerda, O.	R-55

Charrier, A.	R-20
Chávez, AE.	R-111
Chávez-Parra, M.	R-103
Chianale, C.	R-102
Christie, D.A.	R-70
Cid, N.	R-121, R-128
Cifuentes, M.	R-144
Cifuentes, V.	R-41, R-42, R-58, R-64, R-87, R-88
Cisternas, J.	R-147
Codón, AC.	R-5
Codriansky, Y.	R-132
Cofré, C.	R-113
Coldwell, V.	R-93, R-127
Colin, N.	R-39
Collado, G.A.	R-147
Conejeros, P.	R-80
Constandil, L.	R-112
Contreras, L.	R-94, R-141, R-142
Contreras, L.S.	R-114
Contreras, O.	R-89
Contreras, R.A.	R-125
Contreras-Levicoy, J.	R-67
Contreras-Vallejos, E.	R-145
Coñoepan, W.	R-60
Cooley, A. M.	R-122
Coopman, R.E.	R-61, R-126
Corcuera L.J.	R-61, R-126
Córdova, I.	R-97
Coronado, T.	R-73
Coronado, X.	R-96
Correa, C.	R-151
Correa, J.A.	R-23, R-94, R-141, R-142
Correa, JA.	R-98
Correa-Solis, M.	R-145, R-146
Cortés, F.	R-60, R-132
Cortés, M.	R-154
Corti, P.	R-133
Cortínez, G.	R-33
Corvalán, A.	R-33, R-57
Costa-Venegas, C.	R-136
Cotoras, D.	R-146
Cotorás, I.	R-121
Cruz, F.	R-66
Cruz, G.	R-111
Cuertas, M.	R-83
Cuevas, J.G.	R-44
Curotto E.	R-111
Curotto, B.	R-58, R-60, R-132
Curotto, L.	R-100

- D -

D'Elfa, G.	R-47, R-53, R-82
De Abreu, M.	R-69
De la Maza, P.	R-58
De la Vega, X.P.	R-37
De Mayo, T.	R-58
De Saint Pierre, M.	R-73
Delgado L.	R-79
Delpiano, C.	R-125
Denardin J.	R-155
Dennett, G.	R-142
Destombe, C.	R-23, R-46

Díaz, A.....	R-107	Figueroa, CC.....	R-83
Díaz, C.....	R-104	Figueroa, DP.....	R-61
Díaz, F.....	R-60	Figueroa, H.....	R-57
Díaz, Fredy.....	R-56	Figueroa, J.....	R-109, R-117, R-154
Díaz, J.....	R-84	Figueroa-Diesel, H.....	R-106
Díaz, P.....	R-155	Filún, M.A.....	R-152
Díaz, P.E.....	R-95	Flores O.....	R-87
Díaz, R.....	R-89	Flores, J.....	R-88
Díaz-Briceño, A.....	R-89	Flores, O.....	R-79, R-113
Dib, M.....	R-66	Flores, V.....	R-94, R-102
Domínguez, D.....	R-76	Folguera, G.....	R-50
Donlan, C.J.....	R-101	Fornes, R.....	R-106
Donoso, C.....	R-71	Franck, N.....	R-125
Donoso, D.S.....	R-37	Franco, L.M.....	R-37
Dubois, K.....	R-58	Freire, M.....	R-126
Dupré, E.....	R-136	Frías, D.....	R-19, R-26
Durán, P.....	R-71, R-129	Fuentealba, C.....	R-53

— E —

Ebensperger, L.....	R-51
Echeverría, C. R-43, R-121, R-122, R-128, R-129, R-130	
Echeverría, H.....	R-147
Edio, Maldonado.....	R-67
Eizuru Y.....	R-33
Eldredge, N.....	R-6
Elgueta, C.....	R-80
Encina, G.....	R-74
Encina, M.....	R-143
Encina, M.....	R-144
Enríquez R.....	R-109
Enríquez, R.....	R-117
Ernst, B.....	R-49
Escanilla, V.....	R-92
Escobar, C.....	R-68, R-142
Escobar, J.....	R-113
Escobar, J.B.....	R-76
Escobar, M.....	R-105
Escrig, J.....	R-155
Escudey, M.....	R-155
Espinosa, M.....	R-55
Espinoza, C.....	R-37
Espinoza, J.....	R-50
Estades C.....	R-37
Estévez, R.A.....	R-102
Ewer, J.....	R-80

— F —

Fajardo, A.....	R-51
Faugeron, S.....	R-23
Faugeron, S.....	R-48, R-95
Fernández de Sevilla, David.....	R-79
Fernández, H.....	R-42
Fernández, J.....	R-67
Fernandez, L.....	R-73
Fernández, V.....	R-112, R-113
Fernández-Donoso, R.....	R-8, R-33, R-134
Fernández-Lobato, M.....	R-69
Ferrada, S.....	R-52
Ferreira, J.....	R-143
Fierro, A.....	R-124
Figueroa, C.C.....	R-72, R-150, R-152

Figueroa, CC.....	R-83
Figueroa, DP.....	R-61
Figueroa, H.....	R-57
Figueroa, J.....	R-109, R-117, R-154
Figueroa-Diesel, H.....	R-106
Filún, M.A.....	R-152
Flores O.....	R-87
Flores, J.....	R-88
Flores, O.....	R-79, R-113
Flores, V.....	R-94, R-102
Folguera, G.....	R-50
Fornes, R.....	R-106
Franck, N.....	R-125
Franco, L.M.....	R-37
Freire, M.....	R-126
Frías, D.....	R-19, R-26
Fuentealba, C.....	R-53
Fuentealba, P.....	R-107
Fuentes, J.P.....	R-130
Fuentes, M.....	R-70
Fuentes-Contreras, E.....	R-83, R-150
Fuentes-Ramírez, A.....	R-121
Fuenzalida, M.....	R-115
Fuenzalida, M.....	R-79
Funes, M.....	R-122
Funes, M.C.....	R-97

— G —

Gabler, F.....	R-104, R-106
Gaete, D.....	R-58
Gaitán-Espitia, J.D.....	R-46
Gajardo, G.....	R-138
Gajardo, G.....	R-19
Gajardo, M.....	R-60
Gallardo, C.....	R-152
Gallardo, J.....	R-116
Gallardo, J.....	R-44
Gallardo, M. H.....	R-10, R-133, R-139
Gallardo, M.H.....	R-74
Gallardo, M.J.....	R-40
Gallardo-Escárate, C.....	R-65, R-132, R-136
Galleguillos, R.....	R-49, R-52
Gálvez, N.....	R-37, R-93, R-127
Gambardella, M.....	R-17
Ganga, A.....	R-133
Ganga, M.A.....	R-141
Garagna, S.....	R-33
García, D.....	R-143
García, K.....	R-101
García, M.A.....	R-144
García, P.....	R-37
García, R.....	R-121
García, R.A.....	R-128
García, V.....	R-131
García, V.....	R-91
Garrido, P.....	R-69
Gaxiola, A.....	R-151
George-Nascimento, M.....	R-150
Gianoli, E.....	R-8, R-63, R-77, R-81, R-97, R-126
Gibbons, J.....	R-99
Gil, L.....	R-58
Gimpel, J.....	R-68

Giovanetti, D.	R-75
Godoy, J.	R-56
Godoy, L.	R-141
Godoy, R.	R-45, R-70
Gómez, D.	R-80
Gómez, F.	R-55, R-58, R-140
Gómez-González, S.	R-51
Gonzales, A.	R-122
González R.R.	R-109
González Wevar, C.A.	R-54
González, AV.	R-63, R-98
González, B.	R-64, R-88
González, C.	R-60
González, C.R.	R-16
González, D.	R-43
González, F.	R-53, R-150
González, K.	R-77, R-150
González, M.E.	R-70
González-Acuña, D.	R-150
González-Billault, C.	R-144, R-145
González-Billault, Ch.	R-55
González-Hormazábal, P.	R-58
González-Vejares, S.	R-43
González-Vergara, M.	R-33, R-134
Graells, G.	R-92
Grandón, Javier.	R-56
Grez, A.	R-91
Grez, A.A.	R-37
Grez, A.A.	R-92
Guajardo, S.	R-134
Guerra, M.	R-114
Guerra, PC.	R-77
Guerrero, PC.	R-71
Guiliani, N.	R-40
Guillemín, M.L.	R-23
Guillemín, M-L.	R-46
Guillerb, A.	R-47
Guíñez, R.	R-47, R-132, R-150, R-152
Guixe, V.	R-143, R-155
Gutiérrez, J.R.	R-122
Gutiérrez, M.	R-155
Gutiérrez, P.	R-69
Gutiérrez, Soraya	R-67
Gutiérrez-Tapia, P.	R-146
Guzmán, Catherine	R-56
Guzmán, F.	R-116

— H —

Habit, E.	R-66
Handford, M.	R-155
Harris, P.	R-89
Henríquez, C.	R-130
Henríquez, D.	R-40
Henríquez, V.	R-68
Henríquez-Apablaza, T.	R-33, R-134
Henríquez-Velásquez C.	R-121
Hernández, A.	R-79, R-112, R-113
Hernández, C. E.	R-148
Hernández, C.	R-10
Hernández, C.	R-126
Hernández, C.E.	R-149, R-151
Hernandez, C.E.	R-49

Hernández, C.E.	R-52
Hernández, C.E.	R-82
Hernández, F.	R-93
Hernández, J.	R-127
Hernández, J.	R-152
Hernández, K.	R-112
Hernández, V.	R-107
Hernández-Fuentes, C.	R-125
Herrera, J.	R-140
Hinojosa, A.	R-133
Hinojosa, L.F.	R-45
Hirsch, S.	R-58
Hoffmann, FG.	R-23
Holbrook, J.B.	R-102
Horning, Y.	R-154
Horning, Y.	R-154
Huerta, C.	R-126
Hurtado, F.	R-104

— I —

Ibáñez, C.M.	R-54
Illanes, S.	R-106
Imarai, M.	R-80, R-81, R-116, R-117
Inestrosa, N.	R-56, R-114
Inestrosa, N.C.	R-6
Infante, C.	R-112
Inzunza, B.	R-66
Irrarázabal, C.	R-106
Israel, Y.	R-33
Iturra, P.	R-64
Iturra, P.	R-73
Iturra-Cid, M.	R-101
Iturriaga, R.	R-7

— J —

Jaksic, F.	R-21
Jaksic, FM.	R-151
Jara, A.	R-66
Jara, L.	R-58
Jara-Seguel, P.	R-75
Jercic, M.I.	R-60
Jerez V.	R-82
Jerez, V.	R-92
Jiménez, A.	R-69, R-122
Jiménez-Castillo, M.	R-34, R-75, R-122
Jiménez-Huidobro, P.	R-147
Jofré, C.	R-68
Jofré, D.	R-150
Jürgen Gross, Hans	R-56

— K —

Karla, K.	R-106
Kausel, G.	R-117, R-154
Kelt, D.A.	R-122
Kirkwood, A.	R-114
Kohan, K.	R-104
Köhler, Hans W.	R-125
Köhler, N.	R-74, R-139
Koriyama, C.	R-33

— L —

Labra, F.A.	R-61
Lacroze, J-P.	R-83
Lafarga-De la Cruz, F.	R-65
Lafarga-De la Cruz, F.	R-65
Lagos, C.	R-136
Lagos, M.E.	R-99
Lagos, R.	R-41, R-67, R-87, R-88, R-91, R-104
Laker, J.	R-37, R-93, R-127
Lam, N.	R-64, R-73
Lam, W.L.	R-58
Lamborot, M.	R-18
Langdon, B.	R-121
Lara, A.	R-44
Lara, A.A.	R-70
Larco, J.	R-133
Lardies, M.A.	R-61, R-98
Laurido, C.	R-112
Lazo, B.	R-105
Lazzoni, I.	R-93
Lee, E.	R-94
Leiva, Ch.	R-100
Leiva, L.	R-58
Leiva, M.	R-88
Leiva-Salcedo, E.	R-55
León, O.	R-40
Lería, J.	R-99
Lessa, E.P.	R-47, R-53
Letelier, L.	R-37
Lienlaf, M.	R-89
Linde, D.	R-69
Little, C.	R-44
Lizama, D.	R-58, R-60, R-140
Lizana, P.	R-80
Llancaqueo, Álvaro.	R-56
Llanos-Rivera, A.	R-107
Llop, E.	R-73
Lobos, G.	R-151
Lobos, M.	R-143
Lobos, S.	R-105
López, B.	R-58
López, J.	R-118
López, R.	R-133
López-Solís, RO.	R-153
López-Vargas, G.	R-96
Lozano C.	R-41, R-42, R-64, R-87
Luengo, J.	R-153
Lühr, D.	R-49
Luna-Rudloff, M.	R-152
Lusk, C. H.	R-34
Mandakovich, D.	R-136
Mandujano, P.	R-155
Manieu, C.	R-33
Manríquez, G.	R-25, R-138
Manterola, M.	R-33, R-134
Manterola, Marcia.	R-8
Marcoleta, A.	R-41, R-42, R-64, R-87
Marfull, R.	R-49
Margarit, S.	R-58
Margarit, S.	R-58
Marín, JC.	R-133
Marín, JC.	R-64
Mariqueo, T.	R-112
Marquet, P.A.	R-70
Marquet, P.A.	R-92
Márquez-García, M.	R-146
Marshall, G.	R-153
Marshall, S. H.	R-140
Marshall, S.	R-68, R-80
Marshall, S.H.	R-68
Martín-Benito, J.	R-87
Martínez, C.	R-133
Martínez, F.	R-144
Martínez, J.	R-68, R-113
Martínez, M.	R-141
Martínez, Milka	R-67
Martínez, V.	R-58, R-138, R-139
Mathiasen, P.	R-130
Maturana, C.	R-58, R-90, R-153
Maturana, D.	R-93
Maureira, I.	R-109
Mazari, P.	R-9
McCulloh, K.	R-72
Medel, R.	R-37, R-45, R-77, R-83
Medina, G.	R-42
Medina-Vogel, G.	R-48
Mejías, E.	R-71
Mella, C.	R-144
Melo, F.	R-89
Méndez, M. A.	R-146
Méndez, M.	R-52, R-53, R-73, R-147
Méndez, M.A.	R-147, R-152
Méndez, MA.	R-145, R-147, R-151
Mendoza, O.	R-134
Menvielle, M.F.	R-101
Mercado, G.	R-87
Mercado, L.	R-116
Mercado, L.	R-117
Merino, F.	R-143
Merino, F.	R-52
Meserve, P.L.	R-122
Michea, L.	R-57
Milne, BT.	R-50
Miranda, A.	R-131
Miranda, D.	R-143
Miranda, I.	R-104
Miranda, JP.	R-61
Miranda, S.	R-60
Moenne A.	R-110, R-141, R-142
Molina, IY.	R-77
Molina, P.	R-50, R-99
Molina-Montenegro, M.	R-10
Molina-Montenegro, M.A.	R-44, R-97
M. Silva.	R-124
Machuca, G.	R-130
Mahn, A.	R-108
Mahn, A.	R-153
Maisey, K.	R-80, R-81, R-116, R-117
Maldonado, A.	R-127
Maldonado, E.	R-140, R-142
Maldonado, K.	R-43
Malmierca, L.	R-101

— M —

Monasterio, O.....	
Monasterio, O.....	R-41, R-55, R-67, R-88, R-91, R-104
Mondaca, F.....	R-74, R-139
Monrás, M.....	R-117
Montecinos, F.....	R-41
Montenegro, G.....	R-71
Monteval, N.....	R-93
Montoya, M.....	R-143
Montoya, R.....	R-66
Mora, A.....	R-50
Mora, J.P.....	R-37, R-124
Moraga, C.A.....	R-97
Moraga, M.....	R-73
Moraga, R.....	R-66
Morales, B.R.....	R-149
Morales, I.....	R-58, R-90, R-153
Morales, N.....	R-117
Morales, R.....	R-88
Moreira, S.....	R-67
Moreira-Ramos, S.....	R-142
Morgan, C.....	R-113
Morgan, S.....	R-76
Moses, M.....	R-100
Moya, J.....	R-117
Muñoz, A.....	R-154
Muñoz, A.A.....	R-70
Muñoz, C.....	R-17, R-46, R-133
Muñoz, D.....	R-88
Muñoz, G.....	R-143
Muñoz, M.....	R-104
Muñoz, Mirna.....	R-56
Muñoz, P.....	R-80, R-114
Muñoz, S.A.....	R-99
Muñoz-Escobar C.....	R-82
Murphy, T.....	R-37
Murúa, M.....	R-77
Muza, R.....	R-96, R-101

— N —

Nadal, A.....	R-65
Nahuelhual, L.....	R-43
Nájera, A.....	R-102
Nakano, T.....	R-54
Napolitano, C.....	R-48
Narváez, E.....	R-116
Navarrete, S.A.....	R-76
Navarro-Moena, J.C.....	R-99
Necochea, P.....	R-121, R-131
Negríto, M. A.....	R-135
Negríto, M.....	R-148
Negrón, M.....	R-114
Neill, P.E.....	R-98, R-99
Nespolo, R.....	R-72
Nespolo, R.F.....	R-26, R-47, R-150
Newton, A.....	R-43
Ngom, A.....	R-11
Nien, J.....	R-106
Niklitscheck, M.....	R-41
Niklitschek, M.....	R-42, R-64, R-87
Nilo, L.....	R-153
Northland, I.....	R-134
Novaro, A.....	R-122

Novaro, A.J.....	R-97
Núñez MT.....	R-104
Núñez, C.....	R-135
Núñez, J.J.....	R-74
Núñez, Luis.....	R-56
Núñez, M.T.....	R-105
Núñez, M.T.....	R-55

— O —

Obreque, E.....	R-153
Obreque, J.....	R-80
Obreque, V.....	R-135, R-136
Ocampo-Garcés, A.....	R-111
Ojeda, F.P.....	R-50
Olguín, S.....	R-130
Oliva, M.....	R-150
Olivares, J.....	R-140, R-153
Olivares, R.....	R-111
Olmos, C.....	R-144
Olmos, V.....	R-66
Opazo, J.C.....	R-23
Orellana, M.S.....	R-143
Orellana, N.....	R-94
Orihuea, PA.....	R-155
Orlando, J.....	R-40
Orphanopoulos, D.....	R-58
Ortega, A.....	R-58
Ortega, J. H.....	R-24
Ortiz, J. C.....	R-46, R-101
Ortiz, J.C.....	R-73
Ortiz, J.C.....	R-150
Ortiz, N.....	R-113
Ortiz, S.....	R-97
Osorio, P.....	R-141
Ossa, C.G.....	R-82
Otth, C.....	R-42
Otth, L.....	R-42
Oviedo V.....	R-87

— P —

Padilla, E.....	R-45, R-70
Page, J.....	R-33
Page, Jesús.....	R-8
Palacio, K.....	R-81
Palacios, A.....	R-80, R-114
Palacios, AC.....	R-111
Palacios, AG.....	R-111
Palacios, C.....	R-116
Palma, R. E.....	R-53, R-146, R-148, R-149
Palma-Rojas, C.....	R-74
Pantoja, S.....	R-150
Parada, A.....	R-53
Parada, M.....	R-148
Pardiñas, U.F.J.....	R-47
Pardo, A.....	R-124
Pardo-Gandarillas, M.C.....	R-54
Park, K. S.....	R-55
Parkes, J.P.....	R-101
Parra-Cordero, M.....	R-106
Parrau, D.....	R-99
Pastenes, L.....	R-52, R-151, R-152

Pauchard, A.	R-122
Pauchard, A.	R-128, R-131
Paulson, J.	R-101
Pavani, M.	R-143
Paz-Vega, S.	R-98
Pelissier, T.	R-112
Penna, A.	R-55
Penna, M.	R-16, R-78
Peña, A.	R-68
Peñailillo, P.	R-69
Peña-Neira, A.	R-153
Peralta, G.	R-152
Peralta, O.	R-58
Pereda, J.	R-57
Pérez, F.	R-78, R-151
Pérez, H.	R-55, R-79, R-111, R-112, R-113
Pérez, M. J.	R-66
Pérez, M.F.	R-45
Pérez-Pérez, G.	R-57
Pérez-Quezada, J.	R-130
Pérez-Quezada, J.F.	R-125
Perone-Millar, C.	R-65
Pertuzé, R.	R-17
Pichuantes, S.	R-60
Pincheira, J.	R-58
Pino, M.	R-44
Pinochet, J.	R-134
Pinto Lincoñir, L.	R-24
Piper, F.	R-51
Pizarro, C.	R-122
Pizarro, L.	R-60, R-132
Plaza, F.	R-104
Poch, A.	R-142
Poole, A.	R-102
Porobic, J.	R-49
Pouchucq, L.	R-55
Pouchucq, L.	R-67
Poulin, E.	R-100
Poulin, E.	R-152
Poulin, E.	R-37, R-47, R-48, R-54
Pozo, R.	R-93, R-94
Prehn, D.	R-17
Premoli, A.C.	R-130
Prieto, H.	R-124
Prieto-Araya, P.	R-136
Puchi, Marcia	R-67
Pulgar, J.	R-50, R-93, R-94, R-99, R-100
Pulgar, J.M.	R-95

— Q —

Quest, A F G.	R-57
Quezada, J.	R-70
Quijano, A.	R-37
Quilodrán, C.	R-103, R-121
Quintana, C.	R-108
Quintanilla, M.	R-30
Quirici, V.	R-51
Quiroga, M.P.	R-130
Quiroz, C.L.	R-61
Quiroz, M.	R-112

— R —

Raguso, RA.	R-61
Ramírez, C.	R-122
Ramírez, C.	R-155
Ramírez, CC.	R-83
Ramírez, M.	R-92
Razeto-Barry, P.	R-84
Reid, B.	R-53
Retamal, M.A.	R-149
Reuquén, P.	R-90
Reveillaud, E.	R-96
Rey, J.	R-128
Rey-Benayas, J.M.	R-43
Reyes, JM.	R-58
Reyes-Cerpa, S.	R-80, R-81, R-116, R-117
Reyes-López, F.	R-81, R-116, R-117
Riegel, R.	R-140
Rincón, R.	R-90
Ríos-Ramírez, M.	R-116
Riquelme, B.	R-135
Rivas, Coralía	R-56
Rivera, A.	R-83
Rivera, R.	R-75, R-122
Rivera-Hutinel, A.	R-45
Rivera-Rei, A.A.	R-39, R-83
Rives, G.	R-96
Robles, C.	R-134
Rodríguez, EM.	R-114
Rodríguez, M.F.	R-128
Rodríguez, R.	R-122
Rodríguez, S.	R-114
Rodríguez-Serrano, E.	R-148, R-149
Rodríguez-Tirado, C.	R-80, R-81, R-116, R-117
Rojas, D.	R-67
Rojas, DA.	R-140
Rojas, F.	R-134
Rojas, F.P.	R-103
Rojas, J.C.	R-115
Rojas, JM.	R-113
Rojas, M.V.	R-116
Rojas, T.	R-60
Romero, A.	R-10, R-117, R-154
Romero, C.	R-104, R-106
Romero, F.	R-115
Romero, G.	R-76
Roncagliolo, M.	R-115
Rosas, C.	R-104
Rosas, C.	R-106
Roth, M.	R-9
Rozas, Z.	R-107
Rozzi, R.	R-102
Rubies, C.	R-65
Rubio, A.V.	R-95
Ruiz, E.	R-135
Ruiz, E.	R-148
Ruiz, R.	R-58
Ruiz, S.	R-111

— S —

Saavedra, B.	R-101, R-122
Saavedra, J.	R-105

Valero, M.	R-23, R-46	Vilina, Y.A.	R-66
Valladares L.	R-111	Villa, C.	R-113
Valladares, A.	R-138	Villagra, CA.	R-61
Valladares, I.	R-75	Villagrán, A.	R-89
Valladares, L.	R-79	Villagrán-Mella, R.	R-92
Vallejos, E.	R-90	Villalón, M.	R-55
Valpuesta, JM.	R-87	Villanueva, J.	R-58
Van Dongen, W.	R-93, R-94	Villaseñor, N.	R-103
Varas, V.	R-64, R-133	Von Brand, E.	R-74
Vargas, R.A.	R-74, R-139		
Vasco, C.	R-33	— W —	
Vásquez, A. F.	R-127	Walter, H.	R-71
Vásquez, R.	R-94, R-103	Waugh, E.	R-58
Vásquez, R.A.	R-84, R-93	Wheeler, JC.	R-64
Vega, A.M.	R-95	White, A.	R-111
Vega, M.	R-104	Willson, M. F.	R-20
Vega, M.	R-106	Wilson, M.	R-42
Véjar, Liliana	R-56	Wiser, S. K.	R-34
Velásquez, J.	R-117		
Velásquez, L.	R-155	— Y —	
Velásquez, N.	R-16, R-78	Yábar, E.	R-77
Veloso, A.	R-18	Yáñez, JM.	R-139
Veloso, C.	R-49, R-52	Yáñez-Valdés, M.J.	R-61
Venegas, A.	R-89	Yarur, H.	R-89
Venegas, J.	R-60, R-65		
Vera, A.	R-52	— Z —	
Vera, I.	R-66	Zamora, P.	R-124
Vera, J.	R-110	Zamorano, M.	R-108
Vera, Juan Carlos	R-56	Zárate, A.	R-115
Vera, T.	R-154	Zavala, F.	R-5
Verdugo, J.	R-83	Zaviezo, T.	R-91
Vergara O.	R-82	Zaviezo, T.	R-92
Vianna, J.A.	R-48	Zepeda, F.	R-72
Victoriano, P.	R-39, R-46, R-66, R-73	Zhang, X.	R-9
Vidal, M.	R-92, R-101	Zuñiga, G.E.	R-124
Vidal, O.	R-122	Zuñiga, Gustavo E.	R-125
Vidal, R.	R-90, R-134, R-135	Zuñiga-Feest, A.	R-124
Vielma, A.	R-79		
Vila, I.	R-53, R-147		
Vilina, Y.	R-99		