

XXIV REUNION ANUAL  
SOCIEDAD DE GENETICA DE CHILE

Concepción  
26-28 de septiembre de 1991

**Resúmenes de Comunicaciones**  
**Abstracts of Communications**

TRANSFECCION DE FIBROBLASTOS CONTROLES Y ZELLWEGER CON GENES REPORTEROS (Transfection of control and Zellweger fibroblasts with reporter genes). Santos, M.J. Depto. Biología Celular y Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas y Medicina, P. Universidad Católica de Chile.

El defecto genético causante de la alteración de la biogénesis peroxisomal detectada en el Síndrome de Zellweger es desconocida. Esta afección presenta una gran heterogeneidad genética y existen más de diez grupos de complementación distintos. Una forma de abordar la búsqueda de los genes responsables de esta enfermedad, es buscar fragmentos de DNA genómico normal que restauren el fenotipo normal, para posteriormente, clonarlos y expresarlos.

Es relativamente simple transfectar con DNA células transformadas en cultivo. Sin embargo, la fuente tradicional de células de pacientes afectados con el Síndrome de Zellweger la constituyen cultivos primarios de fibroblastos no transformados. Con el objeto de evaluar la factibilidad de transfectar estas células, ellas se transfectaron con los genes de la Hormona de Crecimiento (HC) humana y Cloranfenicol Acetil Transferasa (CAT) de *E. coli*. Se utilizó precipitación de DNA con fosfato de calcio y electroporación. Se analizó la expresión de estas proteínas en las células (CAT) y en el medio de cultivo (HC).

Los niveles de transfección con los genes HC y CAT en fibroblastos controles y Zellweger, son significativamente menores a los obtenidos con células humanas transformadas (HeLa). Estos resultados permiten replantear la estrategia diseñada para clonar los genes involucrados en la producción del Síndrome de Zellweger.

MECANISMOS DE REPARACION G<sub>2</sub> Y RADIOSENSIBILIDAD EN LINFOCITOS DE PACIENTES CON ATAXIA TELANGIECTASIA (G<sub>2</sub> repair mechanisms and radiosensitivity in ataxia telangiectasia lymphocytes). Pincheira, J. y M. Bravo. Depto. Biol. Cel. y Genet. y Pediatría Fac. Med. Univ. de Chile.

Ataxia telangiectasia (AT) es una enfermedad autosómica recesiva caracterizada por una alta predisposición a cáncer, disfunción del sistema inmune y degeneración del SNC. Diversos autores han demostrado que en células AT, la frecuencia de aberraciones cromosómicas inducidas por rayos X, es mayor que en normales y que la síntesis de reparación después del daño inducido (RX) es menor que en células normales. Se ha postulado 2 posibles explicaciones para estos últimos hallazgos: A) Alteraciones en los mecanismos de reparación del daño y/o B) Incremento de sitios de síntesis por iniciación anormal en sitios normalmente inactivos.

Con el objeto de analizar estas dos explicaciones estudiamos el proceso de reparación durante el período G<sub>2</sub> en linfocitos AT con y sin lesionar con rayos X.

Los resultados mostraron que: 1.- La cantidad de lesiones espontáneas e inducidas reparadas durante G<sub>2</sub> en las células AT es mayor que en las normales 2.- La frecuencia de lesiones inducidas por la radiación en células AT es superior a la detectada en células normales 3.- En linfocitos AT la prolongación de la duración de G<sub>2</sub> mejora la capacidad de reparación del daño espontáneo e inducido. Estos resultados indican que la fragilidad cromosómica exhibida por las células AT podría obedecer a deficiencias en los mecanismos que controlan la duración G<sub>2</sub> y a un menor grado de condensación de la cromatina. Proyectos: FONDECYT 1128-90 y D.T.I. B-2686.

EVALUACION DEL METODO DE MICRONUCLEOS COMO DOSIMETRO BIOLOGICO. (Micronucleus Evaluation as Biological Dosemeter). López I.; Sanhueza S.; Suárez J. Laboratorio de Citogenética, Servicio de Radiomedicina, Comisión Chilena de Energía Nuclear.

En la actualidad la dosis absorbida de radiación ionizante por individuos sobreexposados se mide contando el número de cromosomas dicéntricos en cultivos de sus linfocitos. Sin embargo, este análisis requiere mucho tiempo demorando el conocimiento exacto de la dosis, especialmente cuando los accidentados son numerosos. Por esta razón, como alternativa más rápida se ha propuesto el test de micronúcleos.

Con el objeto de evaluar ambos métodos se estudió las curvas de respuestas de dosis para dicéntricos y micronúcleos en linfocitos irradiados "in vitro" con dosis crecientes de rayos gamma.

Los resultados mostraron que: 1. La frecuencia espontánea de micronúcleos (1,5%) fue mayor que la de dicéntricos (0,05%). 2. En ambos métodos se obtuvo una curva de respuesta a dosis de tipo lineal cuadrática con diferentes pendientes. 3. El método de dicéntricos ajustó bien a una distribución de Poisson, no así el de micronúcleos. 4. La sensibilidad del método en el caso de los dicéntricos es de 10 rad y de 25 rad para el de micronúcleos.

Se concluye que el método de los micronúcleos es más rápido, pero menos sensible que el de los dicéntricos como dosímetro biológico de radiaciones ionizantes.

SUSCEPTIBILIDAD A ENFERMEDAD DE CHAGAS Y PORCENTAJE DE MEZCLA INDIGENA EN LA POBLACION DE SAN PEDRO DE ATACAMA. (Susceptibility to Chagas disease and Indian at mixture in the population of San Pedro de Atacama). Acuña M.†, Rothhammer F.†, Moreno R.† y Barton S.‡‡ † Depto. Biol. Cel. y Genet. Fac. Med. U. de Chile. ‡‡ Genetics Center. Health Science Center at Houston. University of Texas.

La enfermedad de Chagas (E.Ch.) que ha sido descrita en numerosos artículos es esencialmente una patología que se presenta en el norte y centro de Chile. En nuestro país no más del 25% de las personas infectadas presentan o han presentado alguna patología imputable a *Trypanosoma cruzi*, y la mayoría de las infecciones crónicas son asintomáticas a diferencia de otros países de Sudamérica. Evidencias históricas y paleopatológicas sugieren que esta particularidad podría ser explicada como el resultado de la adaptación genética de los aborígenes chilenos a *T. cruzi*.

El presente trabajo tiene el objeto de validar este hallazgo identificando diferencias étnicas entre individuos con y sin cardiopatía seropositivo y seronegativo en la población de San Pedro de Atacama. 170 individuos adultos no emparentados fueron estudiados clínica y serológicamente para E. Ch. Cada uno de ellos fue tipificado para cuatro sistemas de grupos sanguíneos (ABO, Rh, MNs y Duffy). Se estimaron las frecuencias fenotípicas, genotípicas, gónicas y el % de mezcla (según Bernstein, 1931) para ambos grupos. Los resultados obtenidos indican que los individuos seronegativos tienen un % de mezcla indígena (90.6%) mayor que los seropositivos (70.6%), lo cual permite confirmar la hipótesis planteada. (FONDECYT N° 1110-91)

**INTERACCIONES COMPETITIVAS EN ESPECIES DEL GENERO DROSOPHILA.** (Competitive interactions in species *Drosophila* genus). Budnik, M. Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Los factores que hacen posible la coexistencia o exclusión de las especies, han sido objeto de una gran variedad de estudios entre ecólogos, genéticos y biólogos evolucionistas. En terminos generales, las especies animales tienden a excluirse unas de otras cuando sus recursos ecológicos son semejantes y estan limitados, o bien cuando un organismo daña a otro mientras los dos viven en proximidad. O sea, compiten. Con el propósito de entender la coexistencia de ciertas especies del género *Drosophila* en la naturaleza, se estudió experimentalmente el componente "explotación" e "interferencia" de la competencia intra e interespecifica en un número de cepas provenientes de diferentes regiones climáticas y geográficas; puesto que para establecer una generalización, es importante considerar el factor de variación según el genotipo de cada población.

Se estudió además otro tipo de interacciones que son dependientes de los productos del metabolismo larval, en ausencia de competencia. Estos metabolitos afectan diferencialmente la viabilidad y desarrollo de los preadultos en condiciones homo o heteroespecificas. Estos tipos de interacciones se plantean como mecanismos importantes en la regulación de los tamaños poblacionales de las especies y de su relativa frecuencia en la naturaleza.

(Financiado por Proyecto D.T.I. 2308 y Proyecto FONDECYT N° 0967/90).

**VARIACIONES ESTACIONALES DEL POLIMORFISMO CROMOSOMICO Y DEL TAMAÑO DEL ALA EN DROSOPHILA IMMIGRANS** (Seasonal variations of chromosomal polymorphism and wing size in *Drosophila immigrans*). Brncic, D. Depto. Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, U. de Chile.

En muchas especies de *Drosophila* se han descrito variaciones estacionales del polimorfismo cromosómico y de rasgos de herencia poligenética como el tamaño del ala.

Para investigar si la situación anterior se presenta en la especie sinantrópica *D. immigrans*, se criaron individualmente en el Laboratorio 200 hembras inseminadas en la naturaleza recolectadas en Primavera y Otoño en una localidad de Santiago. De cada linaje se estudiaron los cromosomas politénicos de una larva y se midió el largo y ancho del ala izquierda de una hembra y un macho.

Se observaron significativas diferencias estacionales de la frecuencia de uno de los tres ordenamientos cromosómicos que constituyen polimorfismo en la naturaleza. Con respecto al tamaño del ala, se observaron diferencias significativas del largo, no así del ancho de estas.

Los resultados indican que aún en especies domésticas del género, tanto los polimorfismos cromosómicos como el sistema de poligenes responsables del tamaño del ala, están sometidos a presiones selectivas fluctuantes.

(Financiado por Proyecto Fondecyt 90-0967 y Universidad de Chile (D.T.I.) B-2308-89-46).

**EFFECTO DE LA DEPRDACION SOBRE EL TAMAÑO PoblACIONAL DE LA MOSCA CACTOFILA, DROSOPHILA STARMERI.** (Predation and population size of the cactophilic fly, *Drosophila starmeri*). Benado, M. y Escalante, A. Departamento de Estudios Ambientales, Universidad Simón Bolívar. Caracas, Venezuela. (Patrocinio: D. Brncic).

Las drosófilas cactófilas se alimentan y reproducen asociadas a los tejidos en fermentación de los cactus. En particular, *D. starmeri* utiliza al cactus columnar *Pilosocereus lanuginosus* y es uno de los organismos más abundantes entre los que explotan las necrosis de ese cactus. Esto sugiere que la mosca puede ser un recurso trófico importante para otros organismos con los que comparte el mismo tipo de microhábitat.

En el trabajo se demuestra que coléopteros stafilínidos y dos especies de hormigas depredan a *D. starmeri* y se rechaza la hipótesis nula que no se afecta el tamaño poblacional de la mosca por la depredación. En particular, la productividad de los tejidos de cactus disminuye de  $0,50 \pm 0,12$  moscas/g de tejido (controles) a  $0,00 \pm 0,00$  (depredación por hormigas). Así, la depredación disminuye los tamaños poblacionales a niveles en los cuales procesos aleatorios pueden ser importantes para estructurar (genéticamente) a la especie.

**EL COMPORTAMIENTO DE ALIMENTACION DE LAS LARVAS DE DROSOPHILA PAVANI, DROSOPHILA GAUCHA Y DE SUS HIBRIDOS.** (Larval feeding behaviour of *Drosophila pavani*, *Drosophila gaucha* and their hybrids). Godoy-Herrera, R., Burnett, B. y Connolly, K. Depto. Biol. Cel. y Genética, Fac. Medicina, U. de Chile y Dept. of Psychology, Sheffield University, U.K.

Hemos estudiado la organización del comportamiento de alimentación larval en las especies gemelas *D. pavani* y *D. gaucha*, hibridizando ambas especies y comparando los patrones de búsqueda y consumo de alimento de las larvas híbridas y parentales.

Cápsulas petrí se llenaron con agar cubierto con una película de levadura viva (alimento). Las larvas se depositaron de a una sobre esa superficie y su conducta se registró por 5 min. Se analizaron los datos para conocer la frecuencia con que se utilizaron las diferentes conductas observadas y la secuencia de utilización de ellas.

Comparadas con *D. pavani*, las larvas *gaucha* muestran diferencias en: i) locomoción y ii) giros, pero son similares en: i) tasa de alimentación y ii) bamboleo. Los híbridos difieren de los parentales en todas esas conductas, particularmente en tasa de ingestión de alimento y locomoción, pero además, los híbridos muestran una variabilidad conductual intraindividuo significativa respecto a los parentales.

La hibridización parece haber roto complejos génicos coadaptados para conducta de alimentación de *D. pavani* y *D. gaucha* (FONDECYT 91-1275).

**RESULTADOS DE UN ANALISIS CLADISTICO EN *LIOLAEMUS* (SQUAMATA-IGUANIDAE).** (Results of a cladistic analysis in *Liolaemus* (Squamata-Iguanidae). Veloso, A., J. Navarro, P. Iturra y P. Espejo. Depto. de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias y Depto. de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Las especies del grupo *Liolaemus* presentan un rango de variación del  $2n = 30$  a  $2n = 44$ . Presentan heterocromosomas (sistemas XY y XXY), diferencias morfológicas entre pares cromosómicos y cambios en la localización de la constricción secundaria.

En este trabajo los objetivos son contribuir a precisar los mecanismos que dan cuenta de la diversidad cariotípica en el grupo *Liolaemus* = (*Liolaemus* + *Ctenoblepharis* + *Phymaturus*) y discutir las relaciones de estos taxa mediante un análisis cladístico. El análisis se realizó mediante PAUP.

La hipótesis filogenética esta asentada en 12 series de transformación de caracteres cromosómicos a partir de un cariotipo ancestral  $2n = 36$  (12,0,24). Las OTU consideradas son 62 especies del grupo.

Los mecanismos que originan la variación cromosómica en *Liolaemus* son fisiones robertsonianas e inversiones pericéntricas.

El análisis establece las relaciones de ancestro de 3 grupos de especies. Si bien su actual distribución geográfica podría estar determinada por eventos de dispersión, la conformación de especies en estos grupos es concordante con un patrón vicariante en ambas vertientes de los Andes.

Proyecto B2823/9033, D.T.I. y 91/0865 FONDECYT.

**¿COMO SE MUEVE UNA MOSCA? (How does a fly move?).** José Soto y Raúl Godoy-Herrera. Depto. Agroindustrias y Cs. del Ambiente, Universidad del Bío-Bío y Depto. Biol.Cel. y Gen.Fac. Medicina, Universidad de Chile.

Se estudió genéticamente el patrón de movimiento de adultos de *Drosophila melanogaster*, en relación con la búsqueda de congéneres. El objetivo es conocer la base conductual de la formación de agregaciones en esa especie.

El movimiento de las moscas se descompuso en: i) traslación y ii) rotación. Se analizaron varias cepas de *D.melanogaster* y cuatro que diferían entre sí se cruzaron en todas las combinaciones posibles. Las F1 se analizaron por el método dialélico. Las moscas se introdujeron, de a una, en cápsulas petri y su conducta se observó por 5 min.

Machos y hembras difieren en locomoción y giros. La arquitectura genotípica de la locomoción de ambos sexos muestra una dominancia significativa, la cual es importante para aumentar y disminuir la locomoción. No hay diferencias entre cruzamientos recíprocos. Los sexos difieren en la arquitectura genotípica de los giros: Las hembras muestran: i) aditividad, ii) dominancia direccional (aumento de giros), pero los machos exhiben solo dominancia, la cual no es direccional.

Las diferencias para moverse entre machos y hembras de *D.melanogaster* sugiere que presiones selectivas han modificado de manera distinta el genotipo que, en cada sexo, controla esas conductas. (FONDECYT N°91-1275).

**DIFERENCIACION MORFOLOGICA, ECOLOGICA Y REPRODUCTIVA ENTRE *Rhagoletis tomatitis* y *Rhagoletis nova*.** (DIPTERA TEPHRITIDAE). (Morphological, ecological and reproductive differences among *R.tomatitis* Foote and *R.nova* (Schiner) (Diptera Tephritidae). Frias, D., Alviña, A. y Martínez, H. Instituto de Entomología y Departamento de Biología, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación<sup>1</sup>, Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile<sup>2</sup>.

Tanto *R.tomatitis*, como *R.nova* son especies que desarrollan sus ciclos vitales en Solanáceas cultivadas (tomate y pepino dulce respectivamente). Ambas especies están separadas geográficamente por el desierto de Atacama, esta barrera impide el flujo genético entre ellas y ha favorecido su especiación.

El objetivo de este trabajo es determinar las diferencias morfológicas, ecológicas y reproductivas entre estas especies a fin de comprender mejor los mecanismos que han intervenido en su evolución.

Los estudios morfológicos y ecológicos se efectuaron tanto en estados inmaduros como en imágos. En los estudios reproductivos se determinó los lugares de apareamiento, sitios de postura y además se efectuaron, en condiciones experimentales, cruzamientos interespecíficos.

Los resultados indican que entre *R.nova* y *R.tomatitis* existen diferencias morfológicas notorias tanto en los adultos como en los estados inmaduros que permiten identificarlas unívocamente. Además existen claras diferencias en la genitalia tanto de machos con hembras. Los estudios ecológicos indican que estas especies presentan una gran especificidad de habitats copulando siempre sobre el respectivo hospedero y oviponiendo en forma natural en frutos verdes de sus plantas mesoneras. Los cruzamientos experimentales indican que existen mecanismos de aislamiento precopulatorios y postcopulatorios entre ambas especies. Así, los resultados revelan un bajo número de cópulas interespecíficas, además cuando estas se producen queda de manifiesto un aislamiento mecánico. No obstante se producen algunos individuos F1 pero son totalmente estériles.

*R.nova* y *R.tomatitis* corresponden a especies plenas y las diferencias encontradas entre ellas serían el resultado de un proceso de especiación geográfica.

Financiado con Proyecto 016/87 FIA Ministerio de Agricultura y Asociación de Exportadores de Chile.

**GENETICA ECOLOGICA DE CRUSTACEOS DE DIFERENTES HABITATS MARINOS** (Ecological genetics of Crustaceans from different marine habitats). Battaglia, B. y Bisol, P.M. Dipartimento di Biologia, Facoltà di Scienze MM FF NN, Università di Padova, Italia.

La interacción entre organismos y ambiente es un punto crucial para la comprensión de la evolución biológica. La variación ambiental induce modificaciones en las condiciones fisiológicas, celulares y bioquímicas habituales. Se trata, en gran medida, de respuestas a nivel fenotípico que tienden a hacer normal el funcionamiento de los procesos vitales. Cuando la variación fenotípica va asociada a una variación genética, el tiempo de respuesta se alarga y se generan procesos de cambio de la composición genética de las poblaciones. Para individuar los mecanismos genéticos de adaptación y el rol de ambiente en el diferenciamiento de las poblaciones, han sido estudiadas numerosas especies de Crustáceos, Copépodos, Anfípodos y Krill. Los ejemplares han sido colectados en distintas áreas geográficas: pozas de marea, submareal, aguas salobres y marinas. La investigación ha sido realizada mediante cultivos, técnicas de electroforesis y de actividad enzimática.

Los resultados muestran una amplia gama de valores de variabilidad genética, con una distribución, para especies cercanas filogenéticamente, correlable, a primera vista, con los diferentes regímenes ambientales. En ambientes con factores físico-químicos altamente fluctuantes, la variabilidad genética es más baja. Estos resultados nos sugieren una prevalencia de mecanismos adaptativos que favorecen una mayor plasticidad fenotípica en ambientes estresantes. Algunos polimorfismos en particular pueden ser mantenidos gracias al rol adaptativo que ellos poseen, como es el caso de la heterocigosis del locus Pgi en el Anfípodo *Gammarus insensibilis* de la laguna de Venezia, en relación a la temperatura. El estudio de la estructura genética de las poblaciones ha permitido reconocer nuevas especies, diferenciadas entre ellas en relación a las áreas de origen y a las condiciones ecológicas.

ESTUDIOS ELECTROFORETICOS EN LA ANCHOVETA *Engraulis ringens* (Electrophoretic studies in the anchovy, *Engraulis ringens*) Galleguillos, R. Departamento de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Chile, sede Talcahuano. (Patrocinio: Faruk Alay.)

En los últimos años se han incrementado los estudios que relacionan la genética poblacional y las cinecias ecológicas aplicadas, como es el manejo de las pesquerías pelágicas. Especial interés son los estudios en ciertas zonas oceanográficas que tiene poblaciones explotadas de sardinas y anchovetas.

En este trabajo se da a conocer la variación genética encontrada en la anchoveta, mediante el uso de técnicas electroforéticas en proteínas. La heterocigocidad media por locus y por individuo es de un ocho por ciento. A través del análisis de cuatro loci polimórficos se investigan las diferencias genéticas entre muestras de Iquique y Talcahuano.

Los índices de similitud genética muestran valores altos. El análisis de desviación estandarizadas de las frecuencias genicas no muestran un patrón claro de diferenciación genética. En lo que se refiere a los resultados obtenidos se discuten situaciones encontradas en otros especies del género *Engraulis*, especialmente relacionada con la alta heterogeneidad intrapoblacional.

Proyecto financiado parcialmente por FONDECYT y Subsecretaría de Pesca.

SUSCEPTIBILIDAD DE RATONES C3H Y B10.Sn A LA INFECCION EXPERIMENTAL CON *TRIPANOSOMA CRUZI*. (C3H and B10.Sn mice susceptibility to experimental infection with *T. cruzi*, Gajardo, M. Departamento de Patología, Área de Microbiología, Facultad de Odontología, Universidad de Chile.

El *Tripanosoma cruzi* es un protozoo que produce la enfermedad de Chagas en humanos.

Cepas endogámicas de ratón poseen diferente capacidad para resistir la infección experimental con *T. cruzi*, cuando son inoculadas ip. con  $10^4$  parásitos vivos/ml. La cepa C3H mostró la mayor susceptibilidad, ya que el 100% de los ratones morían antes de los 20 días post-infección, con altas parasitemias.

En contraste, la cepa B10.Sn fue la más resistente, sus niveles de parasitemia bajan alrededor del 15° día post-infección hasta hacerse no detectables después del 30° día. Se mantienen así por meses. El 100% de estos ratones sobreviven la fase aguda de la infección.

El objetivo de este trabajo es establecer las bases de las diferencias observadas mediante el análisis comparativo en C3H y B10.Sn, de la respuesta inmune humoral y celular inducida por *T. cruzi*.

La población de parásitos utilizada será caracterizada mediante análisis de esquizodemas y zimodemas.

Las cepas de *T. cruzi*, Tulahuén y otras, están siendo mantenidas en cultivos acelulares, celulares y por pasajes consecutivos en ratón.

Se presentan los resultados preliminares sobre la actividad tripanocida y neutralizante "in vitro" del suero de ratones infectados.

Trabajo Financiado por Proyecto Fondecyt N° 90/0036

VARIACION GENETICA EN *Spalacopus cyanus* (RODENTIA: OCTODONTIDAE) (Genetic variation in *Spalacopus cyanus* (Rodentia: Octodontidae)). Araneda C. y Gallardo M. Instituto de Ecología y Evolución. Universidad Austral de Chile, casilla 567-Valdivia.

La variabilidad genética en los roedores subterráneos ha motivado numerosos estudios pues permite poner a prueba predicciones teóricas en genética poblacional. Con el fin de conocer los patrones de variabilidad genética del roedor subterráneo *Spalacopus cyanus*, se estudiaron electroforéticamente, cuatro poblaciones (76 animales) de esta especie: Quirihue (n=31), Los Vilos (n=28), Los Cristales (n=7) y Huentelauquen (n=10). Se analizaron 13 proteínas enzimáticas y dos no enzimáticas codificadas por 23 presuntos loci.

La heterocigosidad media en la muestra de Quirihue (0,7%) contrastó con valores comparativamente superiores obtenidos en las poblaciones de distribución norte (promedio no ponderado 5,8%). Las distancias genéticas de Nei (1978) son bajas (0.001-0.074) y concuerdan con la distancia geográfica entre las poblaciones. El valor de  $F_{st}$  (0,273) indica una alta fragmentación poblacional. Este resultado no apoya la suposición hecha por Reig (1970) de grandes poblaciones de intercrucamiento para el género. Análisis de conglomerados apoyan el reconocimiento subespecífico para los animales de Quirihue.

Los patrones de variabilidad genética encontrados no apoyan la hipótesis de homoselección para un nicho subterráneo estable, sino que apoyan una explicación sustentada por factores estocásticos que involucran el origen, tamaño y estructura poblacional.

Financiado por Proyecto FNC 89-70 y DID UACH S-91-11

HERENCIA DE CARACTERES DE HISTORIA DE VIDA EN *Abrothrix olivaceus* (RODENTIA, CRICETIDAE). (Inheritance of life-history traits in *Abrothrix olivaceus*, Rodentia, Cricetidae). González, L.A. y Jofré, C. Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile.

A pesar de la importancia fundamental del tamaño corporal, edad a la madurez sexual y fecundidad en determinar la adecuación biológica, escaso conocimiento de la variación genética de estos caracteres se tiene en poblaciones naturales de micromamíferos.

Las poblaciones de *A. olivaceus* se caracterizan por fluctuaciones estacionales y multianuales en sus números, con estrategias reproductivas basadas en un esfuerzo y una sobrevivencia diferencial de las cohortes, postulándose este hecho como un factor intrínseco clave en las fluctuaciones multianuales. Esta hipótesis nos llevó a probar la base genética responsable de la variación fenotípica de estos caracteres.

Se estimó la heredabilidad por análisis de medios hermanos, del peso del cuerpo, tasa de crecimiento, tamaño de la camada, edad y peso a la madurez sexual de animales nacidos en el bioterio. Se encontraron valores de heredabilidad entre 0.2 y 0.3. Se discuten las causas genéticas y no genéticas involucradas.

Financiado por Proyecto S-89-40 de la D.I.D., U.A.Ch.

DISTRIBUCION CROMOSOMICA DE GENES RIBOSOMALES TRANSCRIPCIONALMENTE ACTIVOS EN ROEDORES OCTODONTINOS. (Chromosomal distribution of transcriptionally active ribosomal genes in octodontinae rodents). Walker, L.L., Contreras, L.C. y Spotorno, A.E. Depto. de Biol. Cel. y Genética, Fac. de Medicina, U. de Chile y Depto. de Biología, U. de La Serena.

Los seis géneros de roedores octodontinos vivientes tienen escasa diversidad taxica (cuatro monotípicos, uno con 2, uno con 3 especies) y cromosómica. Los cariotipos, principalmente metacéntricos, tienen  $2n$  y NF que si bien muestran amplios rangos de variación (38-120; 68-202), son iguales o muy similares para 4 especies de 4 géneros distintos (56-58; 112-116). Las 9 especies exhiben además, un par cromosómico de similar tamaño y morfología que porta en su brazo largo, la única constricción secundaria (cs) del cariotipo.

Para averiguar si esta cs y eventualmente otros sectores cromosómicos, llevan genes ribosomales transcripcionalmente activos, metafases fijadas de *Octodon degus* ( $2n=58, NF=116$ ); *O. lunatus* ( $2n=78, NF=128$ ); *Spalacopus cyanus* ( $2n=58, NF=116$ ); *Octomys mimax* ( $2n=56, NF=112$ ) y *Tympanoctomys barrerae* ( $2n=120, NF=202$ ), se trataron con técnicas de tinción de Ag para NOR. En todas las especies, el único sector cromosómico AgNOR<sup>+</sup> fué el de la cs previamente detectada, presentando los núcleos 1 o 2 nucleólos bien delimitados.

Múltiples AgNOR<sup>+</sup> teloméricos distribuidos en 3 a 4 pares cromosómicos y varios sectores nucleares Ag<sup>+</sup> difusos, encontramos en cambio, en las especies de *Phyllotis*, género cricétido politépico y cromosómicamente diversificado. La concentración de los genes ribosomales en sólo un cromosoma común para todas las especies octodontinas, sería una expresión del carácter estable y evolutivamente terminal de estos cariotipos. La dispersión de tales genes en filotinos, reflejaría mayor inestabilidad genómica y el activo proceso de cladogénesis de este grupo relativamente más reciente, y/o las mayores demandas citoplasmáticas de su rápido crecimiento. (PROYECTO FONDECYT 90-91 0376).

ESTUDIO COMPARATIVO CON BANDEO C EN TRES ESPECIES DE *LIOLAEMUS* (SQUAMATA-IGUANIDAE). (C-banding comparative study in three species of *Liolaemus*). Navarro J., Veloso A\*\*, Iturra P\*. Depto. Biol. Cel. y Genética, Fac. de Medicina\* y Depto Cs. Ecológicas, Fac. de Ciencias\*\*, Universidad de Chile. Santiago, Chile.

El rango de variación del número cromosómico en *Liolaemus* es  $2n=30$  a  $2n=44$ . Hay también entre estas especies variación del NF. Se han propuesto fisiones robertsonianas e inversiones pericéntricas como los mecanismos de origen de esta variabilidad.

En *L. leopardinus*  $2n=32$ ; *L. copiapensis*  $2n=40$  y *L. pseudolemniscatus*  $2n=44$  se realizó bandeo C para establecer el patrón de distribución de la heterocromatina constitutiva (HC) e identificación de cromosomas marcadores.

Independientemente de sus morfologías, todos los macrocromosomas de estos cariotipos presentan HC centromérica. En *L. pseudolemniscatus* los microcromosomas no se presentan heterocromáticos. La mayor parte de los macrocromosomas de *L. copiapensis* y *L. pseudolemniscatus* presentan HC telomérica, y comparten al menos 2 cromosomas marcadores. Los cromosomas subtelocéntricos de *L. copiapensis* no presentan HC en sus brazos cortos.

En estas tres especies el bandeo C muestra una mayor similitud cariotípica entre *L. copiapensis* y *L. pseudolemniscatus*.

Proy. Fondecyt 0665-91 y DTI N 2823-9033.

LOS REORDENAMIENTOS CROMOSOMICOS Y LA ESPECIACION: EL MODELO DE LOS ROEDORES DEL GENERO *CTENOMYS*. (Chromosome rearrangements and speciation: the model of the rodent genus *Ctenomys*). Reig, O. A. GIBB, Departamento de Ciencias Biológicas. FCEyN, Universidad de Buenos Aires.

Con alrededor de 57 especies vivientes originadas durante el Pleistoceno, los roedores subterráneos sudamericanos del género *Ctenomys* constituyen un peculiar ejemplo de especiación explosiva. Representan también uno de los géneros de mamíferos que experimentaron una de las más altas tasas de mutaciones cromosómicas conocidas, con números diploides que varían de  $2n=10$  a  $2n=70$ , y una gran diversidad de tipos de reordenamientos cromosómicos. El bandeo G permitió establecer que entre especies muy emparentadas, sinórficas y con muy escasa diferenciación genética a nivel de alozimas, pueden existir varias inversiones pericéntricas, cambios robertsonianos comunes o de homología monobraquial y amplificaciones. El bandeo C demostró una gran diversidad en el tipo y la cantidad de heterocromatina. La tinción diferencial con fluorocromos permitió establecer que algunas especies tienen gran diversidad en secuencias ricas en GC dispersas en el genoma. Sin embargo, en algunos grupos de especies, los cariotipos son más estables. Estas últimas parecen diferir en su estructura poblacional de los grupos variables en su cariotipo. Esta gran cantidad de heterogeneidad intercariotípica se correlaciona con la dinámica de una secuencia de ADN satélite descubierta por tratamiento con enzimas de restricción, cuya secuenciación demostró su similitud con los retrovirus, sugiriendo su origen por transposición. Esta secuencia se encuentra muy amplificada en aquellas especies que poseen mayor cantidad de heterocromatina. Se postula que los cambios cromosómicos especiogénicos pueden tener su causa en la dinámica del ADN recombinante, que puede inducir mutaciones cromosómicas de efectos esterilizantes, y por lo tanto, ser factor desencadenante de la alta tasa de especiación que caracteriza al género *Ctenomys*.

CONCORDANCIA ENTRE RAZA CROMOSOMICA Y VARIABILIDAD MERISTICA EN *LIOLAEMUS MONTICOLA* (Tropiduridae) SEPARADOS POR RIOS EN LOS ANDES. Concordance of morphological variation and chromosomal races in *Liolaemus monticola* (Tropiduridae) separated by rivers in the Andes. Lamborot, M., Eaton, L.C. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Se determinó la variación intra- e inter-poblacional en 14 caracteres merísticos para muestras de 12 poblaciones de *L. monticola monticola* de la cuenca del río Maipo, que representan dos razas cromosómicas: la raza Sur ( $2n=34$ ) y la raza Norte ( $2n=38$  a  $40$ ), más una zona de contacto secundario donde se encuentran ambas razas e híbridos entre ellas. Se efectuaron los análisis fenéticos para investigar el efecto de los cambios cromosómicos y las barreras geográficas al flujo génico, sobre la diferenciación en estas poblaciones de lagartos.

Las similitudes morfológicas determinadas por análisis multivariado coinciden exactamente con la separación en razas cromosómicas, confirmando así la existencia de las barreras. El primer componente principal, basado en por lo menos 7 caracteres, claramente separa las razas cromosómicas, con la zona de contacto secundario en posición intermedia. Dentro de las razas, no se encontró una correspondencia entre similitud fenética y ubicación geográfica. No hubo evidencia para aumento ni disminución de la variabilidad morfológica en la raza cromosómica derivada (raza Norte).

Estos resultados son consistentes tanto con lo esperado por algunos modelos de evolución cromosómica como con el modelo de aislamiento alopatrico; no se pudo discriminar entre estas alternativas. No obstante, la variabilidad morfológica de la raza Norte argumenta en contra de la posibilidad que los cariotipos derivados se hayan originados por eventos recientes de cuello de botella.

Financiado por Proyecto FONDECYT N°89-872.

**EL AZAR EN EL NUCLEO Y EN LOS REORDENAMIENTOS CROMOSOMICOS DE *Mus musculus domesticus*** (Randomness in the nucleus and in chromosomal rearrangements of the mouse) **Fernández-Donoso R.** Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

Los cambios cromosómicos comprometen a unos pocos dominios de cromatina o a cromosomas completos como en las translocaciones Robertsonianas (**IRB**). Pueden ser también tan pequeños como las inserciones de DNA, o como la transposición de heterocromatina constitutiva. Para que éstos cambios cromosómicos ocurran, se requiere al menos, el contacto o asociación entre los dominios cromosómicos en los cuales el reordenamiento se produciría. La distribución en el espacio nuclear de los dominios cromosómicos que preferentemente participan en los cambios y la frecuencia con que estos entran en contacto y se asocian, es prácticamente desconocida. En este trabajo, se presentan evidencias acerca de la distribución y probabilidades de asociación de dominios cromosómicos en el espacio 3D del núcleo de los espermatozoides del ratón. En los espermatozoides en paquiteno, los extremos o telómeros de los bivalentes, **Tp** y **Tq**, están insertos en la envoltura nuclear **NE**. Esto determina que los telómeros y los dominios cromosómicos adyacentes queden situados en la periferia del núcleo. En el ratón, el centromero y la heterocromatina pericentromérica están muy próximos al **Tp**, configurando en cada bivalente un Complejo Centromero-Telomérico **CTC**. Los resultados obtenidos por medio de series de cortes y microesparcidos para ML y ME, demuestran que los **CTC** se distribuyen por la cara interna de la **NE** en forma predecible, generándose ámbitos nucleares en los cuales los **CTC** se asocian entre sí al azar y de manera diferente en cada meiocito. Los patrones de distribución y de asociación observados, se compararon con los respectivos patrones esperados, obtenidos por simulación 3D con apoyo computacional (627 Tipos de espermatozoides individuales agrupados en 20 Clases). El análisis de estos datos, en conjunto con evidencias de polarización cromosómica, de asociaciones nucleolares y de citofluorescencia (DNA rico en AT), permiten plantear fundadamente la hipótesis: que la distribución y frecuentes asociaciones entre **CTC** en el núcleo de los meiocitos, serían factores en gran medida responsables de las **IRB** y de la evolución concertada del DNA pericentromérico, en el ratón.

Proyectos: DTI B2686 U de Chile; FONDECYT 1194; WHO 89099

**NUMERO Y TIPO DE CAMBIOS CROMOSOMICOS EN LA EVOLUCION DE LOS CRICETIDOS PHYLOTINOS ANDINOS.** (Number and kind of chromosome changes in the evolution of Andean phyllotine rodents). **Spotorno, A.** y **Walker, L.** Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

El papel de los cambios cromosómicos en la especiación es controvertido, salvo cuando ellos aíslan reproductivamente dos genomas en divergencia que coexisten espacio-temporalmente (simpatria). Recientemente O.A. Reig ha propuesto que aquéllos son uno de los factores intrínsecos que producen la diversidad táxica concentrada en géneros politépicos, en contraste con la de los monotípicos. Con el objeto de estudiar dicho rol en la evolución de las especies de la tribu Phyllotini (Rodentia, Cricetidae), se diseñaron y calcularon índices de distancia cromosómica (IDC, partiendo de Imai et al., 1983).

Esta tribu (12 géneros y 45 especies) presentó una típica curva táxica, y el número de especies por género se asoció positivamente con los IDC mínimos entre las especies de cada género; la posible excepción de *Euneomys* puede deberse a insuficiencia de datos. La red de IDC mínima resultó casi concordante con la obtenida a partir de los datos electroforéticos de algunos géneros.

El análisis citogenético por comparación de bandas G indica que las IDC mínimas subestiman la cantidad de cambios cromosómicos ocurridos en este clado, ya que se habrían producido variadas fusiones centrílicas independientes y paralelas (i.e. en *Phyllotis* y *Euneomys*), así como muchas fusiones en tandem (en *Auliscomys*). Esto sugiere que tales cambios fueron capaces de aislar reproductivamente a los genomas involucrados, y por tanto, actuar en la especiación del grupo.

Financiado parcialmente por DTI 2689/8933, U. DE CHILE y FONDECYT 88-1013.

**CROMOSOMAS Y ESPECIACION EN LAGARTOS.** (Chromosomes and speciation in lizards). **Laborot, Madeleine.** Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Revisiones recientes de los factores responsables para la fijación de nuevos arreglos cromosómicos en poblaciones naturales y las consecuencias evolutivas de dichos eventos, demuestran que aún faltan variables para esclarecer el rol de los cambios cromosómicos en Evolución. El Modelo cromosómico de especiación en Cascada, (Hall, 1973) ejemplificado en lagartos, es excepcionalmente explícito.

En general, los 60 géneros de Iropiduridae, presentan cariotipos conservativos con un N° diploide (2n) de 12 macro y 22 o 24 microcromosomas. Sin embargo, son los géneros de gran número de especies, los que concentran la mayor variación cromosómica de la familia.

Analizaré ejemplos en *Lipulaeus*, cuyas especies incrementan el 2n por: fisiones centrílicas, incremento de microcromosomas, triploidía y otros. Particularmente elocuente es la situación de *L. monticola*, especie montañosa, de alta variabilidad cromosómica intra e interpoblacional, con diversas razas cromosómicas de complejidad creciente de Sur a Norte: 2n = 32; 2n = 34; 2n = 38 - 40; 2n = 41 a 46. Unas monodrílicas y otras polidrílicas para arreglos cromosómicos; zonas de hibridación secundaria con híbridos de baja fertilidad; situaciones de alopatría y simpatria, etc.

Esto ha permitido realizar estudios citogenéticos individuales y poblacionales, análisis meióticos comparativos de individuos colectados dentro y fuera de la zona de hibridación, aspecto que ilustra, tal vez, el primer ejemplo de los estudios publicados para las zonas híbridas de vertebrados en condiciones naturales.

En algunas instancias de la historia de los iguánidos, parece probable que los cambios cromosómicos han promovido especiación prolifera y rápida. Sin embargo, los cambios cromosómicos no constituyen el único modo de especiación; la existencia de barreras biogeográficas y otras, nos proporcionan una gama de situaciones, en las que es posible combinar más de un modo de especiación.

Financiado por proyecto FONDECYT 872-89.

**CHARACTERIZACION DE UNA MUTANTE FENOLOXIDASA NEGATIVA EN EL HONGO *Pycnoporus sanguineus*.** (Characterization of a phenoloxidase negative mutant of the fungus *Pycnoporus sanguineus*). **Ortiz, S., Venegas, J. y Pincheira, G.** Depto. de Ciencias ecológicas, Facultad de Ciencias y Depto. de Bioquímica, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Mediante tratamiento de conidios del hongo *Pycnoporus sanguineus* con radiación ultravioleta se obtuvo una mutación que afecta la producción de fenoloxidasas extracelulares.

En reiterados cruzamientos de esta mutante con la cepa silvestre se seleccionaron colonias que presentaban el fenotipo de la cepa mutante, lo cual revela estabilidad genotípica y fenotípica de la mutación. La mutación además produce efectos pleiotrópicos, que se traducen en diferencias en la cinética de expresión de proteínas.

Ensayos de actividad enzimática de lacasa *in situ* así como también la cinética de actividad de lacasa intracelular y extracelular tanto en la cepa silvestre como en la cepa mutante sugieren que la mutación estaría afectando básicamente a esta enzima.

Con el fin de caracterizar molecularmente el efecto de esta mutación, se ha iniciado la purificación de la enzima lacasa excretada por la cepa silvestre.

PLASMIDIOS EN BACTERIAS ICTIOPATOGENAS (Plasmids in ichthyopathogenic bacteria). Montoya, R., Sáez, E., Henríquez, M. y Vega, R.\* Fac. de Cs. Biol. y Rec. Naturales, Depto. Biología Molecular, Depto. de Microbiología, Universidad de Concepción; \* Depto. de Acuicultura y Cs. Naturales, Pontificia Universidad Católica de Chile, Temuco.

Una enfermedad que causa importantes pérdidas en las actividades de salmonicultura es la pudrición de las aletas; se trata de una infección frecuente que ataca a los peces en sus distintas fases de desarrollo, y que se acentúa a medida que las condiciones de cultivo se hacen estresantes.

A partir de aletas erosionadas de trucha arcoiris (Oncorhynchus mykiss), se aislaron 250 cepas bacterianas, constituidas principalmente por Aeromonas hydrophila y Pseudomonas fluorescens. Las cepas de cada especie comparan idéntico biotipo y antibiograma pero son diferenciadas por su contenido plasmidial. La investigación de los plasmidios ha permitido observar cepas con 1, 2 ó 3 clases distintas, cuyos pesos moleculares fluctúan entre 1,5 y 50 MD, con una frecuencia mayor para aquellos menores de 5 MD. Al momento, su presencia no se ha relacionado con algunas de las características estudiadas en las cepas bacterianas.

**LOCALIZACION PERIFERICA DE LA CROMATINA CONDENSADA EN NUCLEOS DE ESPERMATOCITOS DE *P. puda* Y *M. musculus*** (Peripheral localization of condensed chromatin in spermatocyte nuclei of *P. puda* y *M. musculus*) Moreno, M., Barrios, S. y Fernández-Donoso, R. Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, U. de Chile.

Hemos propuesto un modelo de organización del núcleo meiótico en profase según el cual las regiones teloméricas y dominios cromosómicos contiguos, quedarían localizados obligadamente en la periferia del núcleo. Ello se debería a la unión de los telómeros de los bivalentes a la envoltura nuclear. Con el propósito de obtener datos cuantitativos que avalen esta proposición, se seleccionaron dos especies cuyos complementos cromosómicos se caracterizan por presentar cromosomas telocéntricos *P. puda* 2n=70 y *M. musculus* 2n=40 con abundante heterocromatina pericentromérica que permanece condensada durante la profase meiótica. Se realizaron series de cortes ópticos de 1 um de grosor de material testicular fijado e incluido en plástico. Espacios nucleares de igual volumen, uno periférico y otro central, fueron representados por círculos concéntricos en cada corte de una serie nuclear. El espacio periférico resultante tiene una altura muy inferior a la mitad del radio de la esfera con la cual se puede análogar cada núcleo. Las áreas de cromatina condensada (CC) presentes en las fotografías de diez series nucleares por especie, fueron transferidas a papel milimetrado transparente y cuantificadas en el espacio central o periférico. En *P. puda* el 74% de la CC se localizó en la periferia y el 26% restante en el volumen central. En *M. mus* el 69.3% en el espacio periférico y el 30.7 en el central. En promedio los núcleos de *P. puda* presentaron un 20% más de unidades de CC. En ambos casos, el bivalente XY que también está formado por CC de localización periférica, pudo haber incrementado, aunque en no más de un 10%, el recuento total de CC en la periferia nuclear. Estos significativos resultados demuestran que la distribución de la CC en los núcleos meióticos de *P. puda* y *M. mus* no es al azar y refuerzan el modelo propuesto para la localización de las regiones centromérico-teloméricas en especies con cromosomas telocéntricos.

DTI.B-2686 U. de Chile; FONDECYT 1194 y WHO 89099.

**DISTRIBUCION DE LA CROMATINA CONDENSADA EN NUCLEOS DE ESPERMATOCITOS DE *Octodon degus* Y *Mus musculus*** (Chromatin distribution in spermatocyte nuclei of *O. degus* and *C. opimus*). Paulos, A., Barrios, S. y Fernández-Donoso, R. Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Casilla 70061, Santiago 7.

*O. degus*, 2n=58 con cromosomas mayoritariamente metacéntricos y *M. musculus*, 2n=40 con todos sus cromosomas telocéntricos, fueron seleccionados por sus cariotipos contrastantes, para estudiar en sus espermatoцитos una distribución cuantitativa de la cromatina condensada (CC) relacionada con las regiones centroméricas. En *O. degus* al menos 17 pares cromosómicos y en *M. musculus* todos los cromosomas presentan heterocromatina pericentromérica. De esta manera, la CC que se aprecia en cortes de 1 um de espermatoцитos fijados en glutaraldehído y osmio, corresponde en gran parte a heterocromatina pericentromérica. En series nucleares 7 de ratón y 10 de *Octodon* fue cuantificada la CC que aparece localizada en los volúmenes nucleares interno o externo, ambos cuantitativamente equivalentes. En *Octodon* el 68.9% de la CC se encontró dispuesta preferentemente en el volumen nuclear interno, en cambio en ratón la mayor parte de ella (63.2%) se encontró en el volumen nuclear externo. En un estudio paralelo realizado en el ratón se ha encontrado un porcentaje cercano al 70% de la CC en el volumen nuclear periférico. Estas diferencias podrían deberse a variaciones naturales de la condensación de la cromatina ya que fueron estudiados respectivamente paquitenos medios y tardíos, y a que las estimaciones cuantitativas fueron hechas por diferentes personas. Sin embargo en ambos casos, la totalidad de los núcleos de ratón estudiados (10+7) mostraron una distribución de la CC significativamente preferente por la periferia nuclear. Los resultados obtenidos muestran que la distribución de la cromatina en los espermatoцитos de *O. degus* y *M. musculus* no es al azar, y que nuestra proposición que supone una localización nuclear para las regiones centroméricas dependiente de la longitud de los brazos de los bivalentes, es válida para ambas especies.

DTI.B-2686 U. de Chile; FONDECYT 1194 y WHO 89099.

**POSGLUCOMUTASA Y  $\alpha$ -GLICEROLPOSFATO DESHIDROGENASA COMO MARCADORES GENETICOS EN CONGRIO NEGRO (*Gerypteris maculatus*)** (Phosphoglucumutase and  $\alpha$ -glycerolphosphate dehydrogenase as genetic markers in *Gerypteris maculatus*). González, F., Alay, F. y Cabello, J. Laboratorio de Genética, Depto. Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas y de Recursos Naturales, Universidad de Concepción. Proyecto DIC 20.31.22.

Como parte de un Proyecto de Investigación referido al estudio de marcadores genéticos en *Gerypteris maculatus* que viven en el litoral de la VIII Región, se informan los resultados obtenidos al analizar 98 ejemplares adquiridos a embarcaciones artesanales frente a Bahía Concepción, en un período de 18 meses.

Muestras de músculo blanco e hígado fueron analizadas mediante electroforesis en geles de almidón al 12% en sistemas tampones continuos y discontinuos.

En el Proyecto original se estudian 9 isoenzimas que corresponden a 17 loci, los cuales el 47% resultó ser polimórfico. En la presente comunicación se discuten los valores obtenidos para la heterocigosidad y equilibrio Hardy-Weinberg sobre la base de la frecuencia génica calculada para los loci polimórficos de las enzimas fosfoglucomutasa y  $\alpha$ -glicerolfosfato deshidrogenasa.



CONTRIBUCION AL CONOCIMIENTO GENETICO DE *P. trucha* Y *O. mykiss* PRESENTES EN LOS LAGOS ICALMA Y GALLE-TUE DEL ALTO BIOBIO. (Genetic markers of *P. trucha* and *O. mykiss* of the Galletue and Icalma Lakes). J.F. Gavilán; F. Alay y J. Cebello. Laboratorio de Genética, Facultad de Ciencias Biológicas y RRNN. Universidad de Concepción. Proyecto DIC 203122 y Proyecto EULA.

La conservación de los recursos genéticos ha sido en el último tiempo preocupación del ambiente científico relacionado con la explotación de recursos naturales; los estudios sobre los efectos de las alteraciones de algunos ecosistemas y la domesticación de las especies. En Chile existe conciencia que los peces de aguas continentales junto con tener una gran importancia biológica son un patrimonio ambiental y cultural, especialmente las especies nativas. Sin embargo se ha ejercido una presión sobre la fauna ictica lo suficientemente fuerte como para considerar en la actualidad algunas poblaciones bajo la categoría de vulnerables o en peligro de extinción.

Aspectos biológicos, reproductivos, genéticos y poblacionales básicos de la mayoría de las especies de peces de aguas continentales, no se conocen.

Poblaciones del alto Biobío de *P. trucha* y *O. mykiss* son totalmente desconocidas, tampoco existen antecedentes sobre la introducción de *O. mykiss* en el sistema.

El presente trabajo, aporte con información biológica preliminar y con información sobre marcadores genéticos detectados en muestras de hígado y músculo de ambas especies. Estos marcadores genéticos, isoenzimas, fueron detectados mediante electrophoresis de 5 sistemas isoenzimáticos en gels de almidón al 12,5 % seguido de tinción específica. Se discuten los resultados en función a las condiciones metodológicas utilizadas.

ESTUDIO POBLACIONAL DE *Concholepes concholepes* (BRUGIERE, 1789). (Population study of *Concholepes concholepes* (Bruguière, 1789).

ALAY F.; MORIN V.; LEPEZ J.; ARACENA D. Datos de Biología Molecular y de Oceanología. Facultad de Ciencias Biológicas y de Recursos Naturales. Universidad de Concepción. Proyecto FONDECYT 3501/89 y DIC 203116 (Universidad de Concepción).

La presente comunicación se refiere a la estructura poblacional de *Concholepes concholepes*. Este recurso de gran importancia económica se encuentra en serio peligro de extinción debido a una indiscriminada sobreexplotación comercial lo que se ha traducido en una veda permanente.

Los fenómenos de erosión genética causados, en este caso, por una extracción masiva provocan serios desequilibrios poblacionales, lo cual se corrobora por una gran cantidad de información existente sobre el tema.

Es interesante por lo tanto comparar desde el punto de vista genético poblaciones sobreexplotadas Remuncho, VIII región) con poblaciones protegidas (Reservas de Quintay en la V región y reservas de Mahuín en la X región).

En el presente trabajo, asociado a grupos de investigación de Santiago y Valdivia, se comunicó el resultado de estudiar 51 ejemplares de cada una de estas 3 localidades empleando como marcadores genéticos las siguientes isoenzimas determinadas por electroforesis en gel de almidón: Fosfoglucomutasa, Esterasa, Malato deshidrogenasa, 6 Fosfogluconato deshidrogenasa, Isocitrato deshidrogenasa, Leucina amino peptidasa. De estos, tres sistemas resultan ser polimórficos para todos los tejidos analizados (Branquia, Músculo del pie y Hapatopancréas).

A partir de estos análisis se calcula los valores de polimorfismo y heterocigosidad y se comparan dichos valores entre los ejemplares obtenidos en las tres localidades mencionadas.

MONITOREO GENETICO EN PECES DEL RIO BIOBIO: AUMENTO EN LA FRECUENCIA DE MICRONUCLEOS EN PECES DE ZONAS CONTAMINADAS. (Genetic monitoring in the Biobío river: Increased micronuclear frequency in fishes from contaminated zones). ALAY F.; G. Yslensuela, J.F. Gavilán, V. Ruiz y H. Campos. Departamento de Biología Molecular y Departamento de Zoología. Facultad de Cs. Biológicas y RRNN. Universidad de Concepción. Instituto de Zoología. Universidad Austral de Chile. Proyecto DIC 203116 Universidad de Concepción Sub-proyecto N° 13.2 Centro EULA.

La conservación de los recursos genéticos es una tarea calificada como urgente por FAO, PRUNAI, UNESCO, UICN, etc, debido a la creciente contaminación del medio ambiente. Esto provoca un efecto lamentable sobre los cuerpos de agua y los organismos que los utilizan o allí viven. Para monitorear estos ambientes se han desarrollado una variedad de ensayos usando animales acuáticos, en que los peces son de vital importancia dada su condición de organismos terciarios en la cadena trófica. Dentro de los test a corto plazo, el test de micronúcleo (MN) aplicado a peces constituye una alternativa de evaluación in vivo.

En el presente estudio se hace en primer lugar una inducción experimental de MN en eritrocitos periféricos en *O. mykiss* y *G. affinis* expuestos a dosis de 100, 200 y 300 rad de radiación gamma. Los resultados obtenidos evidencian claramente la factibilidad de inducir MN en peces y además permiten establecer una relación directa entre la frecuencia de MN y la dosis aplicada, y avalan el uso de esta técnica en un programa de monitoreo. En una segunda etapa se estudia la presencia de MN en los peces del río Biobío como parte de un programa desarrollado por el Centro EULA. Se sabe que este cuerpo de agua está sometido a una fuerte contaminación por parte de industrias y asentamientos humanos en su cauce inferior. Se realizaron una serie de muestreos desde el nacimiento del río hasta su desembocadura. Se capturaron ejemplares de *P. trucha*, *F. melanops*, *C. maculatum*, *B. australis*, *S. trutta fario* y *O. mykiss* de los que se obtuvieron frotis sanguíneos in situ, para posteriormente determinar la frecuencia de eritrocitos micronucleados, se examinaron 129 peces y se contabilizaron al microscopio 360.589 células. Los resultados indican que existe un aumento significativo en la incidencia de MN en los peces que habitan las zonas más contaminadas. Se entregan frecuencias de MN y se discuten en relación a valores de contaminación por metales pesados detectados y cuantificados en el río Biobío por el Centro EULA.

VARIABILIDAD INTERPOBLACIONAL EN LA CAPACIDAD GERMINATIVA DE SEMILLAS DE *Atriplex repanda* Phil. (Interpopulation variability in seed germination of *A. repanda*). MORENO R.J., GUTIÉRREZ J.R. y AGUILERA L.E. Departamento de Biología y Química. Fac. de Ciencias. Universidad de La Serena.

*Atriplex repanda* es una de las veinte especies nativas del género en Chile. Se caracteriza por su capacidad para habitar en suelos de bajo potencial hídrico y altas radiaciones. Tiene un alto valor forrajero por estar presente en los períodos de baja productividad del estrato herbáceo, por su alto contenido proteico y su aceptabilidad por el ganado caprino y ovino. Sin embargo, su uso está limitado por la escasa germinación de sus semillas que en condiciones naturales no supera el 2%. Existen numerosos estudios fisiológicos con el objeto de aumentar sus niveles de germinación.

El presente trabajo pretende detectar diferencias genotípicas entre las poblaciones dentro de su rango de distribución natural.

Se utilizaron frutos de 34 meses de edad de los cuales se extrajeron las semillas que se hicieron germinar en muestras de suelos de los distintos lugares de colecta. Un total de 10 poblaciones y 10 muestras de suelo se dispusieron en un diseño de bloque-parcela dividida, bajo condiciones controladas de temperatura, humedad y fotoperíodo.

Mediante un análisis de varianza se determinó si habían diferencias interpoblacionales, suelos y la interacción población por suelo. Las diferencias entre los promedios se determinaron mediante la prueba de comparaciones múltiples de diferencias mínimas significativas. El tipo de suelo no afectó la germinación de las semillas de una misma población, pero sí, hubo diferencias significativas entre las poblaciones cultivadas en un mismo suelo, lo que sugeriría una posible diferencia genética entre ellas. Los porcentajes de germinación de las semillas de las diez poblaciones variaron entre 7 y 40% con diferencias altamente significativas entre ellas. El porcentaje de germinación de las semillas provenientes de poblaciones costeras fueron el doble del encontrado en las poblaciones del secano interior. Esta diferencia plantea la posibilidad de un efecto materno ya que las plantas madres del secano interior, en el momento de la fructificación, están sometidas a un mayor estrés hídrico y alta radiación, lo que se manifestaría en un incremento de la latencia en las semillas.

EFFECTO DE SUEROS INMUNES EN LA INFECTIVIDAD DE CELULAS DE CULTIVO Y LISIS MEDIADA POR COMPLEMENTO EN DIFERENTES POBLACIONES DE TRYPANOSOMA CRUZI. (Effect of immune sera in infectivity of cell cultures and antibody dependent complement mediated lysis on different *T. cruzi* population). Sánchez, G., Wallace, A., Correa, T., Solari, A. Departamento de Bioquímica y Departamento de Medicina Experimental, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

En nuestro laboratorio se han caracterizado diferentes poblaciones de *T. cruzi* en base a parámetros genéticos, bioquímicos y comportamiento biológico en ratones. En este trabajo se estudió la susceptibilidad de diferentes poblaciones de parásitos y el clon Dm 28c a lisis mediada por complemento. Se observó una variedad de respuestas líticas en las 7 poblaciones y el clon de parásitos frente a 10 sueros inmunes anti poblaciones pertenecientes a zimodema 1 y a 4 sueros anti parásitos Z<sub>2</sub>. Antisueros Z<sub>2</sub> fueron incapaces de lisar parásitos Z<sub>1</sub>. La cepa Da za resultó ser altamente resistente a lisis con los 14 sueros utilizados. En el propósito de estudiar si la resistencia a lisis se debe a que los anticuerpos no se unen a los parásitos, se realizaron ensayos de inmunofluorescencia indirecta utilizando el parásito vivo. Se observó intensa fluorescencia cuando se utilizó sueros capaces de producir lisis, la que no fue observada cuando se utilizó aquellos incapaces de inducir lisis. Se estudió además, el efecto de los distintos antisueros en la capacidad de asociación de parásitos del clon Dm 28c a células de cultivo VERO y macrófagos J 774.3.

Financiado por FONDECYT, UNDP/World Bank/WHO. TDR y apoyo Tesis Postgrado U. de Chile.

STRESS OXIDATIVO EN PACIENTES CON Distrofia Muscular de Duchenne. ANTECEDENTES PRELIMINARES. (Stress oxidative in Muscular Dystrophy patients. Preliminary antecedents). Reyes, J. (1); Holmgren, J. (2); Salim, M. (3); Lissi, E. (3); Colombo, M. (4). (1) Universidad de Valparaíso, (2) Instituto de Rehabilitación Infantil (IRI), (3) Universidad de Santiago, (4) Universidad de Chile (INTA).

La Distrofia Muscular de Duchenne (DMD) es una de las miopatías más severas y frecuentes. Se hereda en forma recesiva ligada al sexo y el gen que la determina ha sido mapeado en el locus Xp-21.

En Chile, y de acuerdo a la casuística de los Institutos de Rehabilitación Infantil, el número de pacientes DMD se ha incrementado progresivamente a partir del año 1950, probablemente como consecuencia de la disminución de la mortalidad perinatal, la detección y diagnóstico más precoz y el incremento en la derivación de pacientes a los IRI del país.

Estudios previos en estos pacientes, han demostrado un aumento de enzimas antioxidantes y productos de peroxidación de lípidos. El incremento de antioxidantes, especialmente en los primeros estados de la enfermedad, podría estar en relación con un posible rol protector que resultaría infructuoso ante la proporción del daño oxidativo.

Se estudian 20 pacientes con sus respectivos controles pareados, que asisten regularmente al IRI de Santiago. Las mediciones se realizan con un contador de centelleo fuera de coincidencia.

Antecedentes preliminares de bioluminiscencia en orina, muestran diferencias entre pacientes ( $\bar{X} = 3803$  cuentas/mM creatinina) e individuos controles ( $\bar{X} = 902$  cuentas/nM creatinina). Estas mediciones pueden ser un reflejo del stress oxidativo general, ya que la orina constituye una posible vía de eliminación de los lípidos dañados, portadores de grupos precursores de las especies luminiscentes.

Proyecto Financiado DICYT, Univ. de Valparaíso. Salim, M. Beca CONICYT 1991.

RESULTADOS DE ESTUDIOS CROMOSOMICO EN EL HOSPITAL GUSTAVO FRICKE. (Chromosomal studies in Hospital Gustavo Fricke). Seebach, Ch., Fuenzalida, P., Sanz, P. Laboratorio de Genética, Hospital Gustavo Fricke, Viña del Mar.

Presentamos los resultados de 304 estudios cromosómicos realizados, entre los años 1989 a julio de 1991.

Se realizaron 285 estudios en linfocitos, con 24 (8.4%) sin resultados. De los 261 cariogramas obtenidos, 181 (69.3%) son normales y 80 (30.7%) tienen alteraciones numéricas o estructurales tanto en autosomas como en gonosomas.

Además, se estudiaron 19 pacientes con leucemias, 8 (42.1%) sin resultados. En los 11 con cariograma, 6 (54.5%) son normales y 5 (45.5%) tienen alteraciones. De estos 2 estudiados en médula ósea, una presentó polidiploidia (LLA) y la otra cromosoma Philadelphia (Phi) en 50% de las mitosis analizadas. Las restantes 3, estudiadas en linfoblastos en sangre periférica presentaron Phi en 100% (2 casos) y 18.5% (1 caso).

Los altos porcentajes de fracasos se deben a muestras coaguladas y el uso de medios o reactivos vencidos por motivos presupuestarios.

El rendimiento del estudio de linfocitos es comparable a otros laboratorios de la especialidad. Dada la importancia diagnóstica y pronóstica del estudio citogenético en leucemias es imprescindible mejorar el rendimiento alcanzado en dicho examen.

CONTROL GENETICO Y AMBIENTAL DE CARACTERISTICAS CUANTITATIVAS EN CHINCHILLAS (*Chinchilla laniger*) EN CONFINAMIENTO. (Genetic and environmental control of quantitative traits in chinchillas (*Chinchilla laniger*) under confinement. Neira, R. y García X. Depto. Prod. Animal. Fac. Ciencias Agrarias y Forest. Universidad de Chile.

Con información recogida durante 4 años de chinchillas en crianza artificial, se realizó un análisis descriptivo de características reproductivas y de crecimiento y se estimó parámetros genéticos. Los promedios obtenidos para tamaño de camada al nacer (TCN), número de nacidos vivos (NNV), tamaño de camada al destete (TCD), peso de camada al nacer (PCN), peso de camada a destete (PCD), mortalidad al nacer y mortalidad nacimiento-destete fueron 1,75; 1,59; 1,31; 83,3 g; 342,8 g; 10,4% y 21,0% respectivamente. La mayor frecuencia de apareamientos ocurrió en los meses invernales. El año y la época de parto afectaron a prácticamente todas las variables estudiadas, con mejores comportamientos en verano y primavera. La prolificidad varió según el número de parto y el nivel de luminosidad dentro del criadero. Las correlaciones fenotípicas entre NNV, TCN, TCD, PCN y PCD fueron altas, las correlaciones entre estas variables y edad al parto y largo de gestación fueron en general significativas, pero bajas. Se estimó la heredabilidad y repetibilidad a partir de 316 pariciones de 101 hembras, hijas de 62 madres y 28 padres. Se utilizó un modelo jerárquico con 3 niveles. La repetibilidad para NNV, TCN y TCD fueron 0,10; 0,15 y 0,15 respectivamente. La heredabilidad para NNV, TCN, TCD, pesos al nacer, al mes de edad, al destete y a los 10 meses de edad fueron 0,13; 0,19; 0,29; 0,18; 0,33; 0,24 y 0,60, respectivamente.

DT1 A2113/901 U. de Chile.

ESPECIFICIDAD GENETICA INDIVIDUAL EN INFECCIONES INVASIVAS POR *Haemophilus influenzae*. (Individual genetic specificity for invasive infections of *Haemophilus influenzae*). Valenzuela C.Y., Avendaño A. Departamentos de Biología Celular y Genética y de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Dado que en Chile se había demostrado que los individuos del grupo sanguíneo B eran más susceptibles a las infecciones urinarias por gram negativos, decidimos explorar dicha susceptibilidad en las infecciones invasivas por *H. influenzae*. Tanto los niños enfermos como sus madres mostraron una frecuencia significativamente más alta que la población general del alelo B; los padres de estos niños no difirieron de la población general, así como no lo hicieron los hermanos de los pacientes, los que difirieron significativamente en la frecuencia del alelo de sus hermanos enfermos. Los resultados indican que hay una asociación entre grupo B e infecciones invasivas por este bacterio y que además dentro de cada familia, esta infección parece más específica del niño que ha recibido este alelo. Como sólo una parte de la susceptibilidad es debida a este sistema, es probable que los otros componentes genéticos le den una susceptibilidad específica a cada individuo.

PROYECTOS 1025-89 FONDECYT y B2690 DTI UCh.

**FRECUENCIA DE PARIENTES EPILEPTICOS O FISURADOS DE PROBANDOS EPILEPTICOS O FISURADOS (Frequency of epileptic or cleft relatives from epileptic or cleft probands)** R. Blanco, M. Miranda, L. Cifuentes, X. Rameau, H.J. Maldonado, L. Jara y M. Aracena. Deptos. Biol. Cel. y Genet. y Cs. Neurológicas, Fac. Med. y Depto. Cirug. y Traumatol. Fac. Odont. U. de Chile.

Si la epilepsia y la fisura labiopalatina comparten una misma predisposición genética, los parientes de epilépticos deberían tener una mayor labilidad a hacer fisura y presentar una mayor prevalencia que la población general. Para someter a prueba esta hipótesis se confeccionaron genealogías de pacientes epilépticos y fisurados.

Los probandos fisurados presentan: 9,3 x 1000 de parientes epilépticos y un 10 x 1000 de fisurados. Los probandos epilépticos presentan un 46,2 x 1000 de parientes epilépticos y un 7,3 x 1000 de fisurados. (Población general 14 x 1000 epilépticos y 1 x 1000 fisurados). Al comparar prevalencia de parientes fisurados de probandos epilépticos vs población general la diferencia es significativa. Al comparar entre sí según sexo a estos parientes fisurados la diferencia también es significativa, como también al hacerlo según sexo y 1er. grado de parentesco.

Los resultados indican que sólo cuando el probando es epiléptico y mujer se observa en sus parientes simultáneamente una mayor prevalencia de fisura y epilepsia, con lo cual no se puede aún descartar el posible efecto teratogénico de drogas anticonvulsivantes.

Proyectos FONDECYT 90-1134 y 91-1118.

RETINITIS PIGMENTOSA EN DOS FAMILIAS EXTENSAS (Retinitis pigmentosa in two extensive families). Moreno, R.; Navarrete, P.; Echeverría, S.; Conejan, N.; Retamal, V.; Troya, D. Depto. Ciencias Básicas, Facultad de Medicina. UFRU. Hospital Regional Temuco, Serv. Salud Araucanía, Municipalidad de Lautaro.

La retinitis pigmentosa (RP) es un tipo de degeneración retiniana, que causa ceguera. Su prevalencia es entre 1/2000 a 1/7000, pudiendo acompañarse de otras alteraciones. Los signos clínicos previos a los cambios morfológicos son disminución progresiva de la visión nocturna y campo visual; posteriormente, pérdida de agudeza visual y ceguera a edad variable. La RP como signo único presenta distintos tipos de herencia difíciles de distinguir oftalmológicamente.

Se estudian dos familias extensas, debido a la existencia de numerosos miembros con ceguera, con el objeto de determinar: el tipo de lesión ocular, patrón de herencia, evolución natural y otras características de la enfermedad. La familia A se detectó durante la práctica de un internado rural en Loncoche y la familia B (de Freire) por el probando, que consultó en el Servicio Oftalmología del Hospital Temuco. Se examinaron 30 personas, diagnosticándose una RP familiar. Se investigó genealogía y edad de inicio de los síntomas, evolución y complicaciones de la enfermedad. La familia A muestra 7 afectados, etiología autosómica recesiva, matrimonios consanguíneos, inicio de los síntomas entre 10-20 años con progresión rápida a ceguera (3°-4° década). La familia B, 37 afectados en 6 generaciones, herencia autosómica dominante, inicio de ceguera nocturna en distintas edades, progresión variable de pérdida visual y cataratas. Observar la presentación clínica en distintas edades permite conocer la evolución natural, complicaciones y tipo de herencia en esta enfermedad; informar riesgos por consejo genético para prevenir nuevos casos.

**DIAGNOSTICO CROMOSOMICO PRENATAL MEDIANTE BIOPSIA DE VELOSIDADES CORIALES (VC).** (Cytogenetic analysis in chorionic villi sampling). Be.C., Ayarza, E. Youtton R. Schnapp, C., Alcalde, J.L., Guiloff, F. Laboratorio de Citogenética y Departamento de Ginecología y Obstetricia, Clínica Las Condes.

El análisis cromosómico de las células trofoblásticas en embarazos del primer trimestre es una buena alternativa de diagnóstico prenatal de alteraciones cromosómicas.

Desde Junio de 1989 hasta Julio de 1991, hemos estudiado 91 muestras de VC obtenidas por punción transabdominal o transcervical de 87 pacientes.

Las VC son seleccionadas por su aspecto y frondosidad, eliminando la decidua. Son incubadas en medio de cultivo enriquecido durante 2,24 y 48 horas. El proceso de cosecha se realiza mediante técnicas convencionales. La disgregación del tejido se realiza en una solución acuosa de ácido acético.

El diagnóstico de referencia fue de edad materna mayor de 35 años en 62 casos, Síndrome de Down previo en 9 casos, translocación balanceada en uno de los padres en 2 casos y otros diagnósticos en 13 casos.

En 79 pacientes se encontró un cariotipo normal (46, XX: 39 casos y 46, XY: 40 casos). Los ocho restantes presentaron anomalías numéricas en cinco casos (dos trisomías 21, una trisomía 3; un 45, X y un 47, XXY) y estructurales en tres (dos con padres portadores).

Se ha realizado seguimiento en 61 pacientes. De estas hay 26 embarazos en curso y han nacido 35 niños: 30 sanos concordantes con sexo cromosómico, cuatro mortinatos y un mortineonato.

**GENETICA Y PRODUCCION DE TRIGO EN CHILE** (Genetics and wheat production in Chile). Cortázar, R. Programa Trigo, Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias.

La investigación agrícola en trigo en Chile permitió que el rendimiento promedio de 12,1 qq/ha en 1945-49 llegara en 1989 a 32,7 qq/ha. En 1989 la producción alcanzó a 17.000.000 de quintales con un valor de 80.000 millones de pesos. Si se hubiera usado la tecnología disponible en el período 1945-49 hubiera sido de solo 6.500.000 qqm con un valor de 30.000 millones. Es decir gracias a la investigación se produjo un aumento de la producción de 50.000 millones de pesos. En el aumento de la producción los factores más importantes fueron a) mejores cultivares y b) mayor uso de fertilizantes. El mayor uso de fertilizantes fue posible gracias a que se crearon variedades de caña más corta las que no se tendieron con el aumento de la producción. Se estima que en los aumentos obtenidos el mejoramiento genético de los cultivares representa entre un 40 a un 50 %, es decir 20.000 millones de pesos en 1989.

Para que un cultivar pueda ser distribuido tiene que satisfacer las necesidades del agricultor, del industrial y del consumidor. El cultivar tiene que ser de alto rendimiento, buena adaptación a la localidad, resistente a las principales enfermedades, resistente a la tendadura, buen peso del hectolitro, buena calidad industrial y alimenticia. La vida útil de un cultivar es en promedio inferior a 5 años.

**ANALISIS DEL APAREAMIENTO DE LOS CROMOSOMAS SEXUALES X E Y EN ESPERMATOCITOS DE *Marmosa elegans*** (Analysis of pairing between the sex chromosomes X and Y in spermatocytes of *Marmosa elegans*). Berríos, S., y Fernández-Donoso, R. Depto. de Biología Celular y Genética, Facultad Medicina, Universidad de Chile.

Durante la profase meiótica de los espermatoцитos de mamíferos eutheria, se ha descrito que los cromosomas sexuales X e Y se aparean entre sí, con la formación de un corto complejo sinaptonémico (CS) que compromete uno de los telómeros de cada cromosoma. Nosotros hemos observado y comunicado anteriormente que: en *Mus musculus*, *Auliscomys boliviensis* y *Akodon molinae*, existe un apareamiento temprano que involucra toda la longitud del eje del cromosoma Y, y que posteriormente tal apareamiento se estabiliza en un corto CS como el que había sido descrito. Observaciones similares han sido realizadas recientemente por otros autores en varios mamíferos y en el hombre. En *Marmosa* en cambio, como en otros marsupiales, se había descrito la presencia de un material electron denso en la superficie interna de la envoltura nuclear precisamente donde se encontraba apoyada la cromatina de los cromosomas sexuales. A esta estructura se le llamó placa densa y se propuso podía estar reemplazando funcionalmente a un aparentemente ausente CS. En este trabajo se presentan evidencias de la ausencia de CS entre los cromosomas sexuales de *Marmosa* y se muestra como en microesparcidos nucleares observados al microscopio electrónico la placa densa aparece conservando unidos los extremos teloméricos de ambos cromosomas. Las imágenes también permiten comprobar que los ejes de ambos cromosomas describen un arco simple sobre el cual se pueden apreciar las regiones centroméricas. Las longitudes relativas de los ejes del X e Y, respecto de las de los mismos cromosomas en la mitosis han sido conservadas. Se discute el mecanismo de apareamiento de los cromosomas X e Y y las posibles formas de orientación y segregación en la I división meiótica.

DTI.B-2686 U. de Chile; FONDECYT 1194 y WHO 89099.

**EXPLORACION 3D DEL NUCLEO DE ESPERMATOCITOS DE *Ctenomys opimus*** (3D searching into the spermatocyte nucleus of *C. opimus*). Ayarza, E., Berríos, S. y Fernández-Donoso, R. Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Casilla 70061, Santiago 7.

Durante la profase meiótica los cromosomas homólogos apareados, permanecen unidos a la envoltura nuclear, quedando distribuidos los dominios cromosómicos que los componen, en una forma ordenada en el espacio nuclear. Interesó investigar si existía un patrón en la distribución de los dominios heterocromáticos en los núcleos en paquiteno de espermatoцитos de *C. opimus*. Esta especie tiene un  $2n=26$ , con cromosomas metacéntricos y submetacéntricos, y 11 pares con abundante heterocromatina pericentromérica. Se realizaron series de 30 cortes de 1 um cada uno, de material fijado e incluido en plástico. Las series nucleares fueron fotografiadas al microscopio de luz y evaluadas por dos métodos cuantitativos que consideraron 3 o 2 espacios teóricos en el núcleo. Se midió sobre las series fotográficas la cantidad de cromatina condensada (CC) que aparecía ubicada en dichos espacios. El método que consideró 2 espacios uno central y otro periférico, ambos equivalentes en volumen, resultó el más adecuado para la comparación distribucional. En series de 19 núcleos, cada una de 7-10 imágenes, se encontró que en todos los núcleos la CC tenía una localización preferente en el espacio central del núcleo. Esto es, del total de las unidades de CC medidas, el 65% se encontraba en el espacio central y el 35% restante en el espacio periférico. El promedio de unidades de CC por núcleo fue de 1.300. Las distribuciones de CC observadas en *Ctenomys*, son cuantitativa y morfológicamente consistentes con una posición de los dominios heterocromáticos pericentroméricos en el espacio central del núcleo. El análisis de estos resultados, en conjunto con reconstrucciones 3D, obtenidas previamente a partir de series electronmicroscópicas y de microesparcidos, demuestra que los bivalentes en el núcleo de *Ctenomys* tienen una distribución que no es al azar y que los dominios cromosómicos heterocromáticos se sitúan en el espacio central del núcleo.

DTI.B-2686 U. de Chile; FONDECYT 1194 y WHO 89099.

**FORMACION, FUSION Y REGENERACION DE PROTOPLASTOS DE *Aycnopus cinnabarinus*** (Formation, fusion and regeneration of protoplasts from *Aycnopus cinnabarinus*). Hermosillo, G.; Cifuentes, V. y Pincheira, G. Laboratorio de Genética, Depto. Ciencias: Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Casilla 653, Santiago.

*Aycnopus cinnabarinus* es un hongo basidiomicete con potencial degradador de lignocelulosa, cuyas características genéticas son prácticamente desconocidas.

Se presentan resultados de estudios que han permitido la formación, fusión y regeneración de protoplastos de la cepa silvestre, *ade* y *pro* de *Aycnopus cinnabarinus*. Los protoplastos de los tres cepas fueron preparados con tres enzimas: Zymolasa 100T, Novozyma 234 y Bioglucanasa. Bajo todas las condiciones utilizadas, Novozyma 234 fue la más eficiente, seguida por Bioglucanasa. Sin embargo, la viabilidad de los protoplastos obtenidos con Novozyma 234 fue menor que con otros tratamientos. La formación de los protoplastos con Novozyma 234 mostró un rápido incremento durante 60 a 90 minutos y luego su número disminuyó, probablemente debido a lisis. La formación de protoplastos fue lineal durante 6 horas de incubación de las esporas con bioglucanasa, sin embargo, su rendimiento fue más bajo que con novozyma 234.

A partir de estos resultados se diseñaron experimentos tendientes a lograr la fusión de protoplastos de los cepas *ade* y *pro*. Para ello se mezcló ambas cepas, previamente tratadas con novozyma 234, en una proporción 1:1, luego se trató con pellición glicol 4000 a temperatura ambiente y posteriormente se sembraron en medio mínimo. Los heterocariotes fueron seleccionados por su capacidad de crecer en dicho medio. Se aislaron 19 colonias de heterocariotes las cuales correspondían a aquellos clones que mostraron un gran crecimiento en medio mínimo. De estos últimos se han analizado 6 heterocariotes y se ha observado que cada uno de ellos muestra un patrón de segregación de núcleos característico.

Estos resultados permitirán realizar estudios genéticos de complementación, transformación y recombinación a través de metodologías que consideran la fusión y regeneración de protoplastos y el análisis de la descendencia como se muestra en el presente trabajo.

Financiado por convenio U. de Chile y Consejo Superior de Investigaciones Científicas (C.S.I.C.) de España.

**MUTAGENESIS EN *Phaffia rhodozyma*. (Mutagenesis in *Phaffia rhodozyma*)**

Cifuentes, Y.; Gómez, C. y León, R.

Laboratorio de Genética, Depto. de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Casilla 653, Santiago.

*Phaffia rhodozyma* es una levadura basidiomicete que se caracteriza por sintetizar astaxantina, que puede llegar a constituir el 85% de los carotenoides presentes en sus células. Además, es la única levadura carotenogénica que tiene la capacidad de fermentar glucosa y sintetizar etanol. Por otro lado, debido a la imposibilidad de conocer su ciclo reproductivo sexual, no existen estudios genéticos en dicha levadura. Estos antecedentes junto a su aplicación biotecnológica convierten a *Phaffia rhodozyma* en un organismo interesante de estudiar genéticamente.

En nuestro laboratorio se han realizado experimentos de mutagénesis en *Phaffia rhodozyma* con luz ultravioleta, nitrosoguanidina, hidroxilamina y clometano sulfonato. Para ello se utilizaron tres cepas silvestres que corresponden al tipo de la especie, UCD 67-210, y a otras dos cepas denominadas UCD 67-383 y UCD 67-385. Los resultados indican que el tratamiento de dichas cepas con todos los agentes mutagénicos produce un efecto letal, observado como una caída en forma exponencial de la sobrevivencia. De hecho, todas las cepas estudiadas muestran curvas similares de inactivación con dichos agentes.

El tratamiento con luz ultravioleta (260 nm) durante 2.7 a 4 minutos conduce a una sobrevivencia del 1 al 0.1 % de las células tratadas. Sin embargo, se ha detectado que la cepa UCD 67-383 es ligeramente más resistente a la luz u.v. que las otras. Paralelamente se ha observado que *P. rhodozyma* es capaz de reparar el daño al DNA provocado por la luz u.v. mediante un sistema de fotoreactivación. Los resultados muestran que la exposición a la luz visible de las células irradiadas con luz u.v. eleva su tasa de sobrevivencia en relación a las células que han sido mantenidas en oscuridad.

Por otro lado, al tratar con nitrosoguanidina a una concentración de 40 µg/ml durante 30 minutos o hidroxilamina a una concentración de 1M durante 7 minutos, se obtiene una tasa de sobrevivencia del orden del 1% en las cepas estudiadas.

Finalmente, a través de los experimentos de mutagénesis se han obtenido una serie de mutantes afectados en la síntesis de carotenos en *Phaffia rhodozyma*. Dos mutantes amarillos acumulan β-caroteno, otros mutantes son albinos y no producen pigmentos. Además, hemos observado que algunos mutantes que producen más pigmentos son muy inestables, generando colonias sectorizadas, lo que sugiere la participación de genes extracromosómicos, posiblemente mitocondriales, en la síntesis de carotenoides en *P. rhodozyma*.

Financiado en parte por FDP-Corto y DTR B 3951.9012 U de Chile.

**PERDIDA DEL CROMOSOMA 17, DELECCIONES Y HRSR EN ADENOCARCINOMA GÁSTRICO PRIMARIO.**

Alliende MA, Aranda M. Unidad de Genética, INTA, U. de Chile, Depto. de Química, Facultad de Ciencias, U. de Santiago de Chile.

En los últimos años se ha determinado que entre las etapas tempranas de la tumorigénesis estaría la activación de protooncogenes producto de una mutación puntual. Así también la amplificación génica participaría en las etapas tardías y la pérdida de heterocigocidad cromosómica estaría presente desde los primeros estadios del proceso neoplásico. En cáncer gástrico los datos publicados al respecto aún no son concluyentes por lo que resulta de gran interés realizar estudios genéticos moleculares y citogenéticos en esta neoplasia tan frecuente para la población chilena.

Por análisis citogenético directo se estudiaron 8 tumores gástricos: 7 avanzados y uno incipiente. Según el tipo histológico 4 correspondían a adenocarcinoma indiferenciado, 3 a diferenciado y uno mixto.

En tres casos de carcinoma indiferenciado se observó un número cromosómico modal en el rango de hiperdiploidía (2n+). Sin embargo, en los tres casos de carcinoma diferenciado el número cromosómico observado estaba en el rango de hipotriploidía (3n-). En 3 casos se observó pérdida del cromosoma 17 a pesar que todos los tumores avanzados estudiados, a excepción de uno, mostraron hiperdiploidía en rango variable según el tipo histológico. Entre las alteraciones estructurales observadas están HRSR en 3p21, 9p13 y 20p13 así como delección en 1p21.

Estos resultados motivan a estudiar un mayor número de casos que confirmen estos hallazgos citogenéticos así como la búsqueda e identificación de posibles oncogenes involucrados, como un aporte al conocimiento básico de esta patología.

OBTENCIÓN DE UNA TRANSCONJUGANTE RESISTENTE A ANTIBIÓTICOS β-LACTÁMICOS, A PARTIR DE UNA CEPA ENTEROPATÓGENA DE *Shigella flexneri* UCSF-129. Campos, M., Vázquez, D., Cáceres, J., Yanez, J., González, H., Bocaz, G. Laboratorio de Proteínas Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Concepción, Casilla 3-C Concepción, Chile.

El principal mecanismo de resistencia a antibióticos β-lactámicos es la producción por parte de microorganismos patógenos de las β-lactamasas (E.C. 3.5.2.6.); enzimas capaces de hidrolizar la unión carbamida del anillo β-lactámico de antibióticos tipo penam y cefem, generando productos bacteriológicamente inactivos.

En el presente trabajo se obtuvo una cepa de *E. coli* K-12 transconjugante portadora de un plásmido de 110.3 Md que codifica la resistencia inusual a la ampicilina, en la cepa enteropatógena de *Sh. flexneri* UCSF-129.

Proceso de conjugación bacteriana se efectuó de acuerdo a NISIOKA y *col* (1969). El pI y P.M. de la enzima producida por la transconjugante fue 5.5 y 24 Kd., respectivamente. Similares a los valores obtenidos para la cepa dadora, lo que indicaría que se trata de la misma enzima (Campos y *col*, 1985).

Nuestra meta final es la obtención de una hiperproductora no patógena, obtenida por transformación aprovechando las sondas nucleotídicas ya determinadas.

1. NISIOKA y *Col.*, 1969. *J. BACTERIOL.* 27376-385
2. CAMPOS y *Col.*, 1985. *Microbios Letters* 30 33-41

Financiado por proyecto D.1. N°20.13.84.

LA HIPOMETILACION DEL DNA INDUCIDA POR 5-AZACITIDINA (5-AzaC) PRODUCE MODIFICACIONES EN LA CONDENSACION CROMOSOMICA DURANTE LA MITOSIS. (5-AzaC induced hypomethylation of DNA provokes a modification in chromosomal condensation during mitosis). LEYTON, C.; Mergudich, D.; Vázquez, J.; Ferrada, D. y Sans, J. Dpto. Biol. Cel. y Gen. Fac. Med. U. de Chile.

Numerosas evidencias experimentales postulan la metilación del DNA como un mecanismo que regula la expresión génica. La incorporación de 5-AzaC, análogo de la citidina, al genoma provoca hipometilación del DNA, activando la expresión de determinados genes.

En el presente trabajo se estudia el efecto de 5-AzaC  $10^{-6}$  y  $10^{-7}$ M sobre el patrón de metilación del DNA, cinética de síntesis de DNA, RNA, proteínas y la condensación de la cromatina durante la mitosis, en poblaciones de células meristemáticas asincrónicas y sincrónicas de raíces de *Allium cepa* L., obtenidas mediante cultivo hidropónico de los bulbos.

Los resultados muestran que estas concentraciones del análogo provocan una demetilación en alrededor de un 21.7 y 28.6% de los residuos de 5-metilcitosina y también se estimula la síntesis de RNA y proteínas. La incorporación del análogo al DNA altera la condensación cromosómica y la distribución de los cromosomas durante la mitosis provocando, en algunos casos, formación de núcleos aneuploides. La mayor frecuencia de anomalías durante la ana-telofase se observan cuando el tratamiento con 5-AzaC incluye la primera mitad del periodo S. El estudio de los cromosomas después de acumulación con colchicina muestra que las células tratadas presentan cromosomas significativamente más largos que las controles.

Los resultados sugieren que el empaquetamiento de la cromatina dependería, de alguna manera, del grado de metilación del DNA.

Proyecto FONDECYT 89-812.

CITOGENETICA, MORFOLOGIA FLORAL Y ELECTROFORESIS DE PROTEINAS TOTALES EN UN PROBABLE COMPLEJO POLIPLOIDE EN *Phycella* (Amaryllidaceae). (Cytogenetics, floral morphology and total proteins electrophoresis in a probable polyploid complex in *Phycella* (Amaryllidaceae)). Palma-Rojas, C., S.Zepeda y R.Moreno. Depto. Biología. Fac. Ciencias. Universidad de La Serena.

Antecedentes previos sugieren que *P. scarlatina* (Psc.),  $2n=32$ , sería un allotetraploide genómico originado probablemente de él o los ancestros de *P. ignea*, (pig.)  $2n=16$  y *P. sp.*,  $2n=16$ . La comparación por bandas C y zonas NOR ha permitido establecer que en Psc. los únicos cromosomas supuestamente conservados de los ancestros serían aquellos portadores de genes ribosomales. Por otra parte, la similitud entre las estructuras florales de Psc. y Pig. parece indicar que entre los ancestros de ellas podría haber ocurrido introgresión unidireccional durante el proceso evolutivo que originó el tetraploide.

A objeto de contrastar esta última hipótesis -no apoyada por los datos citogenéticos disponibles- se describen y comparan los patrones electroforéticos de proteínas solubles de migración aniónica. La electroforesis se realizó con sobrenadantes de homogeneizados de bulbos, en buffer a pH 8, con y sin SDS. Con las movilidades electroforéticas de las bandas se construyó un dendrograma utilizando una matriz de datos elaborada en base a los índices de similitud calculados según Jaccard.

Las relaciones de similitud electroforéticas encontradas coinciden con aquellas descritas para las morfologías florales y muestran que Psc. aparece más cercana a Pig. que a Psp. Estos resultados sugieren que en Psc. se expresarían preferentemente genes originados de él o los ancestros de Pig., lo cual parece apoyar la hipótesis que en el origen de Psc. podría haber ocurrido un introgresión unidireccional.

Financiado por proyecto DIULS 120-2-66.

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENETICA DE CUATRO POBLACIONES DE *Pleurodema thaul* (ANURA:LEPTODACTYLIDAE). (Study of genetic variability in populations of *Pleurodema thaul* (Anura:Leptodactylidae). Victoriano, P.\*, Ortiz, J.\*\* Galleguillos, R.\*\*\*  
\* Fac.Rec.Nat. U.del Bfo-Bfo. \*\* Fac.Cs. Biol.y Rec.Nat.U.de Concepción.\*\*\*Dpto. Biol.(BIOTECMAR).P.U.Católica Sede Thno.

Las poblaciones de *Pleurodema* del grupo *thaul* se extienden latitudinalmente en Chile desde Copiapó (27°S) hasta Aysén (45°S), abarcando una gran diversidad de ambientes, desde regiones costeras a andinas, extendiéndose a su vez en parte del territorio argentino. La diversidad de biotopos en los que es posible detectar a estas poblaciones y su variabilidad fenotípica, hace incierto su status taxonómico. En un intento de aclarar esta situación se estudió la genética de 18 loci isoenzimáticos, mediante la técnica de electroforesis en gel de almidón, en 4 poblaciones: Copiapó, Valparaíso, Concepción y Osorno. Los loci EST-1, EST-2, EST-3, GOT-2, PGM-2, LDH-2 e IDH-2 resultaron ser polimórficos. Las poblaciones con mayor grado de variabilidad genética fueron Valparaíso, ( $H=0.084$ ; S.E.=  $0.035$ ), y Osorno, ( $H=0.052$ ; S.E.=  $0.028$ ). Según las comparaciones realizadas, mediante el uso del índice de Nei, es posible observar tres grupos, uno conformado por las poblaciones de Concepción y Valparaíso, otro correspondiente a la población de Copiapó, y finalmente, en menor grado de similitud, la población de Osorno. Tales grupos pueden separarse a un 33% de Distancia Genética.

Financiado por Proyecto FONDECYT. 89-1199.

RESULTADOS CITOGENETICOS DE HIBRIDACION EXPERIMENTAL EN SALMONIDEOS. (Cytogenetics results of experimental hybridization in salmonids). Iturra, P.\*, Faúndez, V., Díaz, N.F. y Estay, F. \*Depto. Biol. Cel. y Genética, Fac. de Medicina y Dep. Cs. Ecológicas, Fac. de Ciencias, Universidad de Chile.

En condiciones experimentales es posible producir progenies híbridas entre especies de salmonideos. La viabilidad de éstos híbridos depende de las interacciones del genoma de las especies parentales.

Se realizaron cruzamientos entre *Oncorhynchus mykiss* x *O. masou* y *O. mykiss* x *Salmo trutta* y la progenie se mantuvo para alcanzar etapas avanzadas del desarrollo. La F<sub>1</sub> de *O. mykiss* x *O. masou* tuvo un promedio de viabilidad de un 20% con respecto al control a "inicio de alimentación", en tanto que, de *O. mykiss* x *S. trutta* sólo sobrevivieron algunos individuos. En experimentos en que además se indujo triploidia por choque térmico la viabilidad de los híbridos alcanzó un 50%.

En los embriones híbridos se reconoce el complemento cromosómico de los padres y se determinó en los embriones triploidizados la reconstitución del genoma diploide de *O. mykiss*.

En las especies parentales se ha identificado un par de cromosomas organizadores del nucléolo NOR. En los núcleos interfásicos de los híbridos de *O. mykiss* x *O. masou* y *O. mykiss* x *S. trutta* se observan hasta dos nucléolos y sólo uno respectivamente. En los triploides se observan hasta 3 nucléolos. De acuerdo a lo esperado, la restitución de la condición diploide de *O. mykiss* aumenta la viabilidad de los híbridos. La expresión de los NOR apoya una mayor afinidad genética entre *O. mykiss* y *O. masou*.

Proyecto 1043/90 FONDECYT.

EFFECTO DE LA CONSANGUINIDAD SOBRE LA SUPERVIVENCIA Y CRECIMIENTO DE JUVENILES DE *Argopecten purpuratus* (Lamarck 1819). (Effect of inbreeding on survival and growth of *Argopecten purpuratus* juvenile (Lamarck 1819). Winkler, E. y Estévez, B. Depto. Biología Marina. Fac. Cs. del Mar. Universidad Católica del Norte. Coquimbo. Chile.

El incremento de la consanguinidad de las poblaciones generalmente produce una disminución de los valores de adecuación como supervivencia o velocidad de crecimiento. En larvas de *A. purpuratus* no se ha detectado efecto de un incremento del coeficiente de consanguinidad. En este trabajo se presentan los resultados del efecto de la autofecundación en la sobrevida y crecimiento de juveniles de esta especie.

12 reproductores adultos provenientes del banco de Tongoy (Chile), fueron acondicionados y desovados según la metodología descrita por Di Salvo et al (1983). Se montaron simultáneamente 4 cruzamientos de auto y 4 de exofecundación. Las larvas y juveniles fueron cultivadas en condiciones similares, con cambio de agua cada 48 horas y alimentación diaria de *I. galvana* var. *tahiti*. Se fijó en colectores de netlon en estanques de 50 lt., por 1 mes. Cada individuo fue marcado y medido mensualmente por 5 meses.

La consanguinidad fue de  $F=50\%$  y  $F<0.005$  en las poblaciones auto y exofecundadas, respectivamente. Ambos grupos mostraron curvas de supervivencia similares e igual crecimiento en longitud ( $F=1.68$ ;  $p>0.05$ ). Sin embargo, la relación largo vs. peso es diferente entre ellos ( $F=13.31$ ;  $p<0.01$ ).

Estos resultados pueden ser explicados por una escasa sensibilidad de *A. purpuratus* a los cambios de consanguinidad o por una mortalidad diferencial de los individuos más consanguíneos en etapas tempranas del desarrollo. Los resultados se discuten en relación con las estrategias reproductivas de la especie.

\* Financiado Proyecto DGI, UCN 0.61/1990.

